



République Algérienne Démocratique et Populaire  
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche  
Scientifique  
Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem  
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie  
Département des Sciences Agronomiques



# THESE

Présenté par :

**BOUHALI Abdelbaki**

Pour l'obtention de diplôme de Doctorat en Sciences

Filière : Sciences Agronomiques

Option : Production Animale

## **Contribution à la caractérisation génétique de la population cunicole locale : Étude de la variabilité génétique et groupes phénotypiques**

Soutenue publiquement le.....

### **Le jury de soutenance**

<b>LARID Mohamed</b>	Pr	Président	Université de Mostaganem
<b>HOMRANI Abdelkader</b>	Pr	Directeur	Université de Mostaganem
<b>BOUDEROUA Kaddour</b>	Pr	Examineur	ESA Mostaganem
<b>BELHADI Abdelkader</b>	Pr	Examineur	Université de Saida
<b>DAOUDI ZERROUKI Nacira</b>	Pr	Examinatrice	Université de Tizi-Ouzou
<b>DAHOU Abdelkader Elamine</b>	MCA	Examineur	Université de Mostaganem

Laboratoire des Sciences et Techniques de Production Animale

Année universitaire : 2023-2024.

## Remerciements

En premier lieu, je voudrais exprimer ma sincère reconnaissance envers Monsieur Homrani Abdelkader, Professeur à l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, qui a été mon directeur de thèse. Je souhaite exprimer ici toute ma reconnaissance pour ses conseils inestimables, son assistance, son appui, Sa constante assistance et sa disponibilité tout au long de l'achèvement de cette thèse.

J'aimerais exprimer toute ma gratitude envers les membres du jury :

Monsieur Larid Mohamed Professeur à l'Université de Mostaganem, pour avoir accepté de présider le jury ;

Monsieur Boudroua Kaddour, Professeur à l'Ecole Supérieure d'Agronomie de Mostaganem pour avoir accepté d'examiner ce travail de thèse ;

Monsieur Belhadi Abdelkader, Professeur à l'Université de Saida pour avoir accepté d'examiner ce travail de thèse ;

Mme Daoudi Zerrouki Nacira, Professeure à l'Université de Tizi-Ouzou pour avoir accepté d'examiner ce travail de thèse ;

Monsieur Dahou Abdelkader Elamine, Maître de conférences "A" à l'Université de Mostaganem pour avoir accepté d'examiner ce travail de thèse.

Je souhaite exprimer ma gratitude spéciale envers Monsieur Dahou Abdelkader Elamine le directeur de Laboratoire des Sciences et Techniques de Production Animale pour son assistance précieuse tout au long de l'accomplissement de ce travail.

Je souhaite exprimer ma profonde gratitude à plusieurs personnes qui ont joué un rôle essentiel dans la facilitation de la collecte d'échantillons sur le terrain, Parmi elles, je tiens à accorder une reconnaissance spéciale à :

Monsieur Chadli Aissaoui, Professeur à l'Université de El Taref, pour m'avoir accueilli et la précieuse assistance qu'il m'a offerte lors de la collecte d'échantillons à El Taref ; monsieur Boutaiba Mohamed chef de service à la Direction des Services Agricoles de Mostaganem, pour la précieuse assistance qu'il m'a offerte lors la collecte d'échantillons à Mostaganem ; et Mme Fellous Naaima ingénieure à l'ITELV de Lamtar de la wilaya de Sidi Bel Abbès, pour la précieuse assistance qu'il m'a offerte lors de la collecte d'échantillons à Sidi Bel Abbès.

Je souhaite exprimer ma profonde gratitude envers l'équipe du Centre de Recherche en Biodiversité et Ressources Génétiques (CIBIO) de l'Université de Porto, au Portugal, pour m'avoir donné la possibilité de mener les analyses moléculaires indispensables à mon travail.

Il s'agit notamment de :

Monsieur Nuno Ferrand de Almeida, le coordinateur scientifique du CIBIO, et Professeur à l'Université de Porto, pour son accueil chaleureux et de sa volonté de mettre à notre disposition toutes les ressources requises pour mener à bien ce travail.

Mme Susana Lopes, chef service de CTM (service d'analyses moléculaires de CIBIO), pour son précieux soutien pendant la réalisation des analyses moléculaires. Je tiens à exprimer ma sincère reconnaissance envers Patricia Ribeiro, Sofia Mourão et Diana Castro, techniciennes du CIBIO, pour leur aide inestimable lors de la réalisation des analyses moléculaires.

Je tiens à exprimer ma sincère reconnaissance envers Monsieur Ahmed Mostafa Emam, chercheur à l'Institut de Recherche en Production Animale en Égypte, pour son précieux soutien dans la clarification et la compréhension des résultats des analyses statistiques de ma recherche.

Je souhaite exprimer ma profonde gratitude envers Monsieur Yerou Houari Maître de conférences "A" à l'Université de Mascara, pour son aide lors de la réalisation de ce travail, enfin, je désire exprimer ma profonde gratitude envers tous ceux qui ont apporté leur contribution, qu'elle ait été directe ou indirecte, à l'achèvement de cette thèse.

## Dédicaces

À mes chers parents :

Attia et Fatna, quelle que soit la façon dont je parle d'eux,  
il m'est impossible de rendre pleinement grâce à leur contribution et de reconnaître  
tout ce qu'ils ont sacrifié pour moi tout au long de ma vie.

À ma femme Zeghad Soulaf, qui a été mon pilier inestimable, que ce soit durant les moments  
de bonheur ou les épreuves que j'ai traversées. Son encouragement constant et sa présence à  
mes côtés n'ont pas de prix.

À mes chers frères et sœurs : Ahmed, Hamza, Hafsa, et Zakia, Je vous remercie de former  
une famille unie et aimante, de leur soutien et de leurs encouragements fraternels.

À mon cher fils Djoude, pour qui j'espère montrer le bon exemple de sa vie.

À mes chers neveux et nièces :

Yassin, Chaima, et Hadil.

### Résumé

Afin de développer des stratégies de conservation et des plans de de gestion durable pour les populations locales du lapin en Algérie, il est crucial d'obtenir des données complètes sur leur diversité génétique. Dans ce contexte, nous avons entrepris à la fois une caractérisation phénotypique basée sur la couleur de pelage et une caractérisation génétique en utilisant un grand nombre de microsatellites (85) pour analyser la diversité génétique des populations du lapin local en Algérie. Notre étude a porté sur un échantillon de 152 individus issus de sept populations, réparties dans sept zones : El Taref, Mostaganem, Sidi Bel Abbès, M'Sila, deux zones de la wilaya de Djelfa, Dar Chioukh et Faidh El Botma, et la zone de Laghouat. Les principaux résultats relatifs à la caractérisation phénotypique révèlent une grande diversité de ce caractère au sein de la population locale de lapins, avec la présence de treize (13) modèles de coloration distincts. Les résultats de l'analyse génétique ont révélé une grande diversité génétique au sein des populations examinées, avec 558 allèles observés, avec 84 sur 85 microsatellites ont montré un polymorphisme. La majorité des locus présentent un déficit d'hétérozygotie, et la plupart des locus étudiés 49/85 locus sont considérés comme très informatif. Quatre-vingt-huit pourcent (88%) de locus étudiés présentent des écarts de l'équilibre de Hardy-Weinberg. La moyenne de  $F_{ST}$  est de 0,061, et les moyennes de  $F_{IT}$  et  $F_{IS}$  sont 0,245 et 0,198 respectivement. Les valeurs de  $MNa$  varient de 4 à 4,482, et les valeurs de  $Pa$  varient de 9 à 23, les valeurs de l'hétérozygotie attendue sont plus grandes que les valeurs d'hétérozygotie observées ( $H_e > H_o$ ) chez toutes les populations. La moyenne de la richesse allélique ( $Ar$ ) est de 2,349. Les résultats de l'AMOVA indiquent que 3% de la variabilité génétique totale est le résultat de différences génétiques entre les populations. Les résultats des analyses DAPC, l'arbre phylogénétique NJ, et STRUCTURE indiquent la structuration génétique des sept populations locales des lapins étudiés selon la situation géographique en quatre groupes : un groupe représente les populations de centre de l'Algérie, un groupe représente les populations l'ouest, un groupe de la population de sud et un groupe de population l'est. Les conclusions tirées de l'analyse génétique corroborent les résultats de l'analyse phénotypique concernant la variabilité de la population locale de lapin.

**Mots clés :** lapin local, diversité génétique, caractérisation phénotypique, caractérisation génétique, microsatellite.

### Abstract

In order to develop effective strategies for conserving and sustainably managing local rabbit populations in Algeria, it is vital to gather comprehensive information regarding their genetic diversity. In this regard, we conducted both a phenotypic analysis based on fur color and a genetic analysis using a substantial number of microsatellite (85) to assess the genetic diversity of Algeria's local rabbit populations. Our study focused on a sample of 152 individuals from seven populations, distributed in seven regions: El Taref, Mostaganem, Sidi Bel Abbès, M'Sila, two regions of the wilaya of Djelfa, Dar Chioukh and Faidh El Botma, and the region of Laghouat. The primary findings from the phenotypic analysis revealed a significant variety of fur color patterns within the local rabbit population, including the identification of thirteen (13) distinct coloration patterns. Genetic analysis results showed a high genetic diversity within the examined populations, on average, we observed 558 alleles, and 84 out of 85 microsatellite markers exhibited polymorphism. A majority of the loci exhibited a deficiency in heterozygosity, and 49/85 of the loci examined were deemed highly informative. Notably, eighty-eight percent (88%) of the studied loci deviated from Hardy-Weinberg equilibrium. We calculated an average  $F_{ST}$  value of 0.061, and the average values for  $F_{IT}$  and  $F_{IS}$  were 0.245 and 0.198, respectively. The values for  $MNa$  ranged from 4 to 4.482, while  $Pa$  values ranged from 9 to 23. with expected heterozygosity values being greater than observed heterozygosity values ( $H_e > H_o$ ) across all populations. The mean value of allelic richness ( $Ar$ ) is 2.349. An AMOVA analysis revealed that 3% of the total genetic variability was attributable to genetic differences between populations. Additional analyses, including DAPC, a Neighbor-Joining phylogenetic tree NJ, and STRUCTURE analysis, highlighted the genetic structuring of the seven local rabbit populations into four distinct groups based on their geographical locations: a Central Algerian population group, a Western population group, a Southern population group, and an Eastern population group. The conclusions drawn from the genetic analysis support the findings of the phenotypic analysis regarding the variability of the local rabbit population.

**Keywords:** local rabbit, genetic diversity, phenotypic characterization, genetic characterization, microsatellite.

## ملخص

لتطوير استراتيجيات الحفاظ والإدارة المستدامة لعشائر الأرناب المحلية في الجزائر، يعد الحصول على معلومات شاملة حول تنوعهم الوراثي ضرورياً. في هذا السياق، قمنا بتنفيذ توصيف شامل على أساس الخصائص الظاهرية بناءً على لون الفراء وأجرينا تحليلاً وراثياً باستخدام عدد كبير من المعلمات الوراثية الميكروساتلايت (85) لتحليل التنوع الجيني لعشائر الأرناب المحلية في الجزائر. قمنا بإجراء دراستنا على مجموعة عينات تضم 152 فرداً من سبع عشائر موزعة على سبع مناطق: الطارف، مستغانم، سيدي بلعباس، المسيلة، منطقتين من ولاية الجلفة، دار الشيوخ و فيض البطمة، ومنطقة الأغواط. أظهرت النتائج الرئيسية المتعلقة بالتوصيف الظاهري وجود تنوع كبير في أنماط لون الفراء داخل عشائر الأرناب المحلية، بوجود ثلاثة عشر (13) نمطاً لونياً. أما نتائج التحليل الجيني، فكشفت عن تنوع وراثي واسع ضمن العشائر المدروسة، حيث تم رصد مجموع 558 أليل، كما ظهر التنوع الأليلي في 84 من أصل 85 موقع ميكروساتلايت. معظم المواقع كانت تعاني من نقص في الهجونة، وتم اعتبار معظم المواقع الوراثية المدروسة (49 من أصل 85 موقع) غنية بالمعلومات الوراثية. أظهرت ثمانية وثمانون في المئة (88%) من المواقع المدروسة تبايناً عن توازن هاردي-وينبيرغ. بلغ متوسط قيم  $F_{ST}$  0.061، وبلغ متوسط كل من  $F_{IS}$  و  $F_{IT}$  0.245 و 0.198 على التوالي. تراوحت قيم  $MNa$  بين 4 و 4.482، وتراوحت قيم  $Pa$  بين 9 و 23، كما كانت قيم الهجونة المتوقعة أكبر من قيم الهجونة المرصودة ( $H_e > H_o$ ) في جميع العشائر. كما بلغ متوسط الغنى الأليلي 2.349. أظهرت نتائج تحليل التباين الوراثي (AMOVA) أن 3% من التباين الجيني الإجمالي يعزى إلى الاختلافات الجينية بين العشائر. أشارت نتائج تحليل DAPC، تحليل NJ، وتحليل STRUCTURE، إلى تصنيف جيني للسبع عشائر المحلية المدروسة استناداً إلى الموقع الجغرافي إلى أربع مجموعات رئيسية: مجموعة تمثل عشائر وسط الجزائر، مجموعة تمثل عشائر الغرب، مجموعة تمثل عشيرة الجنوب، ومجموعة تمثل عشيرة الشرق. هذه الاستنتاجات تؤيد النتائج التي تم الوصول إليها من خلال التحليل الظاهري بشأن تنوع عشائر الأرناب المحلية.

**الكلمات المفتاحية:** الأرناب المحلي، التنوع الوراثي، التوصيف الظاهري، التوصيف الوراثي،

الميكروساتلايت.

**Liste des abréviations**

<b>cM</b>	centiMorgan
<b>dNTP</b>	désoxyriboNucléotide TriPhosphate
<b>DSA</b>	Direction des Services Agricoles
<b>EDTA</b>	Ethylène Diamine Tétra Acétique
<b>FAO</b>	Food and Agriculture Organization
<b>FFC</b>	Fédération Française de Cuniculiculture
<b>Gbp</b>	Gigabase Pairs
<b>HIV</b>	Human Immunodeficiency Virus
<b>HSV-1</b>	Herpes simplex virus-1
<b>ITAVI</b>	Institut Technique de l'Aviculture
<b>ITELV</b>	Institut Technique d'Elevage
<b>K</b>	Cluster
<b>Kcal</b>	Kilocalorie
<b>Kg</b>	Kilogramme
<b>MADR</b>	Ministère de l'Agriculture et de Développement Rural
<b>Mbp</b>	Megabase Pairs
<b>MgCl<sub>2</sub></b>	Chlorure de Magnésium
<b>NCBI</b>	National Center for Biotechnology Information
<b>SE</b>	Erreur standard
<b>TAQ</b>	Thermus aquaticus
<b>USDA</b>	United States Department of Agriculture
<b>UV</b>	Ultraviolets

Liste des figures

<b>Figure 1</b>	Place de l'espèce <i>Oryctolagus cuniculus</i> dans l'ordre des lagomorphes.....	8
<b>Figure 2</b>	Place des lagomorphes dans l'arbre phylogénétique des mammifères.....	10
<b>Figure 3</b>	Morphologie du lapin.....	11
<b>Figure 4</b>	Digestion chez le lapin.....	15
<b>Figure 5</b>	Appareil reproducteur de la femelle.....	20
<b>Figure 6</b>	Appareil génital du mâle.....	23
<b>Figure 7</b>	Exemples de races de lapins en fonction du poids à l'âge adulte.....	28
<b>Figure 8</b>	Principaux producteurs de la viande de lapin.....	36
<b>Figure 9</b>	Production de viande du lapin en Algérie depuis l'année 2000.....	38
<b>Figure 10</b>	Exemples de phénotypes de la population locale de lapin.....	44
<b>Figure 11</b>	Processus influençant la variabilité génétique .....	50
<b>Figure 12</b>	Schéma représentatif de la technique des marqueurs microsatellites.....	60
<b>Figure 13</b>	Taille et densité génique pour les différents chromosomes de lapin.....	66
<b>Figure 14</b>	Caryotype standardisé défini par le Comité du Caryotype Standardisé d' <i>Oryctolagus cuniculus</i> .....	68
<b>Figure 15</b>	Wilayas des populations d'étude.....	76
<b>Figure 16</b>	Sites d'échantillonnage de la zone de El teref.....	77
<b>Figure 17</b>	Sites d'échantillonnage de la zone de Mostaganem.....	77
<b>Figure 18</b>	Sites d'échantillonnage de la zone de Sidi Bel Abbès.....	78
<b>Figure 19</b>	Sites d'échantillonnage de la zone de M'Sila, de la wilaya de Djelfa : Dar Chioukh et Faidh El Botma, et de la zone de Laghouat.....	79
<b>Figure 20</b>	Localisation géographique des 25 sites d'échantillonnage. ....	80
<b>Figure 21</b>	Etapas d'extraction d'ADN.....	82
<b>Figure 22</b>	Etapas de PCR.....	83
<b>Figure 23</b>	Schéma explicatif d'électrophorèse d'ADN.....	84
<b>Figure 24</b>	Principe de fonctionnement électrophorèse capillaire.....	85
<b>Figure 25</b>	Marqueur de taille.....	87
<b>Figure 26</b>	Modèles de coloration chez les sept populations étudiées en pourcentages....	106
<b>Figure 27</b>	Modèles de coloration chez la population d'El Teref en pourcentages.....	107
<b>Figure 28</b>	Modèles de coloration chez la population de Mostaganem en pourcentages..	108

## Liste des figures

---

<b>Figure 29</b>	Modèles de coloration chez la population de Sidi Bel Abbès en pourcentages.	109
<b>Figure 30</b>	Modèles de coloration chez la population de M'Sila en pourcentages.....	110
<b>Figure 31</b>	Modèles de coloration chez la population de Dar Chioukh en pourcentages....	111
<b>Figure 32</b>	Modèles de coloration chez la population de Fidh El Botma en pourcentages..	112
<b>Figure 33</b>	Modèles de coloration chez la population de Laghouat en pourcentages.....	113
<b>Figure 34</b>	Exemples de treize (13) modèles de coloration existants.....	114
<b>Figure 35</b>	Analyse factorielle des correspondances (AFC) des sept populations de lapins étudiées suivant la couleur de pelage.....	119
<b>Figure 36</b>	Classification hiérarchique (CAH) des sept populations de lapins étudiées suivant la couleur de pelage.....	119
<b>Figure 37</b>	Electrophorèse d'ADN de 95 individus.....	120
<b>Figure 38</b>	Electrophorèse d'ADN de 57 individus .....	120
<b>Figure 39</b>	Résultats de l'amplification de 85 microsatellites chez 95 individus.....	122
<b>Figure 40</b>	Résultats de l'amplification de 85 microsatellites chez 57 individus.....	123
<b>Figure 41</b>	Résultats de H' et de E pour les multiplexes 1, 2, et 3.....	125
<b>Figure 42</b>	Résultats de H' et de E pour les multiplexes 4, 5, et 6.....	125
<b>Figure 43</b>	Résultats de H' et de E pour les multiplexes 7, 8, et 9.....	125
<b>Figure 44</b>	Résultats de H' et de E pour les multiplexes 10, 11, et 12.....	126
<b>Figure 45</b>	Résultats de H' et de E pour les multiplexes 13, 14, et 15.....	126
<b>Figure 46</b>	F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 1, 2, et 3.....	135
<b>Figure 47</b>	F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 4, 5, et 6.....	135
<b>Figure 48</b>	F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 7, 8, et 9.....	136
<b>Figure 49</b>	F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 10, 11, et 12.....	136
<b>Figure 50</b>	F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 13, 14, et 15.....	136
<b>Figure 51</b>	Variabilité génétique de sept populations locales étudiées en pourcentage....	141
<b>Figure 52</b>	Analyse discriminante des composantes principales (DAPC) des sept populations des lapins étudiées.....	144
<b>Figure 53</b>	Arbre phylogénétique NJ des sept populations des lapins étudiées.....	144
<b>Figure 54</b>	Résultats de l'analyse STRUCTURE des sept populations des lapins étudiées.....	146
<b>Figure 55</b>	Valeurs les plus probables de $\Delta K$ des sept populations des lapins étudiées...	146

**Liste des tableaux**

<b>Tableau 1</b>	Paramètres physiologiques majeurs du lapin.....	12
<b>Tableau 2</b>	Production de viande de lapin en quantité et en têtes.....	36
<b>Tableau 3</b>	Informations moléculaires pour les principaux locus de couleur de pelage chez le lapin.....	70
<b>Tableau 4</b>	Locus et réactions PCR utilisés dans cette étude.....	89
<b>Tableau 5</b>	Logiciels statistiques employés dans la présente étude .....	93
<b>Tableau 6</b>	Paramètres de variabilité génétique de 85 locus microsatellites pour les sept populations étudiées.....	128
<b>Tableau 7</b>	Paramètres de diversité génétique chez les sept populations de lapins locales.....	137

**Liste des annexes**

<b>Annexe 1</b>	Méthode de caractérisation de coloration de pelage de lapins proposée par ARNOLD et al (2005).....	174
<b>Annexe 2</b>	Protocole de l'extraction de l'ADN.....	175
<b>Annexe 3</b>	Fréquences alléliques pour les 85 locus chez les sept populations étudiées.....	176

## TABLE DES MATIERES

<b>Remerciements</b> .....	I
<b>Dédicaces</b> .....	III
<b>Résumé</b> .....	IV
<b>Abstract</b> .....	V
<b>ملخص</b> .....	VI
<b>Liste des abréviations</b> .....	VII
<b>Liste des tableaux</b> .....	VIII
<b>Liste des figures</b> .....	IX
<b>Liste des annexes</b> .....	XI
<b>Introduction</b> .....	01

## PARTIE BIBLIOGRAPHIQUE

### Chapitre I : Généralités sur le lapin

1. Origine du lapin.....	05
2. Domestication du lapin.....	05
3. Classification du lapin.....	07
4. Phylogénie.....	08
5. Morphologie externe du lapin.....	11
6. Physiologie du lapin.....	12
6.1. Particularités.....	12
6.2. Système digestif et alimentation du lapin.....	12
6.2.1. Système digestif.....	12
6.2.1.1. Cavité buccale.....	13
6.2.1.2. Estomac.....	13
6.2.1.3. Intestin grêle.....	13
6.2.1.4. Caecum.....	14
6.2.1.5. Colon.....	14
6.2.2. Alimentation du lapin.....	15
6.2.2.1. Besoins en eau.....	16
6.2.2.2. Glucides.....	16
6.2.2.3. Sucres simples et amidons.....	16
6.2.2.4. Fibres.....	17
6.2.2.5. Protéines.....	17
6.2.2.6. Matières grasses.....	18

## Table des matières

---

6.2.2.7. Minéraux et vitamines.....	19
6.3. Physiologie de la reproduction.....	20
6.3.1. Chez la femelle.....	20
6.3.1.1. Système reproducteur de la femelle.....	20
6.3.1.2. Reproduction .....	20
6.3.1.2.1. Puberté maturité sexuelle de la lapine.....	20
6.3.1.2.2. Comportements sexuels.....	21
6.3.2. Chez le mâle.....	23
6.3.2.1. Appareil génital du mâle.....	23
6.3.2.2. Reproduction.....	24
6.3.2.2.1. Puberté.....	24
6.3.2.2.2. Spermatogenèse.....	24
7. Races de lapin.....	24
7.1. Notion de population, race et souche.....	24
7.1.1. Population.....	24
7.1.2. Race.....	25
7.1.3. Souche.....	25
7.2. Évolution des races de lapins.....	25
7.3. Classification des races de lapins.....	26
7.3.1. Classification des races selon l'origine.....	26
7.3.2. Classification des races selon le poids adulte.....	27
8. Qualités nutritionnelles de viande de lapin.....	29
9. Intérêts du lapin pour la recherche.....	30

## Chapitre II : Cuniculture en Algérie

1. Historique d'élevage lapin en Algérie.....	32
2. Evolution de la cuniculture en Algérie.....	33
3. Systèmes d'élevage.....	34
3.1. Système d'élevage traditionnel.....	34
3.2. Système d'élevage rationnel.....	34
4. Importance économique de l'élevage de lapins.....	35
4.1. Rappel sur la situation dans le monde.....	35
4.2. Situation en Algérie.....	37
5. Filière cuniculicole en Algérie.....	38
6. Populations locales de lapin en Algérie.....	42

## Table des matières

---

6.1. Population locale.....	42
6.2. Souche Blanche.....	42
6.3. Souche synthétique de l'ITELV.....	43
7. Caractéristiques de la population cuniculicole locale.....	44
7.1. Caractères phénotypiques.....	44
7.2. Caractérisation génétique.....	45
7.3. Performances de reproductions et de croissance.....	46
7.3.1. Performances de reproductions.....	46
7.3.2. Performances de croissance.....	47

## Chapitre III : Sources, méthodes d'études de diversité, et génétique du Lapin

1. Biodiversité.....	48
2. Diversité génétique.....	48
3. Sources de diversité génétique.....	49
3.1. Mutations.....	50
3.2. Dérive génétique.....	51
3.3. Flux génétique .....	52
3.4. Sélection naturelle.....	52
4. Méthodes de caractérisation génétique des animaux domestiques.....	53
4.1. Méthodes phénotypiques.....	54
4.2. Méthodes cytologiques.....	54
4.3. Méthodes biochimiques.....	55
4.4. Méthodes moléculaires.....	55
4.4.1. Marqueurs RFLP.....	56
4.4.2. Marqueurs d'ADN mitochondrial.....	56
4.4.3. Marqueurs RAPD.....	57
4.4.4. Marqueurs AFLP.....	57
4.4.5. Marqueurs SNPs.....	58
4.4.6. Marqueurs microsatellites.....	59
4.4.6.1. Utilisation des microsatellites pour les études de variabilité génétique des animaux domestiques.....	61
4.4.6.2. Utilisation des microsatellites pour les études de variabilité génétique chez le lapin.....	61
5. Génome de lapin.....	64

## Table des matières

---

6. Caryotype du lapin.....	66
7. Génétique de la coloration de pelage chez le lapin.....	69
8. Génétique des caractères quantitatifs (QTL) chez le lapin.....	71
8.1. QTL pour les performances de reproduction.....	71
8.2. QTL pour les performances de croissances et développement de la fourrure.....	72
8.3. QTL pour le rendement de la carcasse et la qualité de la viande.....	73

### **PARTIE EXPERIMENTALE**

#### **Chapitre I : Matériel et méthodes**

1. Objectifs.....	74
2. 2. Collecte d'échantillons.....	75
2.1. Méthode de collecte d'échantillons.....	75
2.2. Collecte d'échantillons des populations étudiées .....	75
2.2.1. El Taref.....	76
2.2.2. Mostaganem.....	77
2.2.3. Sidi Bel Abbès.....	77
2.2.4. M'Sila.....	78
2.2.5. Dar Chioukh.....	78
2.2.6. Faidh El Botma.....	79
2.2.7. Laghouat.....	79
3. Caractérisation phénotypique.....	80
4. Caractérisation génétique.....	81
4.1. Principes des techniques moléculaires.....	81
4.1.1. Principe d'extraction d'ADN.....	81
4.1.2. Principe de la PCR .....	82
4.1.3. Principe de l'électrophorèse classique.....	83
4.1.4. Principe de l'électrophorèse capillaire .....	84
4.2. Protocole expérimentale.....	85
4.2.1. Extraction de l'ADN.....	85
4.2.2. Test de la qualité de l'ADN.....	86
4.2.3. Choix des marqueurs microsatellites .....	86
4.2.4. Conditions et optimisation de la PCR.....	86
4.2.5. Détection de produits PCR par électrophorèse .....	87
4.2.6. Génotypage des microsatellites .....	88
5. Méthodes d'analyses statistiques.....	92

## Table des matières

---

5.1. Analyses statistiques pour la caractérisation phénotypique.....	92
5.1.1. Analyse factorielle des correspondances (AFC).....	92
5.1.2. Classification ascendante hiérarchique (CAH) .....	92
5.2. Analyses statistiques pour la caractérisation génétique.....	93
5.2.1. Fréquences alléliques.....	94
5.2.2. Paramètres de la diversité génétique des locus dans l'ensemble des populations.....	94
5.2.2.1. Indice de diversité de Shannon ( $H'$ ) et équitabilité ( $E$ ).....	94
5.2.2.2. Variabilité génétique pour chaque locus.....	95
5.2.2.2.1. Nombre total d'allèles .....	96
5.2.2.2.2. Nombre total d'allèles privés ( $P_a$ ) .....	96
5.2.2.2.3. Taux d'hétérozygotie.....	97
5.2.2.2.4. Taux d'hétérozygotie observée ( $H_o$ ) .....	97
5.2.2.2.5. Taux d'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) .....	97
5.2.2.2.6. Taux de polymorphisme (PIC) .....	97
5.2.2.2.7. Équilibre de Hardy-Weinberg (HWE) .....	98
5.2.2.3. F-statistiques.....	99
5.2.3. Paramètres de de variabilité génétique intra-population.....	100
5.2.3.1. Richesse allélique ( $A_r$ ) .....	100
5.2.4. Paramètres de de variabilité génétique inter-populations.....	100
5.2.4.1. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA).....	101
5.2.4.2. Analyse discriminante des composantes principales.....	101
5.2.4.3. Distances génétiques et dendrogrammes.....	102
5.2.4.4. Méthodes de clustering.....	104

## Chapitre II : Résultats et discussions

1. Caractérisation phénotypique.....	105
1.1. Importance de différents modèles de coloration.....	105
1.1.1. Résultats.....	105
1.1.1.1. Importance globale chez les sept populations étudiées.....	105
1.1.1.2. Importance de différents modèles de coloration chez la population d'El Taref.....	107
1.1.1.3. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Mostaganem.....	108
1.1.1.4. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Sidi	

## Table des matières

---

Bel Abbès.....	109
1.1.1.5. Importance de différents modèles de coloration chez la population de M'Sila.....	110
1.1.1.6. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Dar Chioukh.....	111
1.1.1.7. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Fidh El Botma.....	112
1.1.1.8. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Laghouat.....	113
1.1.2. Discussions.....	115
1.2. Analyses statistiques pour la caractérisation phénotypique .....	118
2. Caractérisation génétique.....	120
2.1. Qualité d'ADN extraits et résultats de l'amplification.....	120
2.2. Fréquences alléliques .....	121
2.3. Paramètres de diversité génétique de locus parmi les populations.....	124
2.3.1. Indice de diversité de Shannon (H') et équitabilité (E).....	124
2.3.2. Variabilité génétique pour chaque locus dans toutes les populations.....	126
2.3.3. F-statistiques pour chaque locus.....	133
2.4. Paramètres de la diversité génétique intra-population.....	137
2.5. Paramètres de la diversité génétique inter-population.....	141
2.5.1. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA) .....	141
2.5.2. Analyse discriminante des composantes principales (DAPC) et arbre phylogénétique.....	142
2.5.3. Méthode de clustering .....	145
3. Etude de liens entre la variabilité génétique et la variabilité phénotypique des populations étudiées.....	147
<b>Conclusion</b> .....	149
<b>Références bibliographiques</b> .....	153
<b>Annexes</b> .....	174

# **Introduction**

## **Introduction**

La biodiversité englobe la diversité des formes de vie qui se manifestent à toutes les échelles de l'organisation biologique, couvrant une gamme allant des gènes aux espèces, et englobant même les écosystèmes.

Cette notion complexe englobe non seulement la diversité entre diverses espèces (diversité des espèces), mais aussi les variations présentes au sein d'une espèce donnée, ce qui constitue la diversité génétique, ainsi que les différences entre différents écosystèmes (diversité des écosystèmes) selon Gorsuch (2008).

La diversité génétique chez les animaux fait référence à l'ensemble des allèles et des génotypes qui influencent la morphologie, le fonctionnement ainsi que le comportement d'une espèce animale spécifique (Frankham et al, 2002). Pendant de nombreuses années, cette diversité génétique a permis à des milliers d'espèces domestiquées de s'adapter aux variations climatiques, aux maladies, aux caractéristiques du sol, aux sources de nourriture et à la topographie (Hoban et al, 2022).

La variabilité génétique au sein et entre les populations, soutient les fonctions écologiques et fournit des ressources essentielles et des services fondamentaux pour l'humanité (Hollingsworth et al, 2020).

Dans le but de satisfaire les exigences présentes et à venir des systèmes de production tout en répondant à la demande croissante en produits d'origine animale, il est impératif de maintenir la diversité génétique animale à un niveau optimal (Karsli et al, 2020). De plus, la diversité génétique animale joue un rôle essentiel en garantissant la sécurité alimentaire et le développement durable. Il est essentiel de sélectionner parmi les races préexistantes ou développer de nouvelles races, en réaction aux maladies et à d'autres modifications environnementales, notamment le changement climatique.

Lukefahr (2000) a souligné qu'un haut degré d'hétérozygotie au sein des populations de lapins peut avoir un rôle déterminant dans des caractéristiques liées à la santé, la fertilité et la survie. Ces caractéristiques revêtent une importance fondamentale pour l'adaptation de ces animaux.

La diversité génétique a un impact dans l'amélioration des troupeaux des éleveurs et des agriculteurs, qui ajustent leurs élevages en réponse aux conditions environnementales changeantes et aux évolutions de la demande (Sastry, 2023).

Selon les données de l'organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO, 2019), environ 15 % à 17 % des ressources génétiques des animaux d'élevage sont en danger d'extinction. En outre, Il convient de souligner que dans la région du Moyen-Orient, plus de 80 % des races et populations d'animaux domestiques demeurent largement inconnues (FAO, 2015). Les recherches sur la diversité génétique jouent un rôle crucial pour atteindre les objectifs de développement durable, particulièrement celui visant à mettre fin à la perte de biodiversité.

Divers types de marqueurs moléculaires ont été utilisés dans les études de diversité génétique des lapins, notamment les marqueurs RAPD, utilisés par Mohamed et Abdelfattah (2018), les marqueurs PCR-RFLP utilisés par Shevchenko et Kopylov (2015), les microsatellites SSR utilisés par Adeolu et al (2021), l'ADN mitochondrial utilisés par Emam et al (2020), et les marqueurs SNP utilisés par Ballan et al (2022).

Les marqueurs microsatellites sont considérés comme très efficaces pour les recherches sur la diversité génétique, en raison de leur distribution dans tout le génome, se trouvent de façon aléatoire, sont hautement polymorphes, faciles à utiliser et à analyser, et ils sont codominants (Holliday et al, 2018 ; Karsli et al, 2020).

L'élevage de lapins a une longue histoire en Algérie, l'introduction du lapin en Afrique du Nord semble remonter à l'époque romaine, vers 50 avant J C, lorsque les Romains l'ont apporté depuis la péninsule ibérique, où il aurait été élevé en petits groupes ruraux (Barkok, 1990). Au cours du 19e siècle, pendant la période coloniale et avec l'arrivée de populations européennes, qui avaient l'habitude de consommer du lapin, l'élevage de ces animaux s'est développé en Afrique du Nord. Cependant, il convient de noter que le développement de l'élevage rationnel de lapins en Algérie n'a réellement débuté qu'à partir des années mille neuf cent quatre-vingts (Colin et Lebas, 1995).

A l'heure actuelle, l'Algérie, comme de nombreuses autres nations en Afrique, se trouve encore dans les phases initiales de l'évolution d'une filière lapine. L'élevage de lapins reste une activité marginale. Selon la FAO (2021), l'Algérie produit environ 8474 tonnes de viande de lapin par an. Cette activité se concentre principalement dans les régions rurales sous forme d'exploitations individuelles et de petits élevages. Les familles dans les villages pratiquent couramment l'élevage de lapins, car il est considéré en tant que source additionnelle de revenus et de protéines d'origine animale (Merad et al, 2015). Il pourrait contribuer à résoudre le problème du manque de production de viande en Algérie (Berchiche et Lebas, 1994) et à réduire la pauvreté dans les zones rurales.

Selon Zerrouki et Lebas (2014a), il existe actuellement trois types génétiques de lapins domestiques en Algérie. Tout d'abord, il y a les populations des lapins locales, les plus largement utilisés dans les élevages traditionnels, aussi, il y a la lignée synthétique (appelée ITELV2006), créée en 2003 dans le but d'enrichir le patrimoine génétique des lapins, en vue de leur utilisation dans la production de viande en Algérie (Gacem et Bolet, 2005). Enfin, il existe Il y a une population de lapins à phénotype albinos qui a été élevée par une coopérative d'État, une description de cette population est disponible dans l'étude menée par Zerrouki et al (2007<sub>a</sub>).

Le lapin local est largement utilisé par les exploitations familiales, bien adapté à l'environnement, notamment grâce à leur faible sensibilité aux températures élevées. Cependant, le lapin local est de petite taille et peu productif (Zerrouki et al, 2005a). La population locale de lapins présente une grande diversité phénotypique en termes de couleurs de pelage, avec une multitude de modèles de coloration. À l'âge adulte, ces lapins ont un poids entre 1,90 kg et 2,44 kg (Nezar, 2007 ; Bouhali, 2013 ; Bekki, 2018 ; Mogharbi et al, 2021).

Les caractéristiques phénotypiques de ces lapins locaux sont similaires à celles observées dans d'autres pays d'Afrique du Nord, tels que l'Égypte (Emam et al, 2017 ; Abdel-Kafy et al, 2018) et la Tunisie (Ben Larabi et al, 2014).

Plusieurs études ont été réalisées pour étudier la diversité génétique des races et populations locales de lapins dans les pays d'Afrique du Nord, notamment en Tunisie (Ben Larbi et al., 2014) et en Égypte (Emam et al, 2016 ; Emam et al, 2017 ; Bader et al, 2020).

Le lapin local algérien a été uniquement décrit sur le plan phénotypique et sur la base des performances zootechniques (Zerrouki et al, 2005b ; Zerrouki, 2006 ; Homrani et al 2010 ; Homrani, 2011 ; Bouhali, 2013 ; Bouhali et al, 2014 ; Abdelli-larbi et al, 2014 ; Mouhous et al, 2019 ; Khelil et al, 2019 ; Mogharbi et al, 2021).

Avant notre étude, une seule étude de caractérisation génétique de lapin local a été menée par Boukabene et al (2018). Cette étude a examiné la diversité génétique de quatre populations locales de lapins, à savoir les populations de pelage blanc, blanc et gris, noir et blanc, ainsi que marron et blanc. De plus, les lapins Gabali et les lapins Néo-Zélandais Blancs d'Égypte ont également été inclus dans cette analyse. Ils ont utilisé un ensemble de 15 marqueurs microsatellites pour analyser un total de 90 animaux.

Compte tenu du déficit d'informations génétiques portant sur les populations de lapins locales, il est essentiel de s'attaquer à cette lacune afin de mieux comprendre la variabilité génétique et les traits de ces populations. Notre étude s'inscrit dans cette perspective cruciale.

Dans ce contexte, elle vise à caractériser la diversité phénotypique et génétique à l'intérieur et entre les populations locales de lapins algériens, et examiner les relations génétiques entre ces populations.

Pour atteindre cet objectif, nous avons prélevé 152 échantillons issus de sept populations de lapins locales, réparties dans sept zones en Algérie, : El Taref, Mostaganem, Sidi Bel Abbès, M'Sila, deux zones de la wilaya de Djelfa, Dar Chioukh et Faidh El Botma, et la zone de Laghouat. Nous avons également utilisé un grand nombre marqueurs microsatellites (85), le plus grand nombre de marqueurs microsatellites utilisés jusqu'à maintenant pour la caractérisation d'animaux d'élevage en Algérie, et le plus grand nombre connu de microsatellites utilisés pour la caractérisation de lapin domestique selon nos recherches.

Ce document de thèse est organisé en deux sections distinctes. La première partie comprend une revue de la littérature qui est subdivisée en trois chapitres. Le premier chapitre aborde les concepts fondamentaux concernant le lapin et met en lumière ses particularités. Le deuxième chapitre explore l'évolution de l'élevage des lapins en Algérie au fil du temps. Le troisième chapitre se concentre sur la diversité génétique, ses origines et les méthodes pour l'analyser, ainsi que les données disponibles concernant la génétique des lapins.

La deuxième section est dédiée à la présentation de l'expérimentation menée au cours de cette étude, et elle se subdivise en deux chapitres distincts. Le premier chapitre, consacré à la méthodologie et au matériel utilisé, traite des populations étudiées, de la méthodologie employée pour la caractérisation phénotypique et génétique, ainsi que les méthodes statistiques employées. Le deuxième chapitre dévoile les résultats obtenus de caractérisation phénotypiques et moléculaires et les résultats d'analyses statistiques, suivis de discussions approfondies. Enfin, une conclusion assortie de perspectives à venir vient clore cette étude.

**PARTIE**  
**BIBLIOGRAPHIQUE**

# **Chapitre I : Généralités sur le lapin**

## 1. Origine du lapin

Le genre *Oryctolagus*, qui est apparu dans le sud de l'Espagne il y a environ 6 à 6,5 millions d'années (Lopez-Martinez, 1977), est aujourd'hui représenté par une seule espèce : *Oryctolagus cuniculus* (le lapin européen).

Les plus anciens fossiles attribués à l'espèce moderne du lapin *Oryctolagus cuniculus* ont été identifiées dans la péninsule ibérique résultant du Moyen pléistocène, environ 0,6 million d'années (Donard, 1982).

Les fossiles du pliocène moyen ont permis d'identifier deux espèces, *O. lacosti* dans le sud de la France et le nord-ouest de l'Italie, et *O. laynensis* dans la péninsule ibérique. Les chercheurs pensent que cette dernière forme est l'ancêtre de l'*O. cuniculus* actuel (Lopez-Martinez, 1977). Les données archéozoologiques suggèrent que la distribution originale du lapin était limitée à la péninsule ibérique et au sud de la France (Callou, 1995).

Après le dernier glaciaire il y a environ 18 000 ans, le lapin européen a traversé les Pyrénées et a étendu sa répartition naturelle jusqu'au sud de la France (Queney et al, 2001). L'expansion mondiale qui a suivi a été facilitée par l'activité humaine, avec une période particulièrement importante pendant le moyen Âge (Donard, 1982).

Le lapin européen (*Oryctolagus cuniculus*) est l'ancêtre unique des lapins domestiques, les formes sauvages et les formes domestiques du lapin dans le monde entier (Alves et al, 2015).

Aujourd'hui, Il existe deux sous-espèces du lapin reconnues : *Oryctolagus cuniculus cuniculus*, présente en France et dans la plupart des régions où elle a été introduite par l'homme, et *O. c. algerus*, qui occupe la péninsule ibérique, l'Afrique du Nord, la Méditerranée et les îles atlantiques portugaises (Wilson et Reeder, 1992).

Les études phylogéographiques suggèrent que deux groupes de lapins européens ont été isolés pendant un certain temps, créant ainsi les conditions nécessaires à des trajectoires évolutives indépendantes. Plus tard, ces groupes isolés se sont étendus et se sont partiellement chevauchés lorsque les barrières ont été éliminées pendant la période postglaciaire, recréant ainsi la possibilité d'une recolonisation de la péninsule ibérique (Branco et al, 2000). Par conséquent, tout au long du pléistocène, ces deux sous-espèces ont probablement connu de multiples événements d'isolement et de contact en réponse aux changements climatiques.

## 2. Domestication du lapin

Les espèces animales ont suivi des trajectoires différentes dans le processus de domestication. Trois voies de domestication ont été identifiées (Zeder, 2012) : la voie

commensale, où les animaux sauvages se sont habitués aux humains en étant attirés par leurs déchets, la voie de la proie, où les animaux étaient initialement chassés puis gérés par les humains, et la voie dirigée, qui consiste à capturer directement des animaux sauvages dans le but de contrôler leur reproduction et leur élevage, sans les étapes préliminaires d'apprivoisement ou de gestion. Cette dernière voie s'est déroulée sur des périodes plus courtes.

Il est probable que le processus de domestication du lapin européen ait suivi la voie dirigée (Irving-Pease et al, 2018). La capacité du lapin européen à se cacher a sans doute facilité sa domestication, tandis qu'une espèce apparentée telle que le lièvre, qui dépend de sa vitesse pour échapper aux prédateurs, n'aurait pas pu être apprivoisée aussi facilement. Cette différence pourrait expliquer pourquoi le lièvre n'a pas été ciblé pour la domestication, malgré ses similarités avec le lapin (Clutton-Brock, 2012).

Il est couramment admis que les lapins ont été domestiqués vers l'an 600 de notre ère par des moines français. Les premiers documents écrits sur les lapins ont été rédigés par des Romains (Varro, écrivant au 1er siècle), qui ont rencontré cette espèce dans la péninsule ibérique (Carneiro et al, 2011).

Par ailleurs, il était souvent difficile de distinguer les lapins transportés de leurs homologues sauvages. En fait, les changements squelettiques ne sont apparus qu'au 18ème siècle (Callou, 2003).

Les analyses des données génomiques des lapins suggèrent que les lapins sauvages français et domestiques se sont probablement séparés il y a entre 12 200 et 17 700 ans (Irving-Pease et al, 2018).

Pour obtenir une narration satisfaisante de la domestication des lapins, il est nécessaire de considérer la domestication et les changements biologiques qui y sont associés comme un processus qui se déroule le long d'un continuum.

Les lapins étaient chassés pendant la période du Paléolithique, intentionnellement transportés vers les îles méditerranéennes, consommés sous forme de fœtus, logés dans des *leporaria* romains, élevés dans des buttes de terre médiévale et des terriers, forcés de se reproduire dans des clapiers, et plus récemment sélectionnés pour leurs caractéristiques morphologiques en tant qu'animaux de compagnie. Aucune de ces activités individuellement ne peut être considérée comme le seuil de la domestication, mais collectivement, elles ont constitué les processus par lesquels les lapins ont été domestiqués (Irving-Pease et al, 2018).

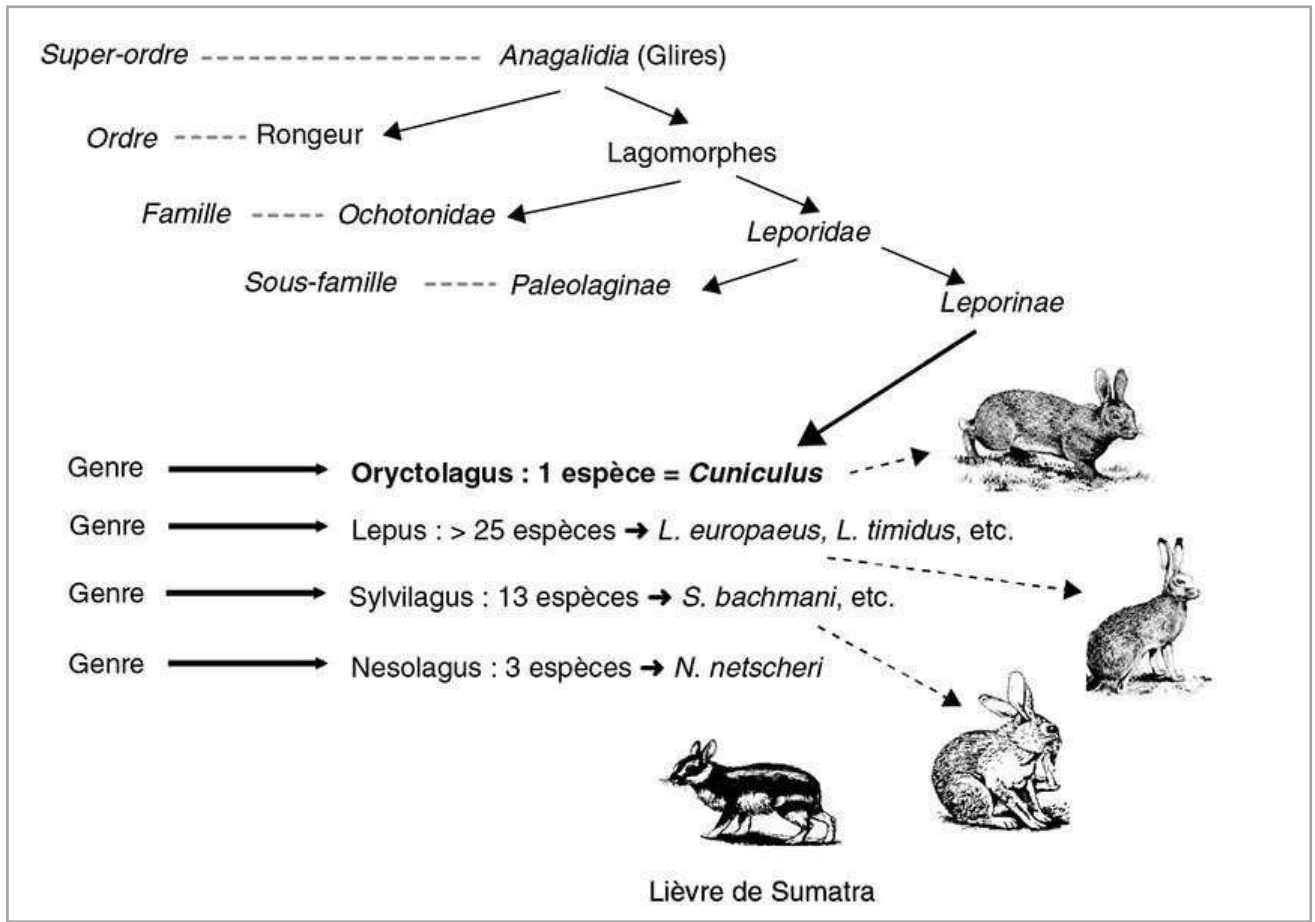
### 3. Classification du lapin

L'espèce de lapin européen, connue sous le nom scientifique d'*Oryctolagus cuniculus*, a été nommée par Linné en 1758. Le terme "*Oryctolagus*" trouve son origine dans les mots grecs "oruktês" (fouisseur) et "lagôs" (lièvre). Quant au mot "*cuniculus*", est le nom latin du lapin et il trouve son origine dans la langue ibère. Il a été transcrit initialement par l'historien gréco-romain Polybe sous la forme de "ko(n)niklos", vers l'an 150 avant JC, ce petit mammifère placentaire appartenant à la sous-famille des Léporinés, qui inclut également les lièvres, fait partie de la famille des Léporidés. Le lapin appartient à l'ordre des lagomorphes, qui comprend également les pikas (Chantry-Darmon, 2005).

Il existe environ soixante espèces dans la sous-famille des Leporinae (figure 1), réparties dans une douzaine de genres différents, dont *Lepus* (les lièvres) et *Sylvilagus* (les lapins américains).

Le genre *Lepus* comprend environ trente espèces, tandis que le genre *Sylvilagus* en compte une quinzaine. Le lapin européen, le lapin domestique ou de lapin de garenne à l'état sauvage, est l'unique espèce de son genre *Oryctolagus*. En conséquence, il est impossible pour le lapin européen de se reproduire avec d'autres lagomorphes et aucun hybride véritable ne peut être produit entre cette espèce de lapin et une espèce voisine (Garreau et al, 2015).

La principale différence entre l'ordre des lagomorphes et celui des rongeurs réside dans le fait que les lagomorphes possèdent une seconde paire d'incisives dans leur maxillaire supérieur. Ces deux ordres, également connus sous les noms de Duplicidentés et Simplicidentés, sont regroupés dans le superordre des Glires (Rougeot, 198 ; Lebas, 2000).



**Figure 1.** Place de l'espèce *Oryctolagus cuniculus* dans l'ordre des lagomorphes (Garreau, et al, 2015).

#### 4. Phylogénie

L'ordre des Lagomorphes est un groupe de mammifères qui se divise en deux familles actuelles : les Leporidae et les Ochotonidae (Awadi et al, 2016). Il est probable que les lagomorphes ont été évolué à partir du groupe des Anagaloidea (Palmer, 1999).

D'après les arbres phylogénétiques des mammifères placentaires basés sur les études morphologiques (figure 2 a) ainsi que les arbres phylogénétiques des mammifères placentaires basés sur les études de génétique moléculaires (figure 2 b), l'ordre des lagomorphes est étroitement lié à l'ordre des rongeurs (Rodentia), ces deux ordres les lagomorphes et les rongeurs forment le superordre Glires, selon les études de génétique moléculaires, le superordre Glires est liée au superordre (Eu-)Archonta, qui comporte les ordres Scandentia, Primates, et Dermoptera, l'ensemble de le superordres Glires et (Eu-)Archonta, forment le taxon Euarchontoglires (Springer et al, 2004 ; Zachos, 2020) .

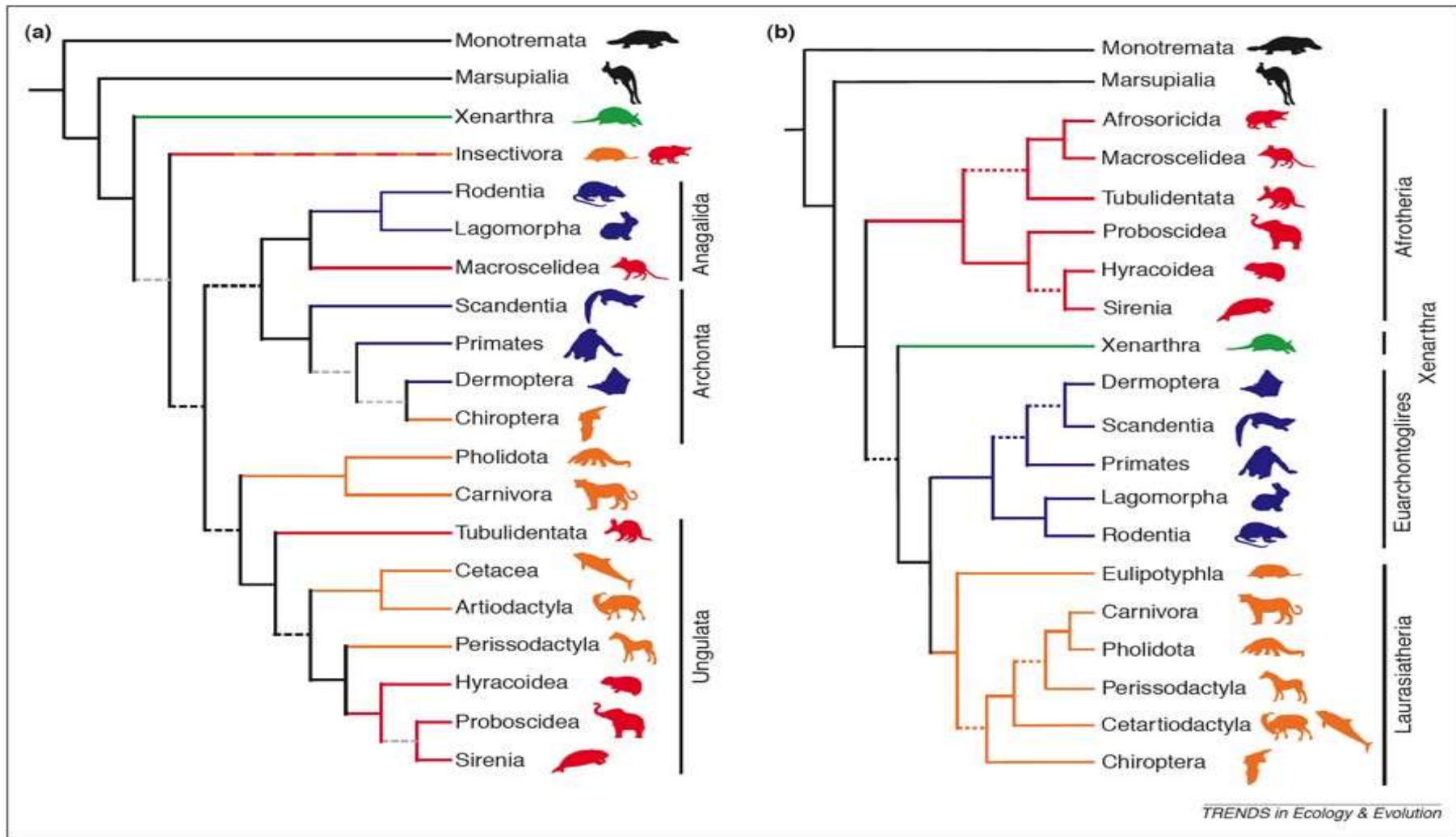
Comprendre le génome du lapin pourrait donc fournir de précieuses informations sur la phylogénie et l'évolution des génomes des mammifères par rapport aux autres espèces.

Dans le passé, la diversité des lagomorphes était plus importante qu'aujourd'hui, avec environ 75 genres et plus de 230 espèces présentes dans les fossiles. Ces données fournissent des preuves soutenant le déclin des lignées de lagomorphes à notre époque (Petrescu-Mag et al, 2019).

Les genres vivants de la famille des Leporidae sont apparus au début du Miocène, avec deux genres particulièrement diversifiés, *Lepus* et *Sylvilagus*, dont les premières traces fossiles remontent respectivement à environ 8,6 et 7,2 millions d'années (Lacher et al, 2016).

La recherche scientifique sur la phylogénie du genre *Oryctolagus* est limitée. Le genre *Oryctolagus* se compose d'une seule espèce (*O. cuniculus*) et de six sous-espèces, et il est à l'origine de toutes les races domestiques (Petrescu-Mag et al, 2019).

Ce qui est paradoxal, c'est que malgré le déclin global des lagomorphes, le lapin européen présente une incroyable plasticité, donnant naissance à de nombreuses races et populations locales, aux formes et couleurs diverses.



**Figure 2.** Place des lagomorphes dans l'arbre phylogénétique des mammifères (Springer et al, 2004)

(a) Arbre phylogénétique des mammifères basé sur les caractères morphologique

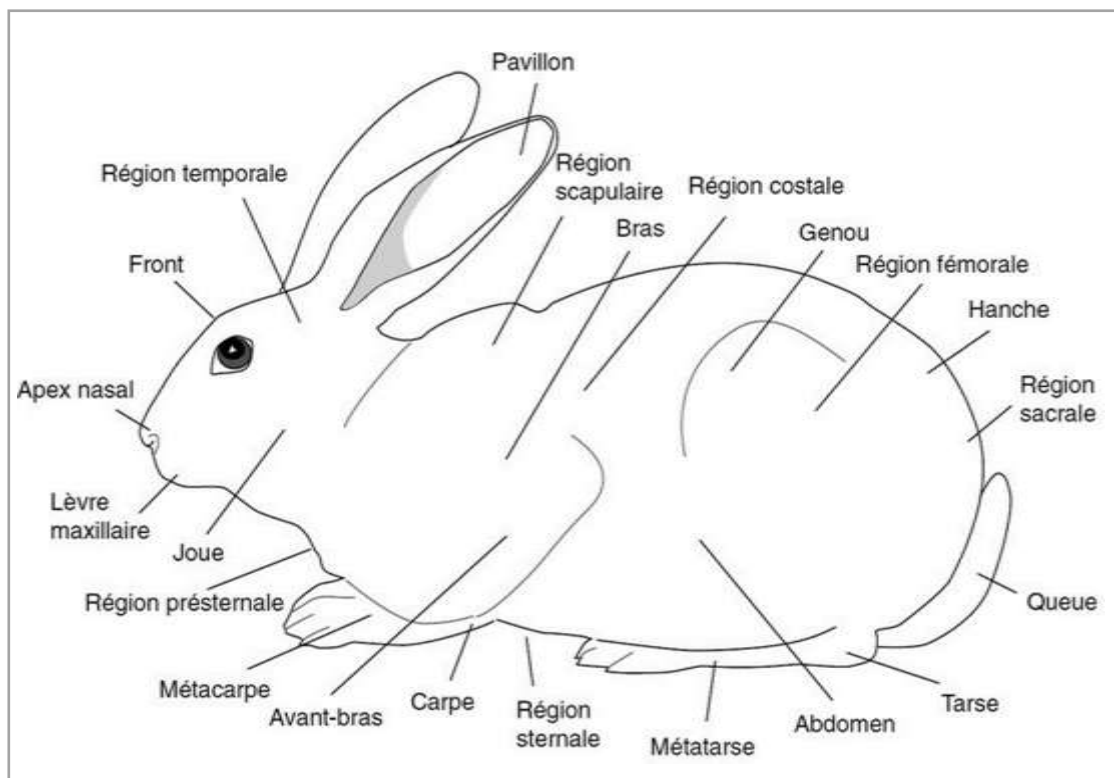
(b) Arbre phylogénétique des mammifères basé sur les données génétique.

## 5. Morphologie externe du lapin

Les lapins sont de petits mammifères pèsent généralement moins de 5 kg pour les races moyennes, ils ont une taille de moins de 50 cm (Garreau et al, 2015), ils ont un corps couvert de poils avec de longues oreilles, des queues courtes, ainsi que des pattes arrière puissantes (McClure, 2022).

Ils possèdent deux paires d'incisives pointues (dents de devant), une paire dans la partie supérieure et une paire dans la partie inférieure. Derrière les incisives supérieures, on retrouve également deux dents en forme de piquet. Leurs dents sont spécialement adaptées pour le rongement et continuent de pousser tout au long de leur vie (McClure, 2022).

La figure (3) identifie les éléments principaux de la structure corporelle du lapin. Pour la plupart des races, des différences morphologiques sont observées en fonction du sexe. Les mâles présentent généralement une tête robuste et large, un thorax bien développé, des membres relativement fortes et une musculature bien définie. Les femelles, en revanche, présentent une morphologie plus délicate avec une tête plus fine, un corps fréquemment allongé avec une structure osseuse plus légère. Chez les femelles, seule la partie postérieure est davantage développée. (FFC, 2000).



**Figure 3.** Morphologie du lapin (Barone et al, 1973).

## 6. Physiologie du lapin

### 6.1. Particularités

La physiologie du lapin présente des similitudes avec celle des autres mammifères, avec deux caractéristiques distinctives à souligner : la caecotrophie et l'ovulation stimulée par la copulation chez les femelles. En dehors de ces deux particularités, le fonctionnement physiologique du lapin est comparable à celui des autres mammifères (Martrenchard, 2021).

Les informations essentielles concernant les paramètres physiologiques majeurs du lapin sont exposées dans le tableau (1).

**Tableau 1.** Paramètres physiologiques majeurs du lapin (Fortun-Lamothe et al, 2015)

Paramètres	Caractéristiques
Température corporelle	38,5 – 40°C
Fréquence cardiaque	250 battements / minute
Fréquence respiratoire	30-60 respirations / minute
Volume sanguine	55-70 millilitres / kilogramme

### 6.2. Système digestif et alimentation du lapin

#### 6.2.1. Système digestif

Le lapin, en tant qu'un animal herbivore et monogastrique, possède la capacité de se nourrir d'une grande variété d'aliments, tels que des graines de céréales, de l'herbe et d'autres fourrages moins nutritifs (Gidenne et Lebas, 2005). La majeure partie de la digestion des aliments se produit dans les segments initiaux du tube digestif, notamment l'estomac et l'intestin grêle. Les enzymes présentes dans le système digestif du lapin sont chargées de la dégradation des composants les plus digestibles de l'aliment, tels que l'amidon, les protéines, les sucres et les lipides.

Les substances non digérées, comme les fibres, sont ensuite acheminés dans les parties postérieures du tube digestif, à savoir le cæcum et le côlon proximal. Dans ces régions, ils subissent une hydrolyse et une fermentation grâce à l'action du microbiote (Fortun-Lamothe et al, 2015).

La compréhension du système digestif et de la physiologie de la digestion nous permet de développer des aliments spécialement conçus pour répondre aux besoins nutritionnels à chaque étape du développement.

Dans cette perspective, il est important de revenir sur l'anatomie et la physiologie du système digestif pour mieux comprendre son fonctionnement.

#### **6.2.1.1. Cavité buccale**

La phase initiale de la digestion débute dans la cavité buccale (Figure 4), où la mastication débute. Cependant, chez les lapins nourris avec des granulés, la mastication peut être limitée. En revanche, lorsque les lapins consomment du fourrage, ils peuvent effectuer des mouvements de mastication de manière répétée, atteignant jusqu'à 120 mouvements par minute. Les glandes salivaires sécrètent une salive contenant une quantité réduite d'amylase, généralement 10 à 20 fois inférieure à celle produite par le pancréas. Après l'ingestion, le temps entre la prise alimentaire et la déglutition est très court, se limitant à quelques secondes. L'œsophage, qui est court chez les lapins, a pour rôle exclusif de transférer les aliments vers l'estomac. Il convient de noter que la régurgitation est impossible chez ces animaux (Lebas, 2000).

#### **6.2.1.2. Estomac**

L'estomac du lapin est une structure allongée, recouverte d'une muqueuse. L'estomac est composé de deux parties, le fundus, et l'antrum. Le fundus joue un rôle exclusif dans le stockage des cæcotrophes ingérés, probablement grâce à une motricité spécifique de l'estomac. Le pylore est la région située à la fin de l'antrum de l'estomac. Il est caractérisé par la présence d'un sphincter musculaire puissant qui contrôle la transition des aliments de l'estomac vers l'intestin grêle (Fortun-Lamothe et al, 2015).

#### **6.2.1.3. Intestin grêle**

Le tractus intestinal, plus précisément l'intestin grêle, est généralement subdivisé en trois parties : le duodénum, le jéjunum et l'iléon. La longueur approximative de l'intestin grêle est d'environ 3 mètres (Gidenne et Lebas, 2005).

Au début du duodénum, directement après le pylore, se situe l'endroit où le canal cholédoque, qui transporte la bile produite par le foie, se déverse. Vers la fin du duodénum, à une distance d'environ 40 centimètres du pylore, se trouve le point où le canal pancréatique se déverse. C'est à cet endroit que les enzymes pancréatiques sont libérées dans le système digestif. Les parois de l'intestin grêle abritent de nombreuses glandes qui produisent une variété d'enzymes digestives telles que des carboxypeptidases, des disaccharidases, etc. Ces enzymes agissent en complément des enzymes sécrétées par le pancréas, telles que la lipase, l'amylase, la trypsine, la chymotrypsine, etc (Fortun-Lamothe et al, 2015).

#### **6.2.1.4. Cæcum**

La longueur du cæcum du lapin varie généralement entre 40 et 45 cm (Gidenne et Lebas, 2005). Il a une longueur environ deux fois supérieure à celle de la cavité abdominale et constitue de 40 à 60 % du volume total du système gastro-intestinal (Jenkins, 2000).

Le cæcum du lapin est caractérisé par une activité bactérienne intense qui joue un rôle clé dans l'hydrolyse et la fermentation des fibres alimentaires (Fortun-Lamothe et al, 2015).

La flore microbienne combinée du cæcum dégrade l'ammoniac, l'urée, les protéines, ainsi que la cellulose (préférentiellement dans cet ordre) selon De Blas et al (1998).

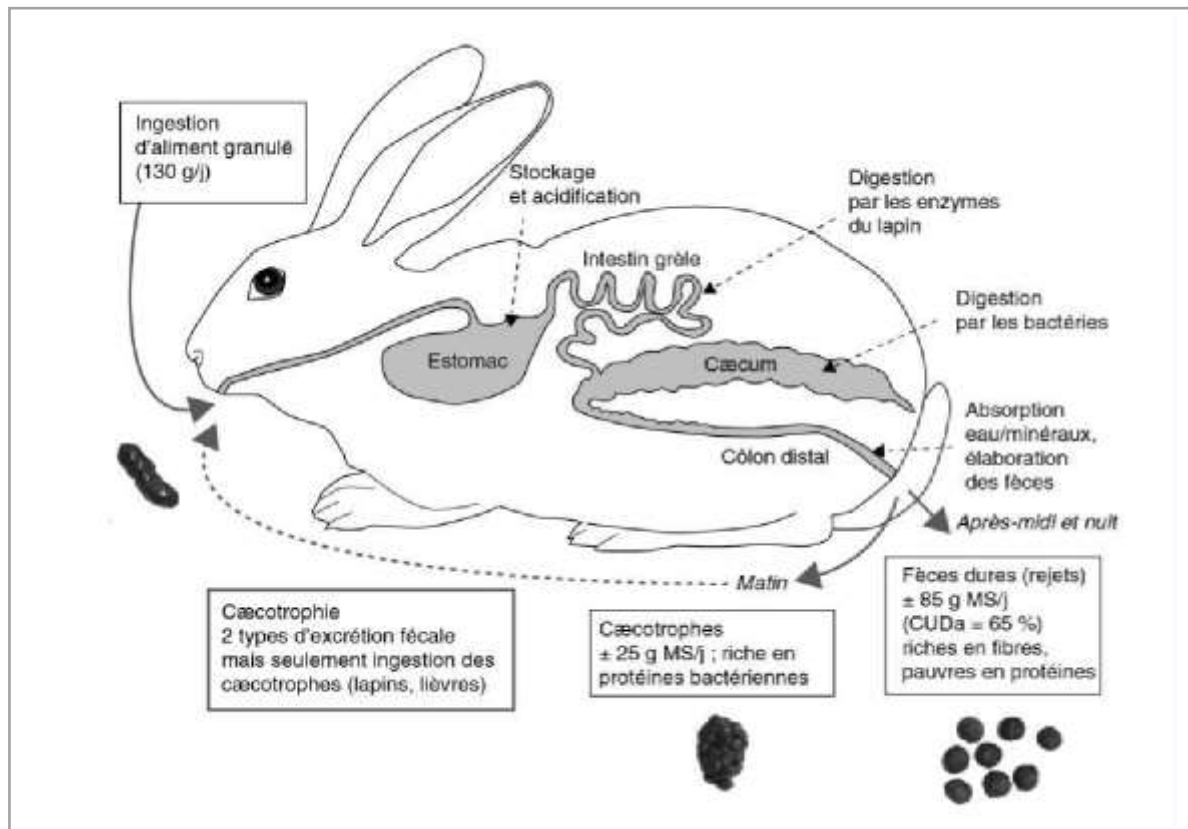
Les fibres insolubles se déplacent vers la partie interne du tube digestif, entraînant la formation de crottes diurnes, rondes et sèches. En revanche, les fibres solubles sont propulsées vers le cæcum grâce aux mouvements du côlon. Dans le cæcum, ces fibres font l'objet d'une fermentation digestive grâce à l'activité bactérienne, produisant ainsi des acides gras volatils, et des vitamines qui sont ensuite absorbés par l'organisme.

La cæcotrophie est cruciale pour que le lapin récupère la cellulose digestible, les protéines et les vitamines B. En fonction de son alimentation, les caecotrophes peuvent constituer environ 15 % de l'azote total ingéré, mais cette proportion peut augmenter jusqu'à 70 % en cas de régime très déficient en azote (Fortun-Lamothe et al, 2015).

#### **6.2.1.5. Côlon**

Le côlon du lapin a une longueur totale d'environ 1,5 mètre. La première partie du côlon, connue sous le nom de côlon proximal, se caractérise par la présence de petits renflements en forme de poche, s'étendant sur environ 50 centimètres (Fortun-Lamothe et al, 2015).

Le côlon du lapin produit deux types de matières fécales, les crottes solides habituellement éliminées et les matières fécales molles connues sous le nom de caecotrophes. Les caecotrophes sont réingérées par l'animal lors d'un comportement spécifique appelé caecotrophie. Les crottes solides sont excrétées dans la litière, alors que les caecotrophes sont récupérées directement par l'animal au niveau de l'anus. Les caecotrophes sont des matières fécales molles qui renferment une concentration élevée en vitamines et en acides aminés. Elles traversent le système digestif et les nutriments qu'elles renferment sont assimilés par l'intestin grêle après leur ré-ingestion et lors de leur passage ultérieur à travers le système digestif (Arnold, 2005).



**Figure 4.** Digestion chez le lapin (Fortun-Lamothe et al, 2015).

### 6.2.2. Alimentation du lapin

Les lapins sont des animaux herbivores avec un système digestif à la consommation d'une alimentation abondante en fibres. En bref, les fibres indigestibles sont séparées des composants fermentescibles dans le côlon proximal et sont rapidement éliminées sous forme de pellets fécaux durs. Les composants fermentescibles, qui se composent de petites particules et de liquide, sont renvoyés dans le caecum où la fermentation bactérienne a lieu pour libérer des acides gras volatils qui sont absorbés comme source d'énergie (Varga, 2014).

Les lapins sont des mangeurs sélectifs et choisissent les feuilles riches en nutriments et les nouvelles pousses de plantes plutôt que les matières végétales matures qui sont plus riches en fibres. Les lapins sont donc considérés comme des sélecteurs de concentrés, car ils choisissent naturellement des aliments ayant une densité énergétique plus élevée, ce qui les prédispose à l'obésité en captivité (Mayer, 2022).

Le lapin, tout comme tout autre animal, a besoin de trouver dans son alimentation tous les éléments essentiels à son organisme comme les protéines, les glucides, les lipides, les minéraux et les vitamines (Perrot, 1991). Les principaux besoins alimentaires du lapin sont comme suit :

### **6.2.2.1. Besoins en eau**

Il a été démontré dans des études métaboliques qu'un lapin consomme de l'eau à un rythme d'environ 120 ml/kg/jour. C'est environ deux fois la quantité habituellement consommée pour un chien ou un chat de taille équivalente. La consommation d'eau plus élevée est logique lorsqu'on considère la physiologie du tractus gastro-intestinal et l'échelle métabolique (Mayer, 2022).

Selon Gidenne (2013), à une température ambiante entre (15°C) et (18°C) et lorsque l'alimentation est sèche, les exigences journalières en eau s'élèvent à environ :

- 200 g par lapin en phase d'engraissement ;
- 400 g par lapine allaitante (il convient d'ajouter 100 à 300 g pour les lapereaux avant le sevrage).

### **6.2.2.2. Glucides**

Les glucides présentent une source d'énergie importante (Amy et Halls, 2010 ; Varga, 2014). On peut les regrouper en trois catégories fondamentales : sucres simples, amidons et fibres (Varga, 2014).

### **6.2.2.3. Sucres simples et amidons**

Les sucres et les amidons se trouvent principalement à l'intérieur des cellules végétales et peuvent être digérés par les enzymes intestinales, tandis que les fibres ont tendance à avoir une fonction structurale (elles font partie de la paroi cellulaire) et sont digérées, lorsque c'est possible, par des enzymes produites par la microflore intestinale (Varga, 2014).

Les glucides peuvent être digérés et absorbés dès l'estomac et l'intestin grêle, ou dégradés et fermentés par la microflore caecale. Les sucres simples, tels que le glucose, le fructose et le galactose, sont absorbés par l'intestin grêle de manière similaire à celle des autres espèces. Les amidons sont décomposés en sucres simples pendant la digestion. Cette réaction est catalysée par l'amylase, produite par les glandes salivaires et le pancréas, et est également présente dans les caecotrophes grâce à la synthèse bactérienne (De Blas et Gidenne, 1998).

L'amidon est décomposé en glucose et directement absorbé. L'amidon qui n'est pas digéré et absorbé dans l'intestin grêle passe dans le caecum comme substrat pour la fermentation bactérienne (Varga, 2014).

Des travaux de recherche ont révélé qu'il existe une disparité dans la capacité de digestion de l'amidon entre les lapins jeunes et adultes. Les lapins adultes semblent digérer l'amidon de manière plus efficace que les jeunes (De Blas et Gidenne, 1998).

#### 6.2.2.4. Fibres

Les fibres alimentaires peuvent être divisées en fibres indigestibles qui traversent directement le tractus digestif sans entrer dans le caecum, et en fibres fermentables (digestibles) qui sont dirigées vers le caecum et fournissent un substrat pour la dégradation et la fermentation bactérienne par la microflore caecale.

Selon Varga (2014), les fibres indigestibles sont importantes pour :

- ✓ Stimuler la motilité intestinale qui déplace les aliments digérés et les fluides vers le caecum pour la fermentation ;
- ✓ Fournir de l'exercice dentaire et une usure dentaire optimale ;
- ✓ Stimuler l'appétit et l'ingestion de caecotrophes.

Tandis que les fibres fermentables sont importantes pour :

- ✓ Offrir un substrat pour la microflore dans le caecum ;
- ✓ Garantir la synthèse d'acides gras volatils ;
- ✓ Prévenir la prolifération de bactéries pathogènes dans le caecum.

Un apport minimal de fibres dans l'alimentation est essentiel pour maintenir un fonctionnement digestif normal chez les lapins, en particulier en ce qui concerne le contrôle du mouvement intestinal et l'activité bactérienne dans le caecum. En fournissant une quantité adéquate de fibres, on peut réduire la fréquence des troubles digestifs, qui peuvent engendrer des complications pour la santé et augmenter le risque de mortalité, en particulier chez les lapins en croissance dans les 2 à 4 semaines suivant le sevrage. Toutefois, la fourniture de fibres avec grandes quantités peut réduire la concentration d'énergie de la nourriture, ce qui affecte l'efficacité alimentaire.

Généralement, il existe une relation inverse entre les apports en fibres et les apports en amidon dans les formulations d'aliments complets. Cependant, il est bénéfique d'incorporer des fibres digestibles en remplacement de l'amidon chez les lapereaux afin de favoriser l'activité microbienne. Cette substitution a un effet négligeable sur les performances de croissance des animaux tout en contribuant à une diminution de la mortalité post-sevrage (Homrani, 1988 ; Gidenne, 2013).

#### 6.2.2.5. Protéines

Les protéines sont les éléments constitutifs des tissus animaux (muscles, tissus cellulaires), de certaines hormones et de toutes les enzymes. Les aminoacides sont les constituants de protéines. On recense plus de 300 acides aminés connus dans le règne végétal, mais seuls 20 sont considérés comme importants dans les tissus animaux, dont 10 sont

essentiels. Ils sont "essentiels" car les animaux ne peuvent pas produire ces acides aminés eux-mêmes ou bien ils peuvent les produire, mais en quantités insuffisantes, et ils doivent donc être présents dans l'alimentation (Amy et Halls, 2010).

Selon Lang (1981), les acides aminés essentiels des lapins sont l'arginine, la glycine, l'histidine, l'isoleucine, la leucine, la lysine, la méthionine, la cystine, la phénylalanine, la tyrosine, la thréonine, le tryptophane, et la valine.

Les animaux herbivores tels que les lapins tirent leurs protéines des plantes. L'herbe contient des quantités importantes d'arginine, de glutamine et de lysine, mais les niveaux de méthionine et d'isoleucine sont insuffisants (Lebas et al, 1998).

Les protéines des céréales présentent des déficiences en certains acides aminés, notamment la lysine et la méthionine (Lebas et al, 1998 ; Amy et Halls, 2010).

Les graines des légumineuses comme les pois et les haricots constituent de bonnes sources de protéines, et leur teneur élevée en lysine est souvent utilisée pour compenser le déficit en lysine des céréales dans les rations mixtes. Il peut être important d'ajouter des acides aminés contenant du soufre, tels que la méthionine et la cystéine, pour compléter l'apport nutritionnel dans certains cas, comme chez le cas des lapins de race Angora, où il faut stimuler la production de laine, il est nécessaire de fournir une supplémentation en acides aminés soufrés (Lebas et al, 1998).

Si nous voulons maintenir un équilibre adéquat en acides aminés essentiels, il est recommandé de fournir un niveau optimal de matières azotées totales dans la ration du lapin (Gidenne, 2013). Ce niveau devrait être d'environ 15 à 16% pour les lapins en croissance (Cheeke, 1994 ; Gidenne, 2013), de 17 à 18% pour les lapines reproductrices (Gidenne, 2013) et de 18 à 19 % pendant la lactation (Cheeke, 1994).

#### **6.2.2.6. Matières grasses**

La graisse fonctionne principalement comme une source d'énergie (Amy et Halls, 2010 ; Varga, 2014). L'ajout de graisse dans l'alimentation des lapins augmente également la palatabilité, facilite l'assimilation des vitamines solubles dans les graisses (A, D, E et K) dans le système digestif. La substitution d'une partie des glucides hautement digestibles (amidon) par de la graisse peut augmenter le niveau d'énergie de l'alimentation, sans réduire la teneur en fibres.

Des taux de 2 à 5 % de matières grasses dans l'alimentation aident également à promouvoir un pelage brillant, ce qui est bénéfique pour les lapins d'expositions. Aussi, la consommation de caecotrophes fournit des acides gras volatils, qui constituent une principale source d'énergie pour le lapin.

La digestion et l'absorption des graisses chez les lapins sont similaires à celles des animaux monogastriques. Les globules gras sont décomposés par la lipase pancréatique et absorbés depuis l'intestin grêle (Amy et Halls, 2010).

#### **6.2.2.7. Minéraux et Vitamines**

La quantité adéquate de calcium dans l'alimentation est importante pour les lapins. Une carence en calcium entraîne une mauvaise minéralisation des os et des dents. L'herbe, et le foin contiennent le niveau adéquat de calcium dans l'alimentation des lapins, mais cela varie selon les saisons (Varga, 2014).

Il est bien connu que les exigences en calcium et en phosphore des lapins en croissance sont nettement moindres que celles des lapines pendant la période d'allaitement, étant donné que les lapines en période d'allaitement transfèrent des quantités significatives de minéraux dans le lait. Il est important de remarquer que le lapin supporte des niveaux d'apports plutôt importants de calcium et de phosphore. De plus, une perturbation dans l'apport en sodium, de potassium et de chlore peut causer des complications rénales et des troubles de la reproduction (Gidenne, 2013).

Les maladies intercurrentes telles que la coccidiose augmentent les besoins en vitamines telles que la vitamine A ou la vitamine E. Une carence en vitamine A peut survenir chez les lapins élevés en captivité et nourris avec des régimes à base de céréales et de foin de mauvaise qualité.

Dans la plupart des espèces, la vitamine D est essentielle pour le transport actif du calcium de l'intestin vers la circulation sanguine, mais chez les lapins dont les concentrations alimentaires en calcium sont suffisantes, le calcium est absorbé efficacement et passivement à partir de l'intestin en l'absence de vitamine D. Les mélanges céréaliers contiennent des suppléments en calcium et en vitamine D. La vitamine D peut être obtenue dans l'alimentation à partir de végétation séchée au soleil, comme le foin (Varga, 2014).

La microflore intestinale du lapin est capable de synthétiser des vitamines du groupe B et de la vitamine C, mais ce processus est optimisé grâce à la caecotrophie. Cependant, ce mécanisme ne se développe qu'à partir de l'âge d'environ trois semaines, ce qui signifie que les lapereaux avant le sevrage ne peuvent pas en bénéficier. Par conséquent, une supplémentation, notamment en vitamines du groupe B, peut être bénéfique pour leur croissance (Gidenne, 2013).

## 6.3. Physiologie de la reproduction

### 6.3.1. Chez la femelle

#### 6.3.1.1. Système reproducteur de la femelle

Les deux organes ovariens se trouvent dans la cavité abdominale et ont une forme oblongue, avec une taille allant de 1 à 2 cm dans leur dimension maximale (figure 5). Les oviductes, quant à eux, ont une dimension qui varie de 10 à 16 cm en longueur. Les parties de l'utérus appelées cornes utérines sont cylindriques, et mesurent généralement de 10 à 12 cm chez les lapines nullipares.

Après la fécondation, les embryons s'attachent à la paroi de l'utérus. Les deux parties en forme de corne de l'utérus se rejoignent pour former un seul corps. La sortie des cornes utérines se trouve dans le vagin, qui présente une forme plate et à une longueur d'environ 4 à 8 cm (Garreau et al, 2015).

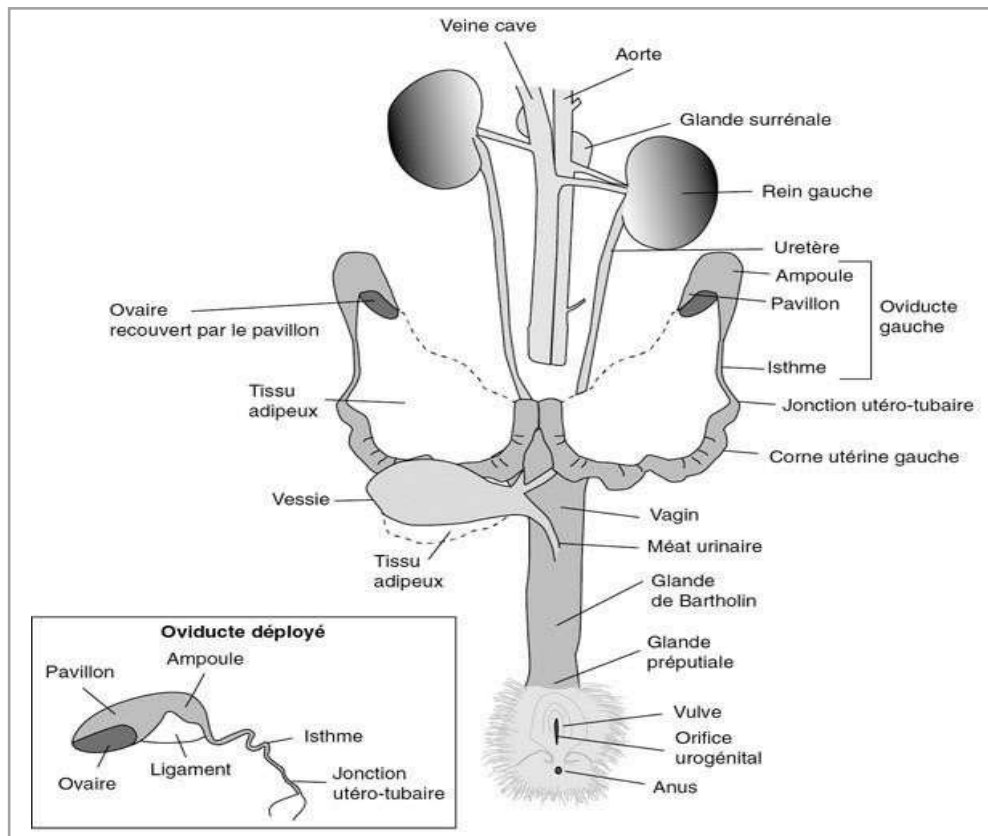


Figure 5. Appareil reproducteur de la femelle (Barone et al, 1973).

### 6.3.1.2. Reproduction

#### 6.3.1.2.1. Puberté maturité sexuelle de la lapine

Chez la lapine, la formation des organes reproducteurs débute vers le 16e jour après la fécondation, et les premières divisions des ovogonies peuvent être observées environ 10 jours avant la naissance de la lapine. On estime que le volume de la réserve en follicules est

déterminé, vers le 14<sup>ème</sup> jour. Tout au long de la vie de lapine, la réserve folliculaire diminuera graduellement, principalement en raison de l'atrésie (plus de 99,9 % des follicules qui se résorbent) ou de la maturation en ovocytes au stade de la métaphase II (Fortun-Lamothe et al, 2015).

Les lapins sont bien connus pour leur capacité à se reproduire rapidement. La puberté survient entre 4 et 9 mois (ou lorsque 70 à 75 % du poids corporel adulte est atteint), les races de petites tailles atteignent la maturité plus tôt que les races de grandes tailles (Varga, 2014). Toutefois, ceci ne concorde pas véritablement à l'âge de la puberté ou de la maturation sexuelle, du fait que généralement, l'ovulation ne se produit pas. En effet, la possibilité d'ovulation en réaction à la copulation est ce qui définit réellement la maturité sexuelle chez la lapine (Salissard, 2013).

### **6.3.1.2.2. Comportements sexuels**

#### ***a-Réceptivité de la lapine***

Les périodes d'acceptation de l'accouplement (oestrus) et de refus du mâle (diœstrus) chez la lapine varient considérablement en durée d'un animal à l'autre (Varga, 2014 ; Fortun-Lamothe et al, 2015). La femelle de lapin ne possède pas un cycle œstral continu. Lorsqu'une lapine montre des signes qu'elle accepte la copulation en présence d'un mâle, on pense qu'elle est "réceptive" (Fortun-Lamothe et al, 2015).

L'hormone (FSH) stimule le développement des follicules ovariens et leur production d'œstrogènes, ce qui rend la femelle réceptive. Le développement folliculaire se produit par vagues, avec 5 à 10 structures folliculaires à chaque ovaire se trouvant à un stade de développement similaire à un moment donné. Lorsque les follicules atteignent leur maturité, ils produisent des œstrogènes pendant environ 12 à 14 jours. Si l'ovulation ne se produit pas pendant cette période, les follicules dégèrent, ce qui conduit à une réduction du niveau d'hormones œstrogènes et de la réceptivité sexuelle. Au bout d'environ 4 jours, une nouvelle vague de follicules commence à produire des œstrogènes et la lapine redevient réceptive (Varga, 2014).

Il est envisageable d'évaluer la réceptivité sexuelle en exposant individuellement chaque lapine à un mâle dans une cage avant l'insémination, puis en observant si elle présente des signes de comportement acceptant l'accouplement. La lapine est ensuite retirée de la cage avant l'accouplement (Fortun-Lamothe et al, 2015).

Les signes d'une lapine accepte la copulation se manifestent par sa disposition à s'accoupler avec le mâle, et par des changements apparents au niveau de la vulve, qui prend une

teinte rougeâtre et montre une légère sécrétion. En revanche, si une femelle n'est pas réceptive et est placée avec un mâle, elle aura tendance à se réfugier dans un coin de la cage, à chercher à s'échapper ou même à adopter un comportement agressif (Salissard, 2013).

***b-Ovulation***

La copulation déclenche le processus d'ovulation, et elle se produit généralement dans les 10 à 12 heures suivant la saillie. En d'autres termes, l'accouplement est souvent responsable de l'induction de l'ovulation (Lebas et al, 1996).

La production maximale de l'hormone (LH) culmine environ 90 minutes à 2 heures après l'accouplement. C'est cette augmentation de LH qui est responsable de l'ovulation, qui se produit généralement 10 à 12 heures après l'accouplement. En plus de déclencher l'ovulation, la LH stimule également le tissu ovarien pour qu'il produise de la progestérone (Boussit, 1989).

***c-Gestation et mise-bas***

Les embryons commencent à s'implanter dans la paroi de l'utérus le 7<sup>e</sup> jour après la fécondation (Lebas, 2011). La gestation peut être détectée par palpation abdominale. Le meilleur moment pour diagnostiquer la gestation est de 10 à 14 jours après l'accouplement (Varga, 2014).

La gestation dure 31 à 32 jours, avec une portée moyenne de cinq à huit lapereaux, les races de plus grandes tailles ont généralement des portées plus importantes. Il est possible pour une lapine d'avoir six portées par an et de donner naissance à 40 à 50 lapereaux (Sandford, 1996).

La durée de la mise-bas chez la lapine est généralement de quelques minutes (environ 10 à 20 minutes), et cette durée n'est pas liée au nombre de lapereaux nés (Lebas, 2011).

***d-Lactation et Sevrage***

La production de lait chez la lapine débute peu de temps avant la naissance des petits. Les lapereaux reçoivent une nourriture quotidienne, généralement en début de journée. Généralement, la période de lactation dure 35 jours, jusqu'à ce que les lapereaux soient sevrés (Salissard, 2013).

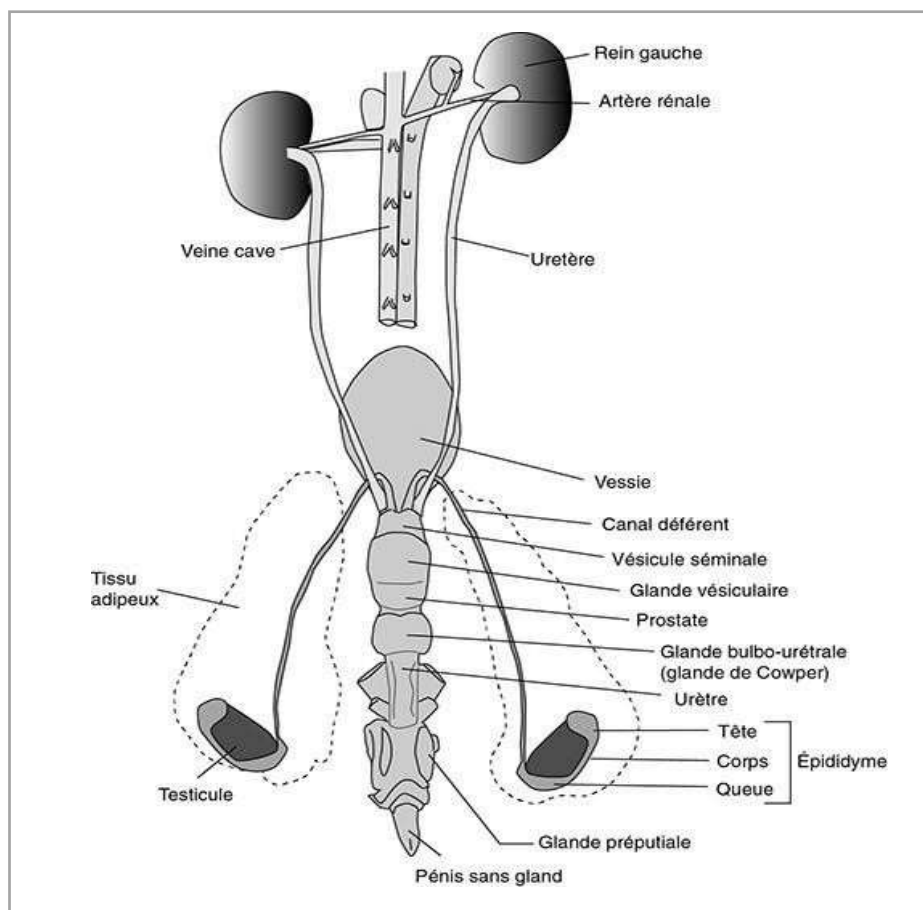
Les lapereaux sont généralement sevrés après environ cinq semaines, mais pas au-delà de six semaines (Schiere et Corstiansen, 2008).

## 6.3.2. Chez le mâle

### 6.3.2.1. Appareil génital du mâle

Le scrotum, qui est la paroi externe des bourses, contient les testicules (figure 6). Les testicules sont situés à l'intérieur l'abdomen, il est possible que les testicules se déplacent de la cavité abdominale vers les bourses et vice-versa, chaque testicule est enveloppé par l'épididyme, l'épididyme se prolonge ensuite par le canal déférent. La vésicule séminale se trouve entre la vessie et le rectum, la partie terminale de la vésicule séminale se joint aux ampoules déférentielles, formant ainsi le canal éjaculateur. La prostate se trouve en dessous de la glande vésiculaire, et la glande de Cowper est localisée à l'arrière de la prostate. Le pénis est enveloppé par un repli tégumentaire.

En arrière du pénis, on trouve 2 glandes préputiales qui produisent une matière très odorante. Ces glandes préputiales jouent un rôle dans la stimulation du réflexe ovulatoire chez la femelle, contribuant ainsi au déclenchement de l'ovulation (Garreau et al, 2015).



**Figure 6.** Appareil génital du mâle (Barone et al, 1973).

### **6.3.2.2. Reproduction**

#### **6.3.2.2.1. Puberté**

Les premiers signes de comportement sexuel chez le mâle peuvent se manifester vers l'âge de 60 à 70 jours. À ce stade, le lapin peut commencer à tenter des chevauchements. La puberté chez le lapin mâle, caractérisée par la capacité des organes reproducteurs à produire de manière régulière des spermatozoïdes féconds, survient généralement vers l'âge de 4 à 5 mois (Fortun-Lamothe et al, 2015).

#### **6.3.2.2.2. Spermatogenèse**

Entre quarante et cinquante jours, la spermatogenèse (production de spermatozoïdes) commence. Vers 84 jours, les tubes testiculaires deviennent fonctionnels. Les spermatozoïdes initiaux se retrouvent dans le sperme vers l'âge de 110 jours, coïncidant avec la fin de la maturation de la queue de l'épididyme (Lebas, 2011).

Pour chaque espèce, la période de processus de spermatogenèse reste constante. Chez le lapin, elle s'étend sur environ 51,8 jours. La spermatogenèse a lieu au sein des tubules séminifères du testicule, de la périphérie des tubes séminifères vers leurs lumières. Par la suite, les spermatozoïdes présents dans la lumière des tubes séminifères, sont transportés vers l'épididyme.

Le processus de transit épидидymaire permet le déplacement (par contractions), le stockage (dans la queue de l'épididyme) des spermatozoïdes, aussi, le transit épидидymaire permet aux spermatozoïdes d'acquérir leur mobilité. La période de maturation épидидymaire chez le lapin s'étend généralement sur une durée de 8 à 11 jours.

Le lapin peut avoir une période de fertilité de 5 à 6 ans. La race, les particularités individuelles et les paramètres de l'environnement d'élevage ont un impact sur la durée de cette phase (Fortun-Lamothe et al, 2015).

## **7. Races de lapin**

### **7.1. Notion de population, race et souche**

#### **7.1.1. Population**

Une population consiste en un groupe d'êtres vivants de la même espèce qui vivent en même temps et dans le même espace, qui ont la capacité de se croiser lors de la reproduction, tandis que, on désigne la population locale comme étant un ensemble d'êtres vivants d'une même espèce qui cohabitent simultanément dans un environnement commun et qui occupent une zone géographique définie (De Rochambeau, 1990).

Les animaux appartenant à une population locale ont développé des adaptations pour s'ajuster aux conditions d'élevage spécifiques de leur région. Il existe une grande variabilité dans le phénotype de ces animaux, notamment en ce qui concerne leur format et la coloration de leur pelage. Les éleveurs ont procédé à la sélection pour créer des races à partir de ces populations. Phénotypiquement, Les animaux d'une race partagent généralement plus de similitudes entre eux que les animaux d'une population en général (De Rochambeau, 1990).

### **7.1.2. Race**

Au sein d'une espèce, la race désigne un groupe d'individus partageant un ensemble de caractères morphologiques et physiologiques, ces caractères se transmettent lorsque ces individus se reproduisent entre eux (Lebas, 2002).

Selon De Rochambeau (1990), une race se compose d'individus de la même espèce qui partagent une grande homogénéité entre eux, et elle est définie par des caractéristiques communes qui ont été spécifiquement sélectionnées.

### **7.1.3. Souche**

D'après Lebas et al (1984), une souche (lignée) est définie comme étant : une population génétiquement isolée, avec un nombre limité d'individus, gérée sans aucun apport génétique externe pendant plusieurs générations.

Les individus d'une même souche doivent être sélectionnés pour un objectif bien déterminé. Les individus appartenant à une même race sont moins homogènes que les individus appartenant à une même lignée (De Rochambeau, 1990).

## **7.2. Évolution des races de lapins**

La création de la plupart des races de lapins est plus récente et a commencé à la fin du 18ème siècle en Europe occidentale (Lebas et al, 1997 ; Whitman, 2004). Cependant, des races de différentes tailles et couleurs ont été signalées dès le 16ème siècle, ce qui suggère que le processus de diversification a pu commencer plus tôt (Lebas et al, 1997).

Vers la fin du 16ème siècle, l'élevage de lapins en clapier est déjà assez bien développé. Les lapins élevés en clapier ont manifesté une croissance plus rapide par comparaison aux lapins de garenne, ainsi, les éleveurs ont choisi de sélectionner les lapins les mieux développés pour l'élevage.

La deuxième moitié du 19e siècle a été caractérisée par les premières tentatives de création de nouvelles races de lapins, avec des caractéristiques plus précises, vers la fin du siècle, de nombreuses races ont déjà atteint un stade de stabilisation, comme le Géant des Flandres, le Bélier Anglais, et Bélier Français.

Au cours du 20<sup>ème</sup> siècle, les éleveurs ont consciemment créé de nombreuses races en procédant à des croisements soigneusement planifiés. En 1910, en France le Géant Blanc du Bouscat a été introduit pour la première fois, tandis que la même année en Autriche, le Blanc de Vienne a été présenté. Aux États-Unis, en 1925, le standard officiel du "New Zealand White" a été officiellement adopté, alors que le standard du Californien a été adopté en 1939. Ces événements témoignent de la diversification des races de lapins à travers le monde au cours du 20<sup>ème</sup> siècle.

Aux années soixante et soixante-dix, les standards de race établis dans les divers pays européens et aux États-Unis englobaient généralement entre 30 et 40 races distinctes, plusieurs d'entre elles présentaient de multiples variations de couleurs, portant le nombre total de races établies à environ 60 à 80. Depuis, ce nombre a constamment augmenté (Lebas, 2008).

Actuellement, il existe plus de 200 races et souches de lapins, qui ont été sélectionnées pour plusieurs objectifs (production de viande, de laine, de fourrure, et de protéines thérapeutiques) ces races présentent une immense diversité phénotypique et génétique (Rogel-Gaillard et al, 2009).

### **7.3. Classification des races de lapins**

Les races de lapins peuvent être catégorisées en se basant sur deux critères : leur provenance et leur poids à l'âge adulte.

#### **7.3.1. Classification des races selon l'origine**

Suivant Lebas (2002), On peut classer de races de lapins comme suit :

Les races primitives, également connues sous le nom de races géographiques, sont à l'origine de toutes les autres races de lapins. Leur lignée provient en ligne directe des lapins sauvages.

Les races sélectionnées sont le résultat de la sélection réalisée à partir des races primitives mentionnées précédemment, tels que le fauve de Bourgogne, et le Néo-Zélandaise Blanc, etc.

Les races synthétiques sont le résultat de croisements réalisé entre plusieurs races, telles que le Géant Blanc de Bouskat ou le Californien.

Les races mendéliennes sont le résultat de la fixation d'un nouveau caractère apparu par mutation. Des exemples de ces races sont le Rex, et l'Angora, etc.

### **7.3.2. Classification des races selon le poids adulte**

Selon le poids à l'âge adulte, les différentes races de lapins sont classées comme suit :

Les races lourdes : ces races se distinguent par leur poids adulte entre 6.4 et 7.3 kg (USDA, 1972), avec le Géant de Flandre étaient la plus grande race pesante environ 7 kg, suivis du Bélier Français et du Géant Papillon Français (Chantry-Darmon, 2005).

Les races moyennes : ces races, avec un poids à l'âge adulte allant de 4 à 5.4 kg (USDA, 1972), servent de base aux élevages intensifs de viande en Europe. Parmi les exemples, on peut citer le Californien, le Fauve de Bourgogne et le Néo-Zélandais Blanc (Chantry-Darmon, 2005).

Les races légères : ces races se distinguent par leur poids adulte entre 2,5 et 3 kg, comme le Chinchilla, le Papillon Anglais, et le Russe (Chantry-Darmon, 2005).

Les races naines : ces races de lapins pesant environ 1 kg à l'âge adulte, ils sont couramment utilisés pour l'élevage de lapins de compagnie. Parmi ces races, on retrouve le Polonais, le Nain Chinchilla, et les Nains de Couleurs (Chantry-Darmon, 2005). Des exemples de races de lapins selon le poids adulte sont illustrés dans la figure (7).

**Exemples des races lourdes**



Géant de Fondre



Bélier Français



Géant Papillon Français

**Exemples des races moyenne**



Californien



Fauve de Bourgogne



Néo-Zélandais Blanc

**Exemples des races légères**



Chinchilla



Papillon Anglais



Russe

**Exemples des races naines**



Polonais



Nain Chinchilla



Nains de Couleurs

**Figure 7.** Exemples de races de lapins en fonction du poids à l'âge adulte (Emilie, 2020 ; [www.cuniculture.info](http://www.cuniculture.info), date de consultation le 23/07/2023).

## 8. Qualités nutritionnelles de viande de lapin

Par rapport aux autres types d'animaux, la viande de lapin est composée d'un pourcentage élevé de protéines et d'un pourcentage faible de matières grasses. De plus, matières grasses du lapin ont une proportion particulièrement basse de cholestérol et une proportion élevée d'acides gras insaturés (oléique et linoléique). Elle est également facilement digérée, ces caractéristiques de composition rendent la viande de lapin recommandée pour éviter plusieurs maladies humaines (Moreno, 1991).

En raison de ses caractéristiques nutritionnelles, cette viande est réputée pour être particulièrement favorable à la santé (Tufarelli, 2022). La viande de lapin offre un excellent rapport entre la quantité de protéines qu'elle fournit et l'énergie qu'elle apporte, ce qui en fait un choix intéressant lorsque l'on cherche à limiter l'apport calorique (Combes, 2004). C'est une source de protéines de grande valeur à faible potentiel allergène, avec une valeur nutritionnelle élevée, en particulier les acides aminés essentiels (Długaszek et Kopczynski, 2013).

Elle possède une composition lipidique favorable, c'est-à-dire de faibles niveaux de matières grasses et de cholestérol (viande diététique) (Frunza et al, 2023), Ce qui distingue principalement la viande de lapin des autres espèces, c'est son faible contenu des graisses et de cholestérol (Dalle Zotte, 2004), principalement du fait de son niveau élevé d'acides gras insaturés (AGI, notamment  $\omega$ -3 et  $\omega$ -6), et d'un bon rapport d'acides gras polyinsaturés (dos Santos et al, 2022). Ce bénéfice spécifique de la viande de lapin est particulièrement utile pour les individus qui ont des problèmes cardiovasculaires, de diabète sucré et de maladies inflammatoires (Dalle Zotte, 2014).

Elle constitue aussi une excellente source de minéraux (P, K, Ca, Se et Co) selon Frunza et al (2023), en moyenne, la viande de lapin contient environ 1,2 g de minéraux pour chaque 100 g de viande (Hermida et al, 2006), aussi, elle présente la concentration la plus élevée en fer (4,9 mg/100 g) par rapport à tout autre type de viande (2,6 mg/100 g de bœuf, 1,9 mg/100 g d'agneau, 1,3 mg/100 g de poulet, 0,9/100 g mg de porc) selon Długaszek et Kopczynski (2013). De plus, sa teneur en sodium est faible tandis que son taux de phosphore est élevé. (Combes, 2004), son faible taux de sodium le rend recommandable pour les enfants, les femmes enceintes, les personnes atteintes de maladies cardiovasculaires et les personnes âgées (Minardi et al, 2020).

La viande de lapin est également riche en sélénium, la consommation de 100 g de viande de lapin couvre 128 à 150 % des exigences quotidiens en sélénium, ce qui en fait une excellente source de cet élément essentiel. Cela est particulièrement bénéfique pour les athlètes (Diaz-Alarcon et al, 1996).

Cette viande est également une excellente source de vitamines : E, B3, B6, B12 (la teneur la plus élevée en B12 : 8,7-11,9 mg/100 g, trois fois plus que le bœuf) selon Dalle Zotte et Szendro (2011).

Elle présente une faible valeur énergétique, avec une moyenne de 186 à 195 kcal pour 100 g de viande (Dalle Zotte, 2000).

## **9. Intérêts du lapin pour la recherche**

Les modèles animaux sont utilisés pour des études expérimentales dans divers domaines, car certaines zones de recherche ne peuvent pas être réalisées sur des êtres humains pour des raisons pratiques et éthiques (Mapara et al, 2012). En complément de la recherche clinique sur les êtres humains, la recherche animale a énormément contribué à la compréhension des différents processus physiologiques et pathologiques affectant les êtres humains (Ferreira et al, 2005). L'utilisation des animaux dans la recherche expérimentale doit être basée sur des principes scientifiques, éthiques et légaux. Si le chercheur maintient ces trois aspects dans ses activités, il réussira sans compromettre son travail ou sa réputation (Petroianu, 1996).

Le lapin, membre de l'ordre des Lagomorphes, est phylogénétiquement l'animal le plus proche des humains, après les primates. Il est plus largement choisi comme animal de laboratoire que les primates en termes de gestion, facilité d'élevage, rentabilité et aspects légaux et éthiques. De plus, en tant qu'animal de laboratoire, le lapin présente également des avantages par rapport aux souris ou aux rats, en termes de ressemblance phylogénétique avec l'humain, de taille, de volume sanguin, de réactivité et d'autres similitudes qui leur permettent de mieux reproduire les caractéristiques physiologiques humaines dans la recherche biomédicale (Dutta et Sengupta, 2018).

Selon Mapara et al (2012), les avantages du lapin comme modèle sont les suivants :

- ✓ Cet animal est très docile et non agressif, ce qui le rend facile à manipuler et à observer ;
- ✓ Il est largement élevé et très économique par rapport aux dépenses liées aux animaux plus gros ;
- ✓ Il possède des cycles vitaux courts (gestation, lactation et puberté) ;
- ✓ Il appartient à la catégorie des petits animaux, ce qui le place sous la responsabilité du comité éthique local. Les animaux plus gros nécessitent une autorisation supplémentaire du comité éthique central, ce qui est un processus long avec des règles strictes.

Le Néo-Zélandais blanc est la race la plus largement utilisée dans les laboratoires. Le principal avantage de cette race est la facilité de localisation des veines et des artères en surface (surtout dans l'oreille) pour la collecte de sang (Manning et al, 1994).

Les études utilisant le lapin européen *Oryctolagus cuniculus* ont contribué à élucider de nombreux aspects fondamentaux de la structure des anticorps et des mécanismes de diversification, et continuent d'être précieuses pour le développement et le test d'anticorps polyclonaux et monoclonaux humanisés à des fins thérapeutiques. De plus, pendant les vingt dernières années, l'utilisation du lapin européen comme modèle animal s'est étendue de plus en plus à de nombreuses maladies humaines. Comme les maladies de la syphilis, la tuberculose, le HIV, l'insuffisance hépatique aiguë et les maladies causées par les norovirus, l'herpès oculaire et les papillomavirus. L'utilisation des lapins dans les études de développement de vaccins, qui a débuté avec le vaccin développé par Louis Pasteur pour la prévention de la rage en 1881, se poursuit aujourd'hui avec des cibles comprenant l'infection potentiellement aveuglante par le virus HSV-1 et le HIV. De plus, deux maladies virales hautement mortelles, la maladie hémorragique du lapin et la myxomatose, affectent le lapin européen et fournissent des modèles uniques pour comprendre la co-évolution entre un hôte vertébré et les agents pathogènes viraux (Esteves et al, 2018).

Ces mammifères sont également utilisés comme supports pour les réactions biologiques afin de produire des protéines pharmaceutiques essentielles (Zhang et al, 2009). Ils sont largement et régulièrement utilisés en sérologie pour la production d'anticorps polyclonaux en raison de leur facilité à produire des anticorps sériques, en réaction à une vaste gamme de déclencheurs antigéniques et en raison de leur plus grand volume sanguin par rapport aux souris et aux rats (Dutta et Sengupta, 2018). En outre, diverses méthodologies de recherche sur les implants sont basées sur ce mammifère pratique (Foote et Carney, 2000).

# **Chapitre II :**

# **Cuniculture en Algérie**

## **1. Historique d'élevage lapin en Algérie**

En Algérie, la viande est principalement produite grâce à l'élevage ovin et l'élevage bovin. Ces systèmes de production ne peuvent pas répondre exigences en matière de protéines de pays, l'Algérie dépend encore du marché mondial. Afin de réduire cette dépendance, le secteur de l'élevage a lancé plusieurs programmes de développement de ce secteur, notamment la cuniculture. La cuniculture pourrait contribuer à créer une solution durable pour satisfaire la demande aux exigences en protéines (Mouhous et al, 2021).

L'élevage de lapins présente de multiples atouts, comme la grande capacité de reproduction de cette espèce et son aptitude à transformer efficacement les végétaux en une source de viande appréciée, en faisant ainsi un choix économiquement attrayant. Il permet d'obtenir une production significative tout en occupant un espace limité. Le lapin a des exigences d'élevage peu contraignantes, et son alimentation est économique, particulièrement lorsque l'alimentation est basée sur des ressources naturelles. Le lapin est capable de transformer les protéines présentes dans les plantes à haute teneur en cellulose, qui ne sont pas directement utilisables par l'être humain, en protéines animales hautement nutritives (Saidj et al, 2013).

L'élevage de lapins a été pratiqué en Algérie pendant une très longue période (Ait Taharet Fettal, 1990), cependant, Berchiche et Kadi (2002) rapportent qu'aucune recherche n'a été menée sur le lapin local avant 1990. Il semble que le lapin nord-africain ait été apporté en Afrique du Nord par les Romains en passant par la péninsule ibérique vers 50 avant J C, où il aurait été maintenu en petits groupes ruraux (Barkok, 1990), comme mentionné précédemment. Au cours du 19eme siècle, la période coloniale et l'arrivée de populations européennes, qui avaient l'habitude de consommer des lapins, ont conduit au développement d'unités d'élevage rationnels en Afrique du Nord, cependant, l'émergence de l'approche rationnelle a véritablement pris son essor à partir des années quatre-vingts (Colin et Lebas, 1995).

Comme de nombreux pays en développement en Afrique, L'Algérie se trouve toujours au stade initial de son processus de développement d'un secteur dynamique de l'élevage de lapins. L'élevage de lapins reste une activité de production marginale. Dans les zones rurales, il prend toujours la forme de fermes individuelle et de petites exploitations (Merad et al, 2015). Au cours des années récentes, l'industrie cunicole en Algérie a enregistré une nouvelle phase de croissance, cette expansion est favorisée par une gamme de dispositifs financiers instaurés par le gouvernement afin de promouvoir l'élevage et diversifier la disponibilité en protéines d'origine animale (Mouhous et al, 2021). En Algérie, le secteur de la cuniculture se

caractérise toujours par un manque d'organisation et de structure qui affecte tous ses côtés, de l'alimentation à l'élevage et à la commercialisation (Mouhous et al, 2019).

## **2. Evolution de la cuniculture en Algérie**

En Algérie, la cuniculture est pratiquée principalement d'une manière traditionnelle. L'élevage de lapins s'inscrit dans une tradition qui remonte à plusieurs générations (Berchiche et Lebas, 1994). L'élevage de lapins se divise en deux secteurs distincts : le secteur traditionnel, qui se compose principalement de petites "exploitations" à vocation familiale, et le secteur rationnel, regroupant des unités plus importantes et moyennes à vocation commerciale (Abdelli-Larbi, 2016). Le lapin local, qui n'a pas été soumis à un programme de sélection génétique est utilisé comme le type génétique pour ce type d'élevage (Zerrouki et al, 2005<sub>a</sub>).

L'évolution de la cuniculture vers une approche plus rationnelle dans les années 1980-1990, s'est produite en raison de la faible efficacité et faible productivité de la cuniculture traditionnelle (Berchiche et al, 2012).

Durant les années 1970, Dans le cadre de programmes visant à améliorer les conditions de vie en milieu rural en Algérie, L'Algérie a introduit des races d'animaux exotiques, comme le Blanc Néo-Zélandais, et le Californien (Ferrah et al, 2003), pendant la période allant de 1985 à 1988, des races hybrides tels que l'Hyplus a également été introduit (Mefti Korteby, 2016).

Les résultats obtenus par les races provenant de l'extérieur et élevé dans l'environnement local ont été médiocres, ce qui a conduit à l'échec des résultats escomptés (Zerrouki, 2006). En plus, suite à ces introductions aléatoires, cela a entraîné une combinaison désordonnée et la disparition des lapins locaux dans certaines zones. Des éléments supplémentaires ont été identifiés comme des facteurs contribuant à la situation, notamment le manque de connaissances sur le lapin, l'absence d'une nourriture industrielle appropriée, il y a aussi l'absence d'un plan de prévention des affections (Gacem et Bolet, 2005).

Alors que, la fragilité des races et des hybrides importés a contrarié le développement du système d'élevage intensif, la croissance de l'élevage des populations locales est indéniable, Cela a été rendu possible, partiellement grâce aux recherches menées depuis les années 90 pour caractériser la population cuniculicole locale, par plusieurs chercheurs (Zerrouki et al, 2005<sub>a</sub> ; Chettouh, 2009 ; Homrani et al 2010 ; Homrani, 2011 ; Cherfaoui, 2015 ; Mazouzi-Hadid et al, 2014 ; Mefti Korteby, 2016 ; Khelil et al, 2019).

Grâce à ces travaux de recherche, Des avancées significatives ont été réalisées, en particulier en concernant la croissance et la reproduction de la population locale de lapins.

Malgré les résultats positifs, les populations locales continuent de faire face à une menace d'absorption due aux races importées, entraînant ainsi une diminution de leur nombre. Il est impératif d'agir rapidement pour préserver la population locale de lapins et ainsi prévenir son extinction (Fellous et al, 2012).

Toute initiative visant à améliorer le secteur cuniculicole basée sur la population locale de lapins doit être fondée sur une approche globale et cohérente, cela implique principalement la caractérisation de la population locale, en termes de caractéristiques morphologiques et génétiques, ainsi que la connaissance de ses performances zootechniques (Zerrouki ,2006).

### **3. Systèmes d'élevage**

En Algérie, il existe actuellement deux types d'élevage dominants :

#### **3.1. Système d'élevage traditionnel**

Selon Merad et al (2015), la méthode traditionnelle de l'élevage de lapins en Algérie continue d'être pratiquée de nos jours, elle est caractérisée par une approche du type fermier avec un nombre limité de lapines reproductrices, généralement entre 4 et 5. Les lapins de cette population affichent une diversité phénotypique considérable et font partie de la population locale qui n'est pas soumise à une sélection génétique (Zerrouki et al, 2005<sub>a</sub>).

Selon les recherches menées par Saidj et al (2013) et Merad et al (2015), sur les systèmes d'élevages des lapins dans des différentes régions en Algérie, dans plus de 70% des élevages, elles ont observé un élevage au sol des lapins, parmi lesquels 46% se trouvent dans des vieux locaux et 29% dans des immeubles. En revanche, l'élevage en cage est moins fréquemment utilisé.

Les lapins sont nourris principalement avec une alimentation composée exclusivement d'herbes et de sous-produits domestiques. Parfois, cette alimentation est complétée avec l'ajout de son de blé (Berchiche, 1992). Généralement, les unités d'élevage de lapins sont gérées par des femmes au foyer. La majorité de la production de lapins est utilisée pour la consommation familiale (Saidj et al, 2013).

#### **3.2. Système d'élevage rationnel**

Depuis les années 2000, les élevages en Algérie, et plus spécifiquement l'élevage de lapins, a connu une évolution significative, principalement grâce au lancement du Plan National de Développement Agricole (PNDA), cette initiative a engendré l'émergence d'une cuniculture moderne et mieux structurée, caractérisée par une approche plus rationnelle de l'élevage de lapins.

Les lapins sont élevés dans des cages, dans des immeubles fermés, avec un bon éclairage et une ventilation adéquate, bénéficiant d'un chauffage en hiver et d'un système de climatisation en été et ils sont nourris avec des aliments industriels. L'objectif principal de cette production est la commercialisation des lapins (Djellal, 2017).

#### **4. Importance économique de l'élevage de lapins**

##### **4.1. Rappel sur la situation dans le monde**

L'élevage de lapin peut avoir une influence significative, pour l'économie rurale et le développement durable. La viande de lapin présente d'excellentes caractéristiques nutritionnelles, comme par exemple une concentration élevée en protéines, une teneur réduite en matières grasses et un pourcentage élevé d'acides gras insaturés, ainsi que des niveaux faibles de cholestérol et de sodium. De plus, la production de viande de lapin soutient l'économie des zones rurales.

Cependant, la demande de viande de lapin reste restreinte en raison de plusieurs facteurs tels que le coût élevé des aliments commerciaux qui ralentit l'élevage des lapins. Les caractéristiques sociodémographiques, les attitudes et l'origine géographique et culturel des consommateurs influencent la popularité de ce type de viande (Siddiqui et al, 2023).

En ce qui concerne la production de lapins, il existe des différences significatives entre les continents. L'Asie représentait (70,5%) de la quantité mondiale de production de viande de lapin en 2020, suivie de l'Europe (17,02%), puis l'Afrique (10,79%), et le continent American (01,71%) en dernier place (Tableau 2).

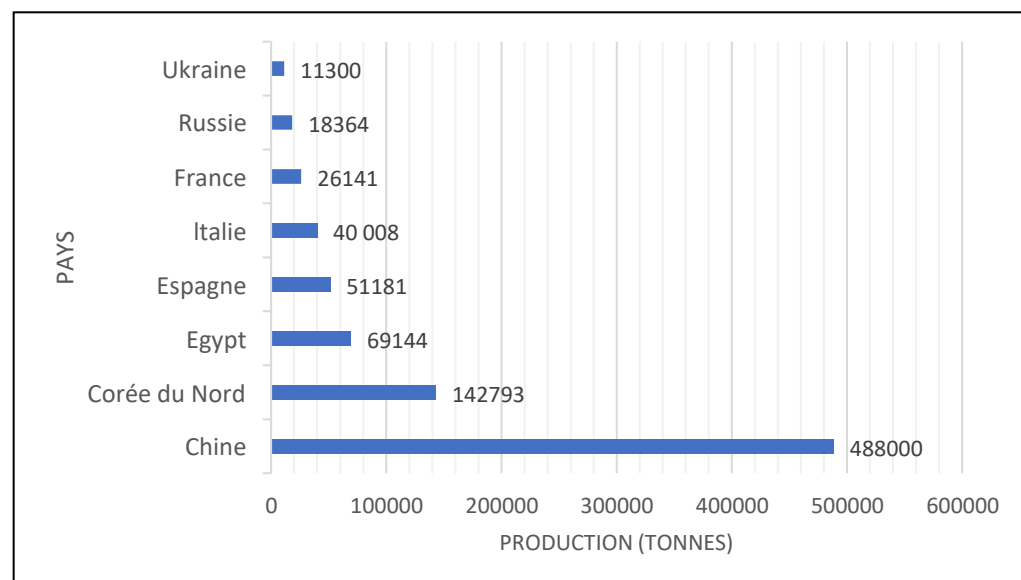
Selon les valeurs estimées obtenues auprès de la FAO, sur la période 2010-2020, La production globale de viande de lapin a connu une baisse de 24,1%. Cependant, différentes tendances ont été observées entre les continents. Une forte réduction de la production de ce type de viande a été observée en Europe (-41,2%), tandis que des augmentations ont été enregistrées en Afrique (+23,5%). La Chine et la Corée du Nord sont les deux principaux producteurs (FAO, 2020).

**Tableau 2.** Production de viande de lapin en quantité et en têtes (FAO, 2020).

Continents	Production en quantité (tonnes)		Production en têtes (1000)	
	2010	2020	2010	2020
Monde	1 185447	899726	814841	608188
Afrique	78638	97122	70170	81387
Amerique	17550	15429	14672	12904
Asie	828586	634025	570261	401248
Europe	260673	153150	159738	112650

Selon les dernières données fournies par la FAO (2020), la production de lapins à l'échelle mondiale atteint 899 726 tonnes et est principalement concentrée dans quelques pays comme la Chine, la Corée du Nord, l'Égypte, l'Espagne, l'Italie, la France, la Russie et l'Ukraine (Figure 8).

Selon les données de la FAO (2020) et l'ITAVI (2020), La Chine occupe la position de leader en termes de production mondiale de viande de lapin, suivie par la Corée du Nord, mais la production de viande de lapin en Chine a diminué progressivement, elle est passée de 690 000 tonnes en 2010 à 456 552 tonnes en 2020, tandis qu'en Corée du Nord, la production de viande de lapin a enregistré une augmentation passant de 133 900 à 142 769 tonnes.

**Figure 8.** Principaux producteurs de la viande de lapin (FAO, 2020 ; ITAVI, 2020).

L'Afrique occupe l'avant-dernière position en termes de production de lapins en comparaison avec les autres continents. En 2020, sa production était de 97 122 tonnes, ce qui représente environ 10,79 % de la production mondiale (FAO, 2020).

En général, les élevages commerciaux sont peu répandus en Afrique du Nord. Il est important de noter que l'Égypte se démarque en tant que principal pays producteur de lapins dans la région (69 144 tonnes en 2020).

Dans le reste de continent africain, la production de viande de lapins est relativement basse avec une production de 8103 tonnes en Sierra Leone, 2568 tonnes en Kenya, 2079 tonnes en Gabon, et 370 tonnes en Mozambique (FAO, 2020).

#### **4.2. Situation en Algérie**

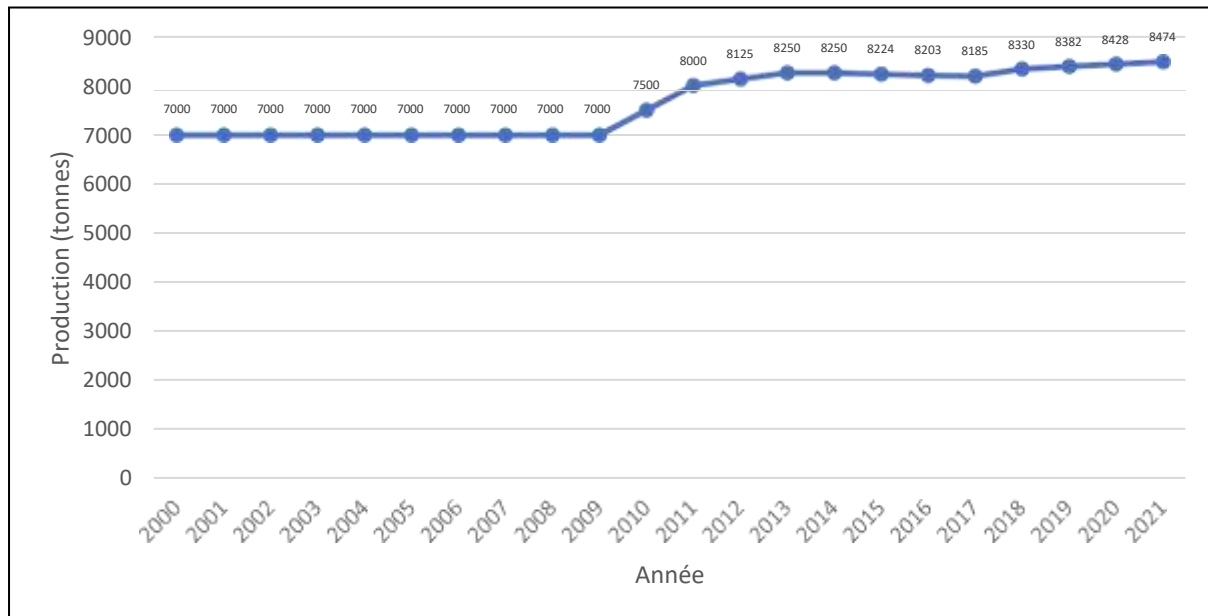
Bien que l'élevage du lapin soit indéniablement populaire dans le secteur agricole en Algérie, l'élevage cuniculicole reste une production négligée et marginale. Malgré plusieurs efforts pour son développement, l'élevage familial traditionnel prédomine encore. L'élevage cuniculicole en Algérie est principalement un élevage traditionnel, utilisant des animaux issus de populations locales. Ces lapins sont élevés dans d'anciens locaux, voire dans des bâtiments traditionnels aménagés spécifiquement pour cette activité (Berchiche et al,1998).

Malgré les nombreux avantages du lapin en termes de performances de production et de reproduction, l'élevage cuniculicole reste limité à quelques zones rurales. Malheureusement, il demeure toutefois une activité mineure, et n'a pas encore réalisé tout son potentiel de croissance (Berchiche et Lebas ,1994).

En 2021, l'Algérie a été classée au deuxième rang en Afrique en termes de production cuniculicole, juste derrière l'Égypte. Sa production a atteint 8474 tonnes, représentant ainsi 8,61 % de la production totale du continent africain (FAO, 2021). Malgré les positifs qu'elle présente, il est évident que l'élevage de lapins reste une activité très restreinte en Algérie. Selon le rapport de Ministère de l'agriculture et le développement rural (MADR, 2003), la cuniculture algérienne souffre de plusieurs problèmes, comme :

- ✓ Le manque de connaissances concernant l'élevage cuniculicole.
- ✓ Un manque de compétences techniques de la plupart des éleveurs en Algérie, étant donné qu'en Algérie, il y a peu d'éleveurs cuniculicoles modernes spécialisés dans cette activité.
- ✓ La mauvaise qualité de l'aliment utilisée
- ✓ Il y a un manque de structures d'élevage appropriés et l'absence des mesures sanitaires spécifiques pour les lapins.

La production de viande de lapin au niveau national a connu une progression remarquable à partir de l'année 2010 (figure 9). Cette évolution est attribuée aux divers programmes mis en place pour le développement visant à rationaliser ce type d'élevage dans le pays.



**Figure 9.** Production de viande du lapin en Algérie depuis l'année 2000 (FAO, 2021).

## 5. Filière cuniculicole en Algérie

Plusieurs chercheurs ont mené des enquêtes afin de caractériser filière cuniculicole en Algérie. Nous allons résumer les principaux résultats obtenus par ces études.

Dans l'étude menée par Merad et ses collaborateurs en (2015), l'objectif était de caractériser l'élevage familial de lapins dans six régions : Médéa, Aïn Defla, Bouira, Ksar Boukhari, Boussaada, et Biskra, Selon leurs observations, ils ont constaté que les exploitations d'élevage de lapins sont principalement gérées par des hommes, représentant environ 59% des responsables. Ces résultats concordent avec ceux obtenus par Guemour (2011) dans la région de Tiaret, où il a également remarqué que les élevages étaient majoritairement dirigés par des hommes et des enfants.

Toutefois, des différences remarquables ont été relevées entre les différentes régions étudiées. Une étude portant sur 216 élevages traditionnels dans les wilayas de : Tizi Ouzou, Bouira, Sétif et Bordj Bou Arreridj, a révélé des taux élevés de femmes à Tizi Ouzou et Bouira, avec un pourcentage de 80% et 87% respectivement, tandis qu'un pourcentage élevé d'hommes a été observé à Sétif avec un pourcentage de 78% (Saidj et al, 2013).

L'étude menée par Sanah en (2017) sur les élevages de lapins dans les wilayas de : Mila, Sétif, Bordj Bou Arreridj, Constantine, Batna, Bejaïa, Tébessa, Jijel, Annaba, Skikda, Guelma, M'sila, Khenchela, Souk Ahras et Oum El Bouaghi, a constaté que tous les élevages étaient des exploitations privées et faisaient partie du système rationnel. Seulement 5% des éleveurs possédaient un agrément sanitaire. Par ailleurs, une enquête réalisée par Zerrouki et ses collaborateurs en (2005<sub>a</sub>) dans la wilaya de Tizi-Ouzou, a révélé un nombre significatif d'éleveurs agréés (75 éleveurs). Ces éleveurs ont reçu le soutien des organismes gouvernementaux grâce à divers programmes destinés à promouvoir la cuniculture.

Selon les résultats de l'étude de Sanah en (2017), dans les élevages rationnels de l'est algérien, la plupart des éleveurs (69 %) sont impliqués dans cette activité principalement pour des motivations d'ordre financier. Dans les élevages traditionnels, L'autoconsommation se présente comme un objectif important en parallèle de l'objectif commercial. Dans les élevages traditionnels étudiés par Merad et al (2015), il a été remarqué que 44 % de ces exploitations avaient pour objectif l'autoconsommation, tandis que 56 % avaient un objectif commercial.

Dans le travail de Saidj et al (2013) sur les élevages traditionnels de lapins, les résultats ont révélé que les éleveurs avaient diverses orientations pour leur production. Environ 17,6 % des élevages étaient axés sur la commercialisation des lapins, 29,2 % étaient destinés à l'autoconsommation, tandis que la majorité, soit 53,2 % des élevages, avaient une double finalité, à la fois la commercialisation et l'autoconsommation. Ainsi, les éleveurs avaient différentes orientations quant à l'utilisation de leur production de lapins, certains privilégiant la vente, d'autres la consommation personnelle, et une partie considérable s'engageant dans les deux voies simultanément.

Selon l'étude de Sanah (2017), les élevages du type rationnel sont principalement dominés par des races étrangères, en particulier la race Néo-Zélandaise blanche, qui représente un pourcentage élevé de 98 %. En revanche, la population locale ne représente qu'une proportion de seulement 2 %. Les éleveurs justifient leur choix en optant pour des races étrangères en raison de leurs caractéristiques avantageuses, notamment leur poids plus élevé et leur prolificité élevée, et une croissance rapide.

Dans les élevages traditionnels, c'est la population locale qui prédomine, tandis que l'on retrouve quelques individus issus de races importées telles que la Néo-Zélandaise blanche et la Californienne, ou provenant d'hybrides (Guemour, 2011).

Concernant la commercialisation, le travail de Benabdelaziz et al (2020) sur des élevages rationnels dans wilaya de Tizi-Ouzou a révélé que la moitié des éleveurs de lapins vendent leurs lapins à des abattoirs ou à des grossistes, 19% les vendent à des hôtels et des

restaurants, tandis que 18% les vendent à des bouchers et 13,5% directement aux consommateurs.

Dans leur étude sur des élevages rationnels situés au nord-est de l'Algérie, Sanah et ses collaborateurs (2022) ont observé que les acheteurs de viande de lapin sont des ménages avec un pourcentage de 43,75%, des gestionnaires de restaurants avec des ménages et des hôtels de luxe avec un pourcentage de 40,62%, des particuliers avec un pourcentage de 9,38% et des bars avec un pourcentage de 6,25%. Ces résultats coïncident avec celles obtenues par Mezali et al en (2014) dans une étude menée auprès des vendeurs et des consommateurs de viande de lapin dans la région d'Alger. Ils ont constaté que les ménages sont les principaux acheteurs de viande de lapin (dans 90 % des cas).

Comme dans de nombreux pays en développement, le marketing du lapin en Algérie reste modeste, peu organisé et non structuré. Il est pratiqué à petite échelle. Le manque de connaissances et de sensibilisation à la viande de lapin, les coûts élevés de production, le prix de vente élevé et la non-disponibilité de la viande de lapin dans certains marchés sont les causes qui limitent le marketing de ce type de viande (Sanah et al, 2022).

Les éleveurs de lapins sont confrontés à des problèmes tels que les coûts de transport élevés, les paiements tardifs et une faible demande pour le produit. L'organisation et la structuration du secteur dans tous ses côtés constituent l'une des principales options pour résoudre les problèmes de la cuniculture en Algérie (Benabdelaziz et al, 2020).

Les principaux obstacles qui entravent le développement de l'élevage de lapins sont les suivantes : les problèmes sanitaires avec un pourcentage de 43%, le coût élevé des aliments avec un pourcentage de 27% et des investissements avec un pourcentage de 22% et le problème de commercialisation avec un pourcentage de 8% (Sanah, 2017). Les enquêtes réalisées par Zerrouki et al (2005<sub>b</sub>) ainsi que par Kadi et al (2008) à la wilaya de Tizi-Ouzou ont mis en évidence plusieurs défis, parmi lesquels figure le prix élevé des produits alimentaires et le problème de commercialisation.

Selon l'étude de Guemour (2011), La viabilité économique de l'élevage de lapins est actuellement très favorable, même si elle peut être sujette à des fluctuations en raison de la forte incidence de la mortalité, qui peut entraîner des pertes totales d'animaux. Les éleveurs de lapins considèrent que l'alimentation, les problèmes de santé, les conditions de logement ainsi que les variations climatiques, notamment les périodes de chaleur, sont des éléments cruciaux pour assurer le succès de ce genre d'élevage.

Les programmes d'amélioration de secteur d'élevage ont un impact significatif dans l'évolution de la cuniculture ces dernières années, une enquête a été réalisée par Benabdelaziz

et ses collaborateurs en (2020) auprès de 67 éleveurs de lapins de Tizi-Ouzou, ayant pour objectif d'examiner la situation des élevages modernes de lapins, a révélé une expansion considérable de la taille moyenne des exploitations. L'effectif des lapines en production, sont 45 % plus élevés que ceux rapportés pour la même région par Zerrouki et al (2005<sub>a</sub>).

Cette étude a montré que 42 % des éleveurs de lapins ont reçu un soutien de l'État à travers ses différents mécanismes pour démarrer leurs activités (Benabdelaziz et al, 2020).

La demande de viande de lapin reste encore faible et continue d'être négligeable, en Algérie, en moyenne, les habitants consomment 0,86 kg de viande de lapin par an, avec une consommation plus élevée de 1,52 kg dans les zones rurales et une consommation plus faible de 0,39 kg dans les zones urbaines (Gacem et Lebas, 2000). La majorité des personnes en consomment deux ou trois fois par an. En général, cette viande est surtout consommée dans les régions rurales par les agriculteurs et leurs familles. La consommation augmente principalement pendant le mois de Ramadan et la saison hivernale, ou lors d'événements spéciaux.

L'enquête menée par Sanah et ses collaborateurs en (2020) sur les facteurs limitant la demande de la viande de lapin a mis en évidence les principaux éléments suivants : la disponibilité limitée de ce type de viande sur le marché avec un pourcentage de 42%, le prix avec un pourcentage de 22%, les habitudes alimentaires avec un pourcentage de 17%, le manque d'informations sur sa valeur nutritionnelle avec un pourcentage de 13%, le mauvais goût avec un pourcentage de 3% et la similitude qu'elle peut présenter avec la carcasse de chat avec un pourcentage de 3%. Même si la majorité des consommateurs sont conscients des avantages nutritifs de ce type de viande, elle est mal classée dans le choix de ses consommateurs, arrivant en quatrième position après le mouton, le bœuf et la volaille.

Bien qu'il n'y ait pas d'interdiction religieuse concernant la consommation de viande de lapin, les algériens montrent peu d'intérêt pour cette viande et la consomment de manière occasionnelle. Un grand nombre de personnes n'ont jamais goûté cette viande et ont des préjugés négatifs à son égard, certaines personnes la perçoivent parfois comme ayant un goût désagréable ou trouvent que son apparence ressemble à celle de la viande de chat (la viande de lapin est souvent commercialisé sous la forme d'une carcasse entière). D'autres estiment que les possibilités culinaires avec la viande de lapin sont limitées, se limitant à deux ou trois plats seulement (Guemour, 2011).

## 6. Populations locales de lapin en Algérie

Outre les races importées, le cheptel cuniculicole en Algérie comprend 3 types génétiques différents : la population locale, la souche blanche et la souche synthétique développée par l'ITELV.

### 6.1. Population locale

Les lapins de la population locale montrent des caractéristiques notables en termes d'adaptation aux conditions climatiques et alimentaires du pays, principalement grâce à leur capacité à tolérer les températures élevées (Zerrouki et al, 2005<sub>b</sub> ; Fellous et al, 2012).

Des études approfondies sur la population locale de lapins en Algérie ont été menées pour caractériser leurs performances zootechniques, mettant en évidence forces et les faiblesses de cette population : des performances moyennes et une grande hétérogénéité, avec une faible prolificité, des taux de croissance limités et un poids adulte insuffisant, ces performances modestes limitent l'utilisation directe de la population locale dans des élevages intensifs destinés à la production de viande.

Cependant, la population locale montre une diversité phénotypique importante, résultant de croisements visant à rechercher à améliorer les performances zootechniques. Ces croisements ont été effectués en utilisant des races importées qui ont été introduites dans le pays dans le cadre de projets visant à développer le secteur agricole, notamment dans les années 70 comme le Blanc Néo Zelandais et le Californien (Ferrah et al, 2003), et les races hybrides introduite dans les années 80 comme Hyla et Hyplus (Mefti Korteb, 2016).

Les populations locales de lapins continuent d'être en danger car elles subissent une pression due à l'incorporation de races importées, ce qui entraîne une diminution de leur effectif (Fellous et al, 2012). Il est crucial d'agir rapidement pour préserver et conserver cette population de lapins afin d'éviter son extinction imminente, qui est causée par des croisements incontrôlés avec des races étrangères.

### 6.2. Souche Blanche

"La souche Blanche" est une population de phénotype albinos dominant (Zerrouki et al, 2014<sub>a</sub>), créée par une coopérative d'État située à Djelba (Tizi Ouzou). Cette coopérative a pour mission de distribuer des reproducteurs aux éleveurs locaux. Les éleveurs de la région ont largement adopté l'utilisation de cette population blanche pour leur élevage (Zerrouki et al, 2007<sub>a</sub>).

Ces lapins proviennent d'hybrides commerciaux (Hyla et Hyplus) importés dans les années 80 (Zerrouki et al, 2007<sub>a</sub>), ces lapins se distinguent par leur poids élevé et leur capacité de reproduction plus élevée par rapport à la population locale (Zerrouki et al, 2014<sub>a</sub>).

D'après l'étude menée par Zerrouki et al (2007<sub>a</sub>), la souche Blanche présente une prolificité similaire à celle constatée chez les lapines locales. En revanche, les lapereaux de la souche Blanche présentent un plus faible taux de mortalité en moyenne, les lapines de cette souche ont un poids supérieur de 15% par rapport aux lapines de la population cuniculicole locale.

### **6.3. Souche synthétique de l'ITELV**

L'Institut Technique des Elevages (ITELV), en 2003 a mis en place un plan pour améliorer les performances zootechniques de la population cuniculicole locale, tout en préservant ses caractéristiques d'adaptation aux conditions climatiques locales et aux maladies. Dans le cadre de ce programme, une lignée synthétique a été créée par une hybridation entre la population cuniculicole locale et la souche INRA2066 (Zerrouki et al, 2014<sub>a</sub>). Cette approche permet d'exploiter la complémentarité entre la population locale et la souche INRA2066, tout en maintenant l'effet d'hétérosis.

La souche Synthétique est l'issue de la copulation de femelles d'une population locale par des mâles de la souche INRA 2666 plus lourde et plus productive (Gacem et Bolet, 2005).

Les lapines issues de la souche synthétique ont un poids plus élevé que celui des lapines locales et de la souche blanche. De plus, les différences de prolificité observées démontrent une nette supériorité de la souche synthétique comparativement aux autres populations locales. En revanche, les lapins de cette souche montrent des performances de croissance relativement modestes. Il est donc primordial de diriger les efforts de sélection de cette souche synthétique sur l'amélioration de ses capacités de croissance. Il est évident que la souche synthétique présente une adaptation similaire aux conditions climatiques que les populations locales (Zerrouki et al, 2014<sub>b</sub>).

## 7. Caractéristiques de la population cuniculicole locale

### 7.1. Caractères phénotypiques

La population locale de lapins présente une remarquable variabilité phénotypique notamment en ce qui concerne leur pigmentation (figure 10). Cette diversité phénotypique se manifeste par la présence de plusieurs motifs de coloration différents parmi les individus de la population : noire, agouti, fauve, argenté, noir et blanc, agouti et blanc, fauve et blanc, argenté et blanc, gris bleuté et blanc, agouti gris bleuté, tacheté noire et blanc, tacheté agouti et blanc, tacheté fauve et blanc, tacheté gris bleuté et blanc (Dilmi, 2006 ; Mazzouz, 2007 ; Homrani, 2011 ; Ouled Amar, 2011 ; Abid, 2012 ; Bouhali, 2013).

La variabilité de couleurs et de motifs de robe observée chez les lapins de la population locale est vraisemblablement le produit de croisements entre ces lapins locaux et des lapins de races améliorées. Ces accouplements ont probablement apporté de nouveaux gènes et des caractéristiques de pigmentation différentes, contribuant ainsi à la création de cette mosaïque de couleurs dans la population (Djellal et al, 2006).



**Figure 10.** Exemples de phénotypes de la population locale de lapin  
(Abdelli-Larbi et al, 2014).

L'étude de la variabilité phénotypique de la population locale de lapins, menée par Bouhali en (2013), a porté sur 317 individus répartis dans trois wilayas : Mostaganem, Médéa et Djelfa. Les résultats obtenus ont révélé que les modèles qui présentent les pourcentages les plus élevés sont : le modèle noir et blanc représentant 18,58% de la population étudiée, suivi du modèle agouti avec 17,68%, et du modèle de pigmentation fauve avec 13,89%. Ensemble, ces trois modèles de couleur regroupent 50,15% de la population étudiée.

Le poids moyen du lapin local à l'âge adulte se situe entre 1,90 kg et 2,44 kg (Nezar, 2007 ; Bouhali, 2013 ; Bekki, 2018 ; Mogharbi et al, 2021), il possède un corps de taille moyenne compris entre 28,8 cm et 46,03 cm (Nezar, 2007 ; Bekki, 2018 ; Kourichi, 2020 ;

Mogharbi et al, 2021) avec un tour de poitrine moyenne de 26,11 cm à 32,83 cm (Kourichi, 2020 ; Mogharbi et al, 2021).

Les caractéristiques mentionnées permettent de classer le lapin local dans la catégorie des races de lapins légères. (Nezar, 2007 ; Bouhali, 2013 ; Bekki, 2018 ; Mogharbi et al, 2021).

Cependant, le poids et la plupart des caractéristiques morphologiques ne permettent pas de différencier les sexes du lapin local, il convient de souligner que chez les adultes, il y a certaines différences, en ce qui concerne des caractéristiques telles que la longueur de la tête, l'espace entre les yeux et la largeur des oreilles chez le lapin local, avec des mesures légèrement plus prononcées chez les mâles (Nezar, 2007), les femelles du lapin local se distinguent par leur corps plus allongé, une circonférence thoracique plus étendue et un poids quelque peu supérieur à celui des mâles (Bekki, 2018).

## **7.2. Caractérisation génétique**

Effectivement, avant cette étude, il est essentiel de noter qu'il n'y avait aucune recherche portant sur la caractérisation génétique de la population cuniculicole locale, à l'exception des travaux réalisés par Boukabene et al, en (2018) et Boukabene en (2020).

Dans leurs études, Boukabene et al, en (2018) et Boukabene en (2020) ont examiné la diversité génétique de 4 populations locales de lapins (banc, blanc et gris, noir et blanc, marron et blanc) ainsi que des lapins Gabali et Néo-Zélandais blancs d'Égypte. Ils ont utilisé un ensemble de 15 marqueurs microsatellites pour analyser un total de 90 animaux, comprenant 15 individus de chaque population.

Les résultats de ces études ont révélé une variabilité génétique considérable à l'intérieur des populations de lapins examinées. Les résultats de ces études ont remis en cause l'idée préconçue selon laquelle la classification des lapins se faisait uniquement en fonction de leurs couleurs.

Selon les résultats de ces études, il n'y a aucune indication d'une hybridation avec des ancêtres européens dans les populations de lapins algériens. De plus, la présence de la couleur blanche dans certaines populations algériennes ne semble pas résulter d'un croisement avec des races importés. Au contraire, cette couleur pourrait plutôt être liée à un ancêtre algérien (Boukabene et al, 2018 ; Boukabene, 2020).

### 7.3. Performances de reproductions et de croissance

#### 7.3.1. Performances de reproductions

Dans une étude histologique et morphométrique portant sur les caractéristiques reproductrices des lapins locaux, menée par Belhocine et al en (2015), ils ont été constatés que les dimensions des organes reproducteurs de ces populations étaient comparables, voire légèrement supérieures, à celles relevées chez d'autres races européennes par d'autres chercheurs. De plus, la structure anatomique des organes de reproduction de ces lapins présentait des ressemblances avec celle observée chez d'autres races cuniculicoles.

Le taux de réceptivité de lapines locales est de 74.3% selon Zerrouki et al (2005<sub>b</sub>), et 89% selon Moulla et Yakhlef (2007), tandis que le taux de fertilité de lapines locales est de 73,1% selon Zerrouki et al (2005<sub>b</sub>), 87% selon Moulla et Yakhlef (2007), et 79,7% selon Fellous et al (2012).

Les lapins de la population locale présentent un faible poids adulte (2,8 kg) (Zerrouki et al, 2005<sub>a</sub>, Mekid et Addoun, 2014), Les lapins locales ont une faible prolificité : 7,2 nés totaux, 6,1 nés vivants et 5,4 sevrés par portée selon Zerrouki et al (2005<sub>a</sub>), 7,1 nés totaux, 5,6 nés vivants et 3 lapereaux sevrés par portée selon Moulla et Yakhlef (2007), 5 à 8 nés totaux, dont 4 à 7 nés vivants, selon Djellal et al (2007), 7,98 nés totaux, 7,59 nés vivants, 6,67 lapereaux sevrés par portée selon Fellous et al (2012), 7,58 nés totaux, 7,32 nés vivants, 5,25 lapereaux sevrés par portée selon Mekid et Addoun (2014). 6,19 nés totaux à la station ITELV Baba ali, 5,90 nés totaux à la station ITELV Lamtar, 5,44 lapereaux sevrés par portée à la station ITELV Baba ali, 5,15 lapereaux sevrés par portée à la station ITELV Lamtar selon Zerrouki et al (2014<sub>b</sub>).

La productivité au sevrage de lapine de la population locale est comprise entre 25 et 30 lapereaux sevrés par femelle par an selon Zerrouki et al (2005<sub>b</sub>), et 37,1 lapereaux sevrés par femelle par an selon Fellous et al (2012).

Le taux de réceptivité de lapines locales est proche de celle de lapines de races étrangères, comme la race New Zelandaise blanche avec un taux de réceptivité de 79,7% et la race chinchilla avec un taux de réceptivité de 68 % (Oke et Iheanocho, 2011).

Les résultats de ces études révèlent une nette différence de prolificité à la naissance ou au sevrage chez les lapines locales par rapport aux lapines issus de souches sélectionnées, ces derniers enregistrant une moyenne de 7,7 lapereaux sevrés par portée (Guerder, 2001).

D'après ces données, il est clair que les caractéristiques reproductives de la population cuniculicole locale sont prometteuses, en particulier en ce qui concerne la réceptivité et la

fertilité. Cependant, la prolificité à la naissance et au moment du sevrage demeure des paramètres qui pourraient être améliorés (Fellous et al, 2012).

### **7.3.2. Performances de croissance**

Selon Fellous et al (2012), les lapereaux présentent un poids moyen de 52,1 grammes à la naissance, et selon Zerrouki et al (2007<sub>b</sub>) il est de 51 g. Selon Zerrouki et al (2007<sub>b</sub>) le poids moyen des lapereaux au moment de sevrage est de 475 g, 520 g selon Homrani et al (2010), 650 g selon Fellous et al (2012), 563 g à la station ITELV Baba Ali et 621 g à la station ITELV Lamtar selon Zerrouki et al (2014<sub>a</sub>), tandis que le gain moyen quotidien de poids de lapereaux de 0 à 28 jours est modeste (15,7 g/jour) (Zerrouki et al, 2007<sub>b</sub>).

Les lapereaux locaux au moment de sevrage ont un poids moyen inférieur à celui des lapereaux de races étrangères, qui atteint en moyenne de 715 g pour la race (Hyla × Grimaud) (Blocher et Franchet 1990).

D'après ces données, Il est impératif d'instaurer des programmes de sélection pour améliorer les performances de croissance de lapin de la population locale, tout en préservant les caractéristiques d'adaptation de lapin local aux conditions climatiques locales.

**Chapitre III :**  
**Sources, méthodes d'études**  
**de diversité, et génétique du**  
**lapin**

## **1. Biodiversité**

La biodiversité, dérivée des mots "biologique" et "diversité", englobe la diversité des formes de vie présentes à toutes les échelles de l'organisation biologique, en couvrant un spectre qui s'étend des constituants de base de l'ADN, les gènes, à des unités biologiques plus vastes comme les espèces, et même jusqu'aux systèmes complexes de vie interconnectés, les écosystèmes. Les zones équatoriales du globe, en particulier les zones comprenant les forêts équatoriales et les écosystèmes coralliennes, abritent la plus grande variété de formes de vie. La diversité biologique est affectée par des variations génétiques et des mécanismes d'adaptation, tout en étant impactée par des altérations de son environnement, la diminution des populations et l'extinction d'espèces. Il est admis que le degré de diversité biologique revêt une importance cruciale pour la capacité des écosystèmes à faire face aux changements environnementaux.

La notion de biodiversité est une notion complexe qui englobe la variété des espèces animales (diversité des espèces), les variations génétiques au sein des espèces (diversité génétique), ainsi que les distinctions entre les divers environnements naturels (diversité des écosystèmes) selon Gorsuch (2008).

La variabilité biologique se manifeste à différents niveaux chez les individus (génotypes), qui constitués de populations de différentes espèces organiques (arbres, oiseaux, insectes, poissons, animaux, etc.) qui se développent dans des écosystèmes spécifiques (forêts, rivières, mers, etc.). Chaque être vivant, groupe d'individus et espèce est étroitement lié à un écosystème particulier, auquel il s'est adapté. Les trois niveaux de diversité biologique sont essentiels à la survie de la vie, et tous sont d'une grande importance pour les êtres humains (Levin, 2001).

## **2. Diversité génétique**

La diversité génétique correspond à la totalité des variantes d'allèles et de génotypes présents dans le génome d'un organisme, influençant sa morphologie, sa physiologie et son comportement au sein d'une espèce donnée (Frankham et al, 2002). Pendant longtemps, la diversité génétique confère une résilience aux changements brusques et facilite l'adaptation des espèces aux changements de leur milieu naturel, aux changements de climats et à d'autres défis (y compris les maladies). En fin de compte, la variation génétique permet aux espèces de se développer en lignées distinctes et nouvelles. La variabilité génétique soutient les fonctions des écosystèmes et contribue aux ressources essentielles pour la société, ainsi que des services tels que la capture du carbone (Hollingsworth et al, 2020).

La diversité génétique a également été utilisée pendant des millénaires pour fournir à des milliers d'espèces domestiquées de nouvelles adaptations au climat, aux maladies, aux types de sol, aux sources alimentaires, à l'altitude, etc., et pour améliorer la durabilité et réduire les intrants industriels (par exemple, les défenses naturelles contre les ravageurs) (Hobban et al, 2022).

Dans l'élevage, il est crucial de préserver une diversité génétique optimale afin de faire face aux besoins des systèmes de production actuels et futurs, de même, afin de satisfaire les besoins en produits d'origine animale (Karsli et al, 2020). De plus, la diversité génétique est nécessaire pour s'adapter à divers stress environnementaux tels que les maladies et le changement climatique (Demir et al, 2021). Aujourd'hui, divers éléments comme la croissance démographique, la rareté de l'eau et des terres pour l'agriculture ainsi que le changement climatique poussent les agriculteurs à élever des races animales à haut rendement (Srivastava et al, 2019).

Lukefahr (2000) a mentionné qu'un niveau élevé d'hétérozygotie dans les populations de lapins pourrait être crucial pour des traits liés au fitness tels que la fertilité et la survie, qui jouent un rôle essentiel dans la préservation de ces populations.

Cependant, la variabilité génétique des races animales a tendance à diminuer : selon le rapport de la FAO (2019), environ 15 à 17 % des races des animaux domestiques sont classées comme étant menacées d'extinction. De plus, plus de 80 % des races des animaux domestiques sont inconnues dans la région du Moyen-Orient (FAO, 2015). De plus, environ 40 % des races de lapins sont en danger (FAO, 2011).

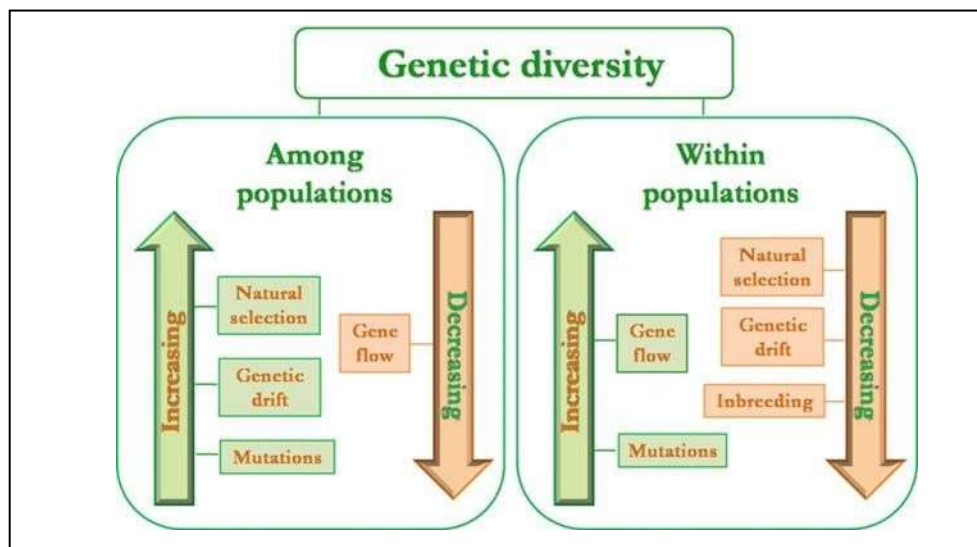
### **3. Sources de diversité génétique**

Il y a deux types de reproductions fondamentales chez les organismes : la reproduction asexuée et la reproduction sexuée. Dans les deux cas, la diversité génétique se produit, mais elle est beaucoup moins fréquente dans la reproduction asexuée en raison des inexactitudes mineures pendant la duplication de l'ADN, provoquant des mutations au niveau génétiques.

En revanche, dans la reproduction sexuée, les variations résultent de la sélection des partenaires et de la possibilité de recombinaison génétique. Grâce à la reproduction sexuée, une population maintient sa diversité génétique et engendre des individus uniques à chaque nouvelle génération.

La diversité génétique est influencée par quatre facteurs évolutifs (processus) : les mutations, le flux génique, la dérive génétique, et la sélection naturelle (Figure 11). Le seul

facteur capable de créer entièrement de nouvelles variations génétiques (nouveaux allèles) est la mutation (Nonić et Šijačić-Nikolić, 2021).



**Figure 11.** Processus influençant la variabilité génétique (Nonić et Šijačić-Nikolić, 2021).

### 3.1. Mutations

Les mutations constituent l'un des principaux moteurs de l'évolution en enrichissant la diversité au sein des populations et permettent ainsi un changement évolutif (Loewe et Hill, 2010). Les mutations correspondent à des altérations dans le code génétique, et elles sont une cause principale de la diversité entre les organismes. Ces changements se produisent à de nombreux niveaux différents et peuvent avoir des conséquences très différentes (Loewe, 2008).

Le terme "mutation" provient du mot latin "mutatio" qui signifie changement, remplacement. Les mutations sont des changements héréditaires dans la constitution génétique des individus.

Certaines mutations ont un impact limité et n'affectent que l'individu qui les porte, tandis que d'autres ont un effet héréditaire et peuvent influencer tous les descendants de l'organisme porteur, ainsi que les générations futures. Afin qu'une mutation puisse être héritée par la descendance, la mutation doit avoir lieu dans les cellules qui contribuent à la formation de la génération suivante. C'est l'interaction complexe entre les mutations héritées et les pressions environnementales qui génère la diversité observée entre les différentes espèces (Loewe, 2008).

Les mutations peuvent survenir spontanément dans des conditions naturelles (mutations spontanées) ou être provoquées en laboratoire (mutations induites) (Nonić et Šijačić-Nikolić, 2021).

Les mutations sont causées par des changements physiques dans le matériel héréditaire (l'ADN), l'ADN est une longue séquence de paires de bases organisées en chromosomes, qui ne sont pas physiquement liés entre eux. Cette organisation offre de nombreuses possibilités de changement au niveau génétique. Il existe des mutations ponctuelles qui sont des altérations génétiques qui affectent uniquement une seule lettre, ou base, de l'ADN, et conduisent à des "polymorphismes d'un seul nucléotide" dans les populations, des insertions et des délétions de différentes tailles, des transpositions qui déplacent une séquence d'une position à une autre, et peuvent ainsi causer des mutations, des inversions de différentes tailles qui changent l'orientation d'une séquence d'ADN, des mutations chromosomiques qui affectent des morceaux assez longs d'ADN pour devenir visibles au microscope et pourraient même conduire à la perte ou à la duplication d'un chromosome entier (également connu sous le nom de non-disjonctions), et des changements dans le niveau de ploïdie, où une copie entière du génome est soit gagnée soit perdue (Loewe et Hill, 2010).

Une seule mutation peut avoir un grand effet, mais dans de nombreux cas, le changement évolutif est basé sur l'accumulation de nombreuses mutations aux effets faibles (Loewe, 2008). Les effets des mutations peuvent être positifs, négatifs ou neutres (Loewe, 2008 ; Loewe et Hill, 2010 ; Nonić et Šijačić-Nikolić, 2021), en fonction de leur contexte ou de leur emplacement. La plupart des mutations non neutres sont nocifs. En général, plus il y a de paires de bases affectées par une mutation, plus son effet est important et plus sa probabilité d'être nocif est élevée (Loewe, 2008).

Les mutations sont rares et à court terme, elles ont un effet très faible sur la modification du patrimoine génétique de la population. Cependant, à long terme, les mutations constituent une origine indispensable de diversité, en combinaison avec d'autres forces évolutives, les mutations représentent un élément important dans la modification du patrimoine génétique de la population (Morić, 2016).

### **3.2. Dérive génétique**

La dérive génétique est un phénomène de changements aléatoires dans la fréquence des allèles qui affecte les petites populations en raison de la sélection aléatoire des allèles parentaux qui sont transmis à la descendance. En raison de la fixation d'un allèle et de la perte simultanée d'autres allèles à un locus, la diversité génétique diminue, ce qui entraîne une

réduction du polymorphisme et une diminution de l'hétérozygotie, conduisant à une augmentation des fréquences de loci homozygotes. Cependant, en même temps, des différences génétiques significatives entre les populations surviennent en raison des changements aléatoires dans les fréquences alléliques. À cela s'ajoute l'impact significatif de la consanguinité au sein des petites populations (Morić, 2016).

La dérive génétique peut aboutir à la diminution graduelle de la diversité génétique dans une population, car les fréquences alléliques subissent des fluctuations aléatoires et finalement, atteignent un équilibre à une valeur déterminée. Ce processus est plus marqué dans les petites populations où les effets de l'échantillonnage aléatoire sont plus prononcés. En conséquence, elle peut aboutir à la présence permanente d'un allèle spécifique, éliminant ainsi d'autres variants génétiques et réduisant la variabilité génétique globale dans la population (Messer, 2016).

### **3.3. Flux génétique**

Le flux génétique correspond au mouvement de certains allèles (gènes) d'une population vers une autre population, qui est géographiquement séparée (Agrios, 2005).

Le flux génétique est également appelé migration génique. Le flux génétique peut se produire entre deux populations de la même espèce grâce à la migration, et il est facilité par la reproduction et le transfert vertical des gènes des parents à leur progéniture. Alternativement, le flux génétique peut avoir lieu entre deux espèces différentes par le mouvement horizontal d'allèles, tel que le mouvement d'allèles des bactéries ou des virus à un organisme supérieur, ou le transfert de gènes d'un endosymbiote à l'hôte.

La migration peut augmenter la variabilité génétique à l'intérieur des populations, tandis que le flux génétique entre des populations génétiquement éloignées peut réduire la différence génétique entre les populations. Étant donné que le flux génétique peut être favorisé par la proximité géographique des populations, il peut être restreint par des barrières physiques séparant les populations (Choudhuri, 2014).

### **3.4. Sélection naturelle**

Elle est un processus qui entraîne des changements dans la composition génétique des populations, en favorisant la reproduction des individus qui sont mieux adaptés aux conditions environnementales de leur vie. C'est le mécanisme fondamental de l'adaptation évolutive des populations et des espèces aux changements environnementaux. Les individus peuvent

s'acclimater à court terme par des changements physiologiques, tandis que, à long terme, ils ne peuvent s'adapter que par des changements dans la constitution génétique des populations (Nonić et Šijačić-Nikolić, 2021).

Les deux chercheurs principaux de la découverte de la sélection naturelle sont Charles Darwin et Alfred Wallace, bien que Darwin soit le principal théoricien de cette notion, dont l'œuvre la plus célèbre sur le sujet est "l'origine des espèces". Pour Darwin, la sélection naturelle est un processus long et complexe impliquant de multiples causes interconnectées. La sélection naturelle dépend de la présence de variations au sein d'une population d'organismes. Pour que le processus fonctionne, au moins une partie de cette variation doit être héréditaire et transmise aux descendants des organismes d'une manière ou d'une autre. Cette variation est influencée par la compétition pour la survie. Un processus qui "sélectionne" effectivement les variations bénéfiques pour la persistance et la reproduction de leurs porteurs (Gildenhuis, 2019).

En partant de la théorie de Darwin, les générations suivantes de scientifiques ont prouvé que la sélection naturelle et les changements spontanés du matériel génétique sont à la base de l'évolution biologique et de l'émergence de nouvelles espèces.

En éliminant les organismes moins adaptés, la sélection naturelle favorise la transmission des gènes qui contribuent à des traits phénotypiques mieux adaptés aux conditions environnementales, et qui sont moins susceptibles d'être affectés par les effets de la sélection naturelle. En conséquence, la sélection naturelle exerce une influence cruciale sur la proportion de certains allèles en favorisant ou en défavorisant à la fois des phénotypes et des génotypes particuliers (Nonić et Šijačić-Nikolić, 2021).

#### **4. Méthodes de caractérisation génétique des animaux domestiques**

Les méthodes de caractérisation génétiques des animaux domestiques comprennent la caractérisation phénotypique, la caractérisation biochimique, et la caractérisation moléculaire. Ces méthodes sont mises en œuvre pour évaluer et explorer la variabilité génétique de ces ressources. en tant que base pour les comprendre et les utiliser de manière durable (FAO, 2012).

Les données issues de ces recherches revêtent une importance cruciale pour la planification : Une connaissance approfondie des caractéristiques des différentes populations et races animales est essentielle pour orienter les projets de conservations, de sélections et de croisements d'animaux domestiques (FAO, 2007).

#### **4.1. Méthodes phénotypiques**

En raison d'un manque d'information détaillées concernant les divisions ou les sous-groupes des populations animales et leurs distributions géographiques, plusieurs populations et races animales dans les pays du Sud sont couramment qualifiées de "non décrites". C'est principalement dans ces régions que des études de caractérisation phénotypique sont nécessaires.

Le terme "caractérisation phénotypique des animaux domestiques" fait généralement référence au processus d'identification de races et de populations et à la détermination de leurs caractères extérieurs et leurs performances de production.

Pour décrire les races et populations animales, il existe des traits qualitatifs et quantitatifs : les traits qualitatifs couvrent la forme physique externe, la taille, la couleur et l'apparence des animaux. Ils sont contrôlés par un nombre limité de gènes.

Les traits quantitatifs couvrent les dimensions et les mesures corporelles des animaux ou de leurs parties corporelles, qui sont plus directement corrélés aux caractéristiques de production que les traits qualitatifs. Ils sont déterminés ou influencés par de nombreux gènes.

Alors que les traits qualitatifs, tels que la couleur du pelage, sont basés sur un petit nombre de loci et peuvent être enregistrés et prédits de manière précise pour des populations animales définies, les traits quantitatifs économiquement importants nécessitent un enregistrement considérable d'indicateurs directs et indirects chez les animaux individuels. De plus, contrairement à de nombreux traits qualitatifs, la plupart des traits quantitatifs dépendent de stade de vie de l'animal et les conditions environnementales qui l'entourent (FAO, 2012).

#### **4.2. Méthodes cytologiques**

Les méthodes cytologiques ont été utilisés pour l'évaluation des ressources génétiques animales basée sur le nombre et la morphologie des chromosomes animales. Les marqueurs cytologiques comprennent les caryotypes des chromosomes, les bandes chromosomiques, les répétitions, les délétions, les translocations et les inversions (Yang et al, 2013).

Les chromosomes sont les porteurs du matériel génétique et les mutations chromosomiques sont des sources cruciales de variation génétique. Nous pouvons utiliser ces mutations comme marqueurs pour déterminer l'emplacement spécifique d'un gène sur le chromosome et sa position par rapport à d'autres gènes (Bitgood et Shoffner, 1990).

Les chercheurs peuvent retracer les origines et l'histoire évolutive des animaux, et évaluer la diversité génétique des animaux domestiqués en comparant le nombre et la

structure des chromosomes entre les animaux domestiqués et leurs ancêtres sauvages (Yang et al, 2013).

### 4.3. Méthodes biochimiques

Les paramètres biochimiques, comme les systèmes de groupes sanguins et les isoenzymes, sont des marqueurs biochimiques qui peuvent être analysés par électrophorèse des protéines (Yang et al, 2013).

Les articles publiés en 1966 par John Hubby et Richard Lewontin ont marqué une avancée significative dans l'étude du niveau de la diversité au niveau génomique. Ils ont utilisé la technique de l'électrophorèse sur gel des enzymes et des protéines pour étudier la variation dans les populations naturelles de *Drosophila pseudoobscura*.

Cette étude révolutionnaire, a permis d'obtenir la première image relativement impartiale de l'ampleur de la diversité des séquences protéiques. Ces articles ont généré un vaste programme de recherche, qui a découvert une variabilité électrophorétique également élevée dans de nombreuses espèces différentes, et a conduit à la création d'outils statistiques, permettant d'analyser les données génétiques (Charlesworth et al, 2016).

La valeur du polymorphisme protéique réside dans sa capacité à se concentrer sur les séquences d'ADN exprimées phénotypiquement, et sur la variabilité suffisante des locus de codage des protéines, permettant ainsi de distinguer la structure génétique de la population.

Le polymorphisme protéique offre un moyen rapide, économique, facile, pratique, et fiable. Il offre un moyen rigoureux pour étudier simultanément la variation génétique de plusieurs gènes fonctionnels chez un même individu. Les exigences en équipement sont modestes et le personnel peut être formé rapidement, bien que l'interprétation de gel nécessite une expérience considérable (Mwacharo, 2005).

Les marqueurs biochimiques fournissent une représentation plus détaillée des polymorphismes que les marqueurs morphologiques ou cytologiques, c'est pourquoi ils sont encore largement utilisés pour élucider l'origine et la classification des espèces (Yang et al., 2013). Pour les populations dont le statut génétique est inconnu, le polymorphisme protéique peut être utilisé en premier lieu pour vérifier le degré de relation génétique, et pour déterminer l'ordre de priorité de groupes à analyser à l'aide de marqueurs moléculaires les plus avancés (Mwacharo, 2005).

### 4.4. Méthodes moléculaires

Différentes méthodes ont été développées pour identifier les variations génétiques entre les organismes en utilisant des marqueurs génétiques moléculaires. Le choix de la

méthode dépendra du matériau étudié et des questions posées (Nonić et Šijačić-Nikolić, 2021). L'efficacité des marqueurs moléculaires pour mesurer la diversité génétique a considérablement progressé au cours des dernières décennies (Avisé, 2004).

Selon Karsli et al (2020) on distingue principalement deux types de marqueurs ADN: les marqueurs basés sur l'hybridation ADN-ADN (marqueurs de polymorphisme de longueur de fragments de restriction ou RFLP), et les marqueurs basés sur l'amplification de séquences d'ADN par réaction de polymérisation en chaîne (PCR) tels que les marqueurs d'ADN mitochondrial (mtDNA), les marqueurs de polymorphisme aléatoire d'ADN polymorphe (RAPD), les marqueurs de polymorphisme de longueur de fragments amplifiés (AFLP), les marqueurs de répétitions de séquences simples (SSR) ou microsatellites, les marqueurs de polymorphismes nucléotidiques (SNP).

#### **4.4.1. Marqueurs RFLP**

RFLP (restriction fragment length polymorphism), C'est un outil couramment utilisé pour vérifier de petites mais spécifiques variations dans une séquence d'ADN double brin. Il dépend de la particularité des enzymes de restriction, qui reconnaissent un ensemble de nucléotides appelés sites de restriction et clivent l'ADN à ces endroits. Les RFLP sont largement utilisés dans le génotypage, l'empreinte génétique de l'ADN, la cartographie des gènes et le diagnostic des troubles génétique (Mittal et al, 2013).

En combinant cette méthode avec la PCR (PCR-RFLP), on obtient une technique rapide, facile et peu coûteuse à des fins de diagnostic de routine. Dans l'analyse PCR-RFLP, la détection de motifs polymorphes entre les individus, est basée sur des différences de taille des segments d'ADN résultant de l'amplification par PCR, générée par une endonucléase spécifique ou un ensemble multiple d'enzymes de restriction (Thyssen et al., 2005).

#### **4.4.2. Marqueurs d'ADN mitochondrial**

L'ADN mitochondrial (mtDNA) a été défini par Galtier et al (2009) comme un marqueur génétique utilisant l'adénosine triphosphate (ATP) pour localiser l'ADN dans les mitochondries. Le mtDNA est considéré comme une méthode importante dans divers domaines de recherches, comme la phylogéographie, et le phylogénétique (Rokas et al, 2003).

L'ADN mitochondrial est composé de séquences codantes pour les protéines et les ARNt, à l'exception de la zone D-loop (Mohapatra et al, 2019). La zone D-loop est une zone non codante et participe à la régulation de la duplication et de la transcription. Elle

est hautement variable et souvent utilisée pour des analyses phylogénétiques et phylogéographiques (Mohapatra et al, 2019).

Le génome de mtDNA est strictement transmis maternellement. Le spermatozoïde ne contribue pas à l'mtDNA pendant l'union des gamètes. Les parents maternels biologiques partagent tous leur ADNmt, mais leur mtDNA est unique. L'analyse de la séquence de l'ADN mitochondrial a été employée pour expliquer l'origine de nombreuses espèces domestiques modernes.

La présence de diverses lignées d'ADN mitochondrial (mtDNA) et leur mélange au sein des races peut être attribués à différentes raisons, notamment des événements de domestication ou des hybridations entre deux ou plusieurs espèces ou races différentes (Mohapatra et al, 2019).

#### **4.4.3. Marqueurs RAPD**

Le RAPD (Randomly amplified polymorphic DNA), est une méthode repose sur la méthode de la PCR, et elle est utilisée pour détecter le polymorphisme de l'ADN. Elle repose la duplication de segments d'ADN aléatoires en utilisant des amorces simples à séquence nucléotidique arbitraire. Une seule amorce est utilisée pour se lier à l'ADN génomique à deux sites différents sur les brins complémentaires.

Le polymorphisme des RAPD est détecté en utilisant de courts oligonucléotides synthétiques (de 10 bases de long) de séquences aléatoires comme amorces dans une réaction PCR. Lorsque la séquence d'ADN complémentaire aux amorces est présente dans une population, les produits de l'amplifications sont détectés par l'électrophorèse. En revanche, si la séquence complémentaire est absente, aucun produit n'est détecté.

Les RAPD sont utilisés dans une variété d'applications, allant des études individuelles aux espèces étroitement apparentées, ainsi que dans les études de cartographie génique (Singh et al, 2021).

Le RAPD est une méthode simple, rapide et économique par rapport aux RFLP, cependant, il présente des limitations en tant que marqueurs génétiques dominants, ce qui signifie qu'ils ne permettent pas de différencier les génotypes à homozygotie des génotypes à hétérozygotie (Yang et al, 2013).

#### **4.4.4. Marqueurs AFLP**

Les AFLP (Amplified fragment length polymorphism) est une approche basée sur la PCR (Mir et al, 2023). La procédure de l'AFLP est la suivante : L'ADN génomique est découpé en fragments spécifiques par des enzymes de restriction, auxquels des adaptateurs

sont ensuite liés (généralement simultanément). Ensuite, une partie de ces segments est dupliqué de manière présélective par PCR. Une amplification sélective par PCR est ensuite réalisée pour réduire davantage le nombre de fragments. L'électrophorèse est ensuite utilisée pour séparer les segments d'ADN amplifiés. Enfin, les données obtenues sont enregistrées et interprétées (Paun et Schönswetter, 2012).

Par rapport à la méthode RFLP, qui nécessite beaucoup de travail et d'efforts, et prend beaucoup de temps, les AFLPs surmontent ces inconvénients. De plus, elles résolvent le problème de fiabilité causé par les amplifications non spécifiques dans les RAPDs (Yang et al, 2013 ; Mir et al, 2023).

Néanmoins, il convient de souligner que les AFLPs sont des marqueurs bi-alléliques dominants et ne permettent pas de différencier les individus à homozygotie dominante des individus à hétérozygotie dominante (Yang et al, 2013).

#### **4.4.5. Marqueurs SNPs**

Les SNPs (single nucleotide polymorphisms) représentent une technologie de marqueurs moléculaires de troisième génération, suivant les RFLP et les SSR (Yang et al, 2013). Cette innovation, appelée SNP, a été proposée pour la première fois en 1996 et désigne un polymorphisme de séquence causé par une mutation d'un seul nucléotide à un locus spécifique de la séquence d'ADN (Yang et al, 2013). La plupart des SNP sont bialléliques, cependant, des cas de SNP trialléliques et tétraalléliques ont également été observés (Pereira et Gusmão, 2013).

Les méthodes de détection des SNP sont diverses, les techniques de détection des SNP ont évolué grâce à la découverte de nouvelles techniques utilisant des systèmes de détection, de sondes fluorescentes, de dosages enzymatiques, d'utilisation d'instruments hautement sensibles et surtout grâce à la technologie de séquençage haut débit accéléré et aux outils bioinformatiques (Morgil et al, 2020).

L'objectif fondamental de la détection des SNP est de repérer soit un nouveau polymorphisme non défini précédemment, soit de rechercher un polymorphisme déjà connu (Morgil et al, 2020). Actuellement, lors des études sur les SNP, la technologie de puce ADN est couramment utilisée (Yang et al, 2013).

Les SNP sont localisés dans les séquences génétiques fonctionnelles et non fonctionnelles des génomes, jouant ainsi un rôle crucial dans les variations génétiques de populations et l'évolution des espèces (Yang et al, 2013).

En tant que forme génétique la plus abondante et robuste, les SNP constituent des marqueurs très favorables pour évaluer la diversité génétique et les relations phylogénétiques,

améliorant ainsi la sélection des individus pour la reproduction et la découverte de nouveaux gènes associés à des caractéristiques économiquement importantes (Yirgu et al, 2023).

#### 4.4.6. Marqueurs microsatellites

Les microsatellites, également connus sous le nom SSRs (sequences repeats) ou STRs (short tandem repeats), sont des marqueurs génétiques constitués de séquences d'ADN à des emplacements connus sur un chromosome, elles peuvent être employées pour la caractérisation génétique des espèces animales par l'étude des variations alléliques dans les locus génomiques (Richard et al, 1996).

Les microsatellites sont des motifs répétés fréquemment présents dans les génomes eucaryotes. Ces motifs sont généralement composés de paires de bases (pb) répétées plusieurs fois (par exemple, CACACACACACACA). Les séquences répétées des loci microsatellites ont des régions principalement conservées, tandis que les motifs de répétition varient considérablement entre différentes espèces, voire entre différents individus de la même espèce. En conséquence, il est possible de concevoir des amorces spécifiques basées sur ces régions conservées, puis d'amplifier les séquences centrales répétées par PCR. Les variations génétiques résultantes peuvent ensuite être détectées par électrophorèse (Tautz, 1989).

Les SSR partagent les mêmes avantages que les RFLP, mais n'exigent pas l'utilisation d'enzymes de restrictions comme les RFLP. Ils offrent une plus grande répétabilité et stabilité que les marqueurs RAPD. En comparaison aux marqueurs AFLP, les SSR sont des marqueurs codominants capables de différencier les génotypes à homozygotie des génotypes à hétérozygotie.

Les microsatellites étaient les marqueurs génétiques les plus répandus pour examiner la variabilité génétique, la cartographie des loci associés à des traits quantitatifs pour la production et les caractéristiques fonctionnelles chez les animaux d'élevage. De plus, ils ont été employés dans les techniques de sélection assistée par marqueurs (Yang et al, 2013).

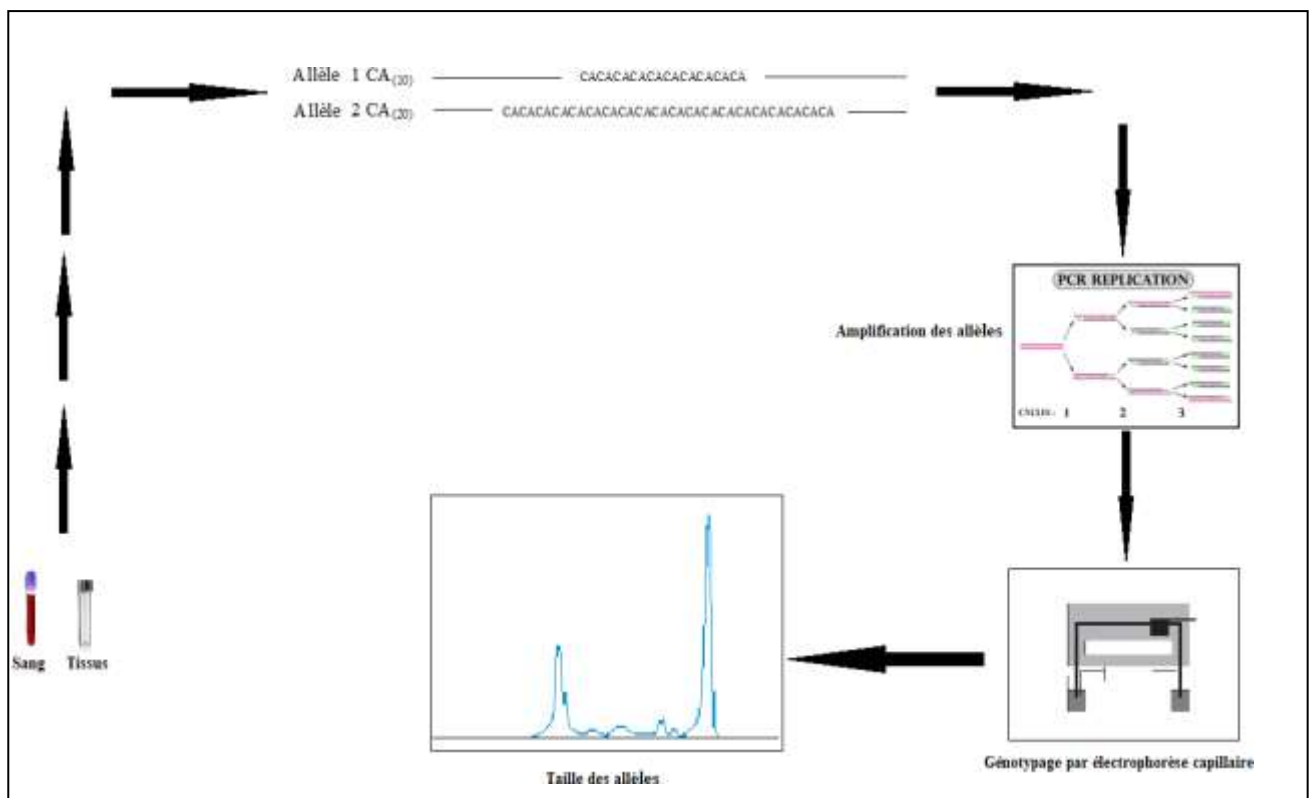
Les marqueurs microsatellites sont largement considérés comme les marqueurs préférés, en raison de leur répartition étendue, de leur caractère hautement polymorphe, de leur facilité d'accès et d'application, ainsi que de leur transmission codominante (Holliday et al, 2018 ; Karsli et al, 2020). De plus, l'étude des locus microsatellites est économique une fois que les amorces spécifiques pour chaque locus ont été produites (Holliday et al, 2018).

Cependant, un inconvénient des marqueurs microsatellites est la nécessité d'investir dans l'identification et le développement d'amorces utiles (Holliday et al, 2018). De plus, les

hétérozygotes peuvent être mal classifiés comme des homozygotes en raison d'allèles nuls. Bien que les microsatellites soient utiles pour caractériser la biodiversité neutre, ils ne fournissent pas de détails sur la biodiversité des traits fonctionnels (Yang et al, 2013). Malgré ces inconvénients, l'utilisation des marqueurs microsatellites reste très populaire pour étudier la diversité génétique.

Dans les études sur les microsatellites, les locus sont amplifiés à l'aide d'amorces spécifiques, également appelées oligonucléotides, et la taille des bandes est détectée pour obtenir les génotypes (Figure 12).

Étant donné que la taille des fragments de PCR peut être très proche, ils sont visualisés à l'aide d'appareils d'analyse de fragments (comme l'électrophorèse capillaire) plutôt que par l'électrophorèse traditionnelle (Pashnick et Thum, 2020). Les données génétiques obtenues peuvent ensuite être analysées à l'aide d'outils bioinformatiques pour estimer les paramètres de diversité génétique.



**Figure 12.** Schéma représentatif de la technique des marqueurs microsatellites (Bouhali, 2023).

#### **4.4.6.1. Utilisation des microsatellites pour les études de variabilité génétique des animaux domestiques**

Les généticiens des animaux d'élevage ont compris le potentiel offert par les microsatellites pour les études de variation génomique dans des espèces animales domestiques importantes (Georges et al, 1995). Il est devenu évident que les microsatellites pouvaient fournir des marqueurs hautement informatifs pour l'établissement de cartographies de liaison génétique, qui pourraient être employées dans la recherche du locus de traits quantitatifs associés à des caractères économiquement importants (Womack et Kata, 1995). Des centaines de microsatellites spécialisés ont été caractérisés à partir des génomes bovin, ovin, porcin, lapin, volaille et poisson, et finalement, les microsatellites ont conduit à la production de cartes de liaison génétique à haute densité (Barendse et al, 1994).

Les microsatellites sont devenus le marqueur de choix pour les études de diversité des animaux domestiques en raison de leur nature codominante, de leur amplification facile et de leur hyper-variabilité (Belete et Tamir, 2015). Cependant, il convient de souligner que les microsatellites sont plus utiles pour mesurer la diversité à court terme.

Les microsatellites constituent un outil puissant afin de mettre en évidence les liens phylogénétiques entre les différentes espèces, même chez les espèces étroitement apparentées (Wang et al, 2009). Les relations phylogénétiques reflètent la parenté d'un groupe d'espèces en fonction du calcul de la distance génétique dans leur histoire évolutive. Les microsatellites sont le meilleur choix pour la phylogénie interspécifique (Mittal et Dubey, 2009).

De plus, l'analyse des résultats des microsatellites guide les chercheurs à comprendre le flux génétique géographique, le mouvement des allèles à l'intérieur des populations sauvages et domestiques et entre elles (Tapio et al, 2010). Il peut également fournir un soutien afin de prévenir un niveau élevé de consanguinité chez les populations de petite taille. Par conséquent, les informations provenant des marqueurs moléculaires comme les microsatellites offrent une bonne base pour améliorer les approches de conservation (Yang et al, 2012).

#### **4.4.6.2. Utilisation des microsatellites pour les études de variabilité génétique chez le lapin**

L'utilisation des microsatellites (SSR) chez le lapin dans la cartographie génétique a été freinée par le manque de marqueurs bien caractérisés. Le progrès des études de microsatellites du lapin a commencé depuis les années 1990 jusqu'à maintenant. La majorité des microsatellites de lapin ont été obtenus de la base de données de l'Institut National de la

Biotechnologie (NCBI) ou du Laboratoire Européen de Biologie Moléculaire (EMBL) (van Lith et van Zutphen, 1996).

Le groupe de microsatellites SAT (9 marqueurs) a été découvert par clonage à partir du vecteur pTZ18 des tailles 400-600 pb (Mougel et al, 1997). Vingt-trois loci microsatellites du groupe de liaison (LG) VI du lapin ont été innovés par Korstanje et al (2001<sub>a</sub>) et Korstanje et al (2001<sub>b</sub>). Un groupe supplémentaire de 15 marqueurs a été isolé à partir de bibliothèques génomiques de taille sélectionnée, comprenant neuf marqueurs (SurrIDGE et al., 1997). Enfin, Chantry-Darmon et al (2005) ont innové 305 microsatellites (groupe INRA) pour la construction d'une carte cytogénétique du lapin.

Les microsatellites ont été employées pour des études de variabilité génétique du lapin (Mougel et al, 1997 ; SurrIDGE et al 1997 ; et Queney et al, 2001), des études de parenté (Vicente et al, 2004), et la cartographie génétique par enrichissement de groupes de liaisons ainsi que l'ancrage et l'orientation sur les chromosomes du lapin (Korstanje et al 2001<sub>a</sub> ; Korstanje et al, 2001<sub>b</sub>).

De nombreux efforts ont été déployés pour produire des microsatellites adaptés à la cartographie génétique, un programme a été lancé pour produire une carte génétique et cytogénétique intégrée pour cette espèce en utilisant des microsatellites ayant une position cytogénétique connue (Chantry-Darmon et al, 2003 ; Chantry-Darmon et al 2005 ; Chantry-Darmon et al, 2006).

Une part considérable de microsatellites de lapin a été obtenus à partir de clones de chromosomes artificiels bactériens (BAC) (Chantry-Darmon et al, 2005). En revanche, un grand nombre de microsatellites a été isolée à partir d'une bibliothèque génomique construite au hasard (Chantry-Darmon et al, 2005).

Le développement du séquençage du génome du lapin permettra d'accroître le nombre de microsatellites disponibles. Les informations issues de la cartographie comparative entre l'humain et le lapin (Chantry-Darmon et al, 2003 ; Chantry-Darmon et al, 2005) ainsi que la publication de données de marquage de chromosomes hétérologues (Korstanje et al 2001<sub>a</sub> ; Korstanje et al, 2001<sub>b</sub>) devraient faciliter l'ancrage de ces marqueurs associés aux gènes sur les chromosomes du lapin.

L'ensemble des microsatellites cytogénétiquement cartographiés disponibles constitue un réservoir précieux de marqueurs potentiellement polymorphes bien caractérisés.

Depuis les années 1990, plusieurs études de diversité génétique utilisant le polymorphisme des microsatellites ont évalué le statut des lapins sauvages et domestiques (Rogel-Gaillard et al, 2009). Chez les lapins sauvages, Rico et al (1994) ont étudié la diversité

des lapins parmi 5 populations de lapins sauvages dans la région d'East Anglia (Angleterre) en utilisant 4 locus microsatellites. Surridge et al (1999) ont génotypé certaines populations européennes de lapins sauvages en utilisant 9 locus microsatellites. L'estimation de la diversité des lapins sauvages en France et en Espagne a été réalisée en utilisant 9 locus microsatellites (Queney et al, 2001).

Chez les lapins domestiques, Zhu et ses collaborateurs en (2004) ont employé 5 microsatellites pour examiner la variation génétique parmi 4 races de lapins en Chine. Han Chunmei et ses collaborateurs en (2005) ont examiner la variabilité génétique parmi les populations de lapins Jirong en Chine en utilisant 13 microsatellites. Xin- Shing et al (2008) ont étudié la diversité génétique chez les lapins Angora de la ligne Wan en utilisant 4 microsatellites. La diversité de sept populations de lapins chinois a été étudiée par 15 marqueurs microsatellites (Tian-Wen et al, 2010). Les liens phylogénétiques qui existent entre les races locales de lapins égyptiens et les races blanches néo-zélandaises espagnoles, ont été étudiés par Grimal et al (2012) par l'utilisation de 17 locus microsatellites.

Ben Larabi et al (2014) ont étudié le statut génétique à travers 12 zones géographiques appartenant aux populations locales de lapins tunisiens. Le plus grand nombre de microsatellites - avant notre étude - employés dans les études de la variabilité génétique des lapins ont été enregistré par Alves et al (2015). Ils ont génotypé 45 microsatellites pour 471 individus appartenant à 16 races domestiques et à 13 populations sauvages de lapins européens. La diversité génétique entre deux groupes génétiques, le Néo-Zélandais Blanc et le APAU Noire, a été examiné en Inde par l'utilisation d'un ensemble de 20 marqueurs SSR (Sagar et al, 2016). Emam et al (2017) ont étudié la diversité génétique parmi quatre populations locales de lapins en Égypte en utilisant 19 locus microsatellites.

Le seul travail sur la caractérisation génétique de lapin local en Algérie a été menée par Boukabene et al (2018), qui ont examiné la diversité génétique de 4 populations locales de lapins, un groupe d'individus de couleur blanc, un groupe d'individus de couleur blanc et gris, un autre groupe d'individus de couleur noir et blanc, et un groupe de couleur marron et blanc, ainsi que des lapins Gabali et Néo-Zélandais Blancs d'Égypte, ils ont utilisé un ensemble de 15 marqueurs microsatellites pour analyser un total de 90 animaux. Rabie (2020) a étudié la diversité génétique en utilisant 9 marqueurs génétiques parmi cinq races de lapins (New Zealand White, California, Chinchilla, Flander et Babion) en Égypte. La diversité génétique existant entre trois populations de lapins a été étudiée au Nigeria en utilisant 08 marqueurs microsatellites (Adeolu et al, 2021).

## 5. Génome de lapin

Originaire du sud-ouest de l'Europe, le lapin (*Oryctolagus cuniculus*) a été largement introduit dans d'autres régions, entraînant souvent des effets dévastateurs sur la biodiversité locale. En tant qu'espèce invasive, il s'est répandu dans des pays de tous les continents, provoquant de nombreux problèmes environnementaux et perturbant les écosystèmes (Heyward et Norbury, 1999).

La disponibilité de vastes ensembles de données, sur les variations moléculaires au sein des populations, représente une opportunité exceptionnelle d'utiliser des données empiriques, pour évaluer les conséquences des forces évolutives sur le génome chez les différentes espèces (McDonald et Kreitman, 1991).

Étant donné que les organismes étudiés présentent des différences importantes dans leur biologie et leur histoire démographique, il est crucial d'inclure des données provenant d'autres espèces pour enrichir le débat. Notamment, la recherche sur les effets des forces évolutives sur le génome chez les mammifères est encore peu explorée, à l'exception de la souris domestique et de l'homme.

Le lapin faisait partie d'un groupe initial de huit mammifères sélectionnés pour le projet de séquençage visant à identifier les éléments conservés et fonctionnels dans le génome humain. Pour cette étude, un lapin femelle de race Nouvelle-Zélande Blanc a été choisi comme individu à séquencer (Alföldi et al, 2009). Dans ce contexte, le lapin représente un excellent modèle.

Grâce à l'étude du génome du lapin, les chercheurs ont pu mener des expériences transgéniques, analyser l'expression génique et effectuer des essais de thérapie génique sur ces animaux. En outre, l'étude du génome du lapin, constituera une base essentielle pour explorer la diversité des populations de lapins, étudier les mécanismes de spéciation et mieux comprendre le processus de domestication de cette espèce.

Branco et al (2002) et Carneiro et al (2009), ont indiqué que le lapin est endémique de la péninsule ibérique. Les variations génétiques causées par les fluctuations climatiques du pléistocène ont conduit à l'émergence de deux sous-espèces distinctes, qui ont divergé il y a environ 1,8 million d'années, et qui se sont différenciées géographiquement : *O. c. cuniculus*, répartie dans la région Nord-Est de la péninsule ibérique et en Europe centrale, et *O. c. algirus*, présente dans la région Sud-Ouest de la péninsule ibérique.

Les deux sous-espèces coexistent dans une bande géographique s'étendant du nord-ouest au sud-est dans la péninsule ibérique centrale, et il y a un échange de gènes à des taux variables à travers le génome entre elles (Branco et al, 2002 ; Carneiro et al, 2009).

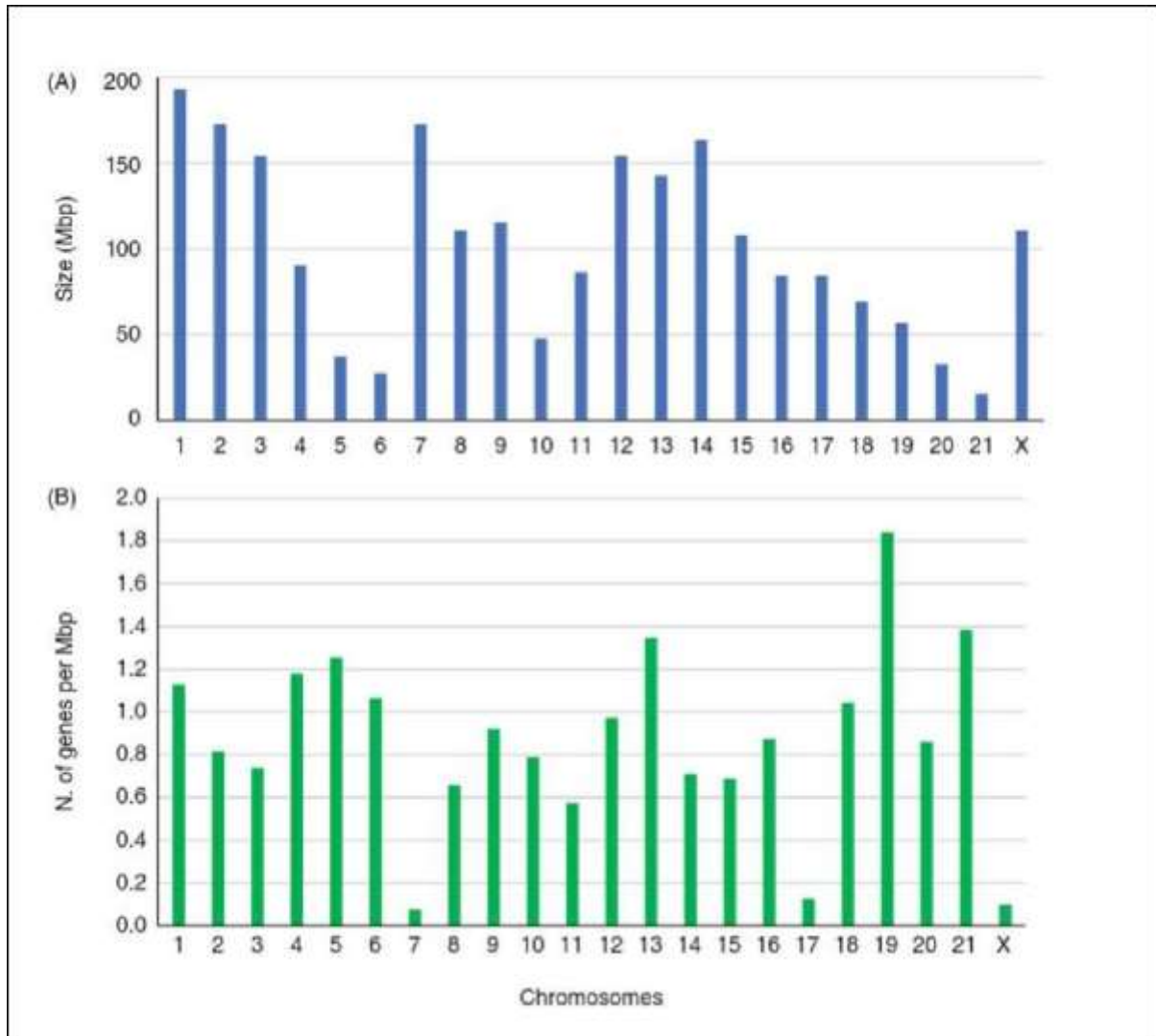
En outre, les chercheurs étudient les variations du génome pour approfondir leur compréhension des caractéristiques du lapin, notamment des traits complexes tels que le poids commercial (Wan, 2008), et les performances de reproduction (Sosa-Madrid et al, 2020<sub>a</sub>).

Les lapins ont un nombre de chromosomes diploïdes (2N) de 44, soit 22 paires de chromosomes (Venge, 1956). Les autosomes et le chromosome X du lapin ont été séquencés et assemblés pour produire une première version de séquençage de génome (oryCun1.0) développée dans le cadre le projet de la Broad Institute du génome des mammifères (Lindblad-Toh et al, 2011).

Cette version préliminaire qui a été utilisée pour une analyse évolutive des mammifères a été améliorée, une seconde version du génome de référence a été ultérieurement assemblée sous le nom d'oryCun2.0 (Carneiro et al, 2014).

Cette version est désormais disponible sur le lien suivant : [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF\\_000003625.3](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_000003625.3) (consulté le 05 Août 2023). Elle est organisée au niveau chromosomique et représente environ 2,74 Gbp (gigas pairs de bases), dont environ 82 % ont été attribués aux chromosomes (Figure 13 a).

La description actuelle du génome (oryCun2.0) révèle un total de 20 612 gènes codants. La densité de gènes, c'est-à-dire le nombre de gènes identifiés par méga paires de bases (Mbp), présente des variations selon les chromosomes. Les chromosomes 19 et 21 présentent la densité de gènes la plus élevée, tandis que les chromosomes 7, X et 17 ont la densité de gènes annotés par Mbp la plus faible (Figure. 13 b) selon Fontanesi et al (2021).



**Figure 13.** Taille et densité génique pour les différents chromosomes de lapin  
 (a) Taille en Mbp des 21 autosomes et du chromosome X ; (b) Densité génique (Mbp)  
 pour les différents chromosomes (Fontanesi et al, 2021).

## 6. Caryotype du lapin

Le caryotypage est un procédé consiste à appairer et à ordonner l'ensemble des chromosomes d'un organisme, fournissant ainsi une vue d'ensemble du génome de l'individu. Les caryotypes sont établis grâce à des méthodes de coloration standardisées qui révèlent les caractéristiques structurales distinctes de chaque chromosome (O'Connor, 2008).

La cytogénétique animale domestique a connu un développement remarquable, englobant maintenant les domaines médicaux, les domaines évolutifs, moléculaires, environnementaux et reproductifs.

L'étude des chromosomes des animaux domestiques s'avérait généralement difficile, car tous les autosomes (chez le bétail, la chèvre, le chien), la plupart d'entre eux (chez le

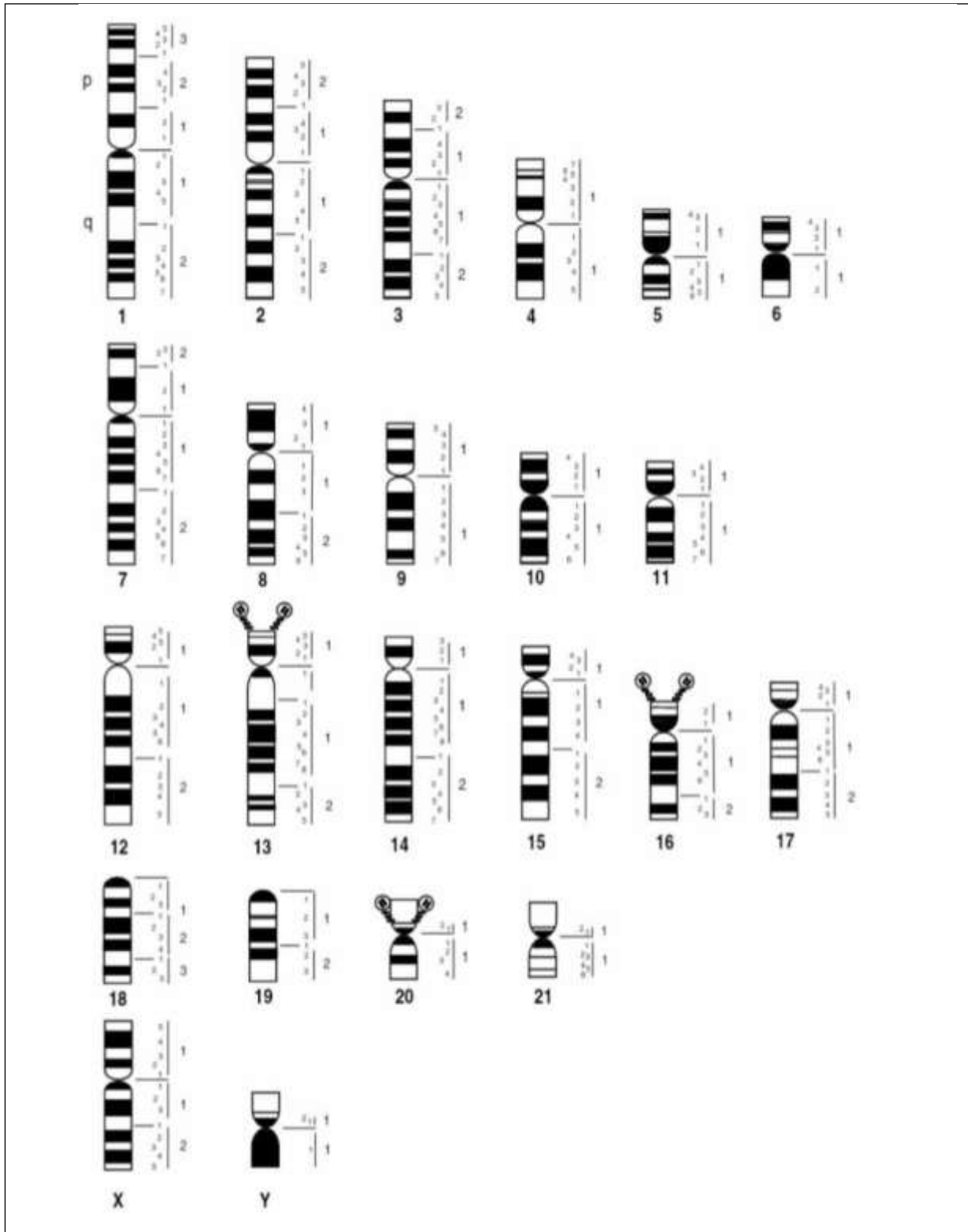
mouton et le buffle) ou certains d'entre eux (chez et le lapin) sont acrocentriques et de taille similaire, les rendant difficiles à distinguer les uns des autres dans les préparations classiques.

Cette problématique a ralenti les avancées en cytogénétique animale jusqu'à l'émergence de techniques de marquage chromosomique utilisant différents degrés de condensation chromosomique. Cela a permis d'obtenir des caryotypes clairs et indiscutables, conduisant ainsi à l'établissement de plusieurs caryotypes standardisés (Iannuzzi et Di Berardino, 2008).

Peintre en (1926) rapporté par Sternstein et al (2021), établi pour la première fois le caryotype diploïde correct d'*Oryctolagus cuniculus*, qui comprend 42 chromosomes autosomiques ainsi que les deux chromosomes sexuels ( $n = 22$  ;  $2n = 44$ ). Après cette première description par Peintre en (1926), suivi du travail de Melander en (1956), qui a décrit la position du centromère dans les chromosomes du lapin européen, de nombreux caryotypes à bandes ont été publiés en utilisant diverses techniques de coloration (Sternstein et al, 2021).

Pour éviter toute confusion concernant la numérotation des chromosomes, un système standardisé était nécessaire. Le premier caryotype standardisé du lapin a été mis en place lors de la première conférence internationale pour la standardisation des caryotypes des animaux domestiques en 1976 (Ford et al, 1980). Ce caryotype standardisé fournit une numérotation des chromosomes et des bandes basées sur les motifs de bandes G (Figure .14) (Sternstein et al, 2021).

Le groupe de chromosomes autosomal se compose de six paires métacentriques, cinq paires submétacentriques, six paires subtélocentriques et quatre paires acrocentriques. Le chromosome X est un submétacentrique de taille moyenne ; le chromosome Y est le plus petit des acrocentriques. Les régions NOR (régions organisatrices de nucléoles) sont localisées dans les bras courts de trois paires à deux bras et dans la région télomérique d'une autre paire (Arslan et Zima, 2014).



**Figure 14.** Caryotype standardisé défini par le Comité du Caryotype Standardisé d'*Oryctolagus cuniculus* (Sternstein et al, 2021).

## 7. Génétique de la coloration de pelage chez le lapin

Chez les lapins, tout comme chez de nombreux autres mammifères, plusieurs gènes de coloration de pelage ont été étudiés à l'aide de méthodes génétiques traditionnelles. Ces études ont confirmé que la transmission de ces caractères héréditaires suit les principes de l'hérédité mendélienne. De plus, elles ont mis en évidence des similitudes dans ces patrons de coloration entre les différentes espèces (Searle, 1968).

Arnold (1990), a développé une classification phénotypique comprenant 7 modèles de coloration distincts : l'agouti, l'unicolore, l'albinos, l'himalayen, l'argenté, le panaché, et le multicolore.

Des analyses moléculaires ultérieures ont permis d'identifier les mutations causales ou les marqueurs associés à certains locus de coloration, selon Ballan et al (2022) :

- ✓ Plusieurs allèles au locus albinos (série C) sont causés par des changements nucléotidiques dans le gène de la tyrosinase (TYR) qui contrôlent les couleurs de pelage chinchilla, Himalayen (de la race Californian) et blanc albinos complet (comme la race néo-zélandais Blanc) ;
- ✓ Au locus d'extension, deux allèles mutés ED ou ES, responsables de la couleur de pelage noire/acier dominante ;
- ✓ Les locus e, responsables de la couleur de pelage jaune/rouge récessive sont causés par des mutations dans le gène du récepteur des peptides de la mélanocortine 1 (MC1R) ;
- ✓ Le locus eJ, déterminant le motif de japonais observé chez les races japonaises et Rhinelander ;
- ✓ Le locus agouti est déterminé par des altérations dans le gène du polypeptide de signalisation agouti (ASIP) qui produisent les allèles récessifs noirs non-agouti (a) et marron (at) ;
- ✓ Au locus de marquage anglais, un marqueur dans le gène de l'oncogène viral du sarcome félin v-kit 4 (KIT) est associé au motif tacheté des races Checkered Giant et Rhinelander. Leur motif tacheté caractéristique est dû au génotype hétérozygote En/en, qui protège ces animaux du défaut de mégacolon associé à l'allèle En ;
- ✓ D'autres loci de couleur de pelage pourraient être impliqués dans les phénotypes tachetés des lapins, mais à ce jour, les gènes correspondants n'ont pas été identifiés.

Le tableau (3) résume les informations moléculaires disponibles pour les principaux locus de couleur de pelage décrits chez le lapin.

**Tableau 3.** Informations moléculaires pour les principaux locus de couleur de pelage chez le lapin (Fontanesi, 2021<sub>a</sub>).

Locus	Noms de gènes	Gènes symboles	Chromosome	Allèles
C (Albinos)	Tyrosinase	TYR	1	C (entièrement coloré)
				<i>c<sup>chd</sup></i> (chinchilla foncé)
				<i>c<sup>chm</sup></i> (chinchilla moyen)
				<i>c<sup>chl</sup></i> (chinchilla clair)
				<i>c<sup>h</sup></i> (Himalayen)
				<i>c</i> (albinisme, absence totale de pigments)
E (Extension)	Récepteur de Melanocortin 1	MC1R	-	<i>E<sup>+</sup></i> (sauvage)
				<i>ED</i> (noir dominant)
				<i>ES</i> (acier)
				<i>e</i> (rouge, non-extension du noir)
				<i>e<sup>J</sup></i> (japonais)
A (Agouti)	Polypeptide de signalisation agouti	ASIP	4	<i>A</i> (agouti à ventre clair, type sauvage)
				<i>a</i> (noir récessif non agouti)
				<i>a<sup>t</sup></i> (noir et brun clair)
D (Dilution)	Melanophilin	MLPH	-	<i>D</i> (type sauvage, noir intense et rouge)
				<i>d</i> (dilution du noir en bleu et du rouge en jaune)
				<i>d</i> (dilution du noir en bleu et du rouge en jaune : pas confirmé chez tous les lapins dilués)
B (Brun)	Protéine apparentée à la tyrosinase 1	TYRP1	1	<i>B</i> (type sauvage)
				<i>b</i> (Brun)
Marquage anglaise	v-kit Hardy-Zuckerman 4 oncogène viral du sarcome félin homologue	KIT	15	<i>en</i> (couleur unie, type sauvage, récessif)
				<i>En</i> (Anglais tacheté ; partiellement dominant)
Hollandais	-	-	-	<i>Du</i> (type sauvage)
				<i>du</i> (motif hollandais)
Blanc viennois	-	-	-	<i>V</i> (type sauvage)
				<i>v</i> (complètement blanc avec des yeux bleus)
Argenté	-	-	-	<i>Si</i> (type sauvage)
				<i>si</i> (gris progressif)
Œil rouge	-	-	-	<i>Re</i> (type sauvage)
				<i>re</i> (yeux rouges et couleur de pelage diluée)
Large bande	-	-	-	<i>W</i> (type sauvage)
				<i>w</i> (large bande jaune)

Il est évident que la caractérisation moléculaire de la coloration de pelage chez le lapin est encore incomplète pour quelques locus et pour quelques allèles. Les mécanismes moléculaires qui régissent certains locus (comme Hollandais, Blanc viennois, Argenté, Œil rouge et Large bande), ainsi que certains allèles d'autres locus partiellement caractérisés, restent encore à découvrir. Leur caractérisation pourrait fournir des informations précieuses sur la biologie de la pigmentation chez les mammifères (Fontanesi, 2021<sub>a</sub>).

## **8. Génétique des caractères quantitatifs (QTL) chez le lapin**

La variabilité des caractéristiques morphologiques, physiologiques et des caractères quantitatifs chez les lapins, tout comme chez l'ensemble des animaux, est sous le contrôle de nombreux gènes, et l'héritabilité de ces traits peut être interprétée en utilisant les concepts de la génétique quantitative. Cependant, des gènes majeurs affectant les traits quantitatifs pourraient exister, comme le démontrent les études de QTL (locus de caractères quantitatifs) menées pour plusieurs espèces d'élevage, et plus récemment, chez les lapins pour des traits économiquement pertinents (Fontanesi, 2021<sub>b</sub>).

Les cartes génétiques élaborées à partir de marqueurs ADN, ont été utilisées comme fondement pour élaborer des études expérimentales visant à identifier les régions chromosomiques abritant des variants influençant les traits phénotypiques quantitatifs (QTL). Ces traits peuvent revêtir une pertinence économique directe, ou encore revêtir une importance en contexte biomédical.

Malgré la pertinence de cette espèce dans divers domaines, jusqu'à présent, seules quelques études sur les QTL ont été menées. Néanmoins, les études classiques sur les QTL chez le lapin, sont remplacées par les études d'association pangénomique (Une analyse approfondie des multiples variations génétiques au sein de nombreux individus, dans le but d'explorer leurs liens avec des caractéristiques phénotypiques), en raison de la disponibilité d'une plateforme de génotypage SNP à haut débit, commercialement disponible (Sternstein et al, 2021).

### **8.1. QTL pour les performances de reproduction**

Le travail de Sosa-Madrid et al (2020<sub>a</sub>), sur l'étude des zones génomiques associées aux caractères de taille de portée (le nombre de lapereaux nés par portée, le nombre de lapereaux nés vivants, le taux d'ovulation, le nombre de embryons implantés, et le taux de survie embryonnaire, fœtale et prénatale à la deuxième portée), a mis en évidence la découverte de diverses régions génomiques associées à ces caractères.

Ces régions expliquaient respectivement 7,36 %, 1,27 %, 15,87 % et 3,95 % de la variance génétique de ces caractères. Deux régions consécutives sur le chromosome 17 étaient associées aux caractères : le nombre de lapereaux nés par portée, le nombre de lapereaux nés vivants, le nombre de embryons implantés, et le taux de survie embryonnaire, fœtale et prénatale à la deuxième portée.

Cette région génomique représentait 6,32 % de la variance génétique du nombre total de naissances. Dans cette région, ils ont trouvé les gènes candidats BMP4, PTDGR, PTGER2, STYX et CDKN3 qui présentaient des annotations fonctionnelles liées à certains processus reproductifs.

Ces résultats suggèrent qu'une région génomique sur le chromosome 17 a un effet important sur les traits de taille de portée.

L'étude de Casto-Rebollo et al (2020), concernant l'identification de mutations associées à la variance environnementale de nombre de lapereaux nés dans une portée, a identifié quatre régions génomiques associées à la variance environnementale de ce caractère, situées sur les chromosomes 3, 7, 10 et 14.

Ils ont détecté 38 gènes dans ces régions. Ces gènes étaient liés aussi au système immunitaire, au développement de structures sensorielles et aux réponses au stress. Les nouveaux gènes candidats et les mutations fonctionnelles identifiées dans cette étude suggèrent que la variance environnementale de la taille de portée est contrôlée par des fonctions liées au système immunitaire, à la réponse au stress et au système nerveux.

L'étude de Casto-Rebollo et al (2020), concernant les gènes impliqués au déterminisme de nombre total de mamelles chez les femelles de lapin, a identifié 50 SNP significatifs pour ce caractère, le SNP le plus significatif se situe sur le chromosome 1, près du gène NUDT2, un gène promoteur de la prolifération des cellules de carcinome mammaire.

Un autre SNP significatif a été identifié comme gène candidat le NR6A1, qui est bien connu pour son rôle dans le contrôle du nombre de vertèbres chez les porcs.

## **8.2. QTL pour les performances de croissances et développement de la fourrure**

L'étude menée par Garreau et al (2021), portant sur les gènes responsables des caractéristiques de croissance et les gènes qui contrôlent les paramètres de l'efficacité d'utilisation des aliments chez les lapins, ont indiqué l'absence de SNP significatifs pour les paramètres de croissance ou la consommation alimentaire.

Deux SNP significatifs ont été détectés pour l'efficacité de transformation alimentaire et 89 SNP significatives ont été détectés pour l'efficacité alimentaire résiduelle. Les 89 SNP

significatives pour l'efficacité alimentaire résiduelle étaient tous localisés sur le chromosome 18, où le potentiel gène candidat fonctionnel GOT1 a pu être identifié.

L'étude de Wang et al (2022), sur le déterminisme génétique de caractéristiques de développement de la fourrure, a identifié six QTL situé au chromosome 11, contribuant à des variations phénotypiques allant de 0,42% à 7,50%. La cartographie au niveau des gènes a indiqué le candidat gène FGF10 associé à la croissance et au diamètre des fibres.

### **8.3. QTL pour le rendement de la carcasse et la qualité de la viande**

Jusqu'à présent, une seule étude de cartographie des QTL pour la composition de la carcasse a été réalisée chez les lapins, dans une population croisée de Gris Géant et de Néozélandais Blanc (Sternstein et al, 2015).

Sur la base de la carte génétique générée, un QTL hautement significatif pour les poids de carcasse a été identifié sur le chromosome 7, un QTL significatif pour la masse osseuse a été détecté sur le chromosome 9, et un autre QTL pour la perte de liquide de viande a été localisé sur le chromosome 12.

Des QTL suggestifs additionnels ont été observés sur pratiquement tous les chromosomes. Ces QTL identifiés ont permis d'expliquer entre 2,5 % et 14,6 % de la variance phénotypique observé.

L'étude de Sosa-Madrid et al (2020<sub>b</sub>), concernant les régions du génome qui exercent une influence sur la graisse intramusculaire chez le lapin, qui représente l'un des principaux traits de qualité de la viande pour les programmes d'élevage chez les animaux d'élevage, a révélé que ces régions étaient localisées sur les chromosomes du lapin 1, 8 et 13.

Les gènes des régions associées au chromosome 1 et au chromosome 8 présentaient des fonctions biologiques liées au contrôle de la fonction des cellules adipeuses, à la liaison, au transport et à la localisation des lipides (APOLD1, PLBD1, PDE6H, GPRC5D et GPRC5A) et aux processus métaboliques des lipides (MTMR2). Le gène EWSR1, situé dans la région de chromosome 13, est lié au développement des adipocytes bruns.

Ces résultats offrent des points de départ pour des études plus approfondies de cartographie génétique et d'identification de gènes candidats liées aux performances de reproduction et de croissance et aux paramètres liés au rendement de carcasse et qualité de viande chez le lapin. Des études ultérieures seraient nécessaires pour confirmer les associations et examiner leur éventuelle application dans les programmes de sélection génétique de lapin.

**PARTIE**  
**EXPERIMENTALE**

# **Chapitre I :**

## **Matériel et méthodes**

## **1. Objectifs**

La présente étude vise la caractérisation génétique de la population cuniculicole locale, à différents niveaux :

- ✓ L'étude de la variabilité phénotypique de la coloration de pelage chez les populations cuniculicoles locales ;
- ✓ L'étude de la variabilité génétique interne des populations cuniculicoles locales ;
- ✓ L'étude de la diversité génétique entre les populations cuniculicoles locales ;
- ✓ L'estimation des relations phylogénétiques et établir les liens génétiques entre les populations locales des lapins ;
- ✓ L'étude de liens entre la diversité génétique et la variabilité phénotypique des populations cuniculicoles locales ;
- ✓ La caractérisation génétique des populations cuniculicoles locales est une étape cruciale dans l'amélioration des approches de préservation, et constitue une étape essentielle pour l'adoption de stratégies d'amélioration génétique appropriée, basées sur la sélection au sein de la population locale ou par l'hybridation avec les races étrangères améliorées.

## 2. Collecte d'échantillons

### 2.1. Méthode de collecte d'échantillons

L'analyse de la variabilité génétique requiert la collecte d'échantillons représentatifs de la population étudiée. Premièrement, on reconnaît généralement que la fiabilité des résultats dépend de nombre d'individus échantillonnés, et il est également important de noter qu'on peut avoir des conclusions incorrectes, si les individus étudiés proviennent de la même famille, donc ces individus peuvent être liés génétiquement entre eux, les allèles que ce groupe porte susceptible d'être surreprésentés.

Généralement, au moins 20 individus non apparentés devraient être échantillonnés par population. Toutefois, ce nombre peut différer d'une situation à l'autre, dans une situation impliquant une population locale ayant une consanguinité élevée, il est possible que l'échantillon soit encore plus restreint, et plus élevé pour une population très répandue (Nei, 1978). En principe, l'échantillonnage devrait être représentatif des populations étudiées. C'est pour cela que la FAO préconise de choisir un unique animal par éleveur, ou deux individus qui ne présentent aucun lien de parenté (Parker et al, 2004).

### 2.2. Collecte d'échantillons des populations étudiées

Pour la collecte d'échantillons, et afin d'obtenir une première idée sur la situation des élevages, nous avons établi des contacts avec les diverses entités telles que les services de DSA, les instituts ITELV et les éleveurs, afin de recueillir les informations nécessaires sur la situation du lapin local, la distribution géographique des populations locales, et le système d'élevage suivi. Cette première phase de collecte d'échantillons a été réalisée en 2018.

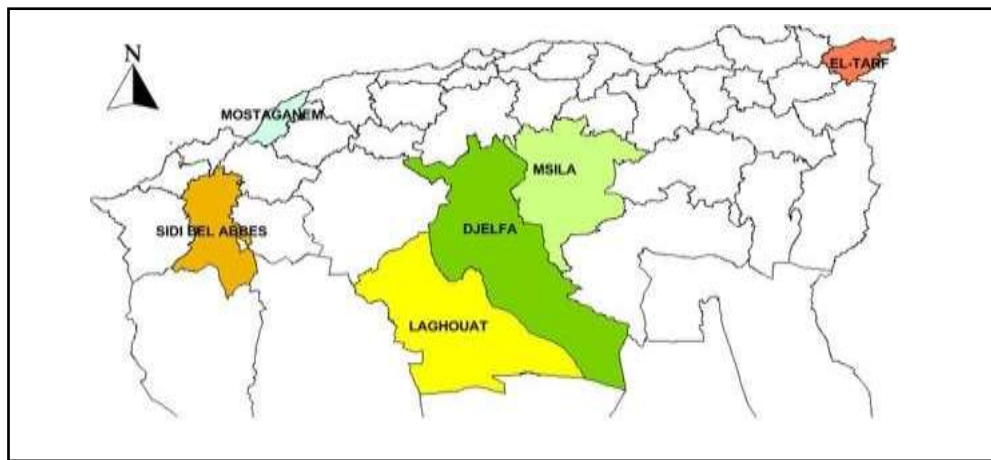
Par nos observations, nous avons remarqué que l'élevage des lapins locaux en Algérie fait face à une situation particulièrement inquiétante, marquée par une grave pénurie, même au sein des institutions spécialisées de la préservation des populations locales.

Les moyens disponibles permettaient de prélever un total de 152 échantillons de lapins des populations locales dans 7 zones en Algérie, réparti sur 6 wilayas (Figure 15). Les populations ont été classées selon les divisions administratives comme suit :

- Une population locale de l'Est de pays : El Taref (24 échantillons) ;
- Deux populations locales de l'Ouest de pays : Mostaganem (20 échantillons), et Sidi Bel Abbès (22 échantillons) ;

- Trois populations locales de Centre de pays : M'Sila (22 échantillons), et la wilaya de Djelfa est représenté par deux populations : Dar Chioukh (21 échantillons), Faïdh El Botma (22 échantillons) ;
- Une population locale de Sud : Laghouat (21 échantillons).

La distance entre le site le plus à l'Est et le site le plus à l'Ouest est de d'environ 1000 km, tandis que la plus grande distance entre le Nord et Sud est de d'environ 750 km. La réalisation des prélèvements dans les élevages à travers tout le pays aurait exigé des ressources financières encore plus importantes que celles dont nous disposons, et cela aurait entraîné des délais qui ne seraient pas compatibles avec la réalisation de cette thèse.

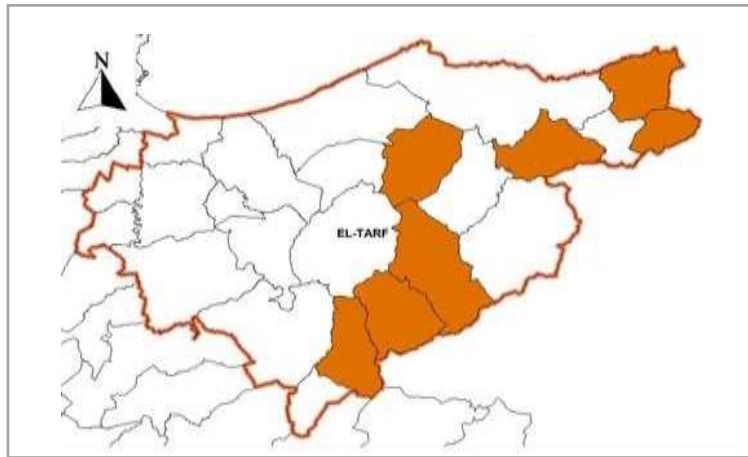


**Figure 15.** Wilayas des populations d'étude. La carte de base de l'Algérie a été téléchargée sur le web (<https://www.geographyknowledge.com/2018/03/Algeria-Blank-Maps.html>, dernier accès : 15 Aout 2023).

### 2.2.1. El Taref

L'élevage cuniculicole était du type traditionnel, l'élevage cuniculicole était du type traditionnel chez les éleveurs de cette zone, ils favorisent l'élevage des bovins, d'ovins, et de volailles, l'élevage des lapins est un élevage secondaire.

Dans cette zone, nous avons prélevé un total de 24 échantillons dans les communes suivantes : Aïn Kerma, Zitouna, Aïn El Assel, Souarekh, El Aioun, Bouteldja et Bouhadjar (figure 16).



**Figure 16.** Sites d'échantillonnage de la zone de El taref (base de données ministère de l'intérieur, Décembre 2022).

### 2.2.2. Mostaganem

L'élevage cuniculicole était du type traditionnel, les agriculteurs favorisent l'élevage des bovins, et volailles, l'élevage des lapins est un élevage secondaire.

Dans cette zone, nous avons prélevé un total de 20 échantillons dans les communes suivantes : Ain tedles, Mesra, et Hassi mameche (figure 17).

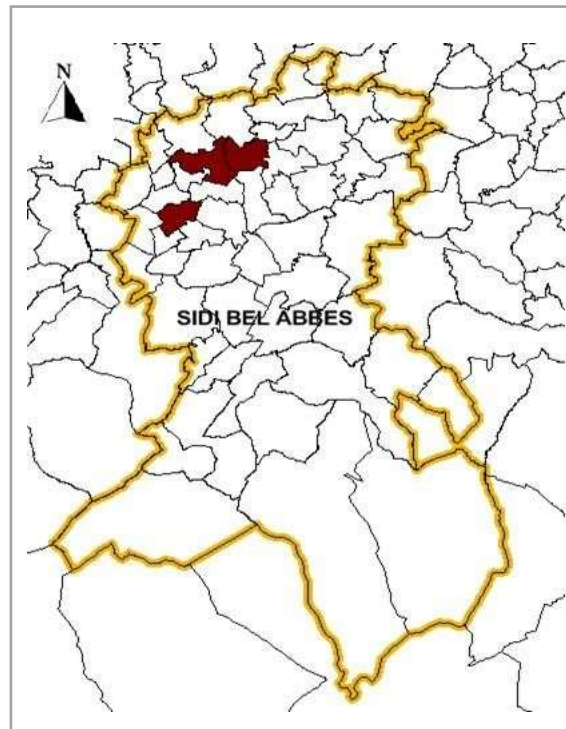


**Figure 17.** Sites d'échantillonnage de la zone de Mostaganem (base de données ministère de l'intérieur, Décembre 2022).

### 2.2.3. Sidi Bel Abbès

Dans cette wilaya, nous avons prélevé un total de 22 échantillons, 07 individus proviennent de la station de l'ITELV située à la commune de Lamtar. L'élevage cuniculicole au sein de la station est de type rationnel, les individus sont multipliés conformément à un plan de reproduction soigneusement élaboré afin de prévenir les accouplements consanguins, cela a simplifié la collecte d'échantillons en comparaison avec les autres zones.

Les autres échantillons ont été prélevés chez des éleveurs privés au niveau des communes : Sidi Bel Abbès, et Sidi Lahcene (Figure18), l'élevage cuniculicole était du type traditionnel chez ces éleveurs, ils favorisent l'élevage des bovins, d'ovins, et de volailles, l'élevage des lapins est un élevage secondaire.



**Figure 18 .** Sites d'échantillonnage de la zone de Sidi Bel Abbès (base de données ministère de l'intérieur, Décembre 2022).

#### 2.2.4. M'Sila

Il s'agit d'une zone steppique, où l'élevage ovin et caprin prédomine, la cuniculture est une pratique secondaire et du type traditionnel.

Dans cette zone, nous avons prélevé un total de 22 échantillons dans les communes suivantes : M'sila, Bou Saâda, Maadid, Khetouti Sed El Djir, et Ouled Madhi (figure 19).

#### 2.2.5. Dar Chioukh

C'est une daïra située à l'Est la wilaya de Djelfa, est une zone steppique caractérisée par l'élevage ovin essentiellement et aussi l'élevage caprin, la cuniculture est une pratique secondaire et du type traditionnel.

Dans cette zone, nous avons prélevé un total de 21 échantillons dans les communes suivantes : Dar Chioukh, et Sidi Baizid (figure 19).

### 2.2.6. Faidh El Botma

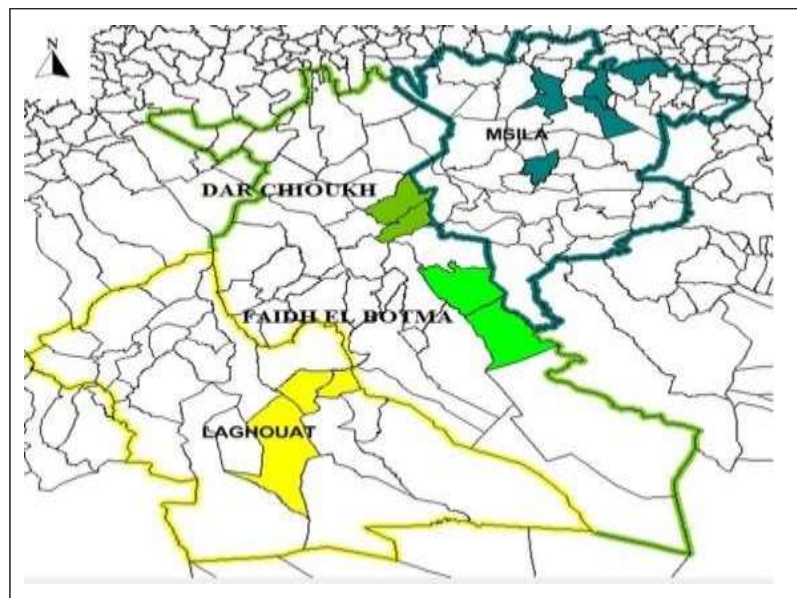
C'est une daïra située au Sud-Est de la wilaya de Djelfa, la cuniculture est une pratique secondaire et du type traditionnel, est une zone steppique caractérisée par l'élevage ovin essentiellement et aussi l'élevage caprin.

Dans cette zone, nous avons prélevé un total de 22 échantillons dans les communes suivantes : Faidh El Botma, et Amourah (figure 19).

### 2.2.7. Laghouat

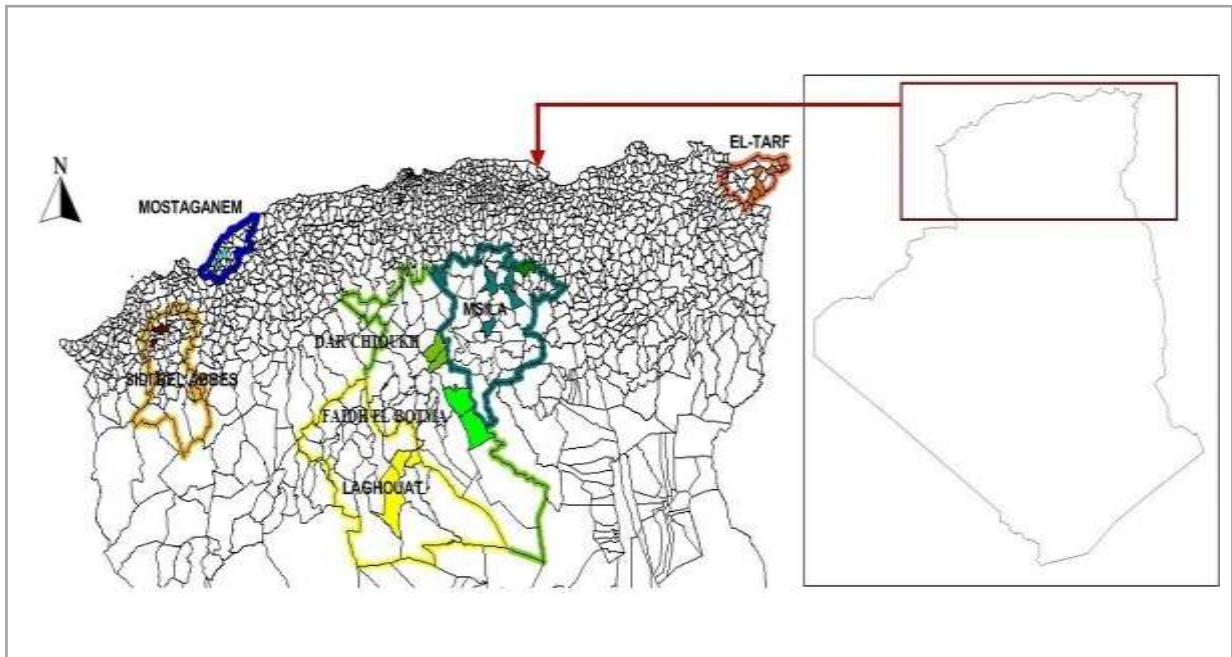
L'élevage cuniculicole était du type traditionnel, les éleveurs favorisent l'élevage des ovins, des caprins, et des camelins, l'élevage des lapins est un élevage très secondaire.

Dans cette zone, nous avons prélevé un total de 21 échantillons dans les communes suivantes : Laghouat, Kheneg, et El Assafia (figure 19).



**Figure 19.** Sites d'échantillonnage de la zone de M'Sila, de la wilaya de Djelfa : Dar Chioukh et Faidh El Botma, et de la zone de Laghouat (base de données ministère de l'intérieur, Décembre 2022).

La localisation géographique des 25 sites d'échantillonnage, dans les 7 zones d'études est illustrée dans la figure (20).



**Figure 20.** Localisation géographique des 25 sites d'échantillonnage. Chaque population est représentée avec la même couleur. La carte de base de l'Algérie a été téléchargée sur le web (<https://www.geographyknowledge.com/2018/03/Algeria-Blank-Maps.html>, dernier accès : 15 Aout 2023).

Après la prise de photos de chaque individu, des échantillons de fragments d'oreilles de lapin ont été prélevés sur des lapins de la population cuniculicole locale. Les animaux non apparentés ont été échantillonnés parmi les lapins sevrés et les lapins en croissance qui étaient destinés au marché, ainsi que parmi les lapins abattus dans chaque localité géographique. Les échantillons de tissu ont été conservés dans de l'éthanol à 90 % jusqu'à ce que l'extraction d'ADN soit réalisée.

### 3. Caractérisation phénotypique

Cette étape vise à explorer les diverses variations phénotypiques de lapin local. Pour y parvenir, nous nous concentrons sur la description d'un trait de caractère qualitatif, à savoir la couleur de pelage.

La description de la couleur de pelage est effectuée conformément à la classification établie par le Congrès Mondial de Cuniciculture de Rome en (1984), ainsi qu'à la méthode détaillée par Arnold et al (2005). Cette approche repose sur une classification qui utilise des motifs prédéfinis dans le contexte de la classification internationale.

Notre démarche pour caractériser la coloration de la robe au sein de la population locale se décompose comme suit :

- ✓ La capture de photos individuelles de chaque sujet afin d'obtenir des représentations des différents modèles de coloration ;
- ✓ L'évaluation de la coloration du pelage est réalisée en suivant la méthode de description recommandée par Arnold et al (2005), laquelle implique de répondre à une série de questions (voir Annexe 1). Les réponses à ces questions permettent de classer les lapins locaux en fonction de leurs phénotypes, c'est-à-dire en fonction des modèles de coloration qui les caractérisent.

#### **4. Caractérisation génétique**

La deuxième étape vise à analyser la variabilité génétique des lapins des populations locales. Pour atteindre cet objectif, nous avons réalisé plusieurs analyses génétiques, telles que l'extraction d'ADN, la multiplication par PCR, l'électrophorèse classique, et l'électrophorèse capillaire.

Avant d'expliquer de manière approfondie le plan expérimental, il est important d'avoir une idée sur les principes des techniques moléculaires qui sont employées pour la caractérisation génétique au moyen de marqueurs microsatellites.

##### **4.1. Principes des techniques moléculaires**

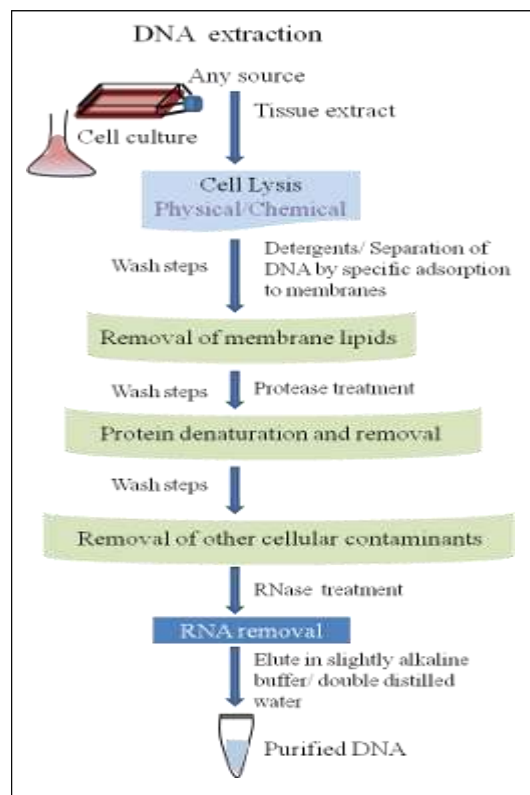
###### **4.1.1. Principe de l'extraction de l'ADN**

Afin de purifier l'ADN en utilisant des procédés physiques et/ou chimiques, pour séparer l'ADN des membranes cellulaires, des protéines et d'autres composants cellulaires. Friedrich Miescher a réalisé pour la première fois l'isolement de l'ADN en 1869.

L'objectif de la technique d'isolement d'ADN est d'obtenir une extraction efficace avec une quantité et une qualité d'ADN satisfaisante, qui soit pur et dépourvu de contaminants tels que l'ARN et les protéines. Pour cela, on utilise à la fois des méthodes manuelles et des kits commerciales. Différents types de tissus tels que le sang, les liquides corporels, les prélèvements cytologiques par aiguille fine, les tissus, les sections de tissus congelés, etc, peuvent être utilisés comme sources d'ADN pour l'extraction (Gupta, 2019).

Les méthodes d'extraction d'ADN utilisent des procédures communes (Figure 21) pour assurer une rupture efficace des cellules, les cellules sont lysées pour libérer l'ADN du noyau après avoir rompu la membrane cellulaire, la dénaturation des complexes nucléoprotéiques, l'inactivation des nucléases et autres enzymes, l'élimination des contaminants biologiques et chimiques, et enfin la précipitation de l'ADN, à ce stade, l'ADN ne précipite plus dans la

phase aqueuse et peut être redissous dans de l'eau pour faciliter la manipulation et le stockage (Tan et Yiap, 2009).



**Figure 21.** Etapes d'extraction d'ADN (Dhaliwal, 2013).

#### 4.1.2. Principe de la PCR

Découverte en (1990), la technique PCR (Polymerase Chain Reaction), est une technique enzymatique simple et élégante permet de multiplier un segment spécifique de l'ADN. De petites quantités seulement d'ADN sont requises pour que le PCR génère suffisamment de copies, pouvant ensuite être analysées avec des méthodes de laboratoire classiques (Garibyan et Avashia, 2013).

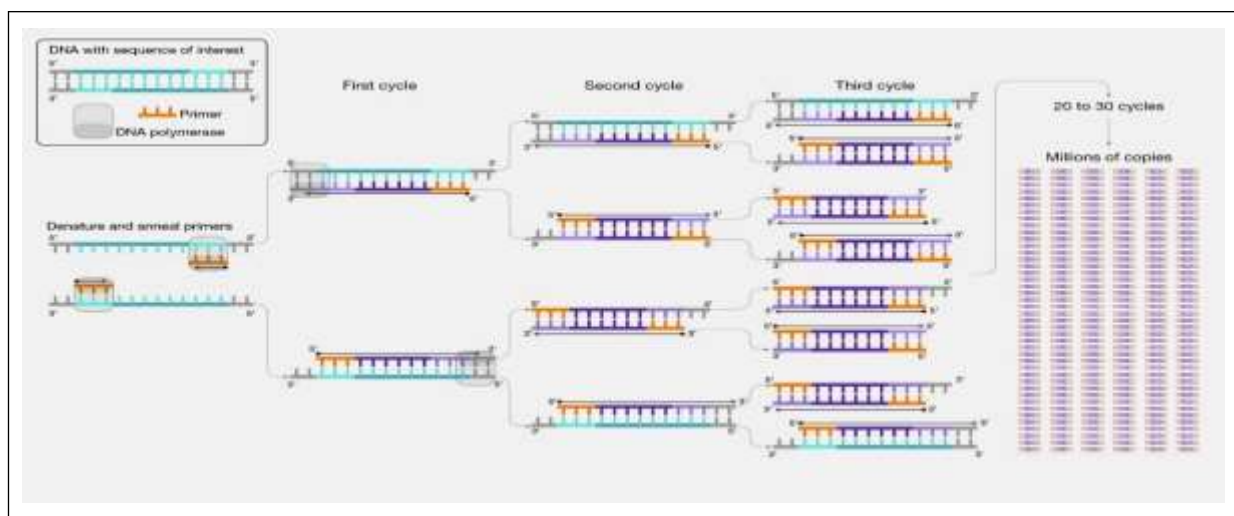
Un appareil est utilisé pour effectuer cette technique appelé le thermocycleur, cette technique comprend trois étapes clés : la séparation de double brin de l'ADN se produit généralement dans un intervalle thermique de 92-95, l'hybridation a un intervalle thermique de 50-70°C, et l'extension des brins d'ADN à environ 72°C. Ces étapes sont répétées de 20 à 30 fois et parfois plus (figure 22).

Les différents composants chimiques de la PCR comprennent le ( $MgCl_2$ ), le tampon (pH : 8,3-8,8), les désoxyribonucléosides triphosphates (dNTP), les amorces PCR, l'ADN cible et l'ADN polymérase.

Les composants mentionnés ci-dessus sont mélangés dans un tube à essai ou une plaque de 96 puits, puis placés dans un thermocycleur (Garibyan et Avashia, 2013).

Les multiplexes PCR sont généralement utilisés pour les microsatellites, le multiplexe PCR permet d'amplifier simultanément plusieurs cibles dans une seule réaction, facilitant ainsi leur analyse conjointe (Gupta, 2019).

Il existe deux principales méthodes pour visualiser les produits de PCR : la coloration du produit d'ADN amplifié avec un colorant chimique tel que le bromure d'éthidium, qui s'insère entre les paires de bases, ou le marquage des amorces de PCR ou des nucléotides avec des colorants fluorescents (fluorophores) avant l'amplification par PCR (Garibyan et Avashia, 2013).



**Figure 22.** Etapes de la PCR (Smith, 2023).

#### 4.1.3. Principe de l'électrophorèse classique

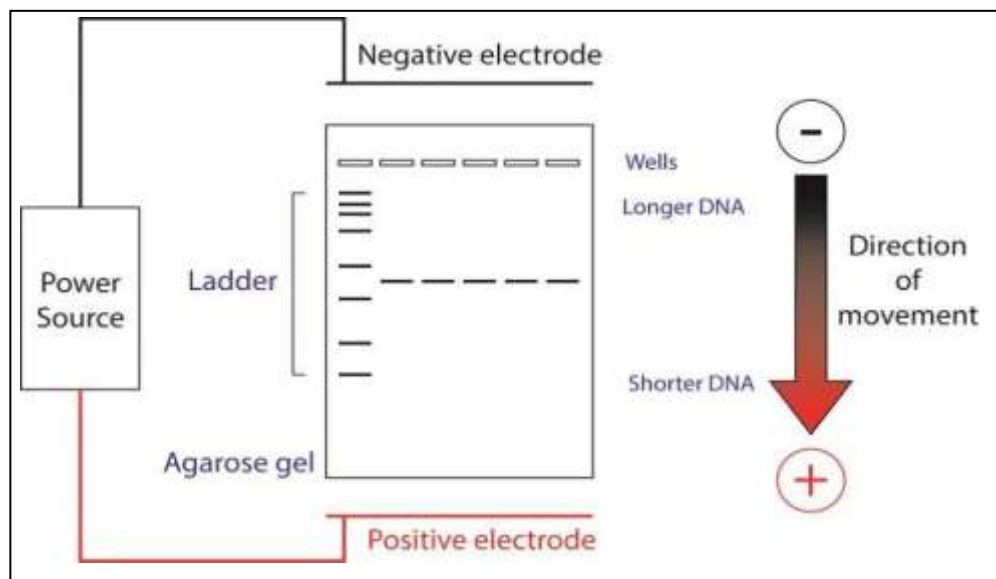
L'objectif de cette technique est de séparer et analyser des molécules chargées dans un champ électrique. L'électrophorèse en gel est une méthode couramment employée pour la séparation et la purification de protéines et d'acides nucléiques qui diffèrent par leur taille, leur charge ou leur conformation. Le gel est composé de polyacrylamide ou d'agarose. L'agarose est appropriée pour la séparation des portions d'ADN (Isbir, et al, 2013).

Les particules sous charge électrique se déplacent et se séparent en fonction de leur dimension lorsque l'on crée un champ électrique au sein d'une matrice de gel. Les fragments d'ADN se déplacent vers une électrode portant une charge positive en raison des charges négatives des groupes phosphate des nucléotides. Les petits fragments d'ADN seront plus susceptibles de traverser le gel que les grands fragments, les fragments plus grands auront une

plus grande difficulté à se déplacer à travers le gel (Figure 23) (JOVE Science Education Database, 2023).

La migration électrophorétique sur gel d'agarose est fréquemment employée pour évaluer la pureté des échantillons d'ADN extraits, et en particulier pour analyser de produits de PCR.

Elle permet de détecter la présence des allèles en question et de quantifier la taille du produit de la réaction PCR. Nous utilisons toujours un marqueur de taille pour estimer la taille des fragments (Garibyan et Avashia, 2013).



**Figure 23.** Schéma explicatif d'électrophorèse d'ADN

(<https://qb3.berkeley.edu/education/lab-fundamentals-bootcamp/manual/cloning/gel-electrophoresis>, date de consultation le 03/08/2023).

#### 4.1.4. Principe de l'électrophorèse capillaire

Cette méthode est l'une des méthodes largement utilisées en génétique moléculaire moderne, appliquée pour la séparation des fragments d'ADN dans un gel de manière rapide et efficace, en les exposant à un champ électrique (Camilleri, 1997). L'électrophorèse capillaire offre plusieurs avantages par rapport aux séparations en gel en plaque en termes de vitesse, de résolution, de sensibilité et de gestion des données.

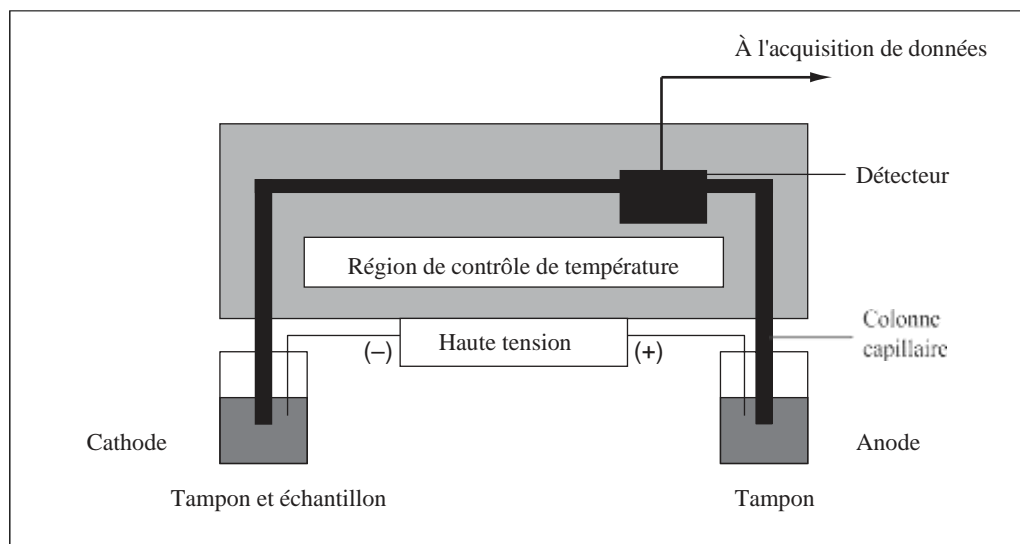
La technique de l'électrophorèse capillaire est couramment réalisée dans des séquenceurs automatisés, tels que le 3500 Genetic Analyzer, qui comprend l'instrument de l'électrophorèse capillaire (Nowakowska et Sulkowska, 2015).

La séparation par l'électrophorèse capillaire dans sa forme la plus simple peut être réalisée en appliquant une haute tension entre deux réservoirs de tampon reliés par un

capillaire de silice remplis de liquide ou de gel. Cela crée un champ électrique qui déplace les molécules d'une extrémité du capillaire à l'autre. Lorsque les molécules d'ADN migrent à travers le capillaire sous l'effet du champ électrique, elles passent devant le détecteur et sont mesurées par une détection UV ou par la fluorescence (Figure 24) (Smith et Nelson, 2004).

La méthode de l'électrophorèse capillaire est généralement utilisée pour le génotypage des SNP et des microsatellites.

Dans une analyse typique de microsatellites, les loci microsatellites sont multipliés par PCR grâce aux amorces marquées par fluorescence (forward primers) et d'amorces non marquées (reverse primers). L'électrophorèse capillaire sépare les produits de PCR selon leurs tailles.



**Figure 24.** Principe de fonctionnement d'électrophorèse capillaire (Smith et Nelson, 2004).

## 4.2. Protocole expérimentale

### 4.2.1. Extraction de l'ADN

Un Kit extraction d'ADN, DNA easyspin (SP-TD 250, Citomed, Lisbonne, Portugal) a été employé pour l'extraction d'ADN totale des 152 échantillons de tissu de lapins selon les directives recommandées par le fabricant de Kit. Les échantillons d'ADN extraits sont conservés au congélateur à  $-20^{\circ}\text{C}$  en vue d'une analyse ultérieure à l'aide d'outils de génétique moléculaire.

#### **4.2.2. Test de la qualité de l'ADN**

Pour évaluer la qualité des ADN extraits, nous avons réalisé une électrophorèse des échantillons d'ADN extraits, en utilisant un gel d'agarose à une concentration de 0,8 %.

(400) ml de tampon de migration TBE (Tris Borate EDTA,) ont été ajoutés à (3,2) g de gel d'agarose (Nytech 500g, MB 0703) dans un flacon. Les flacons ont été placés dans une étuve pendant une période de cinq minutes en attendant que l'agarose se dissolve complètement et que la solution soit claire. (07) µl de gel rouge (Biotium, Cat. 6403) ont été ajoutés et puis la solution a été agitées, pour homogénéiser les constitutions.

Nous avons ajouté (3) µl de Bleu de Bromophénol (en tant qu'indicateur de déplacement) à (2) µl d'ADN extrait. Le mix a été soumis à une électrophorèse avec une alimentation électrique constante (electrophoreses constant power supply 3000/150, USA) pendant 15 minutes à 300 Volts.

Puis, l'ADN a été visualisé sous illumination UV en utilisant un scanner (Bio-Rad UV Light and Gel Documentation, Italy).

#### **4.2.3. Choix des marqueurs microsatellites**

Dans cette étude, nous avons utilisé (85) locus microsatellites, répartis dans tout le génome du lapin, ces locus ont été divisés en quinze (15) multiplexes (Tableau 2). La majorité des microsatellites employés dans la présente étude ont été obtenus d'études antérieures (Mougel et al 1997 ; Chantry-Darmon et al, 2003 ; Chantry-Darmon, 2005 ; Alves et al, 2015), avec certains microsatellites supplémentaires développés au niveau de centre de recherche en biodiversité et ressources génétique, (CIBIO) au Portugal.

#### **4.2.4. Conditions et optimisation de la PCR**

Un Master Mix Qiagen (Qiagen, 20614) est employé pour la réaction PCR, le Master Mix est constitué d'éléments essentiels pour le déroulement de la réaction PCR, tels que les dNTPs, le MgCL<sub>2</sub>, le TAQ polymérase et le tampon de dilution.

Pour la réalisation de PCR, Nous avons réalisé un mix contenant le Master Mix avec un volume de 5 µl, marqueurs microsatellites avec un volume de 1 µl (forward 0,1 / primer reverse), 1,5 µl d'ADN et 3 µl d'eau appauvrie en deutérium (dd H<sub>2</sub>O).

Les quinze (15) multiplex ont été soumis à une amplification PCR standard en utilisant un thermocycleur T100™ (Bio-Rad, Foster City, California, USA). Chaque cycle de PCR se compose de trois étapes distinctes : une étape de séparation de double brin de l'ADN à 95°C,

suivie d'une étape d'hybridation à un intervalle thermique entre 50 et 65°C, et une élongation à 72°C. Ces différentes étapes sont réalisées à des températures différentes dans un thermocycleur. Puis les produits de PCR ont été stockés à 4°C.

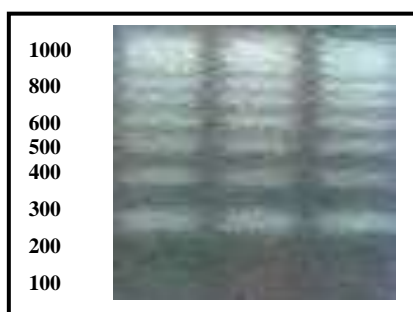
Les programmes de PCR de multiplex sont indiqués dans le tableau (4). Les produits de PCR pour chaque multiplex ont été regroupés afin d'analyser plusieurs microsatellites à chaque électrophorèse.

#### 4.2.5. Détection de produits PCR par électrophorèse

En utilisant un gel d'agarose à une concentration de 2 %, nous avons procédé à une électrophorèse des produits de la PCR.

(400) ml de tampon de migration TBE ont été ajoutés à 8 g de gel d'agarose (Nytech 500g, MB 0703) dans un flacon. Les flacons ont été placés dans une étuve pendant une période de cinq minutes en attendant que l'agarose se dissolve complètement et que la solution soit claire. (07) µl de gel rouge (Biotium, Cat. 6403) ont été ajoutés et puis la solution a été agitées, pour homogénéiser les constitutions.

Un mix de (3) µl de bleu de bromophénol avec (2) µl du produit PCR a été utilisé pour visualiser les fragments du produit PCR. Deux (2) µl de marqueur de taille (Invitrogen, France, 10787026) ont été placés dans le puits (Figure 25) pour la détermination de la taille des fragments d'ADN amplifiés.



**Figure 25.** Marqueur de taille.

Le mix a été soumis à une électrophorèse avec une alimentation électrique constante (electrophoreses constant power supply 3000/150, USA) pendant (25) minutes à (300) Volts. Puis, l'ADN a été visualisé sous illumination UV en utilisant un scanner (Bio-Rad UV Light and Gel Documentation, Italy), Le gel d'agarose contient le bromure d'éthidium (BET), qui émette une fluorescence, une fois exposé aux rayons UV. Le logiciel Quantity one® a été utilisé pour mesurer la taille des produits de PCR, en les comparant avec le marqueur de taille.

#### **4.2.6. Génotypage des microsatellites**

Un génotypage des 85 microsatellites examinés a été effectué au moyen d'un séquenceur d'ADN ABI Prism 3130xl (Applied Biosystems, Foster City, California, USA), afin d'identifier la composition allélique de chaque individu. et la taille de chaque allèle a été déterminée par le logiciel Gene Mapper 4.1 (Applied Biosystems, Foster City, California, USA).

Toutes les analyses de génétique moléculaire ont été effectuées au niveau du centre de recherche en biodiversité et ressources génétique, CIBIO (service d'analyses moléculaires), au sein de l'université de Porto, Portugal.

**Tableau 4.** Locus et réactions PCR utilisés dans cette étude.

Multiplex	Locus	PCR réactions																																						
1	INRACCDDV0108	<table border="1"> <tr> <td>Température</td> <td>95</td> <td>95</td> <td>63 - 55 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>55</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td>Temps</td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>1 min</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td>Cycles</td> <td colspan="3">9x</td> <td colspan="3">38x</td> <td colspan="3"></td> </tr> </table>	Température	95	95	63 - 55 (↓10)	72	95	55	72	60	10	Temps	15 m	30 s	1 min	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞	Cycles	9x			38x													
	Température		95	95	63 - 55 (↓10)	72	95	55	72	60	10																													
	Temps		15 m	30 s	1 min	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																													
	Cycles		9x			38x																																		
	INRACCDDV0172																																							
	INRACCDDV0176																																							
	INRACCDDV0106																																							
	INRACCDDV0139																																							
INRACCDDV0101																																								
INRACCDDV0203																																								
INRACCDDV0016																																								
2	INRACCDDV0089	<table border="1"> <tr> <td>Température</td> <td>95</td> <td>95</td> <td>61 - 55 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>55</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td>Temps</td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>1 min</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td>Cycles</td> <td colspan="3">7x</td> <td colspan="3">37x</td> <td colspan="3"></td> </tr> </table>	Température	95	95	61 - 55 (↓10)	72	95	55	72	60	10	Temps	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	1 min	20 m	∞	Cycles	7x			37x													
	Température		95	95	61 - 55 (↓10)	72	95	55	72	60	10																													
	Temps		15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	1 min	20 m	∞																													
	Cycles		7x			37x																																		
	INRACCDDV0140																																							
	INRACCDDV0087																																							
INRACCDDV0157																																								
INRACCDDV0119																																								
INRACCDDV0201																																								
3	SAT3	<table border="1"> <tr> <td>Température</td> <td>95</td> <td>95</td> <td>60</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>53</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td>Temps</td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td>Cycles</td> <td colspan="3">38 x</td> <td colspan="3">7 x</td> <td colspan="3"></td> </tr> </table>	Température	95	95	60	72	95	53	72	60	10	Temps	15 m	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞	Cycles	38 x			7 x													
	Température		95	95	60	72	95	53	72	60	10																													
	Temps		15 m	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																													
	Cycles		38 x			7 x																																		
	SAT4																																							
SAT5																																								
SAT8																																								
SAT7																																								
4	INRACCDDV0102	<table border="1"> <tr> <td>Température</td> <td>95</td> <td>95</td> <td>59 - 54 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>54</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>53</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td>Temps</td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td>Cycles</td> <td colspan="3">6x</td> <td colspan="3">29x</td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="2"></td> </tr> </table>	Température	95	95	59 - 54 (↓10)	72	95	54	72	95	53	72	60	10	Temps	15 m	30 s	30 s	30 s	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞	Cycles	6x			29x			8x				
	Température		95	95	59 - 54 (↓10)	72	95	54	72	95	53	72	60	10																										
	Temps		15 m	30 s	30 s	30 s	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																										
	Cycles		6x			29x			8x																															
	SAT13																																							
	INRACCDDV0169																																							
	INRACCDDV0104																																							
INRACCDDV0205																																								
INRACCDDV0228																																								
INRACCDDV0192																																								
5	INRACCDDV0313	<table border="1"> <tr> <td>Température</td> <td>95</td> <td>95</td> <td>63 - 56 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>56</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td>Temps</td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td>Cycles</td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="3">38x</td> <td colspan="3"></td> </tr> </table>	Température	95	95	63 - 56 (↓10)	72	95	56	72	60	10	Temps	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞	Cycles	8x			38x													
	Température		95	95	63 - 56 (↓10)	72	95	56	72	60	10																													
	Temps		15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																													
	Cycles		8x			38x																																		
	INRACCDDV0182																																							
INRACCDDV0040																																								
INRACCDDV0185																																								
INRACCDDV0259																																								

<b>6</b>	KLH13	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>66 - 62 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>62</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td></td> <td colspan="3">5x</td> <td colspan="3">38x</td> <td></td> <td></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	66 - 62 (↓10)	72	95	62	72	60	10	<b>Temps</b>	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞	<b>Cycles</b>		5x			38x												
	<b>Température</b>		95	95	66 - 62 (↓10)	72	95	62	72	60	10																													
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																													
	<b>Cycles</b>			5x			38x																																	
PR0C																																								
EDNRA																																								
GPR64																																								
<b>7</b>	CYTC	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>67 - 60 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>60</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>53</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td></td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="3">30x</td> <td colspan="3">8x</td> <td></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	67 - 60 (↓10)	72	95	60	72	95	53	72	60	10	<b>Temps</b>	15 m	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞	<b>Cycles</b>		8x			30x			8x			
	<b>Température</b>		95	95	67 - 60 (↓10)	72	95	60	72	95	53	72	60	10																										
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																										
	<b>Cycles</b>			8x			30x			8x																														
ARH																																								
HPRT																																								
INRACCDDV0342																																								
<b>8</b>	BCDO2	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>63 - 56 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>56</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td></td> <td colspan="3">9x</td> <td colspan="3">31x</td> <td></td> <td></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	63 - 56 (↓10)	72	95	56	72	60	10	<b>Temps</b>	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞	<b>Cycles</b>		9x			31x												
	<b>Température</b>		95	95	63 - 56 (↓10)	72	95	56	72	60	10																													
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞																													
	<b>Cycles</b>			9x			31x																																	
	TYR																																							
	GPC4																																							
	MSTN																																							
	IGF1																																							
	FGF5																																							
	SOX9																																							
GHRH																																								
GH																																								
IGF1R																																								
<b>9</b>	BDNF	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>65 - 58 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>58</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>53</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15m</td> <td>30s</td> <td>45s</td> <td>45s</td> <td>30s</td> <td>45s</td> <td>45s</td> <td>30s</td> <td>45s</td> <td>45s</td> <td>20m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td></td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="3">30x</td> <td colspan="3">8x</td> <td></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	65 - 58 (↓10)	72	95	58	72	95	53	72	60	10	<b>Temps</b>	15m	30s	45s	45s	30s	45s	45s	30s	45s	45s	20m	∞	<b>Cycles</b>		8x			30x			8x			
	<b>Température</b>		95	95	65 - 58 (↓10)	72	95	58	72	95	53	72	60	10																										
	<b>Temps</b>		15m	30s	45s	45s	30s	45s	45s	30s	45s	45s	20m	∞																										
	<b>Cycles</b>			8x			30x			8x																														
	HTR1A																																							
	RSPO2																																							
	TCOF1																																							
	STMN1																																							
MSX2																																								
HINT1																																								
CLOCK																																								
HTR2A																																								
<b>10</b>	BMP15	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>69 - 61 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>61</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>1 min 30 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td></td> <td colspan="3">9x</td> <td colspan="3">38x</td> <td></td> <td></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	69 - 61 (↓10)	72	95	61	72	60	10	<b>Temps</b>	15 m	30 s	1 min 30 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞	<b>Cycles</b>		9x			38x												
	<b>Température</b>		95	95	69 - 61 (↓10)	72	95	61	72	60	10																													
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	1 min 30 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞																													
	<b>Cycles</b>			9x			38x																																	
	LYNX2																																							
TSHR B																																								
DRD2																																								
TPH2																																								
FEV																																								

11	SLC6A4	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>69 - 61 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>61</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> <td colspan="4"></td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>1 min 30 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> <td colspan="4"></td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td colspan="3">9x</td> <td colspan="3">38x</td> <td colspan="5"></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	69 - 61 (↓10)	72	95	61	72	60	10					<b>Temps</b>	15 m	30 s	1 min 30 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞					<b>Cycles</b>	9x			38x											
	<b>Température</b>		95	95	69 - 61 (↓10)	72	95	61	72	60	10																																			
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	1 min 30 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞																																			
	<b>Cycles</b>		9x			38x																																								
KRT71																																														
SLC6A1																																														
HTR1B																																														
12	KISS1	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>69 - 62 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>62</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>53</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> <td colspan="2"></td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> <td colspan="2"></td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="3">30x</td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="4"></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	69 - 62 (↓10)	72	95	62	72	95	53	72	60	10			<b>Temps</b>	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞			<b>Cycles</b>	8x			30x			8x						
	<b>Température</b>		95	95	69 - 62 (↓10)	72	95	62	72	95	53	72	60	10																																
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞																																
	<b>Cycles</b>		8x			30x			8x																																					
	PAX8																																													
	SERP																																													
	DRD3																																													
TSHB																																														
ESR																																														
FOXE1																																														
13	TSHR A	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>69 - 62 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>62</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>53</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> <td colspan="2"></td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> <td colspan="2"></td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="3">30x</td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="4"></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	69 - 62 (↓10)	72	95	62	72	95	53	72	60	10			<b>Temps</b>	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞			<b>Cycles</b>	8x			30x			8x						
	<b>Température</b>		95	95	69 - 62 (↓10)	72	95	62	72	95	53	72	60	10																																
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	30 s	45 s	45 s	20 m	∞																																
	<b>Cycles</b>		8x			30x			8x																																					
	GHR																																													
	KITLG																																													
MED12																																														
ALB																																														
CALCB																																														
AVP																																														
14	AMOT	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>65 - 60 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>60</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>53</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> <td colspan="2"></td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> <td colspan="2"></td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td colspan="3">6x</td> <td colspan="3">30x</td> <td colspan="3">8x</td> <td colspan="4"></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	65 - 60 (↓10)	72	95	60	72	95	53	72	60	10			<b>Temps</b>	15 m	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞			<b>Cycles</b>	6x			30x			8x						
	<b>Température</b>		95	95	65 - 60 (↓10)	72	95	60	72	95	53	72	60	10																																
	<b>Temps</b>		15 m	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																																
<b>Cycles</b>	6x			30x			8x																																							
EXT																																														
15	CRYL	<table border="1"> <tr> <td><b>Température</b></td> <td>95</td> <td>95</td> <td>67 - 59 (↓10)</td> <td>72</td> <td>95</td> <td>60</td> <td>72</td> <td>60</td> <td>10</td> <td colspan="4"></td> </tr> <tr> <td><b>Temps</b></td> <td>15 m</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>45 s</td> <td>30 s</td> <td>30 s</td> <td>45 s</td> <td>20 m</td> <td>∞</td> <td colspan="4"></td> </tr> <tr> <td><b>Cycles</b></td> <td colspan="3">9x</td> <td colspan="3">38x</td> <td colspan="5"></td> </tr> </table>	<b>Température</b>	95	95	67 - 59 (↓10)	72	95	60	72	60	10					<b>Temps</b>	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞					<b>Cycles</b>	9x			38x											
		<b>Température</b>	95	95	67 - 59 (↓10)	72	95	60	72	60	10																																			
		<b>Temps</b>	15 m	30 s	45 s	45 s	30 s	30 s	45 s	20 m	∞																																			
<b>Cycles</b>	9x			38x																																										

Minutes (m), secondes (s).

## **5. Méthodes d'analyses statistiques**

### **5.1. Analyses statistiques pour la caractérisation phénotypique**

Le but de la réalisation de ces tests statistiques est d'analyser la manière dont les populations sont organisées ou structurées, afin d'en acquérir une compréhension approfondie et d'identifier les groupes de populations qui présentent des similitudes phénotypiques, et de différencier les diverses sous populations. Afin d'atteindre cet objectif, nous avons mis en place une analyse factorielle des correspondances (AFC) et une classification ascendante hiérarchique (CAH).

#### **5.1.1. Analyse factorielle des correspondances (AFC)**

L'AFC est une technique multivariée qui peut être appliquée à tout type de donnée et à n'importe quel nombre de points de données. Elle identifie les liens et les contrastes entre les individus et les variables (populations et modèles de coloration dans notre étude), mesurant leur contribution à l'inertie pour chaque axe. L'inertie mesure la quantité d'informations représentées par chaque axe.

En projetant les individus et les variables sur un ensemble commun d'axes factoriels, cette méthode permet de créer des graphiques bidimensionnels qui facilitent l'interprétation des résultats (Teil, 1975).

#### **5.1.2. Classification ascendante hiérarchique (CAH)**

La finalité de la méthode de classification ascendante hiérarchique (CAH) consiste à regrouper les groupes suivant leurs similarités.

Un système de classification hiérarchique organise les individus en catégories, divisions et sous-divisions dans une hiérarchie. Ce système permet d'attribuer un emplacement fixe à chaque individu en fonction des variables étudiées. Ainsi, les individus sont regroupés de manière hiérarchique, où chaque classe d'une partition est intégrée dans une classe de la partition supérieure (Kim et Moore, 2009).

Nous avons effectué ces deux analyses AFC et CAH en utilisant le logiciel STATISTICA version 10.

## 5.2. Analyses statistiques pour la caractérisation génétique

L'étude de la variabilité génétique requiert des méthodes statistiques rigoureuses qui font usage de technologies de traitement de données à grande vitesse. Cette démarche exige des ordinateurs possédant une puissance de calcul élevée ainsi qu'une mémoire considérable pour pouvoir être menée à bien.

Avec les progrès continus dans les sciences bioinformatiques et les avancées en génétique des populations, de nombreux logiciels statistiques sont actuellement déployés pour exécuter diverses opérations d'analyse de données associées à des marqueurs moléculaires comme les microsatellites. Dans la présente étude, nous avons employé six logiciels distincts. Le tableau (5) répertorie les analyses effectuées par chacun de ces logiciels.

**Tableau 5.** Logiciels statistiques employés dans la présente étude

Logiciel	Site web	Caractéristiques	Références
GenALEX 6.41	<a href="https://biology-assets.anu.edu.au/GenALEX/Download.html">https://biology-assets.anu.edu.au/GenALEX/Download.html</a>	Il effectue le calcul des paramètres de variabilité génétique, de divergence génétique, et réalise le test de l'AMOVA.	(Peakall et Smouse, 2012).
Cervus 3.0.6	<a href="http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp">http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp</a>	Il permet d'effectuer les analyses de filiation dans les populations animales. Calcul de taux de polymorphisme d'un marqueur.	(Kalinowski et al, 2007)
GENETIX 4.05	<a href="http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/">http://www.univmontp2.fr/genetix/genetix/</a>	Est un logiciel complet pour évaluer la variation et la différenciation génétique.	(Belkhir et al, 2004).
Logiciel R: (package adegenet V.3.5.0 et package ARES)	<a href="http://www.R-project.org">http://www.R-project.org</a> .	Il réalise les analyses univariées et multivariées telles que l'analyse discriminante des composantes principales, et la construction d'arbres phylogénétique (Neighbor Joining) depuis les matrices des distances génétiques.	(R Development core team, 2008); (Van Loon et al, 2007).
STRUCTURE	<a href="http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure2_1.html">http://pritch.bsd.uchicago.edu/software/structure2_1.html</a>	Il permet de définir les clusters et d'attribuer les individus aux groupes les plus appropriés.	(Pritchard et al, 2000)
Structure Harvester 0.6.94	<a href="http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/">http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/</a>	Ce logiciel fournit un moyen direct de déterminer les multiples valeurs de K pour faciliter l'évaluation du nombre de populations génétiques.	(Earl et Vonholdt, 2011)

Dans notre étude, nous avons entrepris la caractérisation génétique des populations locales de lapins. Nous avons commencé par une première analyse qui nous a permis d'évaluer la variabilité génétique des marqueurs génétiques dans l'ensemble des populations étudiées. Ensuite, nous avons procédé à l'analyse de la variabilité génétique au sein des populations individuelles, suivie de l'analyse de la variabilité génétique entre ces populations. L'examen de la variabilité au sein de chaque population précède toujours l'analyse de la variabilité entre les différentes populations.

### 5.2.1. Fréquences alléliques

L'évaluation statistique de la diversité génétique à l'intérieur de la population dépend principalement de l'étude des fréquences des allèles. La fréquence d'un allèle est calculée en prenant en compte deux fois le nombre d'individus qui possèdent deux copies identiques de cet allèle, ajouté au nombre d'individus qui possèdent une seule copie de l'allèle, divisé par le double de l'effectif total de la population (chaque individu est porteur de deux allèles pour chaque locus) (Hartl, 1988). La formule pour le calcul de la fréquence  $P_i$  de l'allèle  $i$  au locus  $k$  dans la population  $x$ , est la suivante :

$$P_{ikx} = 2(n_{ii}) + n_i / 2N$$

$n_i$  : effectif d'individus qui possèdent deux copies identiques de cet allèle;

$n_{ii}$  : effectif d'individus qui possèdent une seule copie de l'allèle;

$N$  : effectif total d'individus de la population.

Avec la somme des fréquences alléliques du même locus est toujours égale à (1) dans la même population.

Les fréquences alléliques pour chaque microsatellite et sur le total de populations étudiées ont été calculées, en utilisant le logiciel GenA1EX 6.41, développé par Peakall et Smouse en (2012).

### 5.2.2. Paramètres de la diversité génétique des locus dans l'ensemble des populations

#### 5.2.2.1. Indice de diversité de Shannon (H') et équitabilité (E)

Cet indice, a été utilisé pour estimer la diversité génétique dans de nombreuses études. Il peut être utilisé pour décrire la variation à différents niveaux d'organisation génétique, des

polymorphismes d'un seul nucléotide (SNP) aux espèces entières ou à des unités taxonomiques plus larges, voire aux écosystèmes (Jost, 2007).

L'indice de Shannon est utilisé pour évaluer et différencier le degré de variabilité existant entre les populations ayant le même nombre d'allèles. Dans certaines populations, les locus sont dominés par quelques allèles communs, tandis que dans d'autres, la variation est répartie de manière plus égale entre tous les allèles (Konopiński, 2020).

La formule pour calculer l'indice de diversité de Shannon ( $H'$ ), est comme suit :

$$H' = - \sum (p_i \ln (p_i))$$

$P_i$  : la fréquence allélique de l'allèle  $i$ .

Selon Ulfah et al (2019), les principaux critères pour classer les valeurs de  $H'$  sont les suivants :

$H' \leq 1$  = une diversité faible.

$1 < H' \leq 3$  = une diversité moyenne.

$H' \geq 3$  = une diversité forte.

L'équitabilité ( $E$ ) quantifie la répartition des fréquences alléliques entre allèles d'un même locus. Plus cette répartition est équilibrée entre les allèles, plus la diversité génétique de ce locus est stable.

L'indice de l'équitabilité ( $E$ ), est calculé comme suit :

$$E = \frac{H'}{H_{\max}}$$

$H_{\max}$  = le logarithme népérien ( $\ln$ ) de nombre total d'allèle pour un locus.

Selon Ulfah et al (2019), l'indice l'équitabilité est toujours compris entre 0 et 1, de plus ces valeurs sont catégorisées comme suit :

$0 < E \leq 0.5$  = Répartition non équitable.

$0.5 < E \leq 0.75$  = Répartition moyennement équitable.

$0.75 < E \leq 1$  = Répartition équitable.

Les indices  $H'$  et  $E$ , pour chaque locus ont été calculés, en Excel Microsoft Word 2019.

### 5.2.2.2. Variabilité génétique pour chaque locus

Comme première étape, l'étude visait à mesurer la diversité génétique des locus dans les populations examinées. L'évaluation de la diversité génétique des marqueurs à l'intérieur des populations examinées a été réalisée en utilisant les paramètres suivants : le nombre

d'allèles observés pour chaque locus ( $N_a$ ), le total des allèles privés à une population ( $P_a$ ), le taux d'hétérozygotie, le taux de polymorphisme (PIC), ainsi que l'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE).

#### 5.2.2.2.1. Nombre total d'allèles

L'un des paramètres couramment pris en considération pour le choix des marqueurs pour les études de variabilité est le nombre d'allèles présents pour chaque locus (Kalinowski, 2002). La diversité génétique d'un marqueur est jugée élevée lorsque de nombreux allèles sont détectés à ce locus. Si le locus présente plusieurs allèles, le marqueur est considéré comme très polymorphe (Toro et al, 2009).

Généralement les locus qui présentent le plus grand nombre d'allèles fournissent des estimations plus précises des distances génétiques que les locus avec peu d'allèles, en particulier pour les populations étroitement apparentées (Kalinowski, 2002).

Les calculs du nombre total d'allèles pour chaque microsatellite et de la moyenne du nombre d'allèles pour chaque population ont été effectués en utilisant le logiciel GenAIX 6.41 développé par Peakall et Smouse en (2012).

#### 5.2.2.2.2. Nombre total d'allèles privés ( $P_a$ )

Les allèles privés sont des allèles qui se trouvent uniquement dans une seule population parmi plusieurs populations étudiées. Ces allèles se sont révélés informatifs pour divers types d'études de génétique des populations (Szpiecha et Rosenberg, 2011).

En utilisant des allèles privés, certains chercheurs, ont généré des évaluations sur les fréquences de mutations par locus et par génération dans les populations.

Slatkin (1985), a démontré que l'étude des allèles privés peut contribuer à mieux comprendre des phénomènes génétiques tels que le flux génétique, de sorte que, l'apparition d'allèles privés était corrélée à la moyenne du flux de migrants entre les populations par génération.

Les calculs des allèles privés à chaque microsatellite ainsi que des allèles privés à chaque population ont été réalisés en utilisant utilisant le logiciel GenAIX 6.41 développé par Peakall et Smouse en (2012).

### 5.2.2.2.3. Taux d'hétérozygotie

L'analyse de la diversité génétique est habituellement basée sur la proportion d'hétérozygotie observée à un ou plusieurs locus. Une approche simplifiée consiste à déterminer le nombre d'individus effectivement hétérozygotes dans la population (Butler, 2015).

### 5.2.2.2.4. Taux d'hétérozygotie observée ( $H_o$ )

Il est déterminé en divisant le nombre d'individus qui présente une hétérozygotie par le nombre total d'individus ayant été génotypés pour le locus étudié.

### 5.2.2.2.5. Taux d'hétérozygotie attendue ( $H_e$ )

C'est un indicateur développé par Nei (1978), il est très utilisé pour analyser la variabilité au sein d'une population.

Dans une population en équilibre, en se fondant sur les fréquences d'allèles obtenues pour chaque marqueur, on peut calculer ce paramètre en utilisant la formule suivante :

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$$

n : nombre d'allèles d'un locus ;

$p_i$  : fréquences alléliques de l'allèle i.

Ensuite, pour l'ensemble des locus, une moyenne a été calculée à la fois pour le taux d'hétérozygotie observée et le taux d'hétérozygotie attendue.

Les calculs des taux d'hétérozygotie observés et des taux d'hétérozygotie attendus pour chaque microsatellite, ainsi que les moyennes de ces taux pour chaque population, ont été réalisés en utilisant le logiciel GenAIX 6.41 développé par Peakall et Smouse en (2012).

### 5.2.2.2.6. Taux de polymorphisme (PIC)

Le taux de polymorphisme d'un marqueur (Polymorphism Information Content, PIC) correspond à sa capacité à détecter le polymorphisme parmi les individus d'une population, plus cette capacité est élevée, plus le marqueur est considéré comme informatif.

Il représente un paramètre reflétant la fiabilité du marqueur dans les recherches en génétique (Serrote et al, 2020).

Les valeurs du PIC pour les marqueurs codominants, tels que les microsatellites, s'étendent de 0 (indicatif de monomorphisme, c'est-à-dire un seul allèle) à 1 (extrêmement informatif, caractérisé par la présence de multiples allèles à fréquence équilibrée).

Suivant Botstein et al (1980), les marqueurs dont le PIC dépasse 0,5, sont considérés comme très informatifs, les marqueurs avec des valeurs de PIC entre 0,25 et 0,50 sont considérés comme moyennement informatifs, tandis que les marqueurs avec des valeurs de PIC inférieures à 0,25 sont considérés comme peu informatifs.

Botstein et ses collaborateurs (1980) ont formulé l'équation ci-dessous pour estimer le PIC :

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - 2 \left[ \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n p_i^2 p_j^2 \right]$$

$n$  : nombre d'allèles ;

$p_i$  et  $p_j$  : fréquence allélique dans la population  $i$  et  $j$ , respectivement.

Le taux de polymorphisme pour chaque microsatellite a été calculé, en utilisant le logiciel Cervus 3.0.6, développé par Kalinowski et al en (2007).

#### 5.2.2.2.7. Équilibre de Hardy-Weinberg (HWE)

En 1908, deux éminents chercheurs, Hardy et Weinberg, ont chacun développé de manière indépendante une loi révolutionnaire qui établit un lien crucial entre les génotypes individuels et les fréquences alléliques au sein des populations.

Le principe de Hardy-Weinberg, repose sur un ensemble spécifique d'hypothèses et il est très important en génétique des populations.

Elle permet de prédire comment les fréquences d'allèles dans une population resteront stables au fil des générations.

Lorsqu'une population satisfait toutes les conditions de Hardy-Weinberg, on dit qu'elle est en équilibre (Alghamdi et Padmanabhan, 2014).

Le concept de l'équilibre repose sur l'hypothèse de panmixie, une population de grand effectif, et l'absence des forces évolutifs. Dans ces conditions, les fréquences d'allèles demeurent constantes d'une génération à l'autre (Stevens et Dorn, 2017).

Le test de l'équilibre est un outil précieux pour comprendre la variation génétique des populations naturelles et évaluer l'impact des processus évolutifs sur la composition génétique de ces populations.

Le test de l'équilibre de Hardy-Weinberg a été effectué pour chaque microsatellite en utilisant le logiciel 3.0.6 (Kalinowski et al, 2007).

### 5.2.2.3. F-statistiques

L'analyse des F-statistiques ( $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  et  $F_{IT}$ ), développées par Wright en (1951), est l'une des méthodes les plus simples pour examiner la variabilité génétique en génétique des populations.

Considérons une espèce, notée T, qui est composée de S sous-populations, où chaque sous-population est constituée de I individus. Dans cette étude, les populations correspondant aux différentes régions sont considérées comme des sous-populations, alors que la totalité de ces populations représente la population globale.

Selon Wright (1965), ces indicateurs ont été analysés à trois niveaux distincts, correspondant aux contextes suivants :

$F_{IS}$  (I : individus et S : sous-populations), appelé aussi coefficient de consanguinité, estime le degré de déviation par rapport à la panmixie au sein d'une sous-population, révélant ainsi un excès ou un déficit d'hétérozygotie (cas de consanguinité). Cet indicateur prend des valeurs allant de -1 (excès d'hétérozygotie) à +1 (déficit d'hétérozygotie).

✓  $F_{ST}$  (S : sous-populations et T : population totale), appelé aussi indice de fixation, mesure le degré de variation génétique entre deux sous-populations. Il quantifie le degré de réduction de l'hétérozygotie causée par la subdivision en sous-populations, ce qui traduit les variations des fréquences alléliques entre ces sous-populations. Cet indicateur prend des valeurs positives allant de 0 (absence de structuration) jusqu' à 1 (structuration nette des sous-populations).

✓  $F_{IT}$  (I : individus et T : population totale) estime le degré de déviation par rapport à la panmixie de la population totale. Cet indicateur prend des valeurs allant de -1 (excès d'hétérozygotie) à +1 (déficit d'hétérozygotie).

Les trois indices sont combinés au moyen de la formule suivante :

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) (1 - F_{ST})$$

Le logiciel GenAIEX 6.41, développé par Peakall et Smouse en (2012), a été employé pour le calcul des F-statistiques pour chaque microsatellite, et le logiciel GENETIX 4.05, élaboré par

Belkhir et al en (2004), a été utilisé pour le calcul du coefficient de consanguinité ( $F_{IS}$ ) pour chaque population.

### 5.2.3. Paramètres de variabilité génétique intra-population

L'étude de variabilité génétique intra-populations a été entreprise en utilisant un ensemble de paramètres pour chaque population. Ces paramètres comprenaient la moyenne des allèles observés (MNa), qui représente la quantité moyenne d'allèles différents présents au sein de chaque population. Le nombre total d'allèles privés à une population ( $P_a$ ) a également été calculé. De plus, la richesse allélique ( $A_r$ ) a été déterminée. Les taux d'hétérozygotie observée et attendue ont été examinés. Enfin, le coefficient de consanguinité (FIS) a été calculé pour comprendre le niveau de parenté au sein des populations.

#### 5.2.3.1. Richesse allélique ( $A_r$ )

Contrairement au nombre total d'allèles, la richesse allélique prend en compte les fréquences alléliques, ce paramètre permet ainsi d'obtenir une vision plus approfondie de la diversité génétique.

En utilisant ce concept, on accorde plus de poids à un allèle présent en grande quantité dans la population qu'à un allèle rare. Ainsi, elle fournit une évaluation plus détaillée de la variabilité génétique (Berber, 2014).

La richesse allélique, correspond à la valeur moyenne des allèles observés pour chaque locus (Hughes et al, 2008), ainsi, elle est considérée comme un indicateur de la diversité génétique, qui renseigne sur la capacité d'une population à maintenir sa variabilité génétique, de son adaptabilité et de sa survie à long terme (Greenbaum et al, 2014).

Ce paramètre reconnu pour être affecté par la taille de la population, car chaque nouvel individu observé augmente les chances de découvrir un nouvel allèle. Pour établir une comparaison entre les valeurs de la richesse allélique de plusieurs populations, il est essentiel d'ajuster le nombre d'allèles observés en prenant en compte la taille population lors de la comparaison.

La richesse allélique de chaque population a été calculée à l'aide du logiciel R en utilisant le package ARES développé par Van Loon et al (2007).

### 5.2.4. Paramètres de variabilité génétique inter-population

La capacité d'appliquer des méthodes moléculaires afin de réaliser des analyses comparatives concernant les structures génétiques des populations présente l'un des avantages majeurs, permettant ainsi d'évaluer d'identifier d'éventuels liens entre les populations. Nous

avons examiné la composition génétique des populations à diverses échelles dans le but de mettre en lumière de manière optimale la variabilité génétique existante entre ces populations.

L'analyse de diversité génétique inter-populations a été réalisée par les méthodes suivantes : tout d'abord, l'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) a été employée, ensuite, nous avons utilisé l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC), pour visualiser les relations phylogénétiques entre les populations, nous avons construit un arbre phylogénétique en utilisant la méthode Neighbor-Joining (NJ), et enfin, nous avons appliqué la méthode de clustering STRUCTURE.

#### **5.2.4.1. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)**

Développée en (1992), l'analyse AMOVA est une méthode largement utilisée en génétique des populations, le nom et le modèle sont inspirés de l'ANOVA l'analyse de la variance traditionnelle.

Elle est un outil largement utilisé pour évaluer la contribution de différents niveaux de structure génétique de population et partitionner la variation génétique entre différents niveaux de subdivisions de population (Fitzpatrick, 2009). Le principe de l'AMOVA est de comparer la quantité de variation génétique observée dans les populations avec la quantité de variation génétique observée entre elles.

L'analyse AMOVA a été effectuée pour chaque population en utilisant le logiciel GenAlEx 6.41, développé par Peakall et Smouse en (2012).

#### **5.2.4.2. Analyse discriminante des composantes principales**

Les analyses multivariées sont utilisées depuis des décennies pour extraire divers types d'informations à partir des données génétiques et ont récemment attiré à nouveau l'attention dans le domaine de génétique des populations (Jombart, 2008).

Ces méthodes permettent d'extraire des informations riches à partir des données génétiques, fournissant l'assignation des individus à des groupes, une évaluation visuelle de la différenciation entre populations.

Le ACP, analyse en composantes principale, est l'une des analyses multivariées les plus utilisées en génétique des populations, le principal avantage de l'ACP est sa capacité à identifier les structures génétiques dans des ensembles de données très volumineux, et d'une manière très vite, et sans aucune hypothèse sur la structuration des populations.

L'objectif principal de l'ACP est de résumer l'ensemble de la diversité présente parmi les individus, ce qui implique les différenciations existantes entre les groupes et la variation

au sein des groupes. Pour évaluer les relations entre différents clusters, une méthode adéquate devrait se concentrer sur la variabilité entre les groupes (Jombart et al, 2010).

L'analyse Discriminante (DA) vise à synthétiser la variation génétique distinguant les différents groupes en ignorant la variation au sein des groupes. La méthode permet ainsi la meilleure discrimination des individus dans des groupes prédéfinis.

Malheureusement, la DA présente des restrictions considérables qui limitent souvent son application aux données génétiques. Premièrement, la méthode exige que le nombre de variables (allèles) soit inférieur au nombre d'observations (individus). Deuxièmement, elle est entravée par les corrélations entre les variables. Par conséquent, l'application de la DA aux données génétiques est jusqu'à présent restée très limitée (Beharav et Nevo, 2003).

Le DAPC, analyse discriminante des composantes principales, développé par Jombart et al (2010), est une nouvelle approche méthodologique qui conserve tous les avantages de l'analyse discriminante (DA) sans être entravée par ses limitations. La DAPC repose sur une transformation des données à l'aide de l'ACP comme étape préalable à la DA, ce qui garantit que les variables soumises à la DA sont parfaitement non corrélées et que leur nombre est inférieur à celui des individus analysés. Sans entraîner nécessairement une perte d'information génétique, cette transformation permet d'appliquer la DA à n'importe quel type de données génétiques.

Par cette méthode, la variation génétique est partitionnée en deux composantes : entre les groupes et au sein des groupes, l'analyse cherche à maximiser la première.

L'analyse discriminante des composantes principales a été effectuée en utilisant le logiciel R avec le package *ade4* version 3.5.0 développé par R Development Core Team en (2008).

#### **5.2.4.3. Distances génétiques et dendrogrammes**

Pour l'analyse des liens génétique entre populations, les méthodes les plus fréquemment employées reposent sur l'évaluation des distances génétiques entre populations et la création de matrices à partir de ces distances, et ensuite l'élaboration d'arbres phylogénétique (dendrogrammes), en se basant sur ces matrices.

Plusieurs méthodes ont été utilisé pour le calcul des distances génétiques, les plus employées sont :

La distance de Nei (1972) : cette méthode repose sur la mesure des écarts arithmétiques entre les fréquences des allèles, et elle est généralement considérée comme la méthode la plus couramment employées dans les études génétiques.

L'indice de fixation  $F_{ST}$ , On peut également l'utiliser comme une mesure de distance génétique.

La distance Reynolds et al (1983) : cette méthode est dérivée de l'indice  $F_{ST}$  et représente une mesure de distance adaptée pour des périodes de différenciation génétique relativement courtes.

Généralement, deux méthodes les plus couramment utilisées pour construire les arbres à partir des matrices de distances sont les suivantes :

La méthode UPGMA développé par Sokal et Michener en (1958) : cette approche s'appuie sur la notion de l'horloge moléculaire, qui suppose que les taux d'évolution sont constants le long de toutes les branches de l'arbre phylogénétique.

Ainsi, la distance calculée sur l'arbre phylogénétique entre deux ensembles est considérée comme étant proportionnelle à la période de leur séparation.

La méthode (*Neighbor-Joining*) développé par Saitou et Nei en (1987) : cette méthode est fréquemment utilisée en raison de sa précision démontrée pour les ensembles de données et de sa rapidité de calcul (Tamura et al, 2004). Il est devenu un pilier de la reconstruction phylogénétique et est probablement l'algorithme basé sur les distances le plus largement utilisé (Mailund, 2006).

La méthode NJ construit des arbres en regroupant progressivement les séquences voisines. À chaque étape de regroupement, elle cherche à minimiser la somme des longueurs des branches, ce qui permet d'explorer différentes topologies possibles (Tamura et al, 2004).

Pour obtenir un arbre correct et plus fiable par la méthode NJ (*Neighbor-Joining*), il faut réaliser un rééchantillonnage de marqueurs (boostraps) par la méthode de (Felsenstein, 1985). Pour chaque nouvel échantillon, certains microsatellites sont présents en plusieurs exemplaires tandis que d'autres sont absents.

Un total de 1000 nouveaux ensembles de données a ainsi été créés et utilisé pour construire différents arbres, et ils ont été utilisés pour générer différents arbres.

En comparant ces arbres, on peut estimer la fréquence à laquelle les regroupements entre populations apparaissent. Plus cette fréquence est élevée, plus le regroupement est considéré comme fiable.

Nous avons employé la distance standard de Nei la plus fréquemment utilisée pour ces études, et pour la construction d'arbre phylogénétique, nous avons utilisé la méthode NJ (*Neighbor-Joining*) en raison de sa précision et fiabilité, à l'aide de logiciel R avec le package adegenet version.3.5.0 développé par R Development Core Team en (2008).

#### 5.2.4.4. Méthodes de clustering

Cette méthode consiste à inférer la structuration de la population en utilisant des méthodes de regroupement bayésiennes comme STRUCTURE (Pritchard et al, 2000).

Cette approche revêt un intérêt particulier du fait qu'elle offre la possibilité d'identifier des regroupements génétiques d'une manière très simple. La popularité de ces approches ne laisse aucun doute sur leur utilité afin d'obtenir des informations importantes des données génétiques (Jombart et al, 2010).

Selon Pritchard et al (2000), En utilisant cette méthode, on peut définir "K" sous-groupes en assignant un individu à un groupe ou plusieurs de ces sous-groupes "clusters", sans avoir d'informations préalables sur leur appartenance à une population spécifique.

Cette approche définit « K » sous-populations, chacun est identifié par un ensemble spécifique de fréquences d'allèles à chaque locus. Les individus de l'échantillon sont assignés (de manière probabiliste) à des populations, ou conjointement à deux ou plusieurs populations si leurs génotypes indiquent qu'ils sont d'ascendance mixte.

Cette méthode peut être appliquée pour démontrer la présence de structuration de populations, attribuer des individus à des populations spécifiques, étudier les zones des croisements génétiques entre populations distinctes, et identifier les migrants ainsi que les individus d'origine mixte.

Selon Pritchard et al (2000), Pour déterminer le nombre optimal de sous-populations, on analyse le graphique représentant les variations du log-likelihood en relation avec K. Cette courbe peut atteindre un pic à un point particulier, que l'on identifie alors comme le nombre optimal de sous-populations.

En raison de l'inefficacité parfois observée de cette méthode, une autre approche a été développée par Evanno et al en (2005). Elle repose sur les changements de deuxième ordre du log-likelihood, cette méthode s'avère plus correcte dans certains types de données (Camus-Kulandaivelu, 2007).

Pour la présente étude, le STRUCTURE a été effectué à partir de simulations indépendantes comprenant 500 000 itérations suivant méthode de Markov Chain Monte Carlo (MCMC), avec une phase d'initialisation (burn-in) de 20 000 étapes, pour  $1 \leq K \leq 10$ .

Nous avons identifié la valeur optimale de K en examinant les variations de second ordre  $L''(K)$ , conformément à la méthode d'Evanno et al (2005), en utilisant l'outil en ligne Structure Harvester avec la version 0.6.94, développée par Earl et Vonholdt en (2011).

# **Chapitre II :**

## **Résultats et discussions**

## 1. Caractérisation phénotypique

### 1.1. Importance de différents modèles de colorations

#### 1.1.1. Résultats

Notre étude portant sur la diversité de modèles de coloration de la population locale de lapin dans sept zones distinctes en Algérie a révélé l'existence d'un ensemble de 13 modèles de coloration distincts.

À travers notre étude, nous avons pu mettre en évidence l'existence de modèles de coloration suivants : l'unicolore noire, l'agouti sauvage, l'agouti fauve, l'agouti gris bleuté, le panaché plaqué noir et blanc, le panaché plaqué agouti et blanc, le panaché plaqué fauve et blanc, le panache plaqué gris bleuté et blanc, le panaché tacheté noir et blanc, le panache tacheté agouti et blanc, le panache tacheté fauve et blanc, le panache tacheté gris bleuté et blanc, et le panache tacheté noir et fauve.

Ces modèles ont été déterminés selon les critères définis par Arnold et al, (2005). La figure (34) présente des exemples de ces modèles.

##### 1.1.1.1. Importance globale chez les sept populations étudiées

Cent cinquante-deux (152) individus étudiés sont répartis en treize (13) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (26).

En suivant une hiérarchie d'importance, nous parvenons à la classification ci-après :

Le panaché plaqué noir et blanc avec un pourcentage de 17,76%, l'unicolore noire avec un pourcentage de 17,11%, le panaché plaqué agouti et blanc avec un pourcentage de 14,47%, l'agouti fauve avec un pourcentage de 9,87%, l'agouti sauvage avec un pourcentage de 9,21%, le panaché plaqué fauve et blanc avec un pourcentage de 7,89%, le panaché plaqué fauve et blanc avec un pourcentage de 5,92%, les modèles de coloration le panaché tacheté agouti et blanc, le panache tacheté fauve et blanc avec un pourcentage de 4,61% pour chacun, le panaché tacheté et blanc avec un pourcentage de 3,95%, et les modèles le panache plaqué gris bleuté et blanc, l'agouti gris bleuté, le panache tacheté gris bleuté et blanc, et le panache tacheté noir et fauve avec un pourcentage de 2,63% pour chacun de ces modèles.

Presque moitié (49,34%) de la population répertoriée est constituée par les trois premiers modèles de coloration.

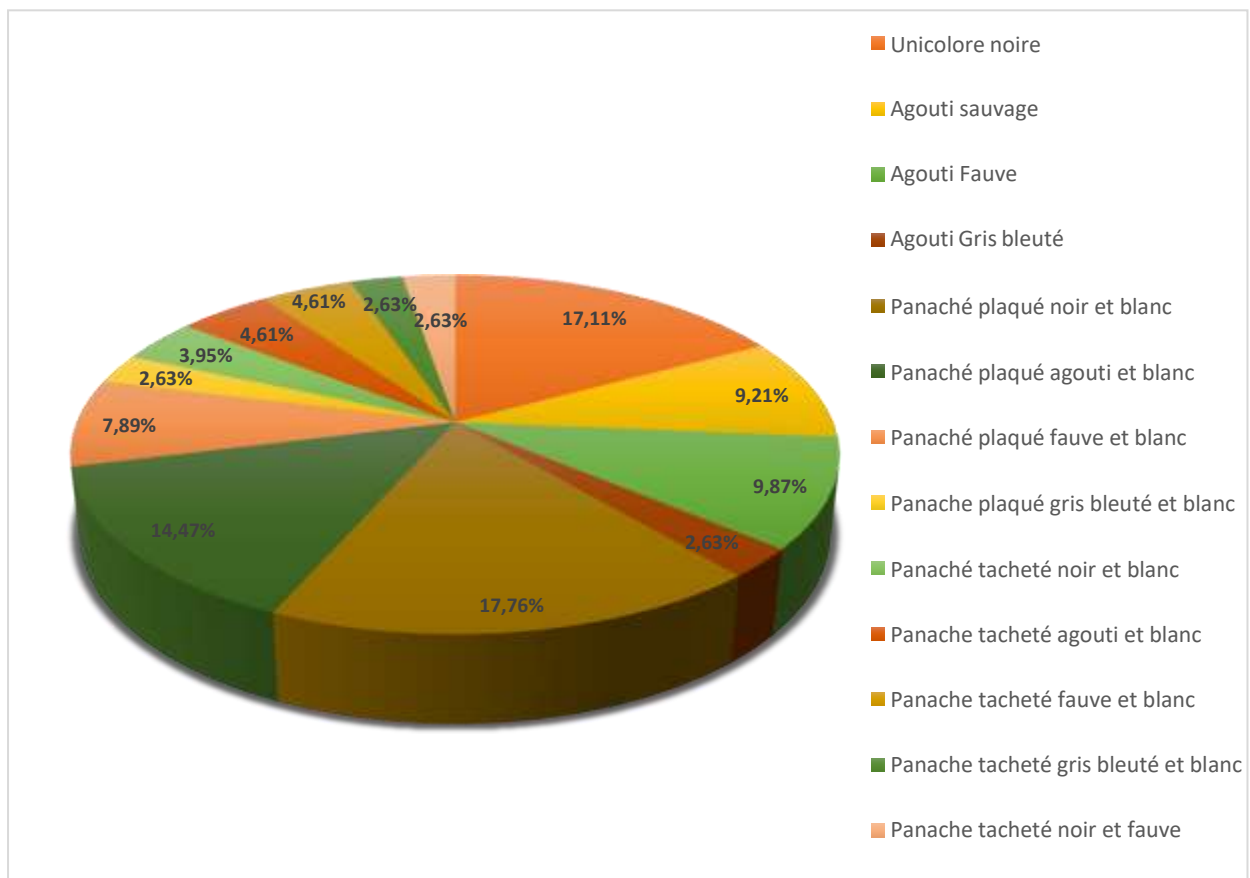
Les modèles de coloration restants représentent 50,66% de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage inférieur ou égal à 9,87%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration :

- ✓ Panaché plaqué noir et blanc, représente près de 1/5 (17,76%) de la population étudiée.
- ✓ Unicolore noire, avec une proportion de 17,11% de la population locale.
- ✓ Panaché plaqué agouti et blanc, avec une proportion de 14,47% de la population locale.

Les résultats ont témoigné d'une variation considérable des pourcentages de modèles de coloration à travers l'ensemble des populations examinées.

Afin d'évaluer les éventuelles différences géographiques, nous examinons les résultats selon les différentes zones d'étude.



**Figure 26.** Modèles de coloration chez les sept populations étudiées en pourcentages.

### 1.1.1.2. Importance de différents modèles de coloration chez la population d'El Taref

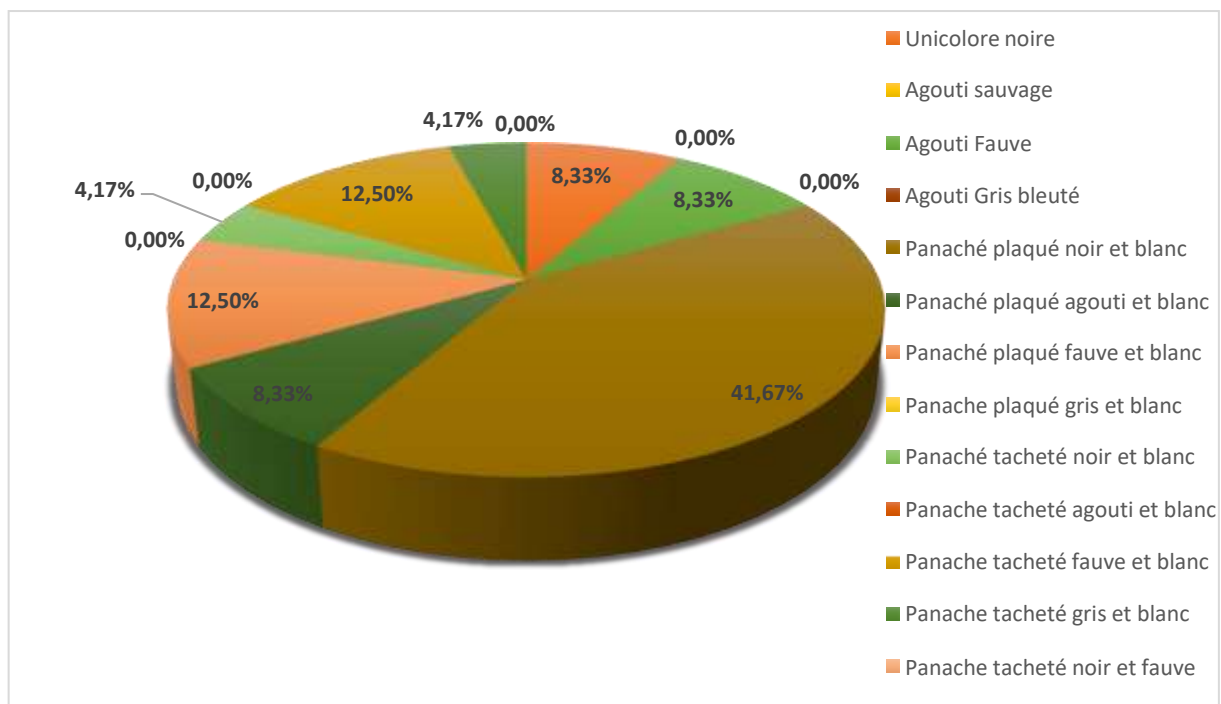
Vingt-quatre (24) individus étudiés sont répartis en huit (08) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (27).

En établissant un ordre d'importance, nous obtenons la classification qui suit :

Le panaché plaqué noir et blanc avec un pourcentage de 41,67%, les modèles de coloration le panaché plaqué fauve et blanc, le panache tacheté fauve et blanc avec un pourcentage de 12,50% pour chacun, les modèles de coloration l'unicolore noire, l'agouti fauve, et le panaché plaqué agouti et blanc avec un pourcentage de 8,33 pour chacun, les modèles de coloration panaché tacheté noir et blanc, et le panache tacheté gris bleuté et blanc avec un pourcentage de 4,17% pour chacun.

Deux-tiers (48,68%) de la population répertoriée de la zone d'El Taref sont constituée par les trois premiers modèles de coloration. Les modèles de coloration restants représentent un tiers (33,33%) de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage inférieur ou égal à 8,33%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration : Panaché plaqué noir et blanc, représente plus de 2/5 (41,67%) de la population étudiée.



**Figure 27.** Modèles de coloration chez la population d'El Taref en pourcentages.

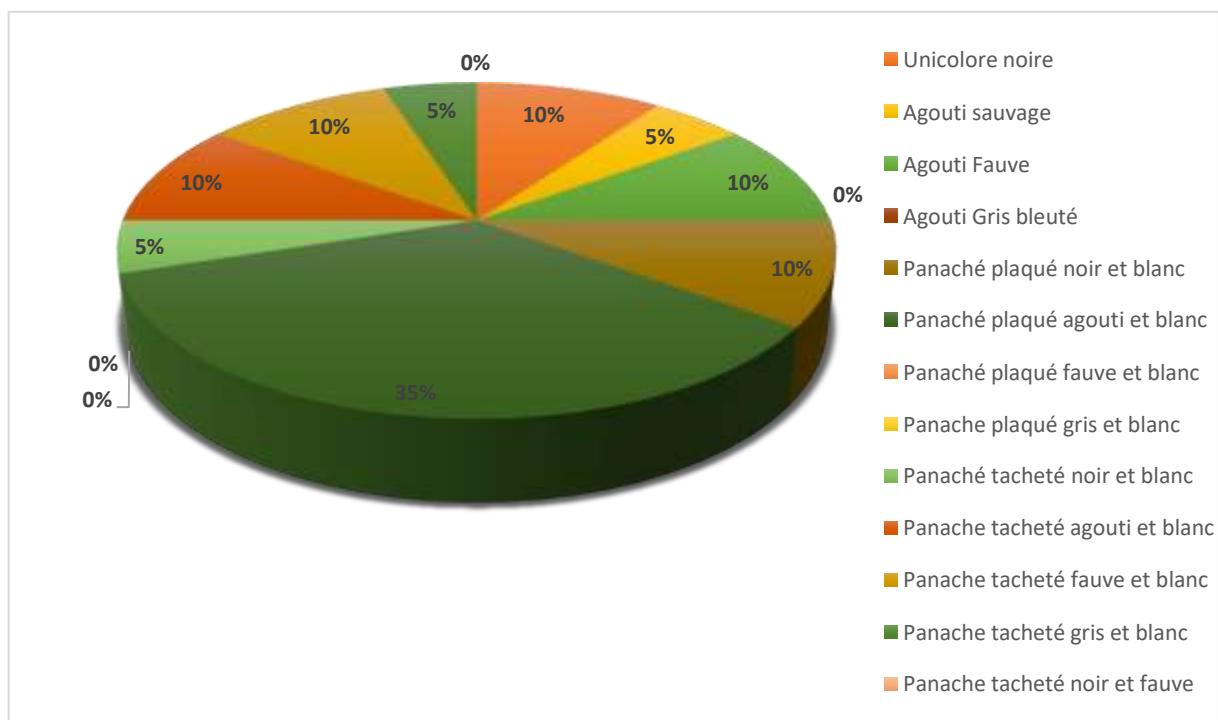
### 1.1.1.3. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Mostaganem

Vingt (20) individus étudiés sont répartis en neuf (09) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (28).

En suivant une hiérarchie d'importance, nous parvenons à la classification ci-après : le panaché plaqué agouti et blanc avec un pourcentage de 35%, les modèles de coloration l'unicolore noire, l'agouti fauve, le panaché plaqué noir et blanc, le panaché tacheté agouti et blanc, le panache tacheté fauve et blanc avec un pourcentage de 10% pour chacun, et les modèles de coloration l'agouti sauvage, le panaché tacheté noir et blanc, et le panache tacheté gris bleuté et blanc avec un pourcentage de 5% pour chacun.

Quatre-vingt-cinq pourcent (85%) de la population répertoriée de la zone de Mostaganem sont constituée par les six premiers modèles de coloration. Les modèles de coloration restants représentent 15% de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage égal à 5%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration : Panaché plaqué agouti et blanc, représente plus de 1/3 (35%) de la population étudiée.



**Figure 28.** Modèles de coloration chez la population de Mostaganem en pourcentages.

### 1.1.1.4. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Sidi Bel Abbès

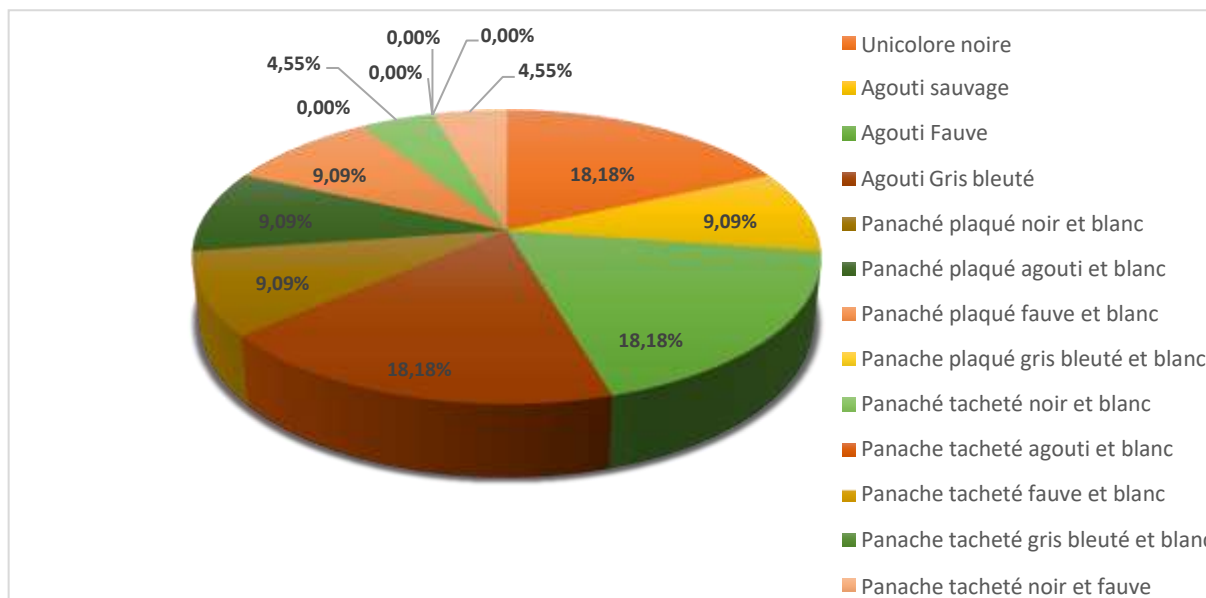
Vingt-deux (22) individus étudiés sont répartis en neuf (9) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (29).

En établissant un ordre d'importance, nous obtenons la classification qui suit :

Les modèles de coloration l'unicolore noire, l'agouti fauve, et l'agouti gris bleuté avec un pourcentage de 18,88% pour chacun, les modèles de coloration l'agouti sauvage, le panaché plaqué noir et blanc, le panaché plaqué agouti et blanc, le panaché plaqué fauve et blanc avec un pourcentage de 9,09% pour chacun, les modèles de coloration le panaché tacheté noire et blanc, et le panache tacheté noir et fauve avec un pourcentage de 4,55% pour chacun.

La moitié (54,55%) de la population répertoriée de la zone de Sidi Bel Abbès est constituée par les trois premiers modèles de coloration. Les modèles de coloration restants représentent 45,45% de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage inférieur ou égal à 9,09%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration : l'unicolore noire, l'agouti fauve ainsi que l'agouti gris bleuté, constituent chacun environ 18,88% de la population étudiée, ce qui équivaut à près d'un cinquième (1/5).



**Figure 29.** Modèles de coloration chez la population de Sidi Bel Abbès en pourcentages.

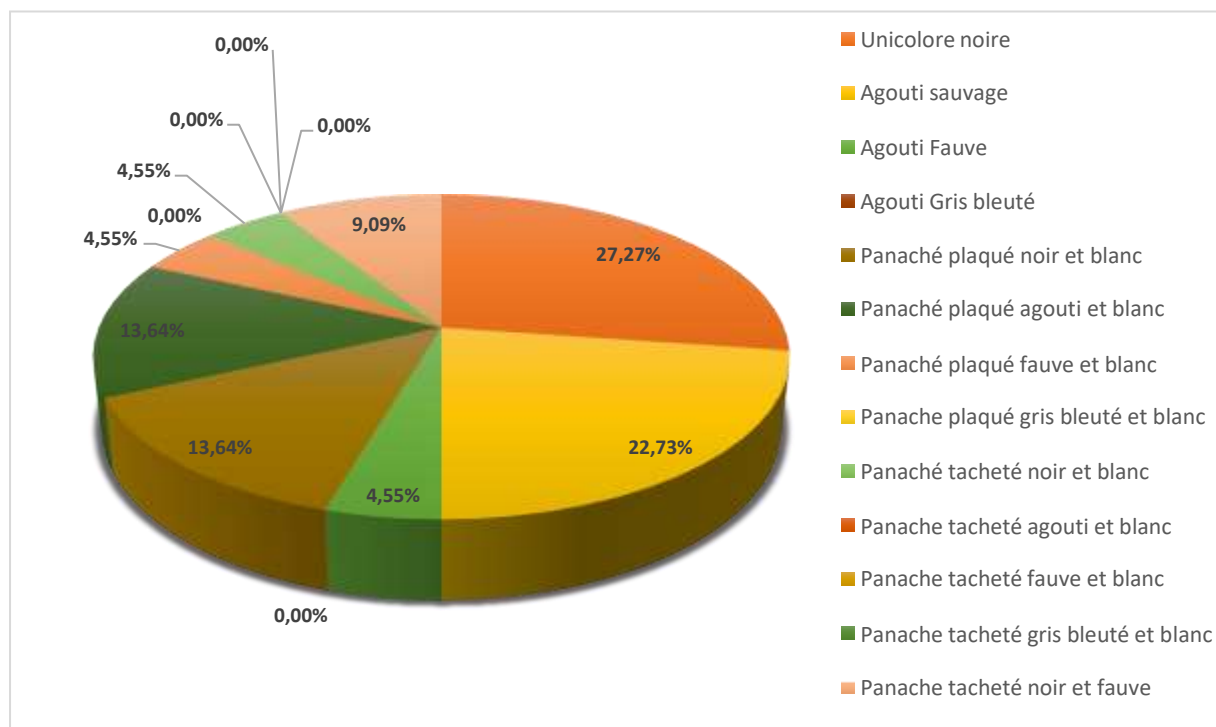
### 1.1.1.5. Importance de différents modèles de coloration chez la population de M'Sila

Vingt-deux (22) individus étudiés sont répartis en huit (8) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (30).

En suivant une hiérarchie d'importance, nous parvenons à la classification ci-après : l'unicolore noire avec un pourcentage de 27,27%, l'agouti sauvage avec un pourcentage de 22,73%, les modèles de coloration panaché plaqué noir et blanc, et le panaché plaqué agouti et blanc avec un pourcentage de 13,64% pour chacun, le panache tacheté noir et fauve avec un pourcentage de 9,09%, les modèles de coloration l'agouti fauve, le panaché plaqué fauve et blanc, et le panaché tacheté noir et blanc avec un pourcentage de 4,55% pour chacun.

La moitié (50%) de la population répertoriée de la zone de M'Sila est constituée par les deux premiers modèles de coloration. Les modèles de coloration restants représentent 50% de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage inférieur ou égal à 13,64%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration : l'unicolore noire, représente près de 1/3 (27,27%) de la population étudiée, et modèle agouti, représente plus de 1/5 (22,73%) de la population étudiée.



**Figure 30.** Modèles de coloration chez la population de M'Sila en pourcentages.

### 1.1.1.6. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Dar Chioukh

Vingt et un (21) individus étudiés sont répartis en dix (10) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (31).

En établissant un ordre d'importance, nous obtenons la classification qui suit : Les modèles de coloration l'unicolore noire, le panaché plaqué noir et blanc, le panaché plaqué fauve et blanc et le panache plaqué gris bleuté et blanc avec un pourcentage de 14,29% pour chacun, les modèles de coloration l'agouti sauvage, l'agouti fauve, et le panaché tacheté agouti et blanc avec un pourcentage de 9,52% pour chacun, les modèles de coloration le panaché plaqué agouti et blanc, le panache tacheté fauve et blanc, et le panache tacheté gris bleuté et blanc avec un pourcentage de 4,76% pour chacun.

La moitié (57,14%) de la population répertoriée de la zone de Dar Chioukh est constituée par les quatre premiers modèles de coloration. Les modèles de coloration restants représentent 42,86% de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage inférieur ou égal à 9,52%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration : l'unicolore noire, le panaché plaqué noir et blanc, le panaché plaqué fauve et blanc et le panache plaqué gris bleuté et blanc, représente 14,29% pour chacun des modèles de la population étudiée.

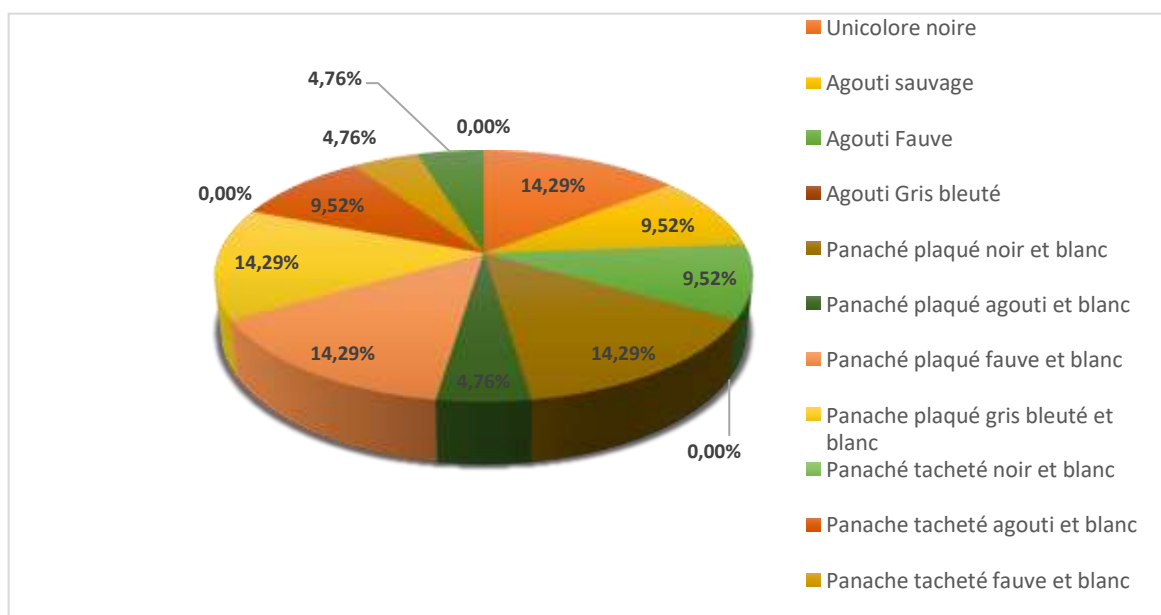


Figure 31. Modèles de coloration chez la population de Dar Chioukh en pourcentages.

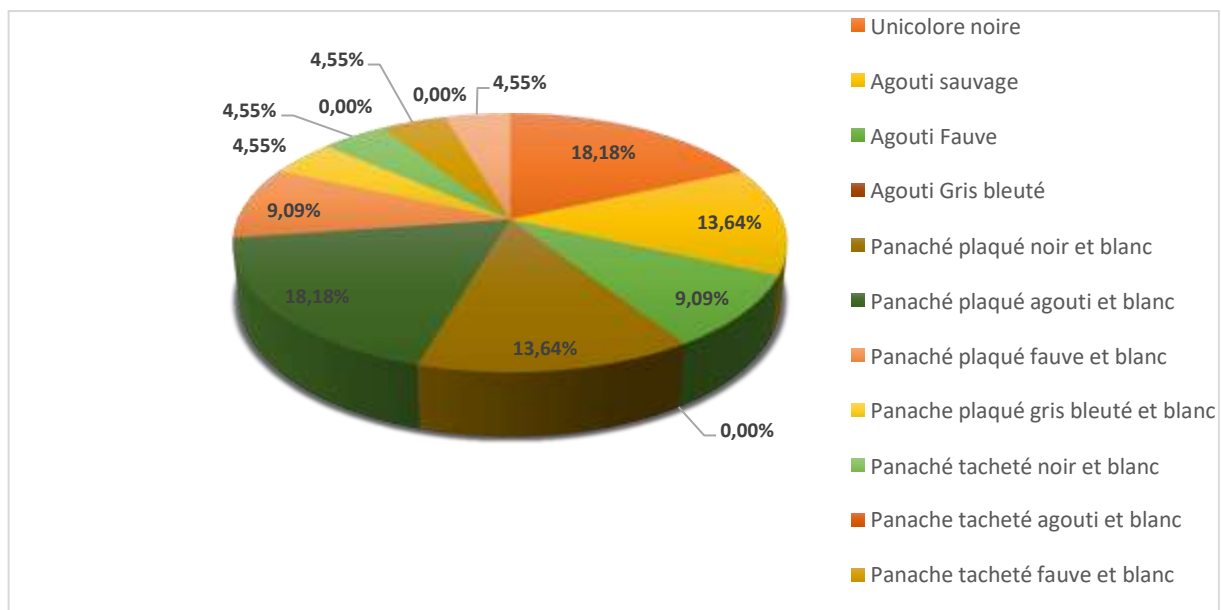
### 1.1.1.7. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Fidh El Botma

Vingt-deux (22) individus étudiés sont répartis en dix (10) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (32).

En suivant une hiérarchie d'importance, nous parvenons à la classification ci-après : Les modèles de coloration l'unicolore noire, et le panaché plaqué agouti et blanc avec un pourcentage de 18,18% pour chacun, les modèles de coloration le panaché plaqué noir et blanc, , et l'agouti sauvage avec un pourcentage de 13,64% pour chacun, les modèles de coloration l'agouti fauve, et le panaché plaqué fauve et blanc avec un pourcentage de 9,09%, les modèles de coloration le panache plaqué gris bleuté et blanc, le panaché tacheté noir et blanc, le panache tacheté fauve et blanc, et le panache tacheté noir et fauve avec un pourcentage de 4,55% pour chacun.

Près de deux-tiers (63,64%) de la population répertoriée de la zone de Fidh El Botma est constituée par les quatre premiers modèles de coloration. Les modèles de coloration restants représentent 36,36% de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage inférieur ou égal à 9,09%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration : l'unicolore noire, et le panaché plaqué agouti et blanc, représente près de 1/5 (18,18%) pour chacun des modèles de la population étudiée.



**Figure 32.** Modèles de coloration chez la population de Fidh El Botma en pourcentages.

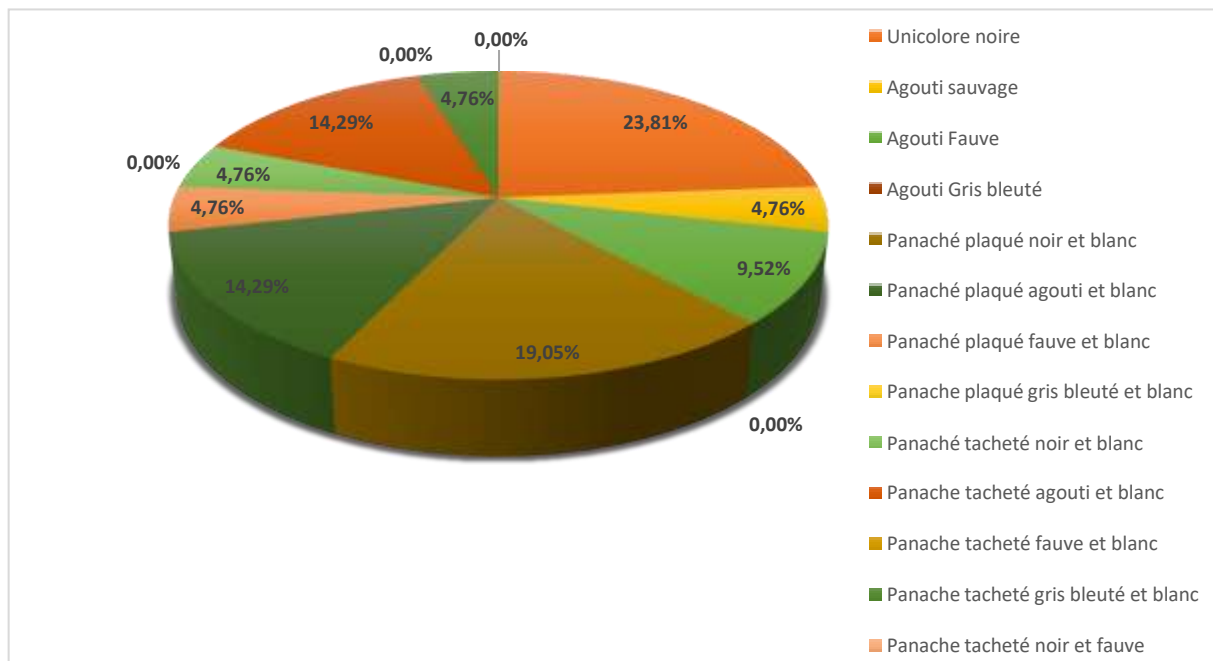
### 1.1.1.8. Importance de différents modèles de coloration chez la population de Laghouat

Vingt-deux (22) individus étudiés sont répartis en neuf (9) modèles de coloration. La représentation graphique des proportions de chaque modèle de pigmentation est présentée dans la figure (33).

En établissant un ordre d'importance, nous obtenons la classification qui suit : L'unicolore noire avec un pourcentage de 23,81%, le panaché plaqué noir et blanc avec un pourcentage de 19,05%, les modèles de coloration le panaché plaqué agouti et blanc, et le panaché tacheté agouti et blanc avec un pourcentage de 14,29%, l'agouti fauve avec un pourcentage de 9,52%, et les modèles de coloration l'agouti sauvage, le panache tacheté noire et blanc, le panaché plaqué fauve et blanc, et le panache tacheté gris bleuté et blanc avec un pourcentage de 4,76% pour chacun.

Plus de deux-tiers (71,43%) de la population répertoriée de la zone de Laghouat sont constituée par les trois premiers modèles de coloration. Les modèles de coloration restants représentent moins d'un tier (28,57%) de la population recensée, avec chaque modèle constituant un pourcentage inférieur ou égal à 9,52%.

Ces résultats révèlent les pourcentages les plus élevés de phénotypes associés aux modèles de coloration : l'unicolore noire, constituent 23,81%, ce qui équivaut à près d'un quatrième (1/4) de la population étudiée.



**Figure 33.** Modèles de coloration chez la population de Laghouat en pourcentages.

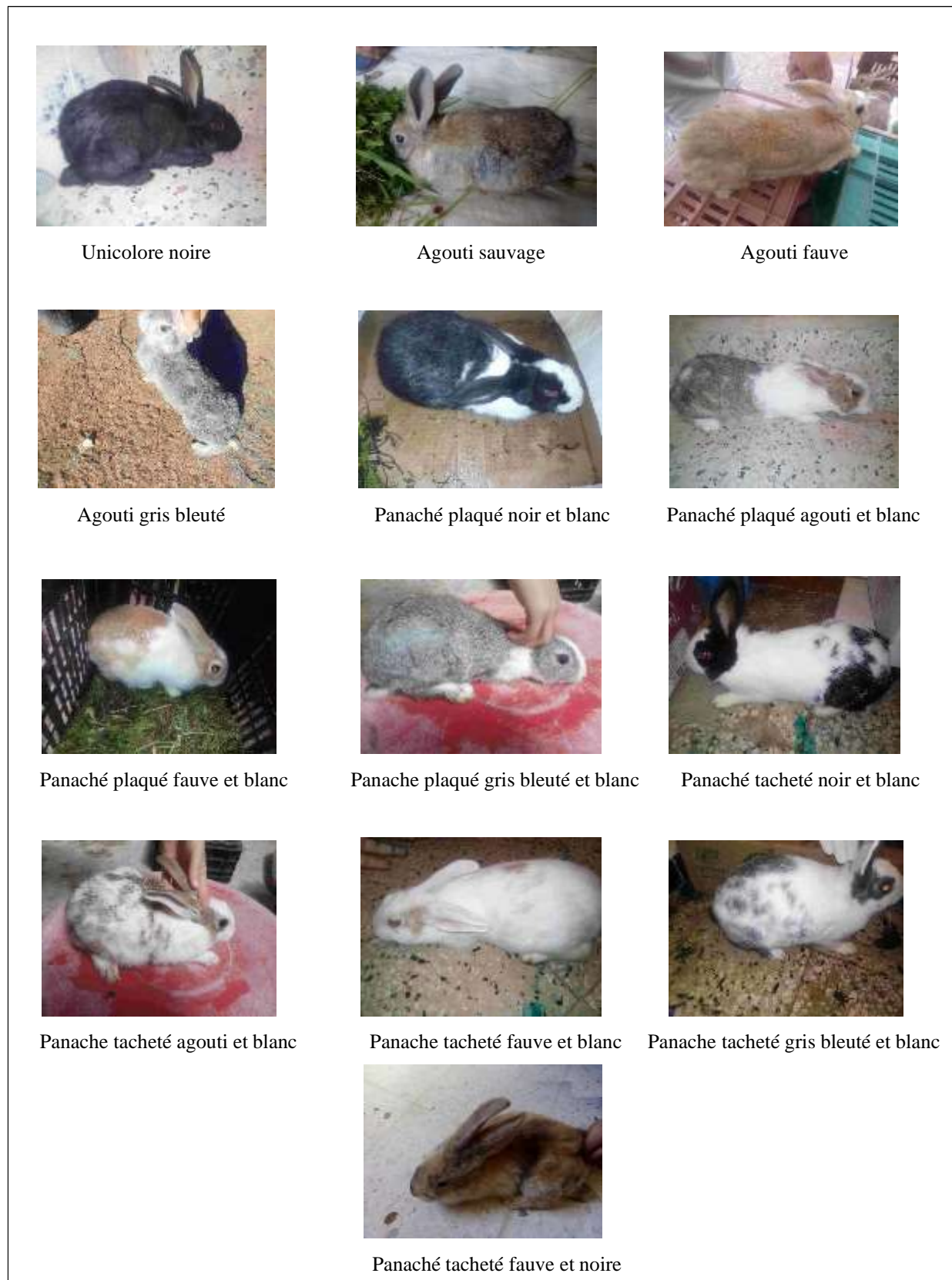


Figure 34. Exemples de treize (13) modèles de coloration existants.

### 1.1.2. Discussions

Les conclusions relatives à la caractérisation phénotypique révèlent une vaste diversité de couleur de pelage dans la population locale de lapins. En effet, on observe jusqu'à treize (13) modèles de coloration distinctes.

Quatre (04) modèles de coloration sont représentés chez les sept populations : l'unicolore noire, l'agouti fauve, le panaché plaqué noir et blanc, et le panaché plaqué agouti et blanc. Trois (03) modèles de coloration sont représentés chez six populations : le panaché plaqué fauve et blanc (absent à Mostaganem), le panaché tacheté noir et blanc (absent à Dar Chioukh), et l'agouti sauvage (absent à El Taref). Deux (02) modèles de coloration sont représentés chez quatre populations : le panache tacheté fauve et blanc (représenté à El Taref, Mostaganem, Dar Chioukh, et Fidh El Botma), et le panache tacheté gris bleuté et blanc (représenté à El Taref, Mostaganem, Dar Chioukh, et Laghouat). Deux (02) modèles de coloration sont représentés chez trois populations : le panache tacheté agouti et blanc (représenté à Mostaganem, Dar Chioukh, et Laghouat), et le panache tacheté noir et fauve (représenté à Sidi Bel Abbès, M'Sila, et Fidh El Botma). Un seul (01) modèle de coloration est représentés chez deux populations : le panache plaqué gris bleuté et blanc (représenté à Dar Chioukh, et Fidh El Botma). Un seul (01) modèle de coloration est représentés chez une seule population : l'agouti gris bleuté (représenté uniquement à Sidi Bel Abbès).

Dilmi (2006), a constaté qu'il existe 05 modèles de coloration de lapins de population locale : le blanc, le fauve, le noir et blanc, le fauve et blanc, le blanc gris, de lapins provenant de l'ITELV (Alger). Mazzouz (2007), a observé la présence de 03 modèles de coloration de lapins de population locale : le noir, le fauve, et l'agouti, dans la zone de Mostaganem. Homrani (2011), a constaté qu'il existe 03 modèles de coloration de lapins de population locale : noir tacheté et blanc, fauve tacheté et blanc, et agouti tacheté et blanc, dans la zone de Mostaganem.

Ouled Ameer (2011), a observé la présence de 09 modèles de coloration de lapins de population locale : agouti sauvage, agouti fauve, unicolore noire, panaché plaqué noir et blanc, panaché plaqué agouti et blanc, panaché tacheté noir et blanc, panaché tacheté agouti et blanc, panaché plaqué fauve et blanc, et le panaché tacheté fauve et blanc, dans la zone de Mostaganem. Abid (2012), a constaté qu'il existe 04 modèles de coloration de lapins de population locale : panaché plaqué agouti et blanc, panaché tacheté noire et blanc, panaché plaqué fauve et blanc, et le panaché plaqué gris bleuté et blanc, dans la zone de Mostaganem. Bouhali (2013), a observé la présence de 14 modèles de coloration de lapins de population locale : agouti sauvage, agouti fauve, agouti gris bleuté, unicolore noire, panaché plaqué noir

et blanc, panaché plaqué agouti et blanc, panaché tacheté noir et blanc, panaché tacheté agouti et blanc, panaché plaqué fauve et blanc, panaché tacheté fauve et blanc, panaché plaqué gris bleuté et blanc, panaché tacheté gris bleuté et blanc, panaché plaqué argenté et blanc, et argenté, dans les zones de Mostaganem, Djelfa, et Médéa.

Kourichi (2020), a observé la présence de 12 modèles de coloration de lapins de population locale : beige et blanc, beige, blanc, gris, blanc et noir, blanc et gris, blanc et marron, noir, noir et gris, beige et noir, blanc noir et gris, blanc beige et gris, dans la zones de Tlemcen et la zone de Sidi Bel Abbès.

Les recherches menées par Dilmi (2006), Mazzouz (2007), Homrani (2011), Bekki (2018) et Kourichi (2020) ont adopté une classification approximative qui ne s'est pas conformée aux critères établis par Arnold et al (2005). Bouhali (2013), a constaté qu'il existe 14 modèles de coloration de lapins de population locale dans les zones de Médéa et Djelfa, et 10 modèles de coloration dans la zone de Mostaganem, cette étude a inclus un échantillon plus vaste que celui couvert par notre étude, un total de 317 individus, 86 individus de Médéa, 142 individus de Djelfa, et 89 individus de Mostaganem.

Ouled Ameer (2011) a identifié un nombre similaire de 09 modèles de coloration par rapport à nos résultats dans la zone de Mostaganem. Les observations d'Abid (2012) ont révélé un nombre de modèles de coloration moins important dans la zone de Mostaganem en comparaison avec nos résultats, Cela pourrait être attribué à la taille restreinte de l'échantillon étudié par cet auteur (14 individus).

Dans notre étude, nous observons les pourcentages les plus élevés de modèles de coloration, le panaché plaqué noir et blanc avec 17,76%, l'unicolore noir avec 17,11% ainsi que le panaché plaqué agouti et blanc avec 13,89%.

En effectuant des comparaisons entre les différentes populations, on constate que le modèle unicolore noir présente le pourcentage le plus élevé avec une proportion significative à M'Sila (27,27%) et Laghouat (23,81%). Le modèle panaché plaqué noir et blanc présente le pourcentage le plus élevé chez la population d'El Taref avec une proportion élevée (41,67%), tandis que le modèle panaché plaqué agouti et blanc présente le pourcentage le plus élevé avec une proportion notable chez la population de Mostaganem (35%).

Nos résultats sont similaires à ceux de Dilmi (2006), qui a également constaté que la coloration noire et blanche présente le pourcentage le plus élevé avec 40%, ainsi que de la coloration agouti et blanche avec 15%, Mazzouz (2007) qu'a observé que le modèle noire présente le pourcentage le plus élevé avec 40,85%, Ouled Ameer (2011) qu'a constaté que le modèle de coloration noir et blanc présente le pourcentage le plus élevé avec 27,59%, suivi

par le modèle plaqué agouti et blanc avec 24,14%, les résultats de Bouhali (2013) qu'ont révélés le pourcentage le plus élevé de modèle de coloration, panaché plaqué noir et blanc (18,58%), et les résultats de Korichi (2018) qu'ont montré un pourcentage important de phénotype noir et blanc (15%).

D'une manière générale, de nombreuses études indiquent que les modèles le panaché noir et blanc, le noir et le panaché plaqué agouti et blanc présentent les pourcentages les plus élevés. Nos résultats corroborent ces constatations.

Les différences observées entre les résultats de différentes études en ce qui concerne les modèles de coloration, sont principalement dues aux différences en nombre d'individus échantillonnés, de la région étudiée, ainsi que de la méthode d'étude employée pour la détermination de modèle de coloration.

Djellal et al en (2006), ont indiqué que la variabilité de couleurs et de motifs de robe observée chez les lapins de la population locale est vraisemblablement le produit de croisements entre ces lapins locaux et des individus issus de races améliorées, importés dans les années 70 comme le Blanc New Zelandais et le Californien (Ferrah et al, 2003), et les races hybrides introduite dans les années 80 comme Hyla et Hyplus (Mefti Korteby, 2016). Ces croisements ont probablement apporté de nouveaux gènes et des caractéristiques de pigmentation différentes, contribuant ainsi à la création de cette mosaïque de couleurs dans la population locale. Selon cette hypothèse, les variations dans les proportions entre les régions sont attribuables aux types des souches étrangères introduites ainsi qu'au nombre d'individus de races étrangères introduites dans chaque région.

En utilisant les informations moléculaires sur la couleur de pelage fourni par Fontanesi (2021<sub>a</sub>), nous pourrions suggérer l'existence de certains allèles chez les individus de notre population, comme l'allèle dominante "C" (entièrement coloré) au locus "albinos" situé au chromosome 1, l'allèle "A" (agouti) au locus "agouti" situé au chromosome 4, chez les individus porteurs de couleur agouti, l'allèle "b" (fauve) au locus "B" (fauve) situé au chromosome 1, chez les individus porteurs de couleur fauve, l'allèle "En" (tacheté) au locus de "marquage anglaise" situé au chromosome 15, chez les individus de couleur en forme tachetée, et l'allèle "du" (motif hollandais) au locus de "Hollandais", chez les individus de couleur en forme plaqué.

## **1.2. Analyses statistiques pour la caractérisation phénotypique**

L'analyse factorielle des correspondances (AFC) appliquée aux modèles de coloration (Figure 35), révèle que les régions de Faidh El Botma, Laghouat, Dar Chioukh et Mostaganem sont rapprochées les unes des autres, formant un groupe proche de la région de M'Sila. En revanche, les régions de Sidi Bel Abbès et El Taref sont positionnées de manière isolée et éloignée des autres régions.

En se référant aux conclusions de L'AFC pour ce trait phénotypique, nous pourrions conclure que les populations de Faidh El Botma, Laghouat, Dar Chioukh, Mostaganem, et M'Sila, présentent une proximité phénotypique et peut-être génétique notable. En revanche, les populations de Sidi Bel Abbès et El Taref se distinguent phénotypiquement et peut-être génétiquement des autres populations.

La classification hiérarchique (CAH) des populations étudiées (Figure 36) suivant les modèles de coloration révèle que les populations de M'Sila, Faidh El Botma, Dar Chioukh et Laghouat, sont liées entre eux, formant un groupe. Ce groupe est lié à la population de Sidi Bel Abbès, ce grand groupe est lié à la population de Mostaganem. En revanche, la population d'El Taref se distingue en étant la plus éloignée des autres populations dans cette classification.

En se référant aux conclusions de classification hiérarchique (CAH) pour ce trait phénotypique, nous pourrions conclure que les populations de M'Sila, Faidh El Botma, Dar Chioukh et Laghouat, présentent une proximité phénotypique et peut-être génétique notable. En revanche, les populations de Sidi Bel Abbès et de Mostaganem sont liées phénotypiquement et peut-être génétiquement entre eux, et la population d'El Taref se distingue en étant la plus éloignée des autres populations.

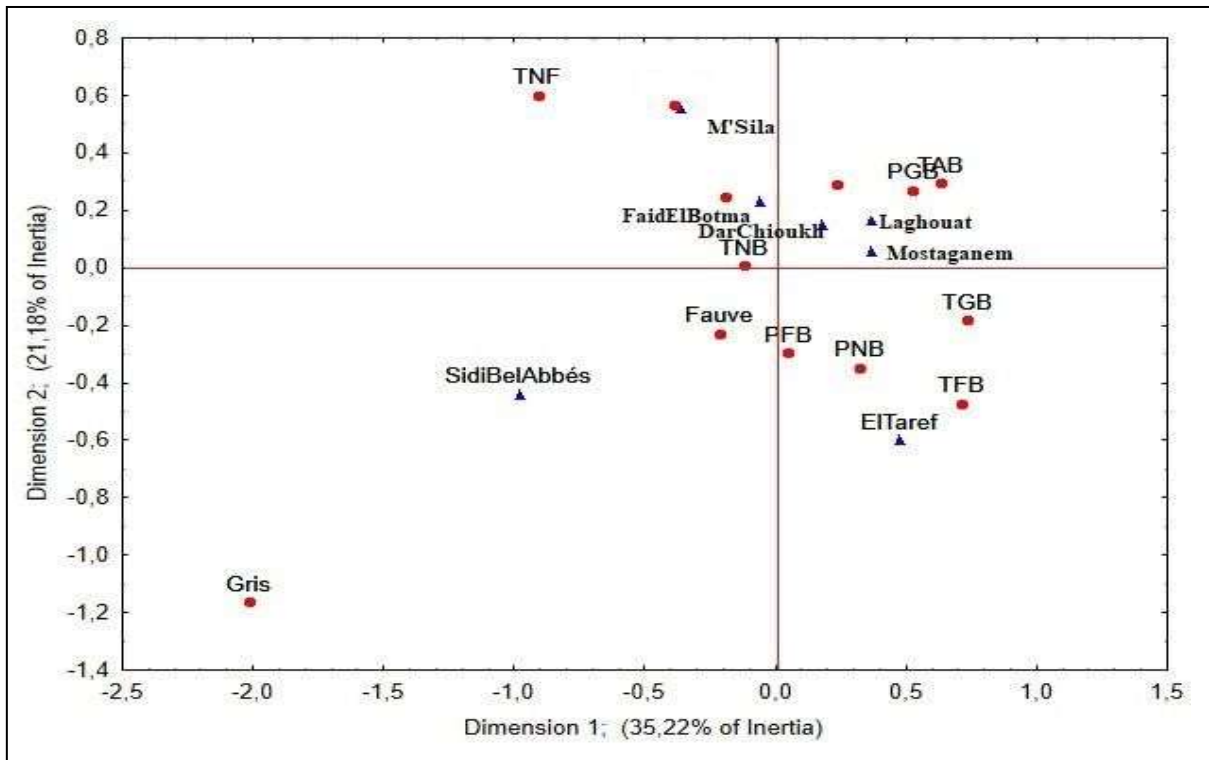


Figure 35. Analyse factorielle des correspondances (AFC) des sept populations de lapins étudiées suivant la couleur de pelage.

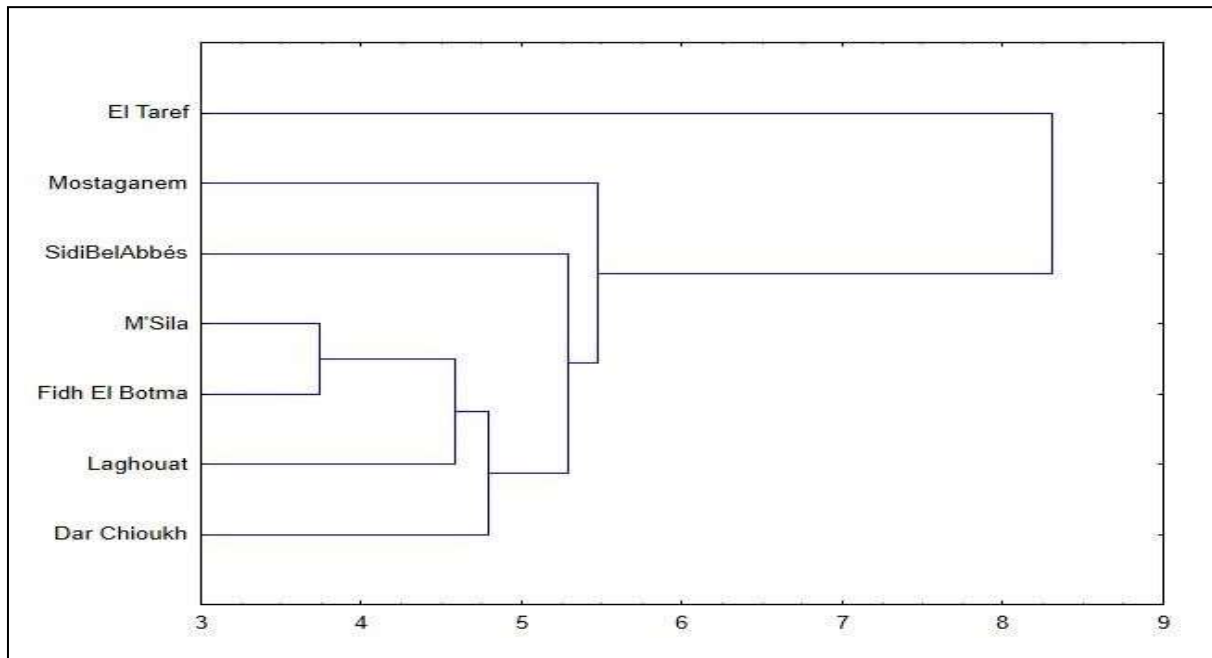


Figure 36. Classification hiérarchique (CAH) des sept populations de lapins étudiées suivant la couleur de pelage.

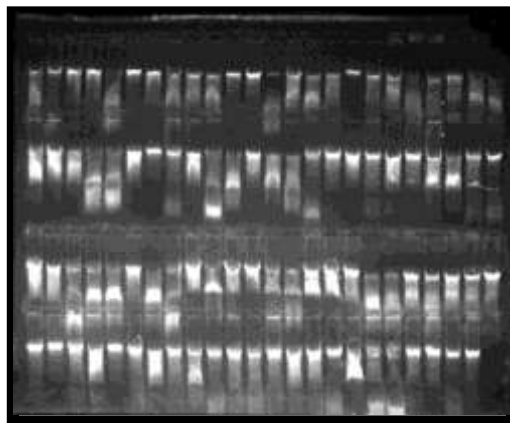
## 2. Caractérisation génétique

Cette étude vise à évaluer la variabilité génétique, et d'analyser les relations phylogénétiques qui peuvent être existes entre les populations de lapins locales en utilisant des marqueurs microsatellites, le deuxième objectif, tout aussi essentiel, était d'analyser la situation des populations de lapins locales en Algérie.

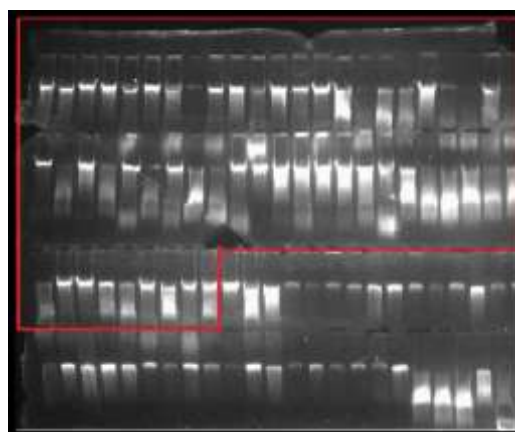
### 2.1. Qualité d'ADN extraits et résultats de l'amplification

Les résultats d'électrophorèse des échantillons d'ADN extraits, sur un gel d'agarose (0,8%), pour le test de la réussite d'extraction d'ADN, sont illustrés dans les figures (37) et (38).

L'observation des figures (37) et (38) indique que l'extraction a été effectuée avec succès pour tous les individus des populations locales de lapins. Les résultats de l'électrophorèse indiquent que les ADN extraits exhibent une bande dense d'intensité élevée, témoignant ainsi d'une excellente qualité des échantillons d'ADN extraits.



**Figure 37.** Electrophorèse d'ADN de 95 individus (24 échantillons à chaque ligne).



**Figure 38.** Electrophorèse d'ADN de 57 individus (les échantillons dans le carré rouge).

Les résultats de l'amplification de 85 microsatellites étudiés, sur un gel d'agarose (2%), sont illustrés dans les figures (39) et (40).

L'observation des figures révèle que l'amplification de 85 microsatellites étudiés, a été réalisée avec succès pour tous les microsatellites étudiés chez les individus des populations locales de lapins.

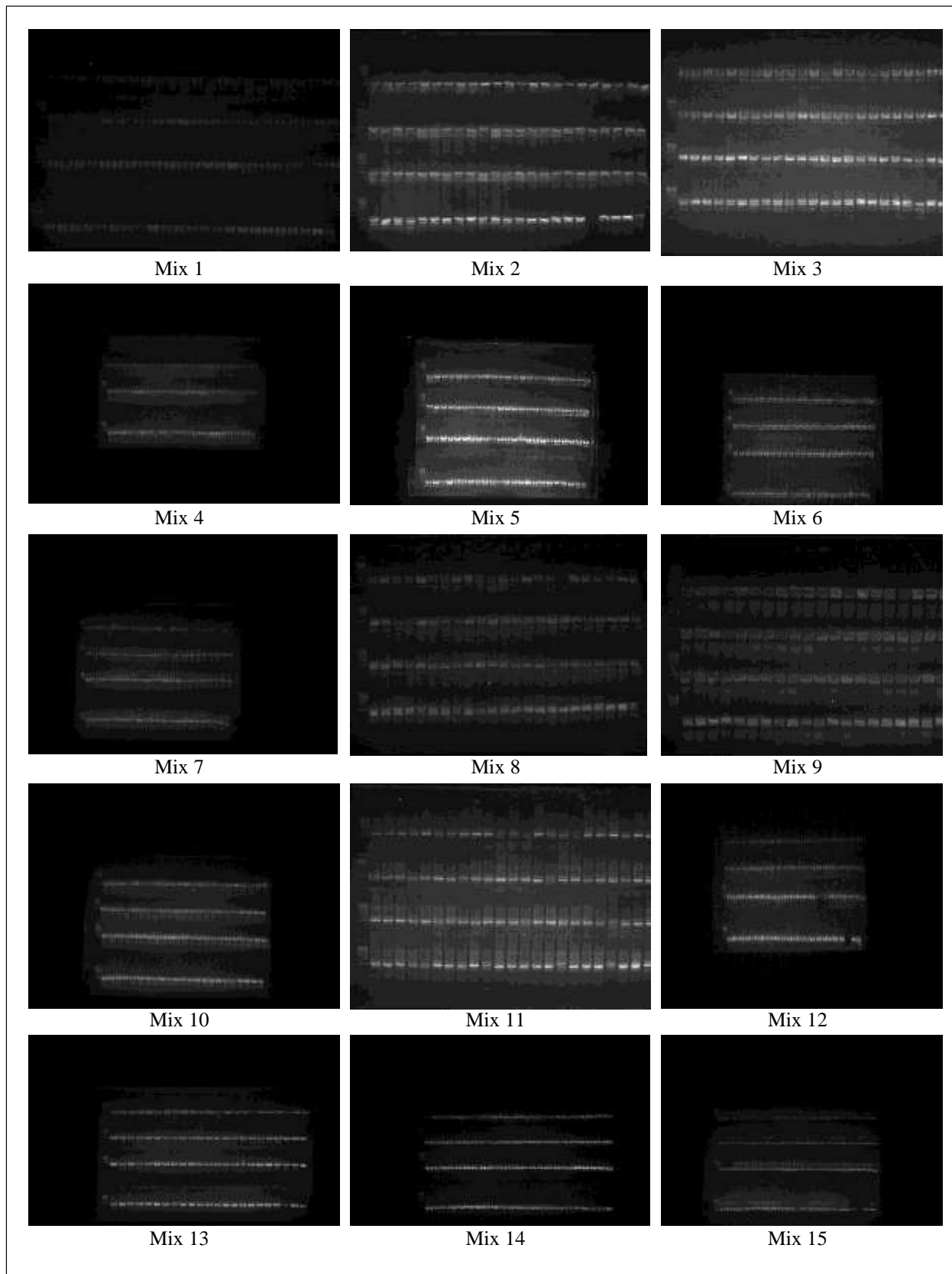
## 2.2. Fréquences alléliques

Les fréquences d'allèles pour tous les locus chez les sept populations sont illustrées dans l'annexe (3).

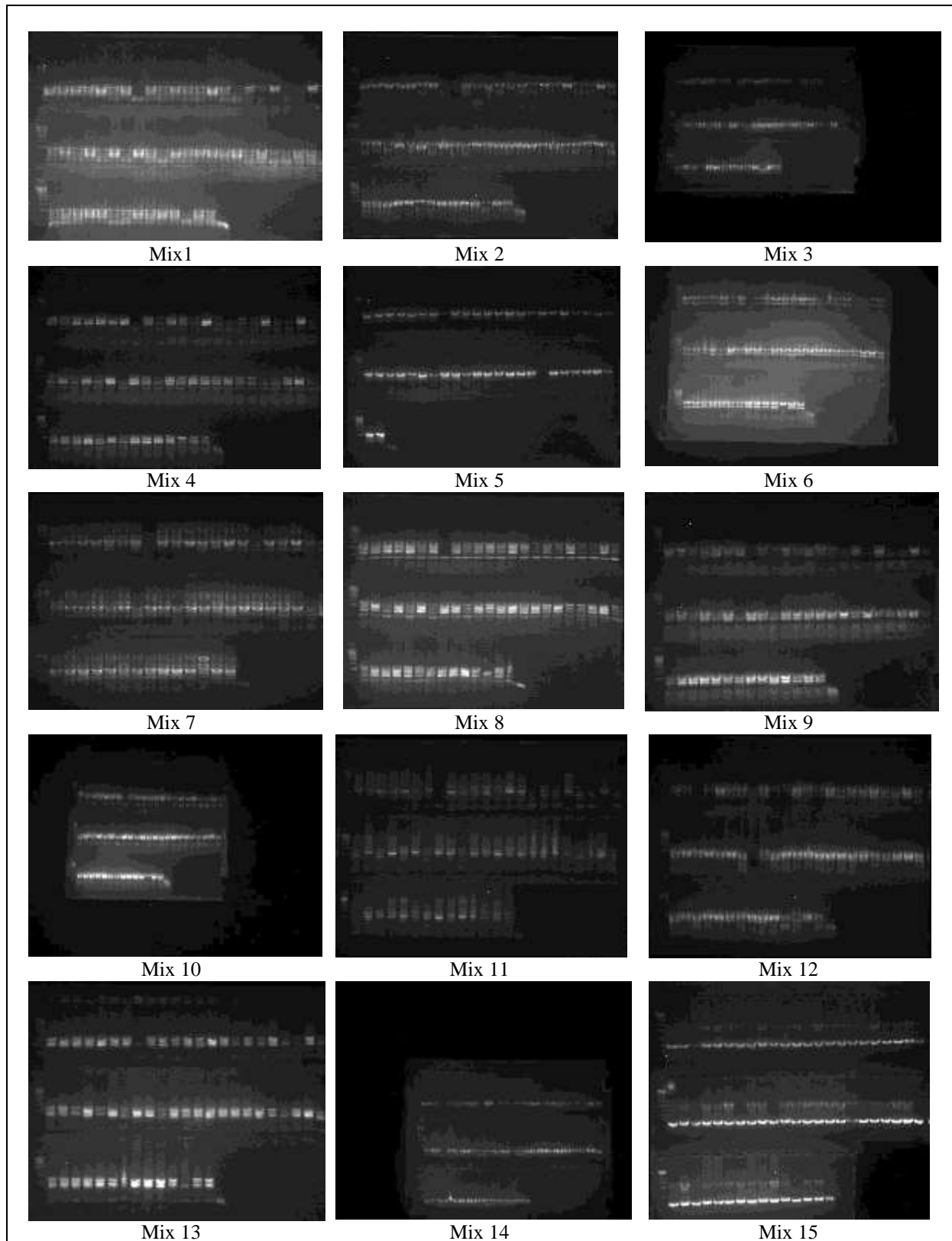
Lorsque l'on examine la répartition des fréquences des allèles, on peut observer les résultats suivants :

- ✓ Les fréquences des divers allèles au sein d'un même marqueur présentent une grande variabilité. Prenons l'exemple du marqueur INRACCDDV0101, où l'allèle 162 est largement répandu au sein de toutes les populations, avec une fréquence dépassant les 61%. En revanche, les allèles 152, 154, 156 et 160 sont peu communs, avec des fréquences inférieures à 2%, voire absents dans certaines populations examinées.
- ✓ Il est possible d'observer des fluctuations importantes dans les fréquences d'un même allèle au niveau d'un marqueur, avec des fréquences élevées dans une population et des fréquences beaucoup plus faibles dans une autre population. Prenons l'exemple du marqueur INRACCDDV0157, où l'allèle 139 affiche une fréquence allélique élevée de 72,5% au sein de la population de Faid El Botma. En revanche, chez la population de Mostaganem, le même allèle présente une fréquence considérablement plus faible, à seulement 8,8%. Dans cette population, nous avons plutôt constaté la prédominance d'un autre allèle, le 137, avec une fréquence de 35%.

Lorsque l'on examine les fréquences d'allèles au sein de chaque population, cela offre une idée générale sur la diversité génétique qui existe à l'intérieur de ces populations. Cependant, cette information demeure plutôt globale et ne permet pas d'obtenir une certitude complète et définitive sur les distinctions entre les différentes populations. Pour obtenir une compréhension plus approfondie de leur diversité génétique, il est nécessaire d'analyser d'autres indicateurs de variabilité génétique.



**Figure 39.** Résultats de l'amplification de 85 microsatellites chez 95 individus.



**Figure 40.** Résultats de l'amplification de 85 microsatellites chez 57 individus.

## 2.3. Paramètres de diversité génétique de locus parmi les populations

### 2.3.1. Indice de diversité de Shannon (H') et équitabilité (E)

Les figures (41) à (45) montrent les résultats de H' et de E pour chaque locus.

Les valeurs de H' pour les 85 locus étudiés étaient d'une valeur moyenne de 1,10, allant de nulle pour le locus RSPO2 à une valeur de 2,98 pour le locus INRACCDDV0108.

La moyenne de H' dans notre étude 1,10, est supérieure de la valeur 0,66 rapporté par Rabie (2020), dans leur étude portant sur les races des lapins commerciales en Égypte, mais elle est inférieure de la valeur de 1,98 observée par Kannegundla et al (2018), dans leur étude portant sur les races des lapins commerciales en Inde, ainsi que la valeur de 2,26 trouvée par Adeolu et al (2021) dans leur étude portant sur des populations locales de lapins au Nigéria.

Les valeurs E pour les 85 locus étudiés étaient d'une valeur moyenne de 0,59, allant de nulle pour le locus RSPO2 à une valeur de 0,86 pour le locus INRACCDDV0087.

Selon les valeurs de H', la majorité des locus étudiés (52/85 locus) présentent une diversité moyenne ( $1 < H' \leq 3$ ), tandis que 33 locus présentent une faible diversité ( $H' \leq 1$ ).

D'après les valeurs d'équitabilité (E), on constate que la majorité des locus examinés, soit 49 sur 85, sont caractérisés par une répartition modérément équitable (avec une équitabilité comprise entre 0,5 et 0,75). En revanche, 21 locus présentent une répartition non équitable (avec une équitabilité entre 0 et 0,5), tandis que 15 locus sont associés à une répartition équitable (avec une équitabilité comprise entre 0,75 et 1).

Les conclusions relatives à ces deux indices révèlent que, dans la plupart des locus, les fréquences alléliques sont relativement uniformément distribuées parmi les différentes variantes alléliques. En revanche, dans certains autres locus, quelques allèles prédominent, tandis que dans un nombre limité de locus, les fréquences alléliques sont réparties de manière très équilibrée entre tous les allèles.

Ces résultats suggèrent que la variabilité génétique de la population locale est modérée, cela souligne l'importance d'améliorer et de préserver cette variabilité génétique.

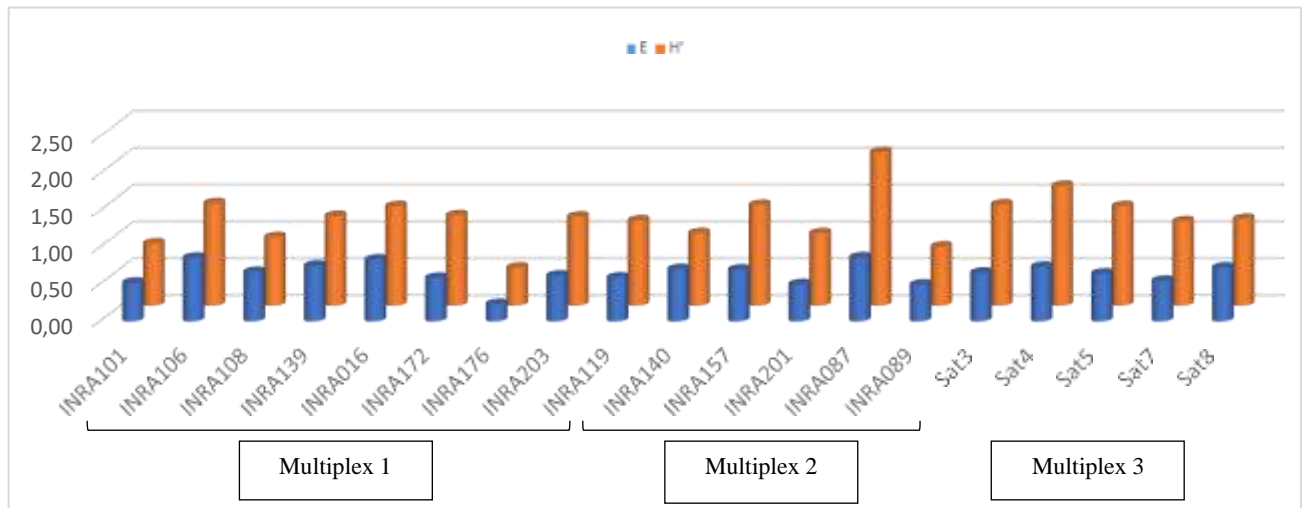


Figure 41. Résultats de H' et de E pour les multiplexes 1, 2, et 3.

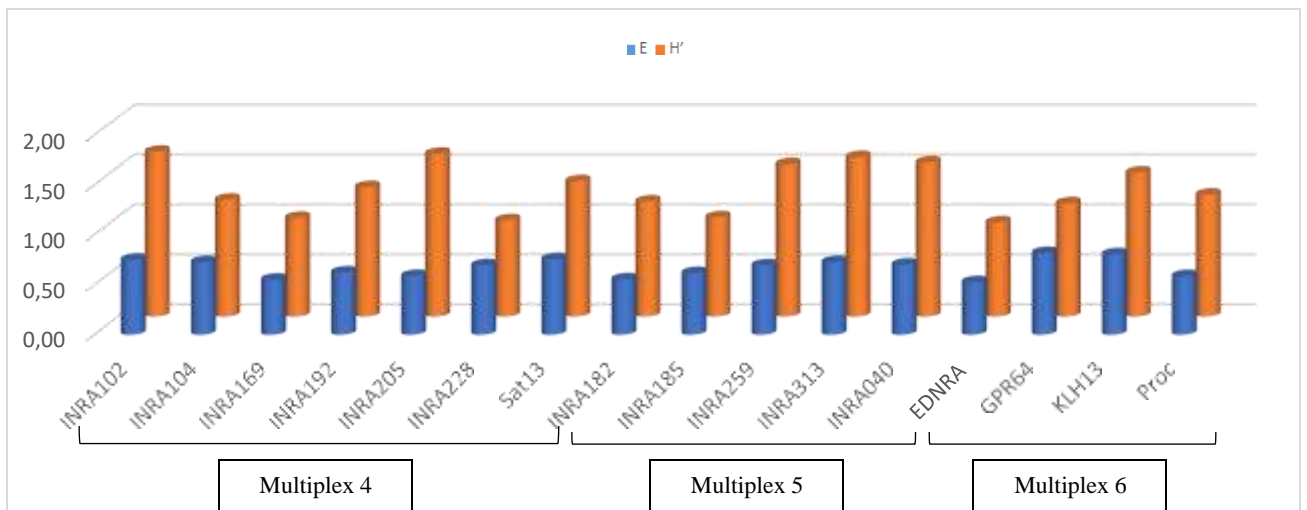


Figure 42. Résultats de H' et de E pour les multiplexes 4, 5, et 6.

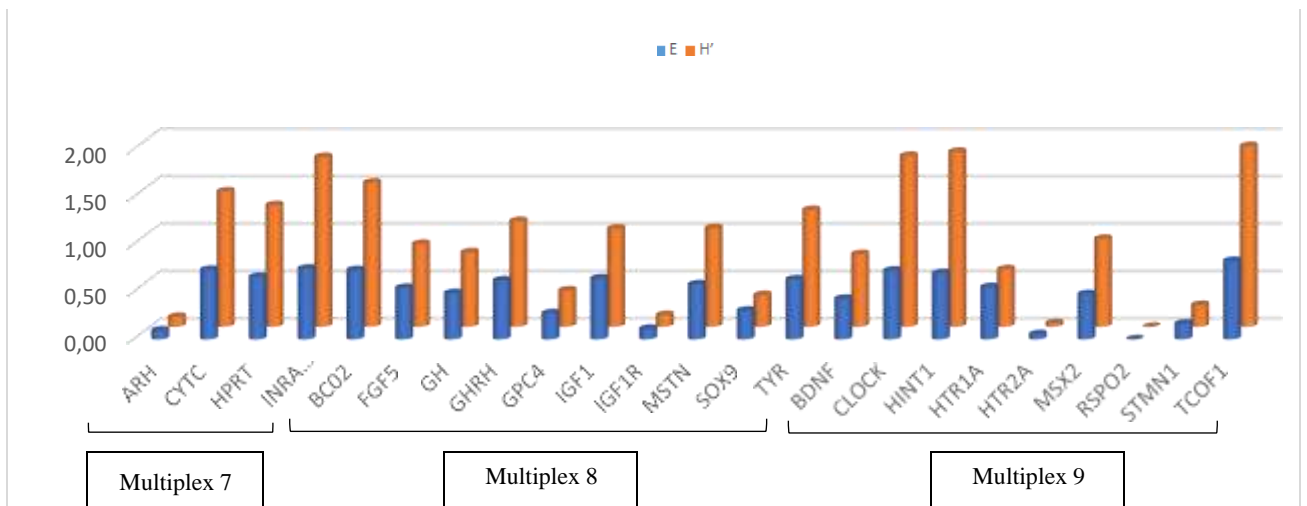


Figure 43. Résultats de H' et de E pour les multiplexes 7, 8, et 9.

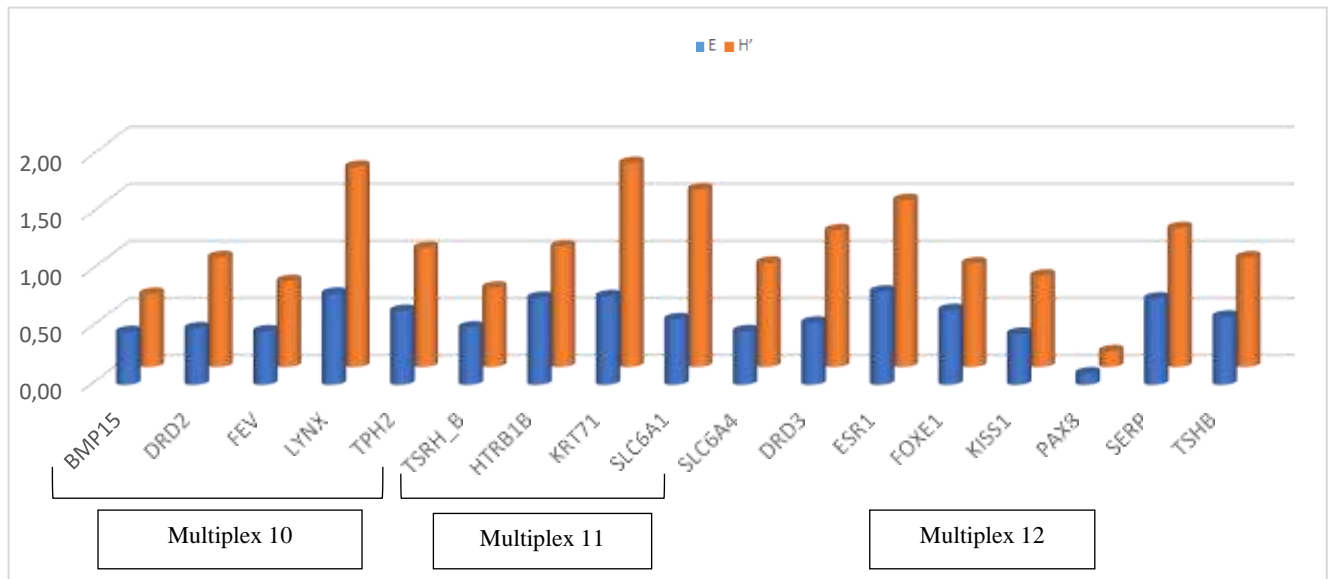


Figure 44. Résultats de H' et de E pour les multiplexes 10, 11, et 12.

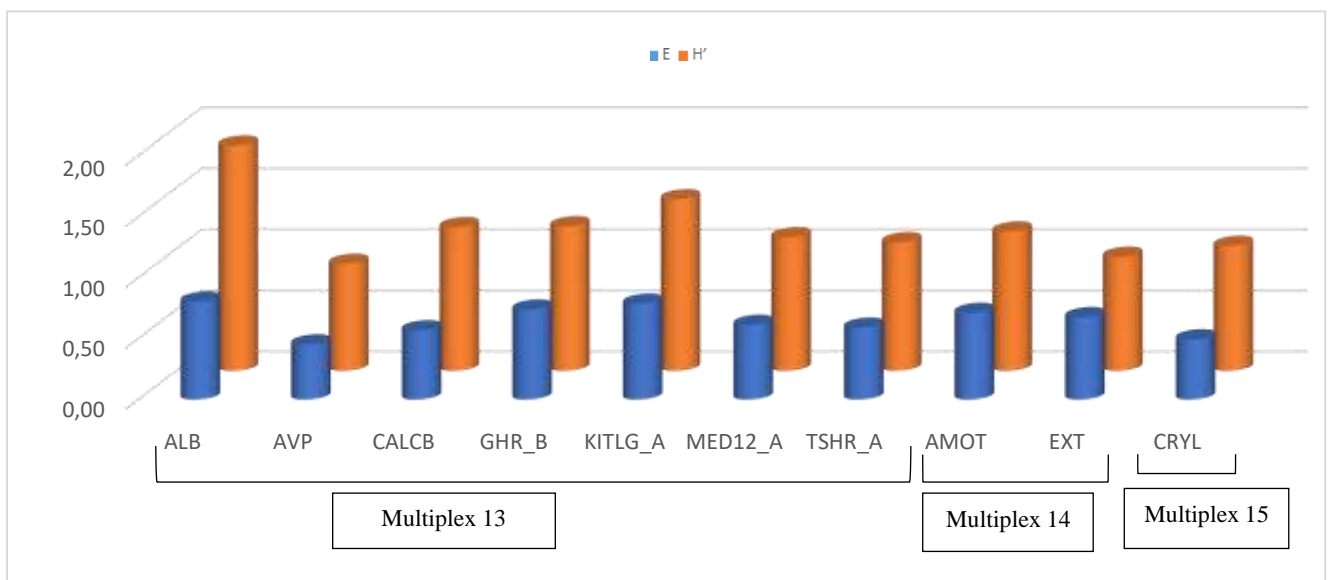


Figure 45. Résultats de H' et de E pour les multiplexes 13, 14, et 15.

### 2.3.2. Variabilité génétique pour chaque locus dans toutes les populations

Un total de 558 allèles a été enregistré pour 85 locus dans toutes les populations étudiées (Tableau 6), parmi lesquels environ 19% sont des allèles privés (106/558). Les valeurs des allèles observés variaient entre 16 et 1 (INRACCDDV0205 et RSPO2, respectivement). La majorité des locus microsatellites ont montré un polymorphisme dans cette étude, sauf le locus RSPO2 qui a présenté un seul allèle. En moyenne, il y a eu 6,56 allèles observés pour les 85 marqueurs microsatellites étudiés.

Le locus DRD3 a présenté le plus grand nombre d'allèles privés (5), tandis que 24 locus n'ont enregistré aucun allèle privé (tableau 6). En moyenne, il y a eu 1,25 d'allèles privés pour les 85 marqueurs microsatellites étudiés.

Les valeurs de l'hétérozygotie observées ( $H_o$ ) variaient de  $0,000 \pm 0,000$  pour les locus HTR2A et RSPO2 à  $0,722 \pm 0,051$  pour le locus ALB, tandis que les valeurs de l'hétérozygotie attendues ( $H_e$ ) variaient de  $0,000 \pm 0,000$  pour le locus RSPO2 à  $0,773 \pm 0,028$  pour le locus TCOF1.

De plus, les valeurs du taux de polymorphisme d'un marqueur (PIC) variaient de 0,083 pour le locus ARH à 0,936 pour le locus TCOF1. Selon les valeurs du PIC (tableau 6), la majorité des locus étudiés (49/85 locus) sont considérés comme très informative ( $PIC > 0,5$ ), tandis que 26 sont considérés comme peu informatives ( $0,25 < PIC < 0,5$ ), et 10 locus sont considérés comme pas très informatives ( $0,25 > PIC$ ). La moyenne du (PIC) pour les 85 marqueurs microsatellites est de 0,51.

Un total de 75 locus a été identifié comme étant en déséquilibre de HWE, ce qui représente 88,3% de tous les locus étudiés, avec divers niveaux de significativité ( $P < 0,05$ ,  $P < 0,01$  et  $P < 0,001$ ), parmi les locus étudiés, 8 locus (9,4%) se sont révélés en déséquilibre de HWE avec une signification très élevée au seuil de ( $P < 0,001$ ). De plus, 18 locus (21,2%) ont montré un déséquilibre de HWE avec une signification élevée au seuil de ( $P < 0,01$ ), tandis que 49 locus (57,6%) ont présenté un déséquilibre de HWE avec une signification au seuil de ( $P < 0,05$ ). Par ailleurs, 10 locus (11,7%) ont été en équilibre de HWE.

**Tableau 6.** Paramètres de variabilité génétique de 85 locus microsatellites pour les sept populations étudiées.

Locus	Na	Pa	H <sub>o</sub> ±SE	H <sub>e</sub> ±SE	PIC	HWE
INRACCDDV 0101	5	1	0,367±0,025	0,418±0,036	0,797	*
INRACCDDV 0106	5	1	0,636±0,037	0,700±0,005	0,695	*
INRACCDDV 0108	4	0	0,468±0,038	0,514±0,030	0,459	**
INRACCDDV 0139	5	0	0,538±0,052	0,611±0,029	0,591	*
INRACCDDV 0016	5	0	0,561±0,037	0,666±0,019	0,662	*
INRACCDDV 0172	8	3	0,551±0,026	0,608±0,034	0,593	*
INRACCDDV 0176	9	3	0,147±0,030	0,183±0,038	0,183	NS
INRACCDDV 0203	7	2	0,331±0,054	0,560±0,047	0,553	*
INRACCDDV 0119	7	3	0,520±0,022	0,602±0,014	0,575	*
INRACCDDV 0140	4	0	0,514±0,042	0,538±0,029	0,466	* *
INRACCDDV 0157	7	2	0,336±0,043	0,586±0,046	0,610	*
INRACCDDV 0201	7	1	0,418±0,037	0,495±0,038	0,454	* *
INRACCDDV 0087	11	2	0,572±0,045	0,817±0,012	0,846	*
INRACCDDV 0089	5	1	0,363±0,051	0,407±0,046	0,390	* * *
SAT 3	8	1	0,591±0,041	0,611±0,032	0,611	*
SAT 4	9	2	0,621±0,063	0,731±0,027	0,744	*
SAT 5	8	1	0,551±0,041	0,584±0,025	0,597	*
SAT 7	8	3	0,451±0,039	0,544±0,024	0,522	*
SAT 8	5	1	0,602±0,023	0,630±0,018	0,602	*
INRACCDDV 0102	9	3	0,718±0,045	0,760±0,014	0,754	*
INRACCDDV 0104	5	0	0,536±0,037	0,571±0,031	0,557	*
INRACCDDV 0169	6	1	0,455±0,044	0,506±0,038	0,481	* *
INRACCDDV 0192	8	1	0,529±0,041	0,577±0,043	0,579	*
INRACCDDV 0205	16	1	0,407±0,042	0,592±0,032	0,601	*
INRACCDDV 0228	4	0	0,414±0,072	0,474±0,056	0,174	NS
SAT 13	6	0	0,710±0,016	0,664±0,015	0,642	*
INRACCDDV 0182	8	4	0,461±0,052	0,592±0,023	0,556	*
INRACCDDV 0185	5	1	0,493±0,053	0,525±0,051	0,489	* *
INRACCDDV 0259	9	1	0,611±0,034	0,674±0,032	0,663	*
INRACCDDV 0313	9	2	0,662±0,040	0,712±0,037	0,727	*
INRACCDDV 0040	9	3	0,626±0,051	0,712±0,014	0,202	NS
EDNRA	6	1	0,403±0,043	0,483±0,024	0,439	* *
GPR 64	4	0	0,585±0,044	0,627±0,021	0,574	*
KLH 13	6	0	0,228±0,039	0,656±0,034	0,674	*
PROC	8	1	0,452±0,037	0,551±0,034	0,546	*
ARH	3	1	0,013±0,009	0,037±0,024	0,038	NS
CYTC	7	0	0,449±0,022	0,656±0,024	0,642	*
HPRT	7	0	0,229±0,038	0,569±0,048	0,581	*
INRACCDDV 0342	11	2	0,633±0,033	0,748±0,022	0,755	*
AMOT	5	0	0,247±0,037	0,553±0,032	0,336	* * *
EXT	4	1	0,423±0,037	0,513±0,024	0,470	* *
CRYL	8	2	0,451±0,051	0,489±0,034	0,473	* *
BC 02	8	2	0,617±0,046	0,686±0,032	0,690	*
FGF 5	5	1	0,413±0,057	0,486±0,032	0,431	* *
GH	5	1	0,390±0,063	0,377±0,055	0,369	* *
GHRH	6	0	0,429±0,055	0,528±0,020	0,710	*

GPC 4	4	1	0,020±0,09	0,159±0,033	0,160	NS
IGF 1	5	0	0,469±0,046	0,567±0,025	0,511	*
IGF 1R	3	0	0,045±0,019	0,043±0,018	0,445	* *
MSTN	6	0	0,424±0,037	0,501±0,032	0,480	* *
SOX 9	3	1	0,159±0,051	0,160±0,041	0,156	NS
TYR	7	2	0,397±0,058	0,613±0,035	0,593	*
BDNF	6	1	0,323±0,031	0,339±0,030	0,328	* * *
CLOCK	12	3	0,698±0,025	0,759±0,015	0,258	* * *
HINT 1	14	3	0,592±0,039	0,735±0,022	0,746	*
HTR 1A	3	0	0,176±0,046	0,327±0,044	0,936	*
HTR 2A	2	1	0,000±0,000	0,013±0,013	0,113	NS
MSX 2	7	3	0,448±0,068	0,485±0,037	0,444	* *
RSPO 2	1	0	0,000±0,000	0,000±0,000	0,260	* * *
STMN 1	4	2	0,100±0,033	0,092±0,030	0,192	NS
TCOF 1	10	2	0,665±0,034	0,773±0,028	0,788	*
BMP 15	4	1	0,132±0,023	0,318±0,044	0,309	* * *
DRD 2	7	3	0,502±0,051	0,511±0,040	0,466	* *
FEV	5	2	0,321±0,046	0,376±0,040	0,155	NS
LYNX	9	2	0,584±0,035	0,758±0,006	0,763	*
TPH 2	5	1	0,421±0,046	0,561±0,017	0,522	*
TSRH B	4	1	0,407±0,017	0,426±0,017	0,354	* * *
HTRB 1B	4	0	0,507±0,052	0,593±0,025	0,544	*
KRT 71	10	1	0,457±0,055	0,746±0,017	0,770	*
SLC 6A1	15	3	0,499±0,037	0,589±0,079	0,622	*
SLC 6A4	7	2	0,423±0,044	0,482±0,034	0,433	* *
DRD 3	9	5	0,449±0,037	0,605±0,025	0,553	*
ESR 1	6	0	0,560±0,044	0,687±0,039	0,686	*
FOXE 1	4	1	0,239±0,051	0,541±0,024	0,465	* *
KISS 1	6	1	0,361±0,047	0,379±0,044	0,363	* * *
PAX 8	4	0	0,046±0,020	0,045±0,019	0,145	NS
SERP	5	1	0,275±0,052	0,630±0,034	0,612	*
TSHB	5	1	0,485±0,055	0,491±0,034	0,477	* *
ALB	10	0	0,722±0,051	0,773±0,020	0,774	*
AVP	7	2	0,449±0,052	0,458±0,048	0,418	* *
CALCB	8	2	0,458±0,069	0,507±0,065	0,518	*
GHR B	5	1	0,573±0,011	0,626±0,013	0,599	*
KITLG A	6	0	0,507±0,036	0,677±0,019	0,663	*
MED 12A	6	1	0,176±0,023	0,541±0,040	0,521	*
TSHR A	6	0	0,477±0,051	0,569±0,023	0,512	*

Nombre d'allèles observés par locus (Na), nombre d'allèles privés par locus (Pa), la moyenne d'hétérozygotie observée et l'hétérozygotie attendue par locus ( $H_o$  et  $H_e$ ), taux de polymorphisme par locus (PIC), signification de l'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE) : \* $P < 0,05$  ; \*\* $P < 0,01$  ; \*\*\* $P < 0,001$  ; NS : non significatif.

Dans notre étude, un nombre élevé de loci 84 parmi les 85 loci (soit 98,82%) sont polymorphes, ce qui est proche de résultats de Boukabane et al (2018), qui ont observé que tous les 15 loci (soit 100%) étudiés chez les populations locales de lapins algériens sont polymorphes. De manière similaire, les travaux de Ben-Larbi et al (2014) sur les lapins tunisiens ont montré que tous les 36 loci étudiés étaient polymorphes. De plus, Emam et al (2017) ont observé que tous les 19 loci étudiés chez les lapins égyptiens étaient polymorphes, tandis qu'Adeolu et al (2021) ont trouvé que les tous les 8 loci étudiés chez les populations de lapins nigériens étaient également polymorphes. De même, Kannegundla et al (2018) ont observé que tous les 12 locus étaient polymorphes chez des races de lapin commercial en Inde.

Cependant, ce résultat était supérieur aux 81% de polymorphisme des microsatellites chez les lapins européens, tel que rapporté par Chantry-Darmon et al (2006).

Il est toujours recommandé d'utiliser des locus microsatellites fortement polymorphes afin d'obtenir des résultats plus précis et qui reflètent davantage la variabilité génétique dans ce genre d'études selon El-Aksher et al (2016).

La moyenne de nombre d'allèles observés par locus dans notre étude (6,56), est proche de celle rapportée par El Akchar (2016) pour les populations de lapins égyptiens, qui est de 6,75. Cette moyenne est supérieure à la valeur de 3,30 observée par Ben Larbi et al (2014), mais inférieure à la valeur de 7,94 trouvée par Emam et al (2017), ainsi qu'à la valeur de 14,26 observée par Boukabane et al (2018).

Les variations dans les valeurs observées entre les races et les populations étudiées peuvent être principalement dépendantes de nombre de microsatellites utilisés. Les études ayant enregistré les moyennes les plus élevées en termes de nombre d'allèles observés sont celles qui ont utilisé un nombre limité de microsatellites (19 pour Emam et al, 2017, et 15 pour Boukabane et al, 2018), dans ces études, les locus ont été sélectionnés parmi les plus polymorphes. En revanche, les travaux qui ont enregistré des moyennes moins importantes en termes de nombre d'allèles observés sont ceux qui ont utilisés un grand nombre de microsatellites (85 pour notre étude et 36 pour Ben Larbi et al, 2014). Trouver un grand nombre de loci tous fortement polymorphes est un peu difficile.

De plus, selon Berber (2014), ces variations peuvent être partiellement attribuées aux différences dans le nombre d'individus étudiés ainsi qu'à la composition génétique des populations examinées.

Les valeurs de PIC dans notre étude variaient de 0,083 à 0,936, avec une moyenne de 0,51. Selon la classification des valeurs de PIC établie par Liu et al (2014), la majorité des

locus étudiés (57,64 % des locus) sont considérés comme très informatifs ( $PIC > 0,5$ ), tandis que 30,58 % sont considérés comme moyennement informatifs ( $0,25 < PIC < 0,5$ ), et 11,76 % des locus sont considérés comme pas peu informatifs ( $PIC < 0,25$ ).

Nos résultats sont plus élevés que 25% de marqueurs hautement informatifs rapportées par Li et al (2020), dans leur étude portant sur la variabilité génétique des lapins de la race Néo-Zélandaise blanche en Chine, basée sur l'analyse de 43 microsatellites. Elles sont également supérieures aux valeurs trouvées par Rabie (2020), dans leur étude portant sur les races des lapins commerciales en Égypte, basée sur l'analyse de 9 microsatellites, ils ont relevé une proportion de 22 % de marqueurs très informatifs.

Cependant, nos résultats sont inférieurs à 91% de marqueurs très informatifs rapportées par Badr et al (2019), dans leur étude portant sur les populations locales des lapins en Égypte, basée sur l'analyse de 12 microsatellites, ainsi que par Boukabane et al (2018), qui ont constaté que tous les marqueurs (15) étudiés étaient très informatifs.

Les valeurs élevées du PIC sont observées au moment où les loci présentent de nombreux allèles avec des fréquences alléliques équitablement réparties (Boukabane et al, 2018 ; Badr et al, 2019).

Les résultats de notre étude indiquent que la plupart de ces microsatellites sont très utiles pour les recherches sur la diversité génétique ainsi que pour la création de cartes génétiques chez les populations locales de lapins, comme mentionné par El-Aksher et al en (2016) et Badr et al en (2019).

Parmi les 85 locus microsatellites, un pourcentage de 88,3% de marqueurs ont montré des niveaux significatifs de test d'équilibre de Hardy-Weinberg (HWE) à divers seuils de signification ( $P < 0,05$  ;  $P < 0,01$  et  $P < 0,001$ ). Ce résultat est proche de résultats de Carneiro et al (2011), qui ont obtenu un résultat similaire de 89,6% de locus présentant un déséquilibre par rapport à l'équilibre de HWE parmi les races domestiques de lapins en Europe.

Notre résultat se rapproche également de celui de Bader et al (2019), qui ont relevé que 83,33% des locus étaient en déséquilibre de HWE, ainsi que d'El Akchar et al (2016), qui ont observé que 93,75% des locus étaient en déséquilibre de HWE, et de Lie et al (2020), qui ont rapporté que 72,09% des locus étaient en déséquilibre.

En revanche, Boukabane et al (2018) ont observé que seulement 46,66% des locus présentaient un déséquilibre par rapport à l'équilibre de HWE, et les résultats d'Adeolu et al (2021) ont montré une proportion très limitée de locus étaient en déséquilibre. En absence de forces évolutifs telles que la sélection, la mutation ou la migration susceptibles de changer les fréquences alléliques au fil du temps, et lorsque l'accouplement des individus de la population

est du type panmictique, et dans une population de grande taille, les fréquences génotypiques d'une génération résultent toujours du produit des fréquences alléliques de la génération précédente, et ces fréquences restent stable au fil des générations. Dans cette situation, la population est considérée comme étant en équilibre de de HWE (Bourgain et al, 2004).

Le test de l'équilibre de HWE examine principalement si le mode de reproduction est du type panmictique ou non dans la population, et par conséquent, il permet de déterminer si la population est en état d'équilibre de HWE ou non (Harry, 2008).

La divergence des populations examinées de la situation de l'équilibre pour la plupart des locus, malgré la collecte aléatoire d'échantillons, peut être attribuée au mode de reproduction non panmictique, qui est typique des animaux d'élevage. Cette situation découle des unions entre individus apparentés et les pratiques de sélection appliquées par les éleveurs.

Cette déviation par rapport à l'équilibre peut être attribuée aussi à l'existence d'allèles qui ne sont pas amplifiés lors de la PCR, appelés allèles nuls. Selon Laliberte (1998), une mutation se produisant au niveau d'un microsatellite pourrait avoir pour effet de bloquer l'amplification de l'ADN, ce qui conduit à la manifestation d'allèles nuls.

Ces allèles nuls réduisent le nombre d'hétérozygotes enregistrés, ce qui conduit à une réduction de nombre d'hétérozygotes attendus. Par conséquent, la population s'écarte de la situation de l'équilibre.

### 2.3.3. F-statistiques pour chaque locus

Les F statistiques ( $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  et  $F_{IT}$ ) pour chaque locus au sein des sept populations sont illustrées dans les figures (46) a (50).

Les F statistiques visent à décrire les populations et les races qui présentent une La diminution de l'hétérozygotie résultant de la consanguinité. (Falconer et Mackay, 1996). La réduction de l'hétérozygotie observée parmi les populations étudiées pourrait être expliquée par la consanguinité qui s'est produite à chaque locus.

Le  $F_{ST}$  (différenciation génétique par paires entre les populations ou les races) est un paramètre qui évalue le niveau de variation génétique entre deux sous populations (Wright, 1951). Wright (1978) établit quelques critères pour l'interprétation des valeurs de  $F_{ST}$ , notamment :

- ✓ Les valeurs de  $F_{ST}$  entre 0 et 0,05 révèlent une différenciation génétique légère entre populations, mais cette différenciation reste significative ;
- ✓ Les valeurs de  $F_{ST}$  entre 0,05 et 0,15 révèlent une différenciation que l'on peut qualifier de modérée entre populations ;
- ✓ Les valeurs de  $F_{ST}$  entre 0,15 à 0,25 révèlent une différenciation génétique considérable, entre populations.

Les valeurs de  $F_{ST}$  pour toutes les populations examinées étaient d'une valeur moyenne de  $0,061 \pm 0,011$ , allant de 0,019 pour le locus GPR64 à une valeur de 1,000 pour le locus RSPO2.

La valeur moyenne de  $F_{ST}$  0,061 obtenue dans notre étude est proche de 0,064, obtenue par Adeolu et al (2021), et est plus élevée que la valeur 0,04 rapporté par Kannegundla et al (2018), ainsi que la valeur de 0,0479 rapportée par Omotoso et al (2019) dans leur étude sur les races commerciales de lapin au Nigeria, et la valeur de 0,034 enregistré par Abdel-Kafy et al (2018) dans leur étude sur les populations locales de lapin en Égypte.

Cependant, nos résultats sont inférieurs à 0,138, 0,168 et 0,186 enregistrés respectivement par Badr et al (2019), Boukabane et al (2018) et Rabie (2020).

Notre valeur de  $F_{ST}$  (0,061) indique qu'il y avait une différenciation génétique une différenciation que l'on peut qualifier de modérée parmi les sept populations de lapins étudiées. Effectivement, 6,1% de la variabilité génétique totale provient de la variabilité entre les populations, ce qui indique que 93,9 % de la variation génétique totale était expliquée par la variabilité individuelle.

Le niveau modéré de différenciation génétique (0,061) peut être expliqué par le niveau élevé de flux génique (migration), ce qui suggère une possible combinaison génétique (reproduction inter-populations) entre les populations locales de lapins (Omotoso et al, 2019).

Les valeurs de  $F_{IT}$  variaient de -0,041 pour les microsatellites GPR64 et STMN1 à 1,000 pour le microsatellite RSPO2 et le microsatellite HTR2A. En moyenne, elle est de  $0,245 \pm 0,024$  pour toutes les populations examinées.

La valeur moyenne de  $F_{IT}$  (0,245) obtenue dans notre étude est proche de la valeur 0,238, obtenue par Kannegundla et al (2018), et de la valeur 0,235 obtenue par Emam (2018), et elle est plus élevée que la valeur 0,013 rapporté par Adeolu et al (2021), ainsi que la valeur de -0,136 rapportée par Rabie (2020), et la valeur de 0,071 rapportée par Badr et al (2019).

Cependant, nos résultats sont inférieurs à 0,283, rapportée par Boukabane et al (2018) et la valeur 0,279 enregistrés par Grimal et al (2012), dans leur étude sur les relations phylogénétiques entre quatre races égyptiennes et une lignée espagnole de lapins en Égypte.

Dans notre étude, quatre (4) locus présentent des valeurs négatives, en  $F_{IT}$  (SAT13, IGF1R, STMN1, et PAX8), ce qui signifie un excès d'hétérozygotie pour ces 4 locus, tandis que les autres locus (81) présentent des valeurs positives, ce qui signifie un déficit d'hétérozygotie pour ces locus.

Notre valeur de  $F_{IT}$  (0,245) indique un déficit d'hétérozygotie pour l'ensemble des individus, selon Wright (1951) ce déficit est un indicateur de déviation de la panmixie, en raison du mode de reproduction entre individus apparentés (consanguinité), une pratique largement observée dans les élevages de lapins en Algérie.

Le coefficient  $F_{IS}$  peut-être interpréter comme une mesure de consanguinité qui peut être existe à l'intérieur de la population. Le  $F_{IS}$  est un estimateur de consanguinité (Keller et Waller, 2002).

Les valeurs de  $F_{IS}$  variaient de -0,082 pour le microsatellite STMN1 à 1,000 pour le microsatellite HTR2A. En moyenne, elle est de  $0,198 \pm 0,023$  pour toutes les populations examinées.

La valeur moyenne de  $F_{IS}$  (0,198) obtenue dans notre étude est proche de la valeur 0,208, obtenue par Kannegundla et al (2018), et de la valeur 0,139 obtenue par Boukabane et al (2018), et elle est plus élevée que la valeur -0,053 rapporté par Adeolu et al (2021), et la valeur de 0,075 rapportée par Badr et al (2019).

Dans notre étude, cinq (5) locus présentent des valeurs négatives, en  $F_{IS}$  (Sat13, IGF1R, STMN1, GH, et PAX8), ce qui signifie un excès d'hétérozygotie pour ces 5 locus,

tandis que les autres locus (80) présentent des valeurs positives, ce qui signifie un déficit d'hétérozygotie pour ces locus.

La valeur de  $F_{IS}$  (0,198) que nous avons obtenue pour l'ensemble des marqueurs et des populations était légèrement supérieur à zéro, ce qui indique un niveau modéré de consanguinité.

Ces niveaux élevés de consanguinité peuvent être attribués aux accouplements entre des individus étroitement apparentés, résultant du nombre limité d'animaux dans les élevages, de plus, il est possible que certains marqueurs soient associés à des caractères de production, ces caractères sont sélectionnés par les éleveurs, ce qui accroît la consanguinité au sein des populations (Emam, 2018 ; Boukabane et al, 2018 ; Bader et al, 2019).

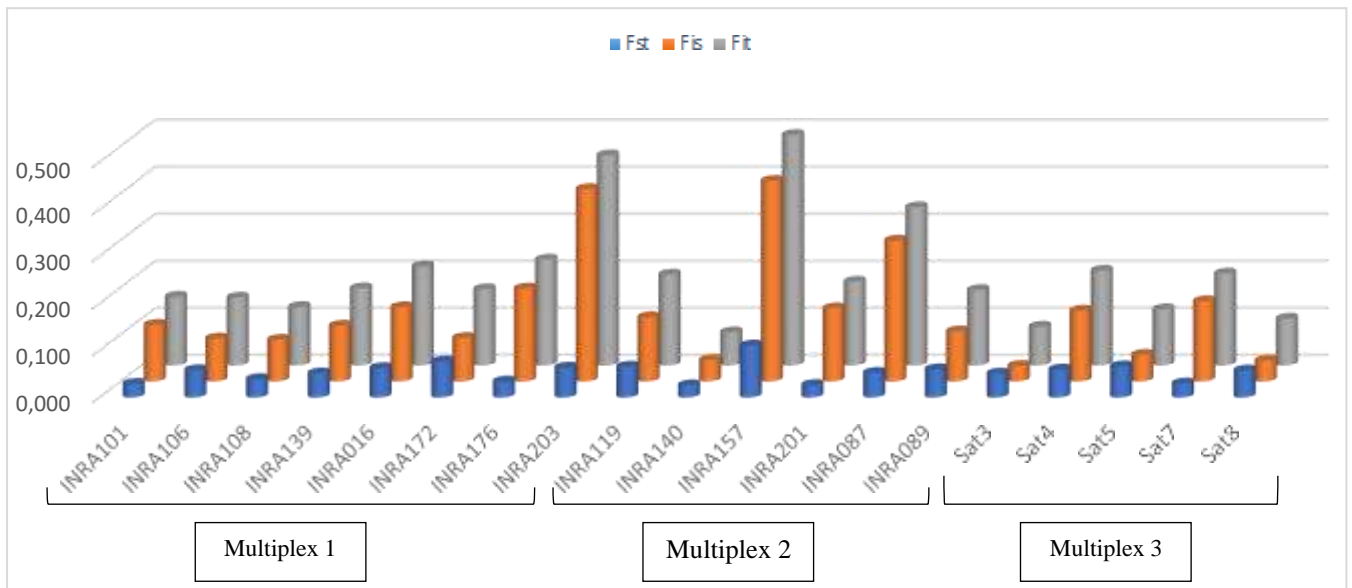


Figure 46. F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 1, 2, et 3.

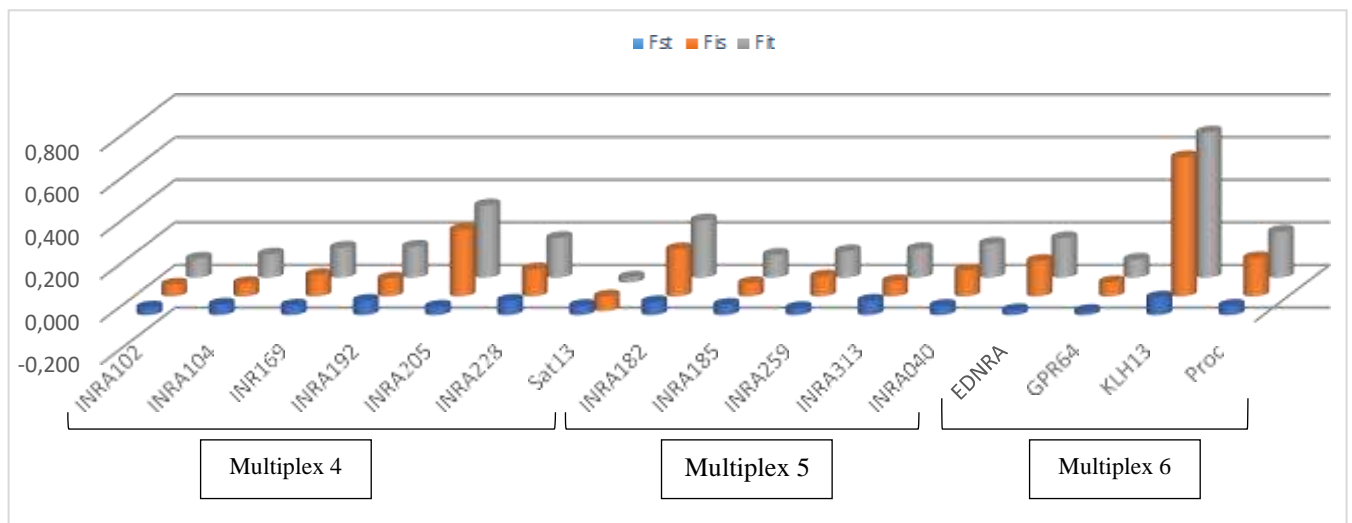


Figure 47. F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 4, 5, et 6.

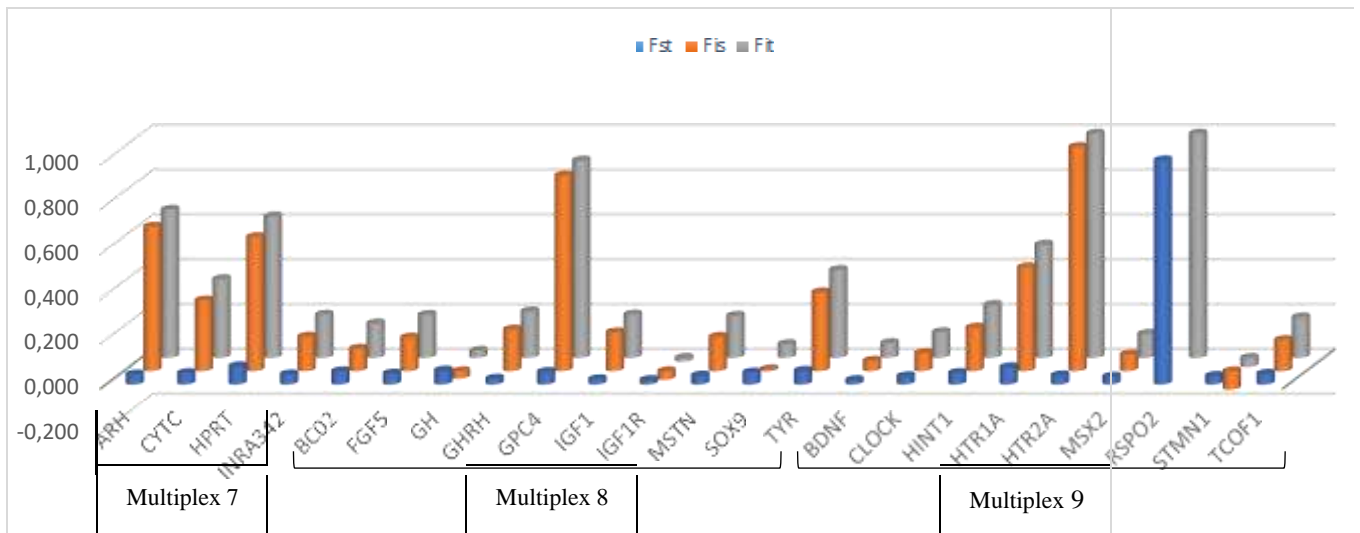


Figure 48. F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 7, 8, et 9.

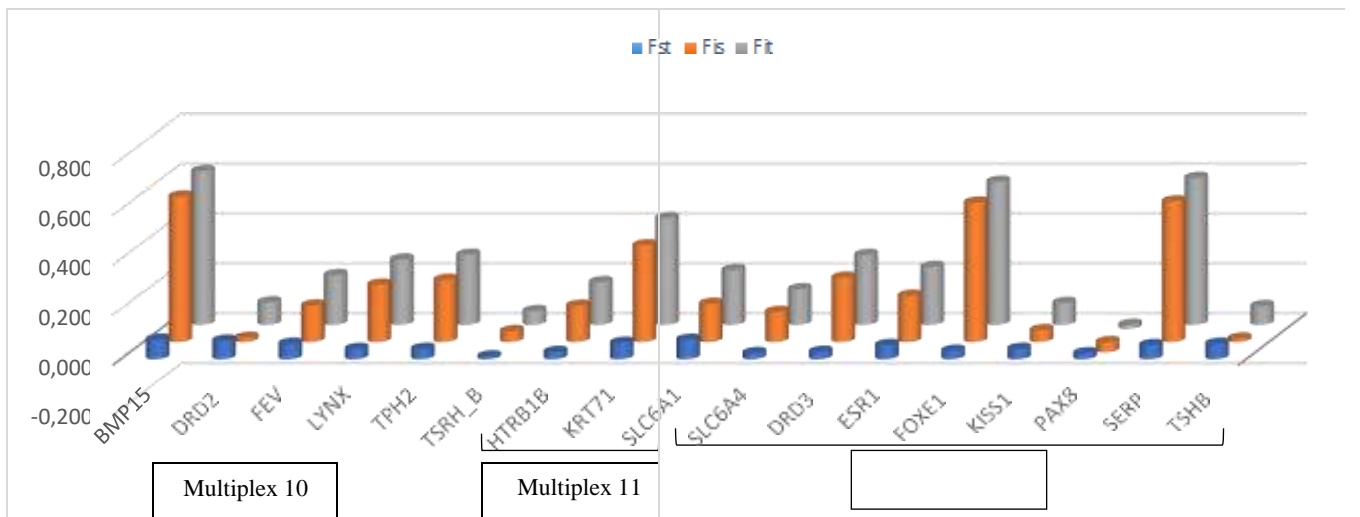


Figure 49. F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 10, 11, et 12.

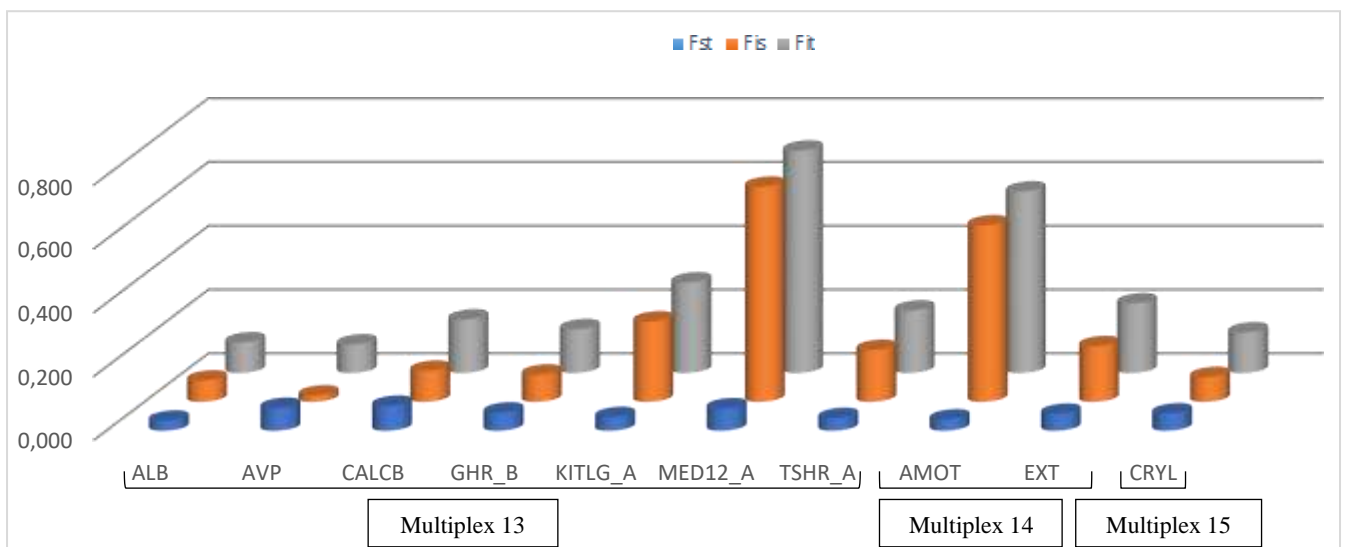


Figure 50. F statistiques pour chaque locus des Multiplexes 13, 14, et 15.

## 2.4. Paramètres de la diversité génétique intra-population

Les données relatives à la variabilité génétique au sein des sept populations locales de lapins en Algérie sont résumées dans le tableau (7).

Les moyennes de nombre d'allèles observés (MNa) et d'allèles privés (Pa), les moins élevées ont été enregistré à la population d'El Taref (4 et 9), tandis que les moyennes de MNa et de Pa les plus élevées, ont été enregistré à la population de Laghouat (4,482 et 23), avec une moyenne de  $4,277 \pm 0,071$  pour les valeurs de MNa et une moyenne de 15,1 pour les valeurs de Pa.

Les valeurs d'hétérozygotie observées ( $H_o$ ), pour chaque population, variaient de 0,412 à Sidi Bel Abbès, à 0,448 à Faidh El Botma, avec une moyenne de  $0,427 \pm 0,008$ . Cependant, l'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) dans l'ensemble des populations variaient entre 0,543 à Laghouat et 0,501 à El Taref, avec une moyenne de  $0,524 \pm 0,008$ .

De plus, le coefficient de consanguinité ( $F_{IS}$ ) par population était significativement plus élevé ( $P \leq 0,05$ ) dans la population de Laghouat (0,232) que dans la population d'El Taref (0,149), avec une moyenne de 0,187.

De plus, les valeurs de la richesse allélique (Ar) variaient entre 2,913 à Laghouat et 1,833 à El Taref, avec une moyenne de  $2,349 \pm 0,188$ .

**Tableau 7.** Paramètres de diversité génétique chez les sept populations de lapins locales.

Populations de lapins locales	MNa $\pm$ SE	Pa	$H_o \pm$ SE	$H_e \pm$ SE	Ar $\pm$ SE	$F_{IS}$
El Taref	4,000 $\pm$ 0,190	9	0,425 $\pm$ 0,022	0,501 $\pm$ 0,023	1,833 $\pm$ 0,142	0,149 <sup>f</sup>
Mostaganem	4,035 $\pm$ 0,158	11	0,433 $\pm$ 0,022	0,521 $\pm$ 0,021	2,003 $\pm$ 0,157	0,166 <sup>c</sup>
Sidi Bel Abbès	4,329 $\pm$ 0,206	17	0,412 $\pm$ 0,023	0,522 $\pm$ 0,022	2,386 $\pm$ 0,214	0,182 <sup>d</sup>
M'Sila	4,259 $\pm$ 0,200	14	0,438 $\pm$ 0,021	0,534 $\pm$ 0,022	2,111 $\pm$ 0,173	0,170 <sup>e</sup>
Dar Chioukh	4,400 $\pm$ 0,185	15	0,389 $\pm$ 0,022	0,513 $\pm$ 0,023	2,542 $\pm$ 0,199	0,197 <sup>c</sup>
Faidh El Botma	4,435 $\pm$ 0,181	17	0,448 $\pm$ 0,024	0,536 $\pm$ 0,023	2,661 $\pm$ 0,222	0,213 <sup>b</sup>
Laghouat	4,482 $\pm$ 0,193	23	0,441 $\pm$ 0,024	0,543 $\pm$ 0,023	2,913 $\pm$ 0,210	0,232 <sup>a</sup>
Valeur moyenne	4,277 $\pm$ 0,071	15,1	0,427 $\pm$ 0,008	0,524 $\pm$ 0,008	2,349 $\pm$ 0,188	0,187

Moyenne des d'allèles observés (MNa), erreur standard (SE), nombre d'allèles privés (Pa), moyenne d'hétérozygotie observée et moyenne d'hétérozygotie attendue ( $H_o$  et  $H_e$ ), richesse allélique (Ar), coefficient de consanguinité ( $F_{IS}$ ). Les valeurs suivies de différentes lettres (a, b, c, d, e et f) dans la dernière colonne sont significativement différentes ( $P \geq 0,05$ ).

D'après le tableau (7), les valeurs de MNa varient de 4 à 4,482, et les valeurs de Pa varient de 9 à 23, tandis que les valeurs moyennes pour MNa et Pa chez les sept populations de lapins locales étaient respectivement de 4,277 et 15,1.

Ces résultats sont presque similaires aux valeurs enregistrées en Algérie et dans les régions nord-africaines telles que l'Égypte et la Tunisie. En Algérie, Boukabane et al (2018) ont observé des valeurs de MNa entre 5,67 et 6,133 pour les 4 populations locales étudiées.

En Égypte, Emam et al (2017) ont trouvé des valeurs de MNa entre 4,316 et 6,000, tandis que les valeurs enregistrées pour Pa variaient entre 5 et 15, Bader et al (2019) ont observé des valeurs de MNa entre 5 et 5,75, Abdel-Kafy et al (2018) ont observé des valeurs de MNa entre 5,625 et 6,625, et El Akchar et al (2016) ont observé des valeurs de MNa entre 4,69 et 5,50.

D'autre part, Ben Larabi et al (2014) en Tunisie, ont trouvé des valeurs de MNa variaient de 3,000 à 4,370.

Nos résultats sont proches aussi de résultats de Alves et al (2015) pour des races de lapins domestiques européens, ils ont signalé des valeurs de MNa entre 2,000 et 3,644.

De plus, dans cette étude, les valeurs de l'hétérozygotie attendue sont plus grandes que les valeurs d'hétérozygotie observées ( $H_e > H_o$ ) pour presque tous les locus (81/85) (tableau 6), et chez toutes les populations (tableau 7), ce résultat est similaire de résultats rapporté par Ben Larabi et al (2014), Emam et al (2017), Boukabane et al (2018), Kannegundla et al (2018), et Badr et al (2020).

Les valeurs de coefficient de consanguinité ( $F_{IS}$ ) sont tous positifs, chez les sept populations étudiées. Ce résultat est similaire de résultats rapporté par Ben Larabi et al (2014), Emam et al (2017), Boukabane et al (2018), Kannegundla et al (2018), et Badr et al (2020).

Les valeurs de  $H_e$  qui sont plus grands que les valeurs de ( $H_o$ ) dans cette étude, ainsi que les valeurs positives de  $F_{IS}$ , sont considérés comme un signe significatif d'une consanguinité élevée, comme mentionné par Schmidt et al (2021).

Nos valeurs de la richesse allélique ( $A_r$ ) qui sont entre 2,913 et 1,833, avec une moyenne de  $2,349 \pm 0,188$ , sont similaires aux valeurs rapportées par Alves et al (2015), pour des races européennes, ou ils ont enregistré des valeurs de ( $A_r$ ) entre 1,78, et 2,60, tandis qu'ils sont largement inférieurs aux valeurs de  $A_r$  enregistrées chez les populations des lapins sauvages en Europe rapportées par le même auteur (entre 7.27 et 10.68).

Les estimations de la variabilité génétique observées à l'intérieur des différentes populations étudiées ainsi que les estimations de la diversité génétique chez les races

domestiques européennes rapportées par Alves et al (2015) étaient généralement faibles, surtout les valeurs de MNa et de l'Ar, par rapport aux valeurs enregistrées chez les populations des lapins sauvages.

Alves et al (2015) ont indiqué que la faible variabilité génétique à l'intérieur des populations et des races domestiques de lapin par rapport aux populations de lapins sauvages est le résultat direct l'effet de goulets d'étranglement (bottleneck effect) produits lors de formations des races et des populations domestiques.

Un goulot d'étranglement de population survient lorsque la taille d'une population diminue brusquement en raison d'événements aléatoires, tels que la mort d'un nombre considérable d'individus suite à une catastrophe environnementale, à la dégradation de l'habitat, ou à cause des maladies (Choudhuri, 2014). Ce qui induit à la réduction de la variabilité génétique interne de ces populations.

Les valeurs faibles de Ar dans notre étude suggèrent que la population locale a été exposée à une réduction du nombre d'individus, probablement due à l'effet du goulot d'étranglement. Selon Nei et al (1975), la richesse allélique pourrait servir d'indicateur d'une forte réduction d'effectif d'individus dans la population ou l'exposition de population aux goulets d'étranglement dans le passé.

Une diminution de la richesse allélique pourrait conduire à une diminution de la capacité d'adaptation de la population aux futurs changements environnementaux (Edwards, 2000).

Dans notre étude, les valeurs de diversité génétique (MNa, Pa, et Ar) les plus élevées ont été observées vers le Sud (populations de Laghouat, Faïdh El Botma et Dar Chioukh). La population d'El Taref, présente les niveaux les plus bas de diversité génétique (MNa, Pa et Ar) parmi les sept populations examinées.

Ce résultat est proche de résultats obtenus par Emam et al (2017), qui ont trouvé une grande diversité chez les populations de lapins locales égyptiennes du Sud (Emam et al, 2017).

L'origine de cette situation est inconnue, cependant, nous émettons quelques hypothèses qui pourraient expliquer cette situation :

La première cause possible est probablement l'exposition des populations du Nord, en particulier celles d'El Taref et de Mostaganem, à des conditions difficiles, comme les maladies. Ces circonstances ont conduit à une diminution progressive des effectifs de ces populations sur des périodes spécifiques, entraînant ainsi la disparition de certaines allèles (l'effet de goulets d'étranglement). Selon Chakraborty et Kimmel (2001), Il a été connu

depuis longtemps que les goulots d'étranglement de population entraînent une réduction de la variation génétique.

Si l'on ajoute à cela le facteur de consanguinité élevée, une caractéristique prédominante parmi les populations locales de lapins (cela était évident à travers les indices  $F_{IS}$  et  $F_{IT}$  positifs, ainsi que le déficit d'hétérozygotie  $H_e > H_o$ ), toutes ces composantes ont contribué à une réduction de la variabilité génétique de ces populations.

Une autre explication possible est le fait que l'élevage de lapins est une activité marginale et que la consommation de lapins est rare dans ces zones, en particulier dans la zone de El Taref. Par conséquent, les éleveurs n'ont pas cherché à introduire des individus issus d'autres populations ou d'autres races.

Par conséquent, ces populations ont connu des flux de gènes moins importants que les autres populations, de plus, ces populations ont été fortement soumises à la consanguinité et à la dérive génétique en raison de la faible taille des élevages dans ces zones. Selon Nonić et Šijačić-Nikolić (2021) le flux de gènes contribue constamment à accroître la diversité génétique interne de la population, tandis que la dérive génétique réduit systématiquement la diversité génétique de la population.

La troisième explication possible, est que cette situation pourrait être due aux températures élevées dans les zones de Sud, qui entraînent une augmentation des mutations dans ces zones, selon Woldvogel et Pfenninger en (2021), les températures élevées augmentent toujours le taux de mutations.

Afin de garantir une compréhension complète des véritables raisons derrière cette situation, il est important d'entreprendre d'autres recherches incluent tous les facteurs possibles de cette situation.

Les résultats de paramètres de diversité génétique indiquent que la population locale de lapin est en situation critique, en particulier dans les régions du Nord, notamment dans la zone de El Taref. Cela nécessite l'élaboration de programmes visant à préserver nos populations locales de lapins.

## 2.5. Paramètres de la diversité génétique inter-population

### 2.5.1. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

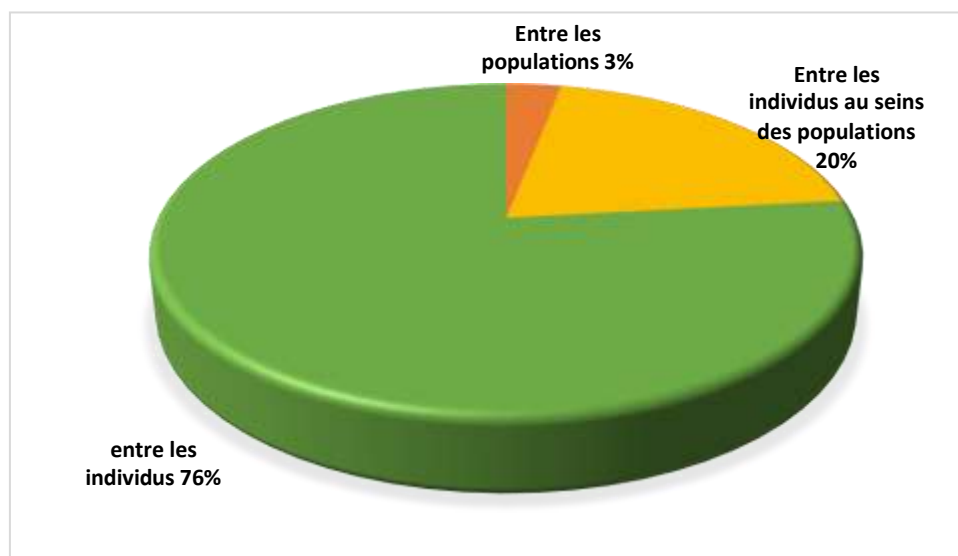
Les principaux résultats de l'AMOVA, sont résumés dans la figure (51).

Les résultats indiquent que 3% de la variabilité génétique totale est le résultat de différences génétiques entre les populations, tandis que 20% de cette variabilité était due aux différences entre les individus au sein des populations, et la grande majorité, soit 76%, de la variabilité génétique se trouvait entre les individus.

Nos résultats ont montré une variation inter-population plus significative que ce qui a été rapporté par Adeolu et al (2021) au Nigeria, où ils ont observé des pourcentages de variation inter-population plus faibles, seulement 1%. En revanche, nos résultats affichent une variabilité inter-population moindre que les pourcentages observés par Alves et al (2015) en Europe (22%) ainsi que par Rabie (2020) en Égypte (22,2%).

Effectivement, 3% de la variabilité génétique totale provient de la variabilité entre les populations, ce qui indique que la majorité de la variation génétique totale était expliquée par la variabilité individuelle, ce résultat est en accord avec ceux obtenus à partir de l'indice  $F_{ST}$ .

Les résultats de l'AMOVA (figure 51) indiquent une forte variation génétique était due à la variabilité individuelle, cela suggère que les populations présentent une grande aptitude à s'adapter et une plus grande probabilité de survie face aux changements environnementaux (Ma et al, 2020).



**Figure 51.** Variabilité génétique de sept populations locales étudiées en pourcentage.

### 2.5.2. Analyse discriminante des composantes principales (DAPC) et arbre phylogénétique

Le résultat de l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC) parmi les populations de lapins locales est illustré dans la figure (52).

L'analyse discriminante des composantes principales (DAPC) révèle que les populations de Centre de l'Algérie (Dar Chioukh, Faidh El Botma et M'Sila) sont proches les unes des autres, formant un groupe, et ce groupe est proche de la population du Sud (Laghouat) et de populations l'Ouest (Mostaganem et Sidi Bel Abbès), tandis que la population de l'Est (El Taref) est positionnée seule et loin des autres populations. Cela est confirmé par le résultat de l'arbre phylogénétique NJ (*Neighbor-Joining*) (Figure 53).

La construction de l'arbre phylogénétique NJ (*Neighbor-Joining*) des populations étudiées (Figure 53) révèle que les populations de Dar Chioukh, Faidh El Botma et M'Sila, sont liées entre eux, formant un groupe. Ce groupe est lié à la population de et Laghouat, de la population Sidi Bel Abbès, et de la population de Mostaganem. En revanche, la population d'El Taref est positionnée seule et loin des autres populations.

L'analyse discriminante des composantes principales (DAPC) (Figure 52) nous a permis de classer les populations locales de lapins en quatre groupes majeurs selon la situation géographique : population de l'Est, populations de l'Ouest, populations de Centre, et population du Sud.

L'intégration géographique entre les populations du Centre du pays, telles que M'Sila, Faidh El Botma et Dar Chioukh, est principalement due à leur proximité géographique. En effet, la distance entre M'Sila et Faidh El Botma est de moins de 170 km, tandis que celle entre Dar Chioukh et Faidh El Botma est de moins de 80 km.

De plus, le chevauchement entre les populations du Centre et celles du Sud peut en partie s'expliquer par la faible distance qui sépare la population de Laghouat, située au Sud, de la population de Faidh El Botma, la région la plus au Sud de la zone centrale, avec une distance de moins de 110 km. Par ailleurs, les régions de l'Ouest, à savoir Mostaganem et Sidi Bel Abbès, se trouvent à moins de 130 km l'une de l'autre.

En revanche, la population d'El Taref à l'Est est considérablement éloignée des populations de l'Ouest, avec une distance entre El Taref et Mostaganem d'environ 900 km, De même, elle est également éloignée des populations du Centre, avec une distance d'environ 460 km entre El Taref et M'Sila, en outre, elle est considérablement éloignée des populations du Sud, étant à environ 750 km de distance de la région de Laghouat.

L'isolement géographique a été identifié comme facteur de variabilité génétique entre populations chez les populations de lapins sauvages par plusieurs études, dont celles menées par Carneiro et al (2013), et Alda et Doadrio (2014). De plus, d'autres travaux ont également révélé la classification des populations de lapins en fonction de leurs zones géographiques, comme rapporté par Carneiro et al (2013), Alda et Doadrio (2014), Iannella et al (2019), et Alves et al (2022).

Par ailleurs, diverses études ont validé la classification des populations et des races locales de lapins en corrélation avec leurs emplacements géographiques au région nord-africaine. Ben Larabi et al (2012) et Ben Larabi et al (2014) en Tunisie, ont révélé une séparation claire de 12 populations étudiées entre trois groupes de populations en fonction de leur emplacement géographique.

En plus, Emam et al (2016), et Emam et al (2017), dans leur étude sur la diversité génétique de quatre populations locales de lapins égyptiens, ont clairement identifié une séparation des quatre populations en deux groupes en fonction de l'emplacement géographique. Le premier groupe était composé de deux populations du Nord de l'Égypte, tandis que le deuxième groupe comprenait deux populations du Sud de l'Égypte.

De manière similaire, Abdel-Kafy et al (2018) ont étudié trois populations locales de lapins égyptiens et ont également constaté une séparation basée sur la situation géographique en deux groupes distincts.

L'analyse de l'arbre phylogénétique NJ (*Neighbor-Joining*) a également révélé des constatations similaires, comme illustré dans la figure (53).

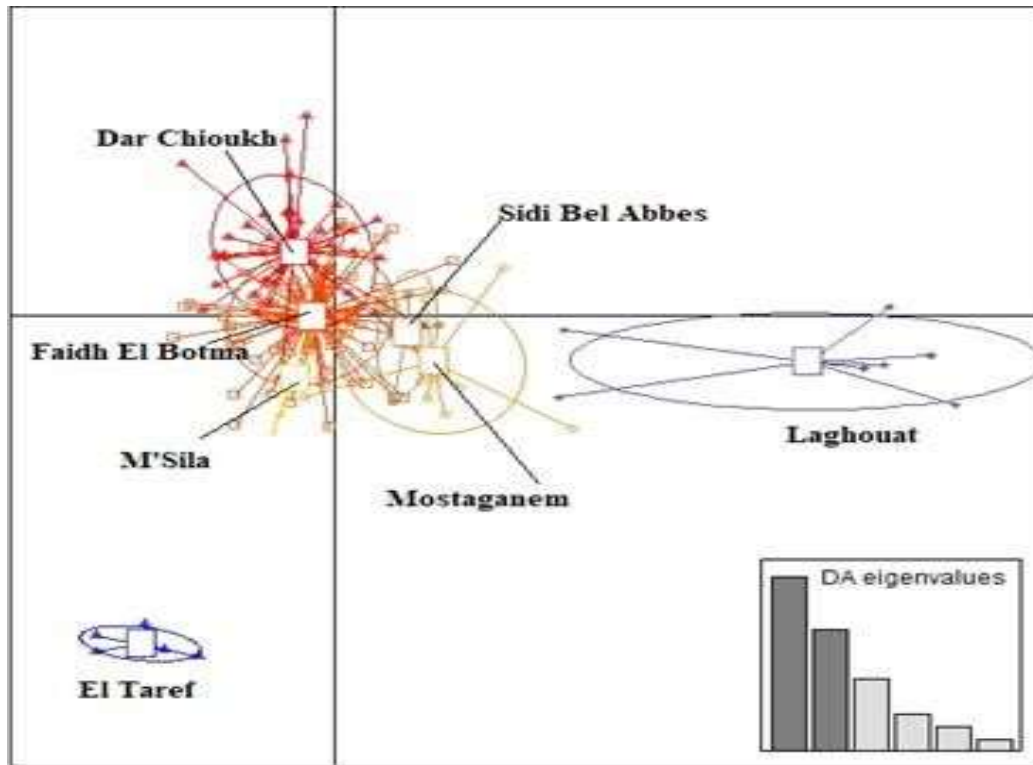


Figure 52. Analyse discriminante des composantes principales (DAPC) des sept populations des lapins étudiées.

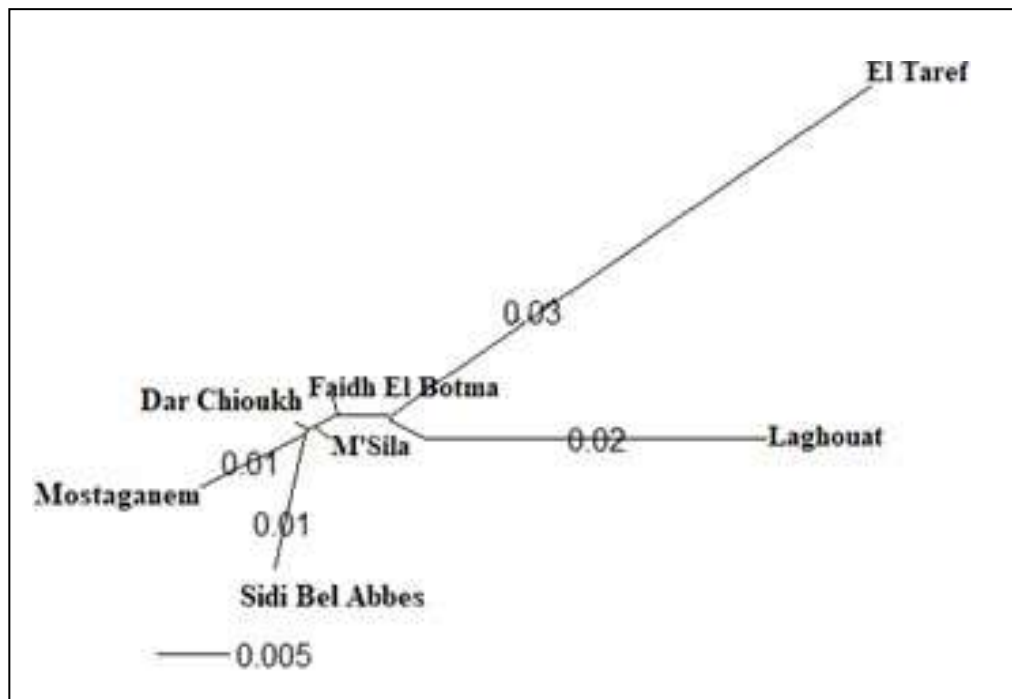


Figure 53. Arbre phylogénétique NJ des sept populations des lapins étudiées.

### 2.5.3. Méthode de clustering

Les résultats de l'analyse STRUCTURE et les valeurs de  $\Delta K$  des sept populations des lapins locales sont présentées dans les figures (54) et (55).

Les valeurs les plus élevées de  $\Delta K$  ont été obtenues lorsque  $K = 7$  (Figure 55). Deux populations, l'une située à l'Est et l'autre au Sud, ont formé des groupes distincts, correspondant respectivement aux populations de El Taref et de Laghouat. En revanche, les populations du Centre, à savoir M'Sila, Dar Chioukh et Faidh El Botma, ont été regroupées dans un même cluster. De plus, les populations de l'Ouest, à savoir Mostaganem et Sidi Bel Abbès, ont également été regroupées ensemble.

Selon l'analyse de STRUCTURE (Figure 54 et 55), on observe que plusieurs populations étaient regroupées au Centre et à l'Ouest (Figure 54). Nos résultats sont similaires aux ceux d'Emam et al (2016), qui ont également noté que chez les populations locales égyptiennes, un grand nombre de populations étaient regroupées ensemble, tandis que d'autres populations étaient nettement séparées au sein de chaque cluster, et les résultats de Abdelfaky et al (2018), qui ont également noté que chez les populations locales égyptiennes, deux populations étaient regroupées ensemble, tandis que la troisième population était nettement séparée dans un autre cluster.

Les valeurs les plus probables de  $\Delta K$  ont été obtenues pour  $K = 7$  (Figure 55). La valeur maximale de  $\Delta K$  était égale au nombre de populations, en accord avec Ben Larabi et al (2014), Emam et al (2016), Emam et al (2017) et Dudu et al (2020).

L'analyse STRUCTURE a révélé une structuration génétique chez les lapins de population locale principalement basée sur leur emplacement géographique, plutôt que sur d'autres facteurs tels que le phénotype. Cette méthode, comme l'a souligné Pritchard et al. (2000), permet de définir "K" sous-groupes en assignant un individu à un groupe ou plusieurs de ces sous-groupes "clusters", sans avoir d'informations préalables sur leur appartenance à une population spécifique.

Les résultats de l'analyse STRUCTURE confirment ceux obtenus par l'analyse DAPC et par l'arbre phylogénétique (NJ), concernant la structuration génétique des sept populations locales des lapins étudiées selon la situation géographique en quatre groupes : un groupe représente les populations de Centre de l'Algérie, un groupe représente les populations l'Ouest, un groupe de la population de Sud et un groupe de population l'Est.

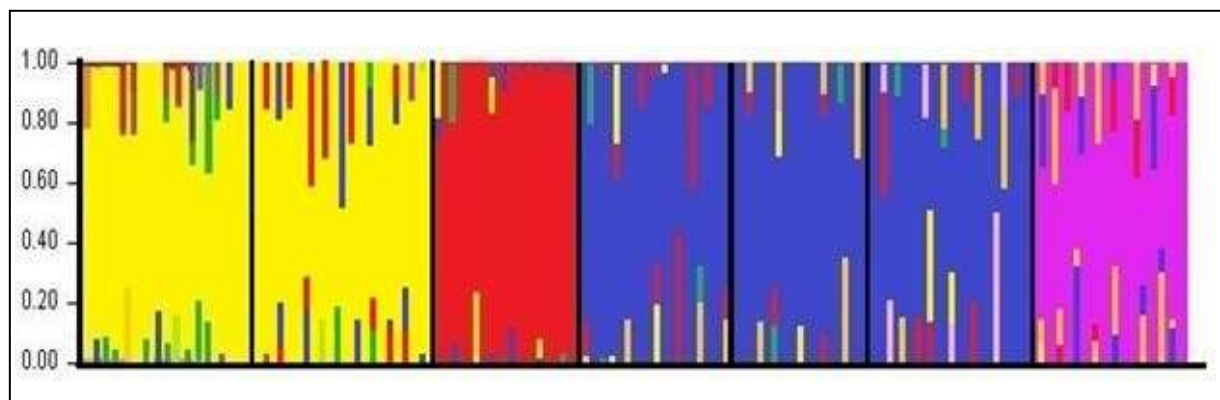


Figure 54. Résultats de l'analyse STRUCTURE des sept populations des lapins étudiées.

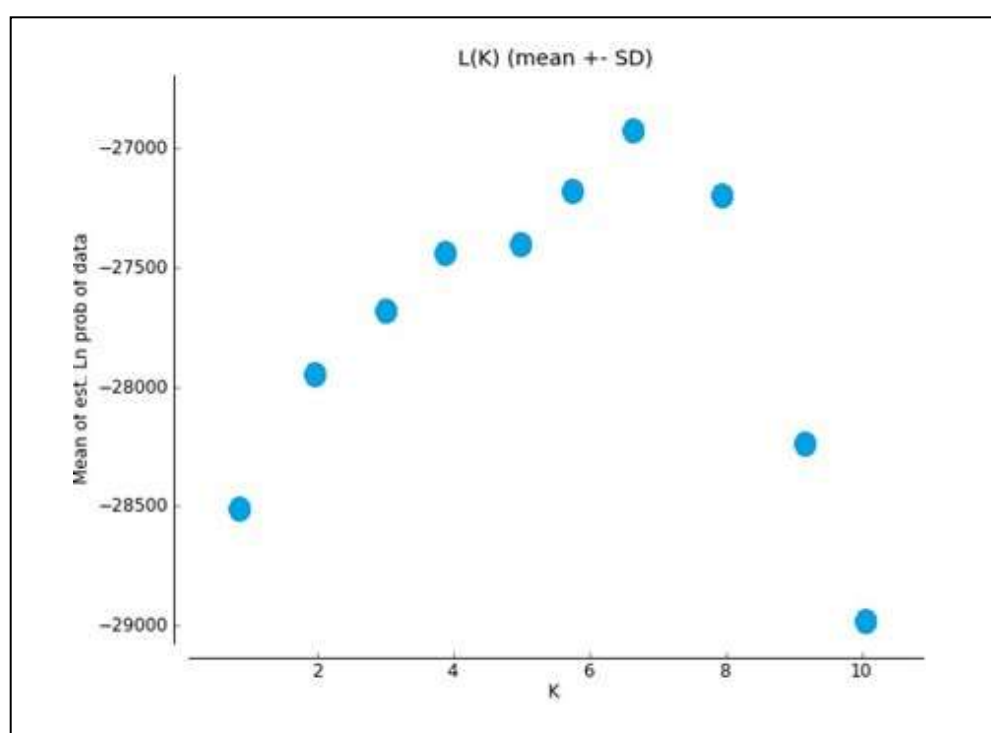


Figure 55. Valeurs les plus probables de  $\Delta K$  des sept populations des lapins étudiées.

### 3. Etude de liens entre la variabilité génétique et la variabilité phénotypique des populations étudiées

L'étude de diversité phénotypique de la coloration de la robe chez les sept populations étudiées, a indiqué une considérable variabilité phénotypique des populations examinées, avec la présence de treize (13) modèles de coloration, dans les sept régions étudiées.

Ce constat est en concordance avec les résultats obtenus d'analyse génétique, qui ont révélé une considérable diversité génétique au sein des populations étudiées. Cette variabilité se manifeste par la présence de 558 allèles différents parmi les 85 locus étudiés, dont environ 19% sont des allèles privés. En moyenne, 6,56 allèles différents ont été observés pour chacun des 85 marqueurs microsatellites étudiés. De plus, la diversité génétique de notre population se traduit par le fait qu'un nombre élevé de locus, soit 84 sur 85 (soit 98,82 %), sont polymorphes.

En ce qui concerne les populations étudiées, l'analyse de résultats de caractérisation phénotypique révèle, une variabilité importante de modèles de colorations chez les populations étudiées, avec des pourcentages élevés dans une population et des pourcentages beaucoup plus faibles dans une autre population, pour le même modèle de coloration, c'est le cas de modèle de coloration, le panaché noir et blanc, qui est le modèle qui présente le pourcentage le plus élevé la population de El Taref, avec un pourcentage 41,67%.

En revanche, chez la population de Mostaganem, le même modèle de coloration présente un pourcentage plus faible, à seulement 10%. Dans cette population, nous avons plutôt constaté qu'un autre modèle de coloration, le panaché plaqué agouti et blanc, présente le pourcentage le plus élevé avec une fréquence de 35%.

Cela concorde avec les conclusions de l'analyse génétique, où d'importantes variations dans les fréquences alléliques ont été observées d'un même allèle au niveau d'un locus, avec des fréquences élevées dans une population et des fréquences beaucoup plus faibles dans une autre population.

Comme chez le cas de marquer INRACCDDV0157, où l'allèle 139 affiche une fréquence allélique élevée de 72,5% au sein de la population de Faid El Botma. En revanche, chez la population de Mostaganem, le même allèle présente une fréquence considérablement plus faible, à seulement 8,8%. Dans cette population, nous avons plutôt constaté la prédominance d'un autre allèle, le 137, avec une fréquence de 35%.

L'étude phénotypique a mis en évidence une variation notable entre les populations étudiées, notant notamment que la population d'El Taref présente la plus faible diversité

phénotypique, avec seulement 8 modèles de coloration identifiés, aussi, un modèle de coloration, le panaché noir et blanc, domine largement chez cette population, représentant le pourcentage le plus élevé 41,67% parmi tous les modèles de coloration dans toutes les populations.

Il est essentiel de souligner que ces résultats coïncide avec ceux de l'étude génétique, en effet, l'analyse génétique indique que la population de El Taref présente les valeurs de diversité génétique les plus faibles parmi les sept populations examinées, avec des valeurs de moyen d'allèles observés, des allèles privés, et de richesse allélique les plus bas (4, 9, et 1,833 respectivement).

En se basant sur la caractérisation phénotypique, les résultats de l'AFC et de CAH indiquent que les populations de Centre et de Sud (M'Sila, Faidh El Botma, Dar Chioukh et Laghouat), présentent une proximité phénotypique notable. En revanche, les populations de l'Ouest (Mostaganem et Sidi Bel Abbès) sont liées phénotypiquement entre eux, et la population de l'Est (El Taref) se distingue nettement des autres populations.

Ces résultats sont confirmés par les analyses réalisées à partir des données de génotypage des individus des populations étudiées. Des méthodes telles que l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC), la construction de l'arbre phylogénétique NJ (Neighbor-Joining), et la méthode de clustering STRUCTURE, ont toutes montré une structuration génétique chez les lapins des populations locales, principalement basée sur leur emplacement géographique, ces analyses nous ont permis de classer les populations locales de lapins en quatre groupes majeurs selon la situation géographique : population de l'Est (El Taref), populations de l'Ouest (Mostaganem et Sidi Bel Abbès), populations de Centre (Dar Chioukh, Faidh El Botma et M'Sila), et population du Sud (Lagouat).

Ces résultats sont attendus par le fait que le phénotype, en l'occurrence la coloration du pelage, est le résultat du génotype. Ce caractère qualitatif est soumis à un déterminisme génétique complexe, influencé par plusieurs locus, dont plus de onze (11) a été identifiés, tandis qu'un certain nombre de locus demeurent encore inconnus (Fontanesi, 2021<sub>a</sub>).

# **Conclusion**

## **Conclusion**

Les ressources génétiques animales revêtent une importance fondamentale pour le pays, jouant un rôle crucial à la fois dans l'assurance de la sécurité alimentaire et dans la promotion du développement économique. Malheureusement, elles subissent actuellement un processus d'érosion génétique qui s'aggrave de plus en plus.

La richesse génétique des populations locales de lapins représente une part essentielle de patrimoine génétique national et possède une grande valeur sur le plan économique. Cependant, afin de développer des stratégies de conservation et des plans de gestion durable pour ces populations locales de lapins en Algérie, il est crucial d'obtenir des informations complètes sur leur diversité génétique.

Durant notre étude, nous avons entrepris à la fois une caractérisation phénotypique basée sur la couleur de pelage et une caractérisation génétique en utilisant un grand nombre de microsatellites pour analyser la variabilité génétique des populations de lapins locales. De plus avons exploré leurs variations et leurs relations phylogénétiques.

Nous avons mené notre étude sur un échantillon de 152 individus issus de sept populations de lapins locales, réparties dans sept zones en Algérie : El Taref, Mostaganem, Sidi Bel Abbès, M'Sila, Dar Chioukh, Faidh El Botma et Laghouat. En ce qui concerne la variabilité phénotypique, nous nous sommes concentrés sur la caractérisation d'un caractère qualitatif "la couleur de pelage". Pour l'étude de la variabilité génétique, nous avons analysé le polymorphisme génétique au moyen de 85 microsatellites sur cet échantillon de 152 individus. Nous avons également utilisé plusieurs logiciels pour évaluer les divers critères de diversité au sein et entre les populations de lapins locales.

Les conclusions relatives à la caractérisation phénotypique révèlent une vaste diversité de couleur de pelage au sein de la population locale de lapins. Les principaux résultats de caractérisation phénotypique sont comme suit :

- ✓ La présence de treize (13) modèles de coloration distinctes chez les sept populations étudiées.
- ✓ Les modèles de coloration qui présentent les pourcentages les plus élevés, sont : le panaché plaqué noir et blanc avec 17,76%, l'unicolore noir avec 17,11% ainsi que le panaché plaqué agouti et blanc avec 13,89%.
- ✓ En se basant sur la caractérisation phénotypique, les résultats d'analyses statistique AFC et de CAH indiquent que les populations de Centre et de Sud (M'Sila, Faidh El Botma, Dar Chioukh et Laghouat), présentent une proximité phénotypique notable. En revanche, les

populations de l'Ouest (Mostaganem et Sidi Bel Abbès) sont liées phénotypiquement entre eux, et la population de l'Est (El Taref) se distingue nettement des autres populations.

Les résultats d'analyses génétiques ont révélé une grande diversité génétique au sein des populations examinées. En effet, les principaux résultats de caractérisation génétique sur les 152 animaux génotypés, sont comme suit :

- ✓ Un total de 558 allèles a été enregistrés pour 85 locus dans toutes les populations étudiées, en moyenne, il y a eu 6,56 allèles observés pour les 85 marqueurs microsatellites étudiés, avec 84 sur 85 microsatellites ont montré un polymorphisme parmi les populations étudiées.
- ✓ La majorité des locus présentent un déficit d'hétérozygotie, et la plupart des locus étudiés (49/85 locus) sont considérés comme très informative ( $PIC > 0,5$ ). En ce qui concerne l'équilibre de HWE, il a été constaté que 88,3% de locus étudiés présentent un déséquilibre.
- ✓ La moyenne de  $F_{ST}$  est de 0,061, révélant une différenciation génétique que l'on peut qualifier de modérée parmi les sept populations de lapins étudiées. Par ailleurs, les moyennes de  $F_{IT}$  (0,245), et de  $F_{IS}$  (0,198), indiquent un déficit d'hétérozygotie à l'échelle de chaque population ainsi qu'au niveau global de la population totale.
- ✓ Pour les populations étudiées, les valeurs de  $MNa$  varient de 4 à 4,482, et les valeurs de  $Pa$  varient de 9 à 23, les valeurs de l'hétérozygotie attendue sont plus grandes que les valeurs d'hétérozygotie observées ( $H_e > H_o$ ) chez toutes les populations. Les valeurs de  $F_{IS}$  sont toutes positives, chez les sept populations étudiées, et les valeurs de la richesse allélique ( $Ar$ ) varient entre 2,913 et 1,833, avec une moyenne de 2,349.
- ✓ Dans notre étude, les valeurs de diversité génétique ( $MNa$ ,  $Pa$ , et  $Ar$ ) les plus élevées ont été observées vers le Sud (populations de Laghouat, Faidh El Botma et Dar Chioukh). La population d'El Taref, présente les niveaux les plus bas de diversité génétique ( $MNa$ ,  $Pa$  et  $Ar$ ) parmi les sept populations examinées.
- ✓ Les résultats de l'AMOVA indiquent que 3% de la variabilité génétique totale est le résultat de différences génétiques entre les populations.
- ✓ Les résultats de l'analyse DAPC, la construction de l'arbre phylogénétique NJ, ainsi que les résultats d'analyse STRUCTURE indiquent la structuration génétique des sept populations locales des lapins étudiées selon la situation géographique en quatre groupes : un groupe représente les populations de Centre de l'Algérie (M'Sila, Dar Chioukh et Faidh El Botma), un groupe représente les populations l'Ouest (Mostaganem et Sidi Bel Abbès), un groupe de la population de Sud (Laghouat) et un groupe de population l'Est (El Taref).

✓ Les conclusions tirées de l'analyse génétique corroborent ceux de l'analyse phénotypique concernant la diversité observée au sein et entre les populations de lapins locales, ainsi que la mise en évidence de la structuration des populations locales en fonction de leur situation géographique.

La présente étude constitue une ébauche préliminaire pour la caractérisation phénotypique et génotypique de lapin de la population locale. Les résultats obtenus ont validé l'efficacité du panel de microsatellites sélectionné pour analyser la variabilité génétique au sein de cette population. En conséquence, cette recherche fournit aux chercheurs des informations essentielles concernant l'efficacité et la pertinence de chaque locus, cette étude facilite le choix des microsatellites les plus informatifs et les plus pertinents pour l'analyser la variabilité génétique des lapins locaux. De plus, cette étude a validé l'efficacité de l'évaluation phénotypique de la couleur de pelage en tant qu'outil pour obtenir une vue d'ensemble de la diversité génétique au sein et entre les populations locales de lapins.

D'une manière générale, l'analyse phénotypique et génétique des populations locales de lapins étudiées a révélé une grande variabilité, toutefois, elle a également mis en évidence des niveaux élevés de consanguinité. Ces niveaux élevés de consanguinité peuvent être expliqués par des accouplements entre individus apparentés, une pratique largement observée dans les élevages de lapins en Algérie.

Nos résultats indiquent que la source principale de variabilité génétique de populations de lapins locales semble être la variabilité individuelle plutôt que la variation entre les populations. Cependant, Malgré ce constat, l'analyse de la diversité phénotypique et génétique entre les populations a révélé que les lapins des populations locales présentent une structuration génétique qui est étroitement liée à leur emplacement géographique.

Dans l'ensemble, notre étude a relevé un niveau élevé de consanguinité, même si les échantillons ont été collectés de manière aléatoire. Ceci constitue un signal fort indiquant que les populations de lapins locales sont en danger à cause de consanguinité.

Dans cette optique, il devient essentiel d'initier des programmes dédiés à la préservation et à l'amélioration de nos populations locales de lapins. Ces programmes devraient se concentrer sur plusieurs aspects cruciaux :

La gestion des croisements pour éviter la consanguinité : Il est essentiel de mettre en œuvre une gestion avisée des croisements afin de réduire au minimum les risques de consanguinité. Cela passe par la prévention des accouplements entre des individus étroitement apparentés. L'introduction de reproducteurs étrangers (extra exploitations) peut s'avérer une

stratégie efficace pour diminuer le taux de consanguinité et augmenter la diversité génétique au sein de la population locale.

L'élaboration de programmes de sélection et de croisement basés sur des données moléculaires : en se basant sur les résultats des caractérisations moléculaires, il est possible de concevoir des programmes de sélection et de croisement plus adéquates et contrôlés. L'objectif est d'améliorer de manière méthodique les performances des lapins locaux, tout en prévenant l'absorption de la population locale par des races étrangères. Cela permettra de mettre en place des croisements plus maîtrisés, évitant les mélanges incontrôlés réalisés de façon aléatoire par les éleveurs.

En somme, ces démarches visent à préserver la richesse génétique des populations locales de lapins tout en cherchant à les améliorer de manière raisonnée.

En effet, les résultats de notre étude pourraient servir de référence pour la conception de stratégies et de programmes destinés à conserver les populations locales de lapins en Algérie.

Pour parfaire notre compréhension et consolider nos conclusions, il s'avère impératif de prolonger notre travail à travers de nouvelles études d'envergure. Ces recherches devraient englober un échantillon plus vaste et diversifié en termes d'individus, afin de mieux refléter la complexité de la population. Il est également crucial d'élargir la portée géographique de nos investigations pour couvrir l'ensemble du territoire national, car les variations génétiques peuvent présenter des spécificités régionales importantes, comme nous l'avons observé dans notre étude.

De plus, pour une analyse plus approfondie et complète, il serait judicieux d'incorporer une plus grande diversité de marqueurs génétiques. Cela pourrait être accompli en explorant des méthodes alternatives, telles que l'analyse des SNP (Single Nucleotide Polymorphisms), ou même en envisageant des approches plus avancées comme le séquençage complet du génome. En somme, cette démarche élargie et approfondie contribuera à affiner notre compréhension sur la variabilité génétique de la population locale de lapin, en offrant une perspective plus complète et représentative, et en explorant des avenues analytiques plus sophistiquées pour une recherche de qualité supérieure.

# **Références bibliographiques**

- **Abdel-Kafy E, Ahmed S, El-keredy A, Ali N, Ramadan S, et Farid A, 2018.** Genetic and phenotypic characterization of the native rabbits in Middle Egypt, *Vet. World.*, 11,1120-1126, <https://doi.org/10.14202/vetworld>.
- **Abdelli-Larbi O, 2016.** Croissance et mortalité des lapereaux de population locale algérienne, thèse de doctorat Université de Tizi-Ouzou, 129 pages.
- **Abdelli-Larbi O, Mazouzi-Hadid F, Berchiche M, Bolet G, Garreau H, et Lebas F, 2014.** Pre-weaning growth performance of kits of a local Algerian rabbit population: influence of dam coat color, parity and kindling season, *World Rabbit Sci.*, 22, 231-240, <https://doi.org/10.4995/wrs.2014.1493>.
- **Abid A, 2012.** Détermination phénotypique et utilisation digestive des aliments chez le lapin de population locale, mémoire de fin d'étude d'ingénieur, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 59 pages.
- **Adeolu A, Wheto M, Oleforuh-Okolehc V, Nwose N, Adenaike A, Yakubu A, Abiola M, et Mohammed B, 2021.** Genetic Diversity of Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) Population in South Eastern Nigeria Using Microsatellite Markers, *Tropical Animal Science Journal* 44(3), 280-287, <https://doi.org/10.5398/tasj.2021.44.3.280>.
- **Agrios G, 2005.** Chapter four - genetics of plant disease, in: George N, Agrios G (éditeurs), *Plant Pathology (Fifth Edition)*, Academic Press, 124-174, <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-047378-9.50010-5>.
- **Ait Tahar H, et Fettal M, 1990.** Témoignage sur la production et l'élevage du lapin en Algérie, 2ème conférence sur la production et la génétique du lapin dans la région méditerranéenne, Zagazig, Egypte, 3-7 septembre.
- **Alda F, et Doadrio I, 2014.** Spatial genetic structure across a hybrid zone between European rabbit subspecies, *PeerJ.*, 2, e582, <https://doi.org/10.7717/peerj.582>.
- **Alföldi J, Palma F, et Lindblad-Toh K, 2009.** The European rabbit genome, in: Houdebine, L et Fan J (éditeurs), *Rabbit biotechnology*, Springer, Netherlands, Dordrecht, 129- 147.
- **Alghamdi J, et Padmanabhan S, 2014.** Chapter 12 - Fundamentals of Complex Trait Genetics and Association Studies, in: Padmanabhan S (éditeur), *Handbook of Pharmacogenomics and Stratified Medicine*, Academic Press, 235-257, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-386882-4.00012-8>.
- **Alves, J, Carneiro M, Afonso S, Lopes S, Garreau H, Boucher S, Allian D, Queney G, Esteves P, Bolet J, et Ferrnand N, 2015.** Levels and patterns of genetic diversity and population structure in domestic rabbits, *PLoS One* 10 (12), e0144687.
- **Alves, J, Carneiro M, Day J, Welch J, Duckworthe, J, Cox T, Letnic M, Strive T, Ferrand N, et Jiggins, F, 2022.** A single introduction of wild rabbits triggered the biological invasion of Australia, *P. Natl. Acad. Sci. USA*, 119, e2122734119, <https://doi.org/10.1073/pnas.2122734119>, 2022.
- **Amy E, et Halls M, 2010.** Nutritional Requirements for Rabbits, Shur-Gain, Nutreco Canada Inc, 1-10.
- **Arnold J, 1990.** Patrons colorés, standards et évolution raciale chez le lapin , *Ethnozootechnie* 45, 89-98.

- **Arnold J, De Rochambeau H, et Menigoz J, 2005.** La coloration chez le lapin : du patron au gène, Essai de synthèse critique des connaissances actuelles, 11èmes Journées de la Recherche Cunicole, France, 23-26.
- **Arslan A, et Zima J, 2014.** Karyotypes of the mammals of Turkey and neighbouring regions: a review, *Folia Zoologica*, 63(1),1-62. <https://doi.org/10.25225/fozo.v63.i1.a1.2014>.
- **Avise JC, 2004.** Molecular markers, natural history, and evolution, 2nd edition, Sinauer Associates, Sunderland, 684 pages.
- **Badr O, El-Shawaf I, Khalil M, Refaat M, et Ramadan S, 2019.** Molecular genetic diversity and conservation priorities of egyptian rabbit breeds, *World Rabbit Sci.*, 27, 135-141, <https://doi:10.4995/wrs.2019.8923>.
- **Ballan M, Bovo S, Schiavo G, Schiavitto M, Negrini R, et Fontanesi L, 2022.** Genomic diversity and signatures of selection in meat and fancy rabbit breeds based on high-density marker data, *Genet Sel Evol.*, 54(1),3, <https://doi: 10.1186/s12711-022-00696-9>.
- **Barendse W, Armitage S, Kossarek L, Shalom A, Kirkpatrick B, Ryan M, Clayton D, Li L, Neiberghs H, et Zhang N, 1994.** A genetic linkage map of the bovine genome, *Nat. Genet.*, 6 (3), 227-235.
- **Barkok A, 1990.** Quelques aspects de l'élevage du lapin au Maroc, options méditerranéennes : Série A, 17, 19-22.
- **Barone R, Pavaux C, Blin P, et Cuq P, 1973.** Atlas d'anatomie du lapin, Masson, France, 220 pages.
- **Beharav A, et Nevo E, 2003.** Predictive validity of discriminant analysis for genetic data, *Genetica*, 119, 259-267.
- **Bekki A, 2018.** Caractérisation phénotypique du lapin local : cas de la région de Tiaret, mémoire de master en écologie et environnement, Université Ibn Khaldoun Tiaret, 43 pages.
- **Belete T, et Tamir B, 2015.** Microsatellite DNA (Deoxyribonucleic acid) Markers and their role on Genetic characterization of indigenous Sheep population, *J. Agric. Sci.*, 5 (2), 39-44.
- **Belhocine M, Dilmi S, Hatti R, Homrani A, 2015.** Etude comparative des paramètres reproducteurs de deux populations de lapins locaux mâles : approche histologique et morphométrique, 7ème Séminaire International de Médecine Vétérinaire ISVK - 11 et 12 Avril 2015.
- **Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, et Bonhomme F, 2004.** GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations, Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France, <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/genetix.htm>.
- **Ben Larabi M, San-Cristobal M, Chantry-Darmon C, et Bolet G, 2014.** Population structure in Tunisian indigenous rabbit as curtained using molecular information, *World Rabbit Sci.*, 22, 223-230.
- **Benabdelaziz T, Harouz-Cherifi Z, Mouhous A, Larbi R, et Kadi S, 2020.** Rabbit Meat Commercialization: Particularities and Constraints in the Region of Tizi-Ouzou (Algeria),

- International Journal of Innovative Approaches in Agricultural Research, 4 (3), 366-376. <https://doi.org/10.29329/ijiaar.2020.274.9>.
- **Berber N, 2014.** Constitution d'une biothèque d'ADN équin, caractérisation génétique des races équines en Algérie par l'étude des microsatellites, thèse de doctorat Université des Sciences et de la Technologie d'Oran Mohamed Boudiaf, 98 pages.
  - **Berchiche M, 1992.** Systèmes de production de viande de lapin au Maghreb, séminaire approfondi, Institut agronomique méditerranéen de Saragosse, Espagne, 14-26 septembre 1992, 24-26. *Livestock Res. for Rur. Dev*, 24(3).
  - **Berchiche M, Cherfaoui D, Lounaoui G, et Kadi S, 2012.** Utilisation de lapins de population locale en élevage rationnel : Aperçu des performances de reproduction et de croissance en Algérie, *Proceedings of the 3rd Franco-Maghreb Congress of Zoology and Ichthyology*, 6 -10 November 2012, Le Maroc, 2012.
  - **Berchiche M, et Kadi, 2002.** The Kabyle Rabbits (Algeria), in: Khalil M, et Baselga M (éditeurs), *rabbit genetic resources in Mediterranean countries*, Zaragoza: CIHEAM, 15-20, <http://om.ciheam.org/om/pdf/b38/02600006.pdf>.
  - **Berchiche M, et Lebas F, 1994.** Rabbit rearing in Algeria: family farms in the Tizi-Ouzou area, in: Baselga M, et Marai I (éditeurs), *rabbit production in hot climates*, Zaragoza: CIHEAM, 409-413.
  - **Berchiche M, Lounaoui G, Lebas F, et Lamboley B, 1999.** Utilisation of 3 diets based on different protein sources by Algerian local growing rabbits, in: Testik A, Baselga M (éditeurs) *2nd International Conference on Rabbit Production in Hot Climates*, Zaragoza: CIHEAM, 51-55.
  - **Bitgood J, et Shoffner R, 1999.** Cytology and cytogenetics, *Poultry breeding Genet*, 22, 401-427.
  - **Blocher F, et Franchet A, 1990.** Fertilité, prolificité et productivité au sevrage en insémination artificielle et en saillie naturelle, influence de l'intervalle mise bas saillie sur le taux de fertilité, 5èmes Journées de la Recherche Cunicole, France, 12-13 Décembre. Tome 1, communication 2, 1-14.
  - **Botstein D, White R, Skalnick M, et Davies R, 1980.** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism, *Am. J. Hum. Genet.*, 32, 314-331.
  - **Bouhali A, 2013.** Contribution à la caractérisation génétique de la population cuniculicole locale : Étude préliminaire des phénotypes, mémoire de magister en Sciences Agronomiques, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 109 pages.
  - **Bouhali A, Homrani A, et Boukabene F, 2014.** Contribution à la caractérisation génétique de la population cuniculicole locale : Étude préliminaire des modèles de pigmentation, La 5ème édition des journées scientifiques, faculté des sciences naturelles de Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem.
  - **Boukabene F, 2020.** Contribution à l'étude de quelques caractères polymorphes en relation avec la productivité chez le lapin local (*Oryctolagus cuniculus*), thèse de doctorat en Sciences Agronomiques, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 98 pages.

- **Boukabene F, Homrani A, et Ammam A, 2018.** Population structure and genetic diversity using microsatellite markers of four Algerian rabbit populations precludes hybridization with foreign breeds, *South Asian J Exp Biol*, 7(5), 191-200.
- **Bourgain C, Abney M, Schneider D, Ober C, et McPeck M, 2004.** Testing for Hardy-Weinberg equilibrium in samples with related individuals, *Genetics.*, 168(4), 2349–2361. [https://doi: 10.1534/genetics.104.031617](https://doi.org/10.1534/genetics.104.031617).
- Boussit F, 1989. Reproduction et insémination artificielle en cuniculture, association française de cuniculture, 46-82.
- **Branco, M, Ferrand N, et Monnerot M, 2000.** Phylogeography of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) in the Iberian Peninsula inferred from RFLP analysis of the cytochrome b gene, *Heredity.*, 85, 307–317.
- **Bronya J, Stephanie L, et Sherman, 2013.** Chapter 13 - Population Genetics, in: Rimoin D, Pyeritz R, Korf B, Emery, et Rimoin's (éditeurs), principles and practice of medical genetics (Sixth Edition), Academic Press, 1-12, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-383834-6.00015-X>.
- **Callou C, 1995.** Modifications de l'aire de répartition du lapin (*Oryctolagus cuniculus*) en France et en Espagne, du Pléistocène à l'époque actuelle, état de la question. *Anthropozoologica.*, 21, 95–114.
- **Callou C, 2003.** De la garenne au clapier, étude archéozoologique du lapin en Europe occidentale, in : *Bulletin de la Société préhistorique française*, tome 101,2, 371-372.
- **Camilleri P, 1997.** *Capillary Electrophoresis: Theory and Practice*, 2nd edition, CRC Press, 422 pages.
- **Camus–Kulandaivelu L, 2007.** Évolution génomique du maïs durant son adaptation aux conditions européennes, thèse de doctorat en génétique végétale, Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie de Montpellier, France, 145–159.
- **Carneiro M, Afonso S, Geraldés A, Garreau H, Bolet G, Boucher S, Tircazes A, Queney G, Nachman M, et Ferrand N, 2011.** The genetic structure of domestic rabbits, *Mol. Biol. Evol.*, 28 (6), 1801-1816, <https://doi:10.1093/molbev/msr003>.
- **Carneiro M, Baird S, Afonso S, Ramirez E, Tarroso P, Teotonio H, Villafuerte R, Nachman M, et Ferrand N, 2013.** Steep clines within a highly permeable genome across a hybrid zone between two subspecies of the European rabbit, *Mol. Ecol.*, 22, 2511–2525, <https://doi.org/10.1111/mec.12272>.
- **Carneiro M, Blanco-Aguilar J, Villafuerte R, Ferrand N, et Nachman M, 2010.** Speciation in the European Rabbit (*Oryctolagus Cuniculus*): Islands of differentiation on the X chromosome and autosomes, *Evolution.*, 64,3443–3460.
- **Carneiro M, Ferrand N, et Nachman M, 2009.** Recombination and speciation: loci near centromeres are more differentiated than loci near telomeres between subspecies of the European Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*), *Genetics.*, 181, 593–606.
- **Carneiro M, Rubin C, Di Palma F, Albert F, Alföldi J, Martinez Barrio A, Pielberg G, Rafati N, Sayyab S, Turner-Maier S, Younis S, Afonso S, Aken B, Ales M, Barrell D, Bolet G, Boucher S, Burbano H, Campos R, Chang J, Duranthon V, Fontanesi L, Garreau H, Hieman D, Johnson J, Mage R, Peng Z, Queney J, Rogel- Gillard C, Ruffier M, Searle S, Villafuerte R, Xion A, Young S, Forsberg-Nilsson K, Good J,**

- Lander E, Ferrand N, Lindblad-Toh K, et Andersson L, 2014.** Rabbit genome analysis reveals a polygenic basis for phenotypic change during domestication, *Science.*, 345(6200), 1074–1079.
- **Casto-Rebollo C, Argente M, García M, Pena R, et Ibáñez-Escriche N, 2020.** Identification of functional mutations associated with environmental variance of litter size in rabbits, *Genet Sel Evol.*, 6, 52(1), 22, <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00542-w>.
  - **Chakraborty R, et Kimmel M, 2001.** Bottleneck Effect, in: Brenner S, et Miller J (éditeurs), *Encyclopedia of Genetics*, Academic Press, 233-235, <https://doi.org/10.1006/rwgn.2001.0140>.
  - **Chantry Darmon C, 2005.** Construction d'une carte intégrée génétique et cytogénétique chez le lapin européen (*Oryctolagus cuniculus*) : application à la primo localisation du caractère rex, thèse doctortat Université de Versailles Saint-Quentin, France.170 pages.
  - **Chantry-Darmon C, Rogel-Gaillard C, Bertaud M, Urien C, Perrocheau M, Chardon P, et Hayes H, 2003.** 133 new gene localizations on the rabbit cytogenetic map, *Cyto. Genet. Genom. Res.*, 103, 192–201.
  - **Chantry-Darmon C, Urien C, De Rochambeau H, Allain D, Pena B, Hayes H, Grohs C, Crihiu E, Deretz-Picoulet S, Larzul C, Save J, Neau A, Chardon P, et Rogel-Gaillard C, 2006.** A first-generation microsatellite-based integrated genetic and cytogenetic map for the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) and localization of angora and albino, *Anim. Genet.*, 37, 335-341.
  - **Chantry-Darmon C, Urien C, Hayes H, Bertaud M, Chadi Taourit S, Chardon P, Vaiman D et Rogel-Gaillard C, 2005.** Construction of a cytogenetically anchored-microsatellite map in rabbit, *Mamm. Genom.*, 16 (6), 442–459.
  - **Charlesworth B, Charlesworth D, Coyne J, et Langley CH, 2016.** Hubby and Lewontin on Protein Variation in Natural Populations: When Molecular Genetics Came to the Rescue of Population Genetics, *Genetics.*, 203(4),1497-1503, <https://doi.org/10.1534/genetics.115.185975>.
  - **Cheeke P, 1994.** Nutrition and nutritional diseases, in: Manning, P, Ringler D, et Newcomer C, (éditeurs), *the Biology of the Laboratory Rabbit*, second edition, Academic Press, 321–333.
  - **Cherfaoui D, 2015.** Evaluation des performances de reproduction des lapines d'élevage rationnel en Algérie, thèse de Doctorat, Université Mouloud Mammeri Tizi-Ouzou, 92 pages.
  - **Chettouh S, 2010.** Etude comparative des paramètres de reproduction de lapines de population locale, Californiennes et Néo zélandaises dans les conditions algériennes (région de Tizi-Ouzou), mémoire de magister en sciences agronomiques, Ecole Nationale Supérieure Agronomique (ENSA), 95 pages.
  - **Choudhuri S, 2014.** Chapter 2 - Fundamentals of Molecular Evolution, in: Choudhuri S (éditeur), *Bioinformatics for Beginners*, Academic Press, 27-53, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-410471-6.00002-5>.
  - **Clark D, Pazdernik N, 2013.** *Molecular Biology, Polymerase Chain Reaction*, 2nd edition, United States of America (USA): Elsevier BV, 163–93.

- **Clutton-Brock, J 2012.** *Animals as Domesticates: A World View through History*, Michigan State University Press, East Lansing, Michigan, 240 pages.
- **Colin M, et Lebas F, 1995.** *Le lapin dans le monde*, Lempdes, 330 pages.
- **Combes, 2004.** Valeur nutritionnelle de la viande de lapin, *INRA Prod. Anim.*, 17 (5),373-384.
- **Dalle Zotte A, 2000.** Propriétés spécifiques de la viande de Lapin, *Jornadas internacionales de cunicultura*, 24-25.
- **Dalle Zotte A, 2004.** Avantage diététiques, le lapin doit apprivoiser le consommateur, *Viande Prod.Carnés.*, 23 (6), 161-167.
- **Dalle Zotte A, 2014.** Rabbit farming for meat purposes, *Animal Frontiers*, 4(4), 62-67.
- **Dalle Zotte A, et Szendro Z, 2011.** The role of rabbit meat as functional food, *Meat Sci.* 88, 319–331.
- **De Blas E, et Gidenne T, 1998.** Digestion of starch and sugars, in: De Blas E, et Wiseman J (editors), *the nutrition of the rabbit*, Wallingford: CABI Publishing,17–38.
- **Demir E, Bilginer U, Balcioglu M, et Karsli T, 2021.** Direct and indirect contributions of molecular genetics to farm animal welfare: a review, *Animal Health Research Reviews.*,1-10.
- **Dhaliwal A, 2013.** DNA Extraction and Purification, *journal of Materials and Methods.*, <https://doi.org/10.13070/mm.en.3.191>.
- **Díaz-Alarcón J, Navarro-Alarcón M, López-García de la Serrana H et López-Martínez M, 1996.** Determination of selenium in meat products by hydride generation atomic absorption spectrometry selenium levels in meat, organ meats, and sausages in Spain, *Journal of Agricultural and Food Chemistry.*, 44(6), 1494-1497.
- **Dilmi S, 2006.** Etude comparative de la croissance, des paramètres plasmatiques et histomorphologie de l'appareil reproducteur, selon les phénotypes des lapins locaux mâles, mémoire de fin d'étude, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 58 pages.
- **Djellal F, 2017.** Valeur nutritive pour le lapin en croissance des feuilles de deux espèces de frêne (*Fraxinus angustifolia* et *Fraxinus excelsior*), thèse doctorat en sciences agronomiques, Université Farhat Abbass Setif, 120 pages.
- Djellal F, Mouhous A et Kadi S, 2006. Performances de l'élevage fermier du lapin dans la région de Tizi-Ouzou, Algérie, *Livestock Research for Rural Development* 18 (7)., 6 pages.
- **Długaszek M, et Kopczynski K, 2013.** Elemental Composition of Muscle Tissue of Wild Animals from Central Region of Poland, *Int. J. Environ. Res.*, 973–978.
- **Donard E, 1982.** Recherches sur les Léporinés quaternaires (Pléistocène moyen et supérieur, Holocène), thèse de doctorat, Université Bordeaux I, France.
- **Dudu A, Popa G, Ghit A, Pelmus R, Lazar C, Costache M, et Georgescu S, 2020.** Assessment of genetic diversity in main local sheep breeds from Romania using microsatellite markers, *Arch. Anim. Breed.*, 63, 53–59, <https://doi.org/10.5194/aab-63-53-2020>.
- **Dutta S, et Sengupta P, 2018.** Rabbits and men: relating their ages, *J Basic Clin Physiol Pharmacol.*, 29(5), 427-435. <https://doi.org/10.1515/jbcpp-2018-0002>.

- **Earl D, et Vonholdt B, 2012.** STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, *Conservation Genetics Resources* vol., 4 (2), 359-361, <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>.
- **Edwards A, 2000.** The Genetical Theory of Natural Selection, *Genetics*, 154 ,1419–1426, <https://doi.org/10.1093/genetics/154.4.1419>.
- **El-Aksher S, Sherif H, Khalil M, El-Garhy H, et Ramadan S, 2016.** Comparative Genetic Analysis among Moshtohor Line Rabbits and Their Parental Lines Using Microsatellite Markers, 3rd International Conference on Biotechnology Applications in Agriculture (ICBAA), Benha University, Moshtohor and Sharm El-Sheikh, Egypt, 9-24.
- **Emam A, 2018.** Using genetic markers in comparing the biodiversity among some Egyptian and European rabbit breeds, thèse de doctorat en sciences agronomiques, Université de Caire, Egypt, 93 pages.
- **Emam A, Afonso S, Azoz A, Mehaisen G, Gonzalez P, Ahmed N, et Ferrnand N, 2016.** Microsatellite polymorphism in some Egyptian and Spanish common rabbit breeds, *Proceedings of the 11th World Rabbit Congress*, 15–18 June 2016, Qingdao, China, 31–34.
- **Emam A, Afonso S, Gonzalez-Redondo P, Mehaisen G, Azoz A, Ahmed N, et Ferrnand N, 2020.** Status and origin of Egyptian local rabbits in comparison with Spanish common rabbits using mitochondrial DNA sequence analysis, *World Rabbit Sci.*, 28, 93–102, <https://doi.org/10.4995/wrs.2020.12219>.
- **Emam A, Azoz A, Mehaisen G, Ferrnand N, et Ahmed N, 2017.** Diversity assessment among native middle Egypt rabbit populations in North upper- Egypt province by microsatellite polymorphism, *World Rabbit Sci.*, 25, 9-16, <https://doi.org/10.4995/wrs.2017.5298>.
- **Emilie R, 2020.** Les différentes races de lapins, l'arche de milie : Tout savoir sur nos animaux de compagnie, <https://larchedemilie.com>, date de consultation le 23/07/2023.
- **Esteves P, Abrantes J, Baldauf H, 2018.** The wide utility of rabbits as models of human diseases, *Exp Mol Med.*, 50, 1–10. <https://doi.org/10.1038/s12276-018-0094-1>.
- **Evanno G, Regnaut S, et Goudet J, 2005.** Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: A simulation study, *Mol. Ecol.*, 14, 2611–2620, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>.
- **Falconer D, et Mackay T, 1996.** Introduction to quantitative genetics, Longman, Essex, United Kingdom, 438 pages.
- **FAO, 2007.** Global Plan of Action for Animal Genetic Resources and the interlaken declaration, (Rome), 37 pages, <https://www.fao.org/3/a1404e/a1404e.pdf>.
- **FAO, 2011.** Animal production and health guidelines (9), Molecular genetic characterization of animal genetic resources, commission on genetic resources for food and agriculture, Food and Agriculture (FAO), Rome, Italy.
- **FAO, 2012.** Phenotypic characterization of animal genetic resources, FAO Animal Production and Health Guidelines (11) Rome, Italy. 142 pages.
- **FAO, 2015.** The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by Scherf B, and Pilling D, FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments, Rome, Italy, <https://doi.org/10.4060/I4787E>.

- **FAO, 2019.** Biodiversity and the livestock sector – Guidelines for quantitative assessment (Draft for public review), Livestock Environmental Assessment and Performance (LEAP) Partnership, FAO, Rome, Italy.
- **FAO, 2020.** FAO statistical data, Crops and livestock products, <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>, date de consultation le 27 Juillet, 2023.
- **FAO, 2021.** FAO statistical data, Crops and livestock products, <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>, date de consultation le 27 Juillet, 2023.
- **Fellous N, Bereksi Reguig K, et Ain Baziz H, 2012.** Evaluation des performances zootechniques de reproduction des lapines de population locale Algérienne élevées en station expérimentale, Livestock Research for Rural Development. 24 (3), 51, <http://www.lrrd.org/lrrd24/3/fell24051.htm>.
- **Felsenstein J, 1989.** PHYLIP Phylogeny Inference Package (Version 3.2), Cladistics., 5, 164–166.
- **Ferrah A, Yahiaoui S, Kaci A, et Kabli L, 2003.** Evaluation des besoins en matière de renforcement des capacités nécessaires à la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité importante pour l'agriculture : Cas des petits élevages, Projet ALG/97/G31 PNUD, Alger, Algérie.
- **Ferreira L, Hochman B, et Barbosa M, 2005.** Modelos experimentais em pesquisa, Acta Cir Bras., 20, 28–34.
- **FFC, 2000.** Les races de lapins. Spécificités zoologiques, Standards officiels, Fédération Française de Cuniculiculture, France, 288 pages.
- **Fitzpatrick B, 2009.** Power and sample size for nested analysis of molecular variance, Mol Ecol., 18(19), 3961-3966, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2009.04314.x>.
- **Fontanesi L, 2021a.** Genetics and Molecular Genetics of Coat Colour in the European Rabbit, in: Fontanesi L (éditeur), the genetics and genomics of the rabbit, 84-103.
- **Fontanesi L, 2021b.** Genetics and Molecular Genetics of Morphological and Physiological Traits and Inherited Disorders in the European Rabbit, in: Fontanesi L (éditeur), the genetics and genomics of the rabbit, 120-162.
- **Fontanesi L, Bovo S, et Schiavo G, 2021.** The Genome of the European Rabbit and Genomic Tools, in: Fontanesi L (éditeur), the genetics and genomics of the rabbit, 38-42.
- **Foote R, et Carney E, 2000.** The rabbit as a model for reproductive and developmental toxicity studies, Reprod Toxicol/, 14, 47-493.
- **Ford C, Pollock D, et Gustavsson I, 1980.** Proceedings of the First International Conference for the Standardisation of Banded Karyotypes of Domestic Animals, University of Reading, England, Hereditas., 92, 145–162.
- **Fortun-Lamothe L, Theau-Clément M, Combes S, Allain D, Lebas F, Le Normand B, et Gidenne T, 2015.** Chapitre 2 : Physiologie, in : Gidenne T (éditeur), Le Lapin : de la biologie à l'élevage, Quae Versailles, France, 39-83.
- **Frankham R, Ballou J, Briscoe D, et Mc Innes K, 2002.** Introduction to Conservation Genetics, Cambridge University Press., <https://doi.org/10.1017/CBO9780511808999>.
- **Frunza G, Murariu O, Ciobanu M, Radu-Rusu R, Simeanu D, et Boisteanu P, 2023.** Meat Quality in Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) and Hare (*Lepus europaeus Pallas*) A

- Nutritional and Technological Perspective, *Agriculture.*, 13 (1), 126, <https://doi.org/10.3390/agriculture13010126>.
- **Gacem M, et Bolet G, 2005.** Création d'une lignée issue du croisement entre une population locale et une souche européenne pour améliorer la production cunicole en Algérie, 11èmes Journées de la Recherche Cunicole, 29-30 novembre 2005, France, 15-18.
  - **Galtier N, Nabholz B, Glemin S, et Hurst G, 2009.** Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal, *Mol. Ecol.*, 18 (22), 41–50.
  - **Garibyan L, et Avashia N, 2013.** Polymerase chain reaction, *J Invest Dermatol.*, 133 (3), 1-4, <https://doi.org/10.1038/jid.2013.1>.
  - **Garreau H, Labrune Y, Chapuis H, Ruesche J, et Riquet J, 2021.** Genome wide association study of growth and feed efficiency traits in rabbits, 12th World Rabbit Congress, ITAVI-INRAE, Nov2021, France, hal-03979467, 4 pages.
  - **Garreau H, Theau-Clément M, et Gidenne T, 2015.** Anatomie, taxonomie, origine, évolution et domestication, chapitre 1, in : Gidenne T (éditeur), *le lapin : De la biologie à l'élevage*, Quae Versailles, France, 14-38, <http://doi.org/10.35690/978-2-7592-2418-0>.
  - **Georges M, Nielsen D, Mackinnon M, Mishra A, et Okimoto R, 1995.** Mapping quantitative trait loci controlling milk production by exploiting progeny testing, *Genetics.*, 139 (2), 907-920.
  - **Gidenne T, 2013.** L'alimentation des lapins, nutrition et alimentation des animaux d'élevage, 1ère édition, 287 pages.
  - **Gildenhuys P, 2019.** Natural Selection, *The Stanford Encyclopedia of Philosophy*, Edition: 2019, <https://plato.stanford.edu/archives/win2019/entries/natural-selection>. date de consultation 02/08/2023.
  - **Gorsuch H, 2008.** What is biodiversity? *Australia's Tropical Land and Seas*, <https://eatlas.org.au/content/what-biodiversity>, date de consultation le 01-08-2023.
  - **Greenbaum G, Templeton A, Zarmi Y, Bar-David S, 2014.** Allelic richness following population founding events-a stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift, *PLoS One*, 9(12), e115203, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115203>.
  - **Grimal A, Safaa H, Saenz-de-Juano M, Viudes-de-Castro M, Mehaisen G, Elsayed D, Lavara R, Marco-Jiménez F, and Vicente J, 2012.** Phylogenetic relationship among four Egyptian and one Spanish rabbit populations based on microsatellite markers, proceedings of the 10th World Rabbit Congress, 3-6 Sept. 2012, Sharm El-Sheikh, Egypt, 177- 181.
  - **Guemour D, 2011.** Adaptation des systèmes d'élevage des animaux domestiques aux conditions climatiques et socio-économiques des zones semi-arides : cas de l'élevage cunicole de la région de Tiaret, thèse de doctorat, Université d'Oran 1, 125 pages.
  - **Guerder F, 2001.** Renalap : de moins bons résultats économiques, *Cuniculture*, 160, 171-175.
  - **Gupta N, 2019.** DNA Extraction and Polymerase Chain Reaction, *J Cytol.*, 36(2), 116-117. [https://doi.org/10.4103/JOC.JOC\\_110\\_18](https://doi.org/10.4103/JOC.JOC_110_18).
  - **Han Chunmei M, Jiabao Z, et Qinghua G, 2005.** Study on Parentage Testing in JIRONG Rabbit by Microsatellite Markers, *Hereditas.*, 27(6), 903-907.

- **Harry M, 2008.** Génétique Moléculaire et Evolutive, Collection Science Fondamentale, Maloine, seconde édition, France, 465 pages.
- **Hartl D, 1988.** Génétique des populations, Médecine–Science Flammarion, France, 305.
- Hermida M, Gonzalez M, Miranda M, et Rodríguez-Otero J, 2006. Mineral analysis in rabbit meat from Galicia (NW Spain), *Meat Science.*, 73, 635–639.
- **Heyward R, et Norbury G, 1999.** Secondary poisoning of ferrets and cats after rabbit poisoning, *Wildl. Res.*, 26, 75–80.
- **Hoban S, Archer F, Bertola L, Bragg J, Breed M, Bruford M, Coleman, Ekblom R, Funk C, Grueber C, Hand B, Jaffé R, Jensen E, Johnson J, Kershaw F, Liggins L, MacDonald A, Mergeay J, Miller J, Muller-Karger F, O'Brien D, Paz-Vinas I, Potter K, Razgour O, Vernesi C, et Hunter M, 2022.** Global genetic diversity status and trends: Towards a suite of Essential Biodiversity Variables (EBVs) for genetic composition, *Biol. Rev.*, 97, 1511–1538, <https://doi.org/10.1111/brv.12852>.
- **Holliday J, Hallerman, E and Haak D, 2018.** Genotyping and sequencing technologies in population genetics and genomics, in: Rajora, O (éditeur), *population genomics*, Springer, Cham, [https://doi.org/10.1007/13836\\_2017\\_5](https://doi.org/10.1007/13836_2017_5).
- **Hollingsworth P, O'Brien D, Ennos R, Ahrends A, Ballingall K, Brooker R, Burke T, Cavers S, Dawson I, Elston D, Kerr J, Marshall D, Neaves L, Pakeman R, Trivedi C, Wall E, Wright, F, Yahr R, Bean C, Blake D, Campbell R, Comont R, Finger A, Fraser K, Genney D, Hall J, Hannah A, Jehle R, Jones S, Kohn D, Llewellyn M, Lurz P, Macdonald I, McIntosh J, Mitchell R, O'Dell J, Page S, Pemberton J, Pérez-Espona S, Piertney S, Sime I, Thompson D, et Ogden R, 2020.** Scotland's Biodiversity 330 Progress to 2020 Aichi Targets: Aichi Target 13– Genetic Diversity Maintained – Supplementary Report 2020, Inverness, Scottish Natural Heritage, 33 pages.
- **Homrani A, 1988.** Les acides biliaires chez le lapin, leurs interactions avec les fibres alimentaires, thèse de doctorat en sciences agronomiques, institut national agronomique Paris France, 121 pages.
- **Homrani A, 2011.** Caractérisation et performances du lapin local, résumé des travaux de recherche pour la délivrance de l'habilitation à la direction de recherche, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 30 pages.
- **Homrani A, Hafidi N, Belarbi M, Sidhoum N, Halbouche M, et Ouinas, 2010.** Les performances de croissance et les paramètres de carcasse du lapin élevé en cage et nourrit avec un aliment renferme de la farine de paille de blé, 1ères journées scientifiques de la faculté des sciences exactes et sciences de la nature et de la vie, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 180-190.
- **Hughes R, Inouye B, Johnson M, Underwood N, et Vellend M, 2008.** Ecological consequences of genetic diversity, *Ecol Lett.*, 11, 609–623, <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2008.01179.x>
- **Iannella A, Peacock D, Cassey P, et Schwensow N, 2019.** Genetic perspectives on the historical introduction of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) to Australia, *Biol. Invasions.*, 21, 603–614, <https://doi.org/10.1007/s10530-018-1849-2>.

- **Iannuzzi L, Di Berardino D, 2008.** Tools of the trade: diagnostics and research in domestic animal cytogenetics, *J Appl Genet.*, 49, 357–366, <https://doi.org/10.1007/BF03195634>.
- **Irving-Pease E, Frantz L, Sykes N, Callou C, et Larson G, 2018b.** Rabbits and the Specious Origins of Domestication, *Trends in Ecology & Evolution.*, 33(3),149-152 <https://doi.org/10.1016/j.tree.2017.12.009>.
- **Isbir T, Kirac D, Demircan B, et Dalan B, 2013.** Gel Electrophoresis, in: Maloy S, et Hughes K (éditeur), *Brenner's Encyclopedia of Genetics (Second Edition)*, Academic Press, 165-167, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374984-0.00580-5>.
- **ITAVI, 2010.** Situation de la filière cunicole , Service économie ITAVI, édition novembre 2020, 8 pages.
- **Jenkins J, 2000.** Rabbit and ferret liver and gastrointestinal testing, *Laboratory medicine avian and exotic pets*, Philadelphia, 291–304.
- **John M, et Butler J, 2015.** Chapter 10, STR Population Data Analysis, Butler J (éditeur), *Advanced Topics in Forensic DNA Typing.*, Elsevier, 239-279.
- **Jombart T, 2008.** adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers, *Bioinformatics.*, 24, 1403-1405, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>.
- **Jombart T, Devillard S, et Balloux F, 2010.** Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations, *BMC Genet.*,11, 94, <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-94>.
- **Jost, 2007.** Partitioning diversity into independent alpha and beta components, *Ecology.*, 88, 2427–2439. <https://doi.org/10.1890/06-1736.1>
- **JoVE Science Education Database, 2023.** Basic Methods in Cellular and Molecular Biology, DNA Gel Electrophoresis, JoVE, Cambridge, <https://www.jove.com/v/5057/dna-gel-electrophoresis>, date de consultation le 03/08/2023.
- **Justyna A, Nowakowska, et Sulkowska M, 2015.** Analysis of *Fagus sylvatica*, Population Genetic Dynamics, in: Ghowsi K (éditeur), *Field Effect Electroosmosis*, <https://doi.org/10.5772/59197>.
- **Kalinowski S, 2002.** How many alleles per locus should be used to estimate genetic distances? *Heredity.*, 88, 62-65. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800009>.
- **Kalinowski S, Taper M, et Marshall T, 2007.** Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment, *Mol. Ecol.*, 16 (5),1099-1106, <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x>.
- **Kannegundla U, Reddy S, Amareswari P, Gnana P, et Mahender M, 2018.** Genetic diversity and phylogenetic relationship analysis of two rabbit breeds by microsatellite markers, *J. Anim. Res.*, 8, 289-296, <https://doi.org/10.30954/2277-940X.04.2018.19>.
- **Karsli B, Demir E, Fidan H, et Karsli T, 2020.** Assessment of genetic diversity and differentiation among four indigenous Turkish sheep breeds using microsatellites, *Arch. Anim. Breed.*, 63, 165–172, <https://doi.org/10.5194/aab-63-165-2020>.
- **Keller L, et Waller D, 2002.** Inbreeding effects in wild populations, *Trends Eco. Evol.*, 17(5), 230-241.
- **Khelil S, Meliani S, et Guemour D, 2019.** Breeding performance of local population of female rabbits raised in Tiaret area (semi-arid climate), *Veterinaria.*, 68 (3), 147-150.

- **Kim K, et Moore j, 2009.** Encyclopedia of Distance Learning, Second Edition, <https://doi.org/10.4018/978-1-60566-198-8.ch298>.
- **Konopiński M, 2020.** Shannon diversity index: a call to replace the original Shannon's formula with unbiased estimator in the population genetics studies, *PeerJ.*, 8, e9391, <https://doi.org/10.7717/peerj.9391>.
- **Korstanje R, Gillissen G, den Bieman M, Versteeg S, van Oost B, Fox R, van Lith H, et van Zutphen L, 2001a.** Mapping of rabbit chromosome 1 markers generated from a microsatellite-enriched chromosome-specific library, *Anim. Genet.*, 32, 308–312.
- **Korstanje R, Gillissen G, Kodde L, Den Bieman M, Lankhorst A, Van Zutphen L, et Van Lith H, 2001b.** Mapping of microsatelliteloci and association of aorta atherosclerosis with LGVI markers in the rabbit, *Physiol. Genom.*, 6, 11–18.
- **Kourichi A, 2020.** Caractérisation morphométrique de quelques populations de lapin domestique dans la wilaya de Tlemcen et Sidi-Bel-Abbès, mémoire de master en biologie, Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen, 76 pages.
- **Lacher T, Murphy W, Rogan J, Smith A, et Upham N, 2016.** Evolution, phylogeny, ecology, and conservation of the Clade Glires: Lagomorpha and Rodentia, *Handbook of mammals of the world.*, 6, 15-26.
- **Laliberte Y, 1998.** Caractérisation de la variabilité et des distances génétiques des bovins de race canadienne, Suisse-brune et Holstein à l'aide du polymorphisme des caséines et de marqueurs microsatellites, Université de Sherbrooke, Québec, Canada.
- **Lang J, 1981.** The nutrition of the commercial rabbit. Part 1, Physiology, digestibility and nutrient requirements, *Nutr. Abstr. Rev.*, B 51, 197–217.
- **Lebas F, 2002.** Taxonomie et Origine du Lapin, la biologie du lapin, [www.cuniculture.info](http://www.cuniculture.info), Date de consultation 21/07/2023.
- **Lebas F, 2008.** Historique de la domestication et des méthodes l'élevage des lapins, méthodes d'élevage, [www.cuniculture.info](http://www.cuniculture.info), Date de consultation 21/07/2023.
- **Lebas F, 2011.** Cuniculture, biologie du lapin. [www.cuniculture.info](http://www.cuniculture.info), date de consultation le 20/07/2023.
- **Lebas F, Coudert P, De Rochambeau H, et Thebault G, 1996.** Le lapin : Elevage et Pathologie, Nouvelle version révisée, FAO édition, Rome, 227 pages.
- **Lebas F, Coudert P, De Rochambeau H, et Thebault G, 1997.** The Rabbit: Husbandry, Health, and Production, FAO édition, Rome, 274 pages.
- **Lebas, F, Gidenne T, Perez J, et Licois D, 1998.** Nutrition and pathology, in: De Blas C, et Wiseman J (éditeurs), the nutrition of the rabbit, CABI Publishing, 197–213.
- **Levin S, 2001.** Encyclopedia of biodiversity, 1, Academic Press, 943 pages.
- **Li J, Zhao B, Chen Y, Zhao B, Yang N, Hu S, Shen J, et Wu X, 2020.** A Genetic Evaluation System for New Zealand White Rabbit Germplasm Resources Based on SSR Markers, *Animals.*,10(8),1258, <https://doi.org/10.3390/ani10081258>.
- **Lindblad-Toh K, Garber M, Zuk O, Lin M, et Parker B, 2011.** A high-resolution map of human evolutionary constraint using 29 mammals, *Nature.*, 478, 476-482.
- **Loewe L, 2008.** Genetic mutation. *Nature Education* 1(1), 113.

- **Loewe L, et Hill W, 2010.** The population genetics of mutations: good, bad and indifferent, *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.*, 365(1544),1153-1167, <https://doi.org/10.1098/rstb.2009.0317>.
- **López-Martínez N, 1977.** Revisión sistemática y bioestratigráfica de los Lagomorpha (Mammalia) del Terciario y Cuaternario inferior de España, these de doctorat Université de Madrid, Espagne.
- **Lukefahr S, 2000.** National rabbit project population of Ghana: A genetic case study, in: Galal, S, Boyazoglu J, et Hammond K, *Workshop on Developing Breeding Strategies for Lower Input Animal Production Environments*, Bella, Italy, International Committee for Animal Recording, 307-318.
- **Ma Q, Wu B, Jiang J, et Song Z, 2020.** Genetic Characterization of Selected Domestic Populations of Channel Catfish (*Ictalurus punctatus*) using Microsatellites, *Pakistan J. Zool.*, 52, 1683-1689.
- **MADR, 2003.** Rapport National sur les Ressources Génétiques Animales : Algérie, 46 pages.
- **Mailund T, Brodal G, et Fagerberg R, 2006.** Recrafting the neighbor-joining method, *BMC Bioinformatics.*, 7, 29, <https://doi.org/10.1186/1471-2105-7-29>.
- **Manning P, Ringler D, et Newcomer C, 1994.** The biology of the laboratory rabbit, 2nd editon, California, United states, Academic Press, 483 pages.
- **Mapara M, Thomas B, et Bhat K, 2012.** Rabbit as an animal model for experimental research, *Dent Res J (Isfahan)*, 9(1),111-118, <https://doi.org/10.4103/1735-3327.92960>.
- **Martrenchard L, 2021.** Etude générale du lapin domestique (*oryctolagus cuniculus*) : domestication, répartition actuelle et perspective d'avenir, thèse de docteur vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire de de Toulouse, France, 116 pages.
- **Mayer J, 2022.** Nutrition of Rabbits, MSD veterinary manual <https://www.msdevetmanual.com/exotic-and-laboratory-animals/rabbits/nutrition-of-rabbits>, date de consultation le 25/07/2023.
- **Mazouzi-Hadid F, Abdelli-Larbi O, Lebas F, Berchiche M, et Bolet G, 2014.** Influence of coat colour, season and physiological status on reproduction of rabbit does in an Algerian local population, *Animal reproduction science.*, 150 (1), 30-34.
- **Mazzouz A, 2007.** L'influence de phénotype sur les performances, mémoire de fin d'étude, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 63 pages.
- **McClure D, 2022.** Description and physical characteristics of rabbits, MSD manual veterinary manual, <https://www.msdevetmanual.com/all-other-pets/rabbits/description-and-physical-characteristics-of-rabbits>.
- **McDonald J, and Kreitman M, 1991.** Adaptive Protein Evolution at the Adh Locus in *Drosophila*. *Nature*, 35, 652–654, date de consultation le 25/07/2023.
- **Mefti Korteby H, 2016.** Heritability and correlation of the zootechnical performance of the Algerian local rabbit, *Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.*, 3(5), 36-41.
- **Mekid M, et Addoun Y, 2014.** Indexation génétique de la population locale de lapin sur des performances de reproduction et de croissance, mémoire de master en biologie, Université Saad Dahlab Blida -1-, 80 pages.
- **Melander Y, 1956.** The chromosome complement of the rabbit, *Hereditas.*, 42, 432–435.

- **Merad Z, Daoudi N, Berbar A, Lafri M, et Kaidi R, 2015.** Breeding local rabbit in northern and southern Algeria: situation of production and consumption of rabbit's meat, *Agriculture and food.*, 3, 340-348.
- **Messer P, 2016.** Neutral Models of Genetic Drift and Mutation, in; Kliman R (éditeur), *Encyclopedia of Evolutionary Biology*, Academic Press, 119-123, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-800049-6.00031-7>.
- **Minardi P, Mordenti A, Badiani A, Pirini M, Trombetti F, et Albonetti S, 2020.** Effect of the dietary antioxidants supplementation on rabbit performances, meat quality and oxidative stability of muscles, *World Rabbit Sci.*, 145–159.
- **Mir R, Shafi S, et Zargar S, 2023.** Chapter 2 - Genome mapping, in: Mir R, Shafi S, et Zargar S, *Principles of Genomics and Proteomics*, Elsevier, 29-46, <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-99045-5.00007-0>.
- **Mittal B, Chaturvedi P, et Tulsyan S, 2013.** Restriction Fragment Length Polymorphism, in: Maloy S, Hughes K, *Brenner's Encyclopedia of Genetics (Second Edition)*, Academic Press, 190-193, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-374984-0.01314-0>.
- **Mittal N, et Dubey A, 2009.** Microsatellite markers - A new practice of DNA based markers in molecular genetics, *Pharmacognosy Rev.*, 3(6), 235-246.
- **Mogharbi A, Mediouni M, Ameer Ameer A, Azzi N, et Gaouar S, 2021.** Morphometric characterization of domestic rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) in western Algeria, *Genet. Biodiv. J.*, 5(2), 72-97.
- **Mohamed E, et Abdelfattah M, 2018.** Genetic Diversity Assessment Among Six Rabbit Breeds Using Rapd and Srap Markers, *Egypt. J. Genet. Cytol.*, 47, 161–173.
- **Mohapatra S, Nayak V, Paul A et Adhikary S, 2019.** Mitochondrial DNA: A Molecular Tool for Assessment of Genetic Diversity, *International Journal of Livestock Research.*, (9), 49-58, <https://doi.org/10.5455/ijlr.20190404113609>.
- **Morgil H, Gercek Y, et Tulum I, 2020.** Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) in Plant Genetics and Breeding, in: Çalışkan M, Erol O et Cevahir Öz G (éditeurs), *The Recent Topics in Genetic Polymorphisms*, <https://doi.org/10.5772/intechopen.91886>.
- **Mougel F, Gautier A, Queney G, Sanchez M, Dennebouy N, et Monnerot M, 2002.** History of European rabbit populations in France: advantage and disadvantage of mtDNA, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AJ535802>.
- **Mougel F, Mounolou C, Monnerot M, 1997.** Nine polymorphic microsatellite loci in the rabbit, *Oryctolagus cuniculus*, *Animal genetics.*, 28 (1), 59.
- **Mouhous A, Benabdelaziz T, Limani C, Kadi S, Djellal F, Guermah H, et Berchiche M, 2019.** L'efficacité des aides de l'Etat en relation avec les performances de production : cas des élevages cunicole la région de Tizi-Ouzou, Algérie, proceeding de 18èmes Journées de la Recherche Cunicole, 27 - 28 mai 2019, Nantes, France.
- **Mouhous A, Guermah H, Djellal F, et Kadi S, 2021.** Sustainability and profitability of commercial rabbitries in Tizi-Ouzou, Algeria, proceeding of the 12th World Rabbit Congress, November 3-5, Nantes, France.
- **Moulla F, et Yakhlef, 2007.** Evaluation des performances de reproduction d'une population locale de lapins en Algérie, 12èmes Journées de la Recherche Cunicole, 27-28 novembre 2007, Le Mans, France, 45-48.

- **Mwacharo, J, Otieno C, et Okeyo M, 2005** . Suitability of Blood Protein Polymorphisms in Assessing Genetic Diversity in Indigenous Sheep in Kenya, in: Makkar H, Viljoen G (éditeurs), Applications of Gene-Based Technologies for Improving Animal Production and Health in Developing Countries, Springer, Dordrecht, [https://doi.org/10.1007/1-4020-3312-5\\_42](https://doi.org/10.1007/1-4020-3312-5_42).
- **Nei M, 1972**. Genetic distance between populations, *American Naturalist.*, 106, 283–292.
- **Nei M, 1978**. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genetics.*, 89, 583-590.
- **Nei M, Maryama T, et Chakraborty R, 1975**. The bottleneck effect and genetic variability in populations, *Evolution.*, 29,1-10.
- **Nezar N, 2007**. Caractéristiques morphologiques du lapin local, mémoire de magister en Sciences vétérinaires, Université El-Hadj Lakhdar Batna, 84 pages.
- **Nonić M, et Šijačić-Nikolić M, 2021**. Genetic Diversity: Sources, Threats, and Conservation, in: Leal Filho W, Azul A, Brandli L, Lange Salvia A, et Wall T (éditeurs) Life on Land, Encyclopedia of the UN Sustainable Development Goals, Springer, Cham, 421-435, [https://doi.org/10.1007/978-3-319-95981-8\\_53](https://doi.org/10.1007/978-3-319-95981-8_53).
- **O'Connor C, 2008**. Karyotyping for chromosomal abnormalities, *Nature Education.*, 1(1), 27.
- **Oke U, et Iheanocho V, 2011**. Effect of breed and breeding system on reproductive performance of rabbits in a humid tropical environment, *Tropical and Subtropical Agroecosystems.*, 14, 369 – 373.
- **Omotoso A, Olowofeso O, Wheto M, Sogunle, O, Olufowobi O, et Tor, E, 2019**. Genetic variation amongst four rabbit populations in Nigeria using microsatellite markers, *Nigerian Journal of Animal Science.*, 21, 37-44.
- **Ouled Amer M, 2011**. Caractérisation phénotypique du lapin de population locale, mémoire de fin d'étude, Université Abdelhamid Ibn Badis Mostaganem, 79 pages.
- **Painter T, 1926**. Studies in mammalian spermatogenesis VI, The chromosomes of the rabbit, *Journal of Morphology.*, 43, 1-43.
- **Palmer D, 1999**. The Marshall Illustrated Encyclopedia of Dinosaurs and Prehistoric Animals, Marshall Editions, United Kingdom, 285 pages.
- **Parker H, Kim L, Sutter N, Carlson S, Lorentzen T, Malek T, Johnson G, DeFrance H, Ostrander E, et Kruglyak L, 2004**. Genetic structure of the purebred domestic dog, *Science.*, 304, 1160–1164.
- **Pashnick J, et Thum R, 2020**. Comparison of molecular markers to distinguish genotypes of Eurasian watermilfoil, northern watermilfoil, and their hybrids, *Journal of Aquatic Plant Management.*, 58, 61-66.
- **Paun O, et Schönswetter P, 2021**. Amplified fragment length polymorphism: an invaluable fingerprinting technique for genomic, transcriptomic, and epigenetic studies, *Methods Mol Biol.*, 862, 75-87, [https://doi.org/10.1007/978-1-61779-609-8\\_7](https://doi.org/10.1007/978-1-61779-609-8_7).
- **Peakall R, et Smouse P, 2012**. GenAlEx6.5: genetic analysis in Excel, Population genetic software for teaching and research - an update, *Bioinformatics.*, 28, 2537–2539, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.

- **Pereira V, et Gusmão L, 2013.** X-Chromosome Markers, in: Siegel J, Saukko P, et Houck M (éditeurs), Encyclopedia of Forensic Sciences (Second Edition), Academic Press, 257-263, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-382165-2.00047-7>.
- **Petrescu-Mag I, Păpuc T, Oroian I, et Botha M, 2019.** A review of the phylogeny of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*), Rabbit Gen., 9(1),1-9.
- **Petroianu A, 1996.** Ethical Aspects of Animal Research, Acta Cir Bras.,11,157-164.
- **Pritchard J, Stephens M, et Donnelly P, 2000.** Inference of population structure using multilocus genotype data, Genetics., 155 (2), 945–959.
- **Queney G, Ferrand N, Weiss S, Mougél F, et Monnerot M, 2001.** Stationary distributions of microsatellite loci between divergent population groups of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*), Molecular Biology and Evolution., 18, 2169–2178.
- **R Development Core Team, 2008.** R: A Language and Environment for Statistical Computing, R Foundation for Statistical Computing, Autriche.
- **Rabie T, 2020.** Assessment of Genetic Variability and Population Structure of Five Rabbit Breeds by Microsatellites Markers Associated with Genes, J. World Poult. Res., 10(2S), 125-132, <https://dx.doi.org/10.36380/jwpr.2020.17>.
- **Reynolds J, Weir B, et Cockerham C, 1983.** Estimation for the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance, Genetics., 105, 767–779.
- **Richard P, Groen A, Van Der Beek S, et Groenen A, 1996.** Microsatellite polymorphism in commercial broiler and layer lines estimated using pooled blood samples, Poult. Sci., 75 (7), 904-909.
- **Rico C, Rico I, Webb N, Smith S, et Bell D, 1994.** Four polymorphic microsatellite loci for the European wild rabbit, *Oryctolagus cuniculus*, Anim. Genet., 25 (5), 367.
- **Rogel Gaillard C, Ferrand N, et Hayes H, 2009.** Rabbit, in: Kole C, et Cockett N (éditeurs), Genome Mapping and Genomics in Domestic Animals, Springer,165–230.
- **Rokas A, Ladoukakis E, et Zouros E, 2003.** Animal mitochondrial DNA recombination revisited, Trends. Ecol. Evol., 18, 411–417.
- **Sagar N, Reddy S, Gupta B et Mahendar M, 2016.** Molecular Characterization of New Zealand White and APAU Black Rabbits using Microsatellite Markers, Journal of Animal Research, 6 (4), 597-602, <https://doi.org/10.5958/2277-940X.2016.00069.3>.
- **Saidj D, Aliouat S, Arabi F, Kirouani S, Merzem K, Merzoud S, Merzoud I et Ain Baziz H, 2013.** La cuniculture fermière en Algérie : une source de viande non négligeable pour les familles rurales, Livestock Research for Rural Development, 25, 1-8.
- **Saitou N, et Nei M, 1987.** The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees, Mol Biol Evol., 4, 406–425.
- **Salissard M, 2013.** La lapine, une espèce à ovulation provoquée, Mécanismes et dysfonctionnement associé : la pseudo-gestation, thèse de docteur Médecine vétérinaire, Ecole Nationale Vétérinaire de Toulouse - ENVT, 102 pages.
- **Sanah I, 2017.** Viande cunicole : situation de l'élevage dans l'Est algérien, comparaison des paramètres physico chimiques, biochimiques, et sensoriels de la race Néo-Zélandaise et la population locale « El Arbia », mémoire de magister en sciences alimentaires, Université des Frères Mentouri Constantine 1, 133 pages.

- **Sanah I, Becila S, Djeghim F, et Boudjellal A, 2020.** Rabbit meat in the east of Algeria: motivation and obstacles to consumption, *World Rabbit Sci.*, 28, 221-237, <https://doi.org/10.4995/wrs.2020.13419>.
- **Sanah I, Boudjellal A, et Becila S, 2022.** Descriptive analysis of rabbit meat marketing parameters in the north-east of Algeria, *World Rabbit Sci.*, 30, 163-180. <https://doi.org/10.4995/wrs.2022.16649>.
- **Sandford J, 1996.** *The Domestic Rabbit*, fifth edition, Blackwell Science.
- **Sastry N, 2023.** The Indian Situation of Livestock Farming & Planetary Boundaries, *Indian J. Anim. Prod. Manage.*, 37, 69–87, <https://doi.org/10.48165/ijapm.2023.37.2.1>.
- **Schiere J, et Corstiaensen C, 2008.** *L'élevage familial de lapins dans les zones tropicales*, Agrodok, 20, 5eme édition, 80 pages.
- **Schmidt T, Jasper M, Weeks A, et Hoffmann A, 2021.** Unbiased population heterozygosity estimates from genome-wide sequence data, *Methods Ecol Evol.*, 12, 1888–1898, <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13659>.
- **Searle A, 1968.** *Comparative genetics of coat colour in mammals*, Logos Press Limited, United Kingdom.
- **Serrote C, Reiniger L, Silva K, Rabaiolli S, et Stefane C, 2020.** Determining the Polymorphism Information Content of a molecular marker, *Gene*, 726, 144175, <https://doi.org/10.1016/j.gene.2019.144175>.
- **Shevchenko Y, et Kopylov K, 2015.** Genotyping of New Zealand White Rabbits by PCR-RFLP Markers, *Agricultural Science and Practice.*, 2, 21–25, <https://doi.org/10.15407/agrisp2.02.021>.
- **Siddiqui S, Gerini F, Ikram A, Saeed F, Feng X, et Chen Y, 2008.** Rabbit Meat Production, Consumption and Consumers' Attitudes and Behavior, *Sustainability.*, 15, <https://doi.org/10.3390/su15032008>
- **Singh P, Mondal S, et Singh R, 2021.** Chapter 1 - Introduction, in: Mondal S, et Singh R (éditeurs), *Advances in Animal Genomics*, Academic Press, 1-12, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-820595-2.00001-1>.
- **Slatkin M, 1985.** Rare alleles as indicators of gene flow, *Evolution.*, 39(1), 53-65, <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb04079.x>.
- **Smith A, et Nelson R, 2003.** Capillary electrophoresis of DNA, *Current Protocols in Nucleic Acid Chemistry*, <https://doi.org/10.1002/0471142727.mb0208s68>.
- **Smith M, 2023.** Polymerase chain reaction (PCR), National Human Genome Research Institute, <https://www.genome.gov/genetics-glossary/Polymerase-Chain-Reaction>, date de consultation le 03/08/2023.
- **Sokal G, et Michener C, 1958.** A statistical method for evaluating systematic relationships, *Kans. Univ Sci Bull.*, 28, 1409-1438.
- **Sosa-Madrid B, Hernández P, Blasco A, Haley C, Fontanesi L, Santacreu M, Pena R, Navarro P, et Ibáñez-Escriche N, 2020b.** Genomic regions influencing intramuscular fat in divergently selected rabbit lines, *Anim Genet.*, 51(1), 58-69, <https://doi.org/10.1111/age.12873>.
- **Sosa-Madrid B, Santacreu M, Blasco A, Fontanesi L, Pena R, Ibáñez-Escriche N, 2020a.** A genome wide association study in divergently selected lines in rabbits reveals

- novel genomic regions associated with litter size traits, *J Anim Breed Genet.*, 137(2),123-138. <https://doi.org/10.1111/jbg.12451>.
- **Springer M, Stanhope M, Madsen O, et De Jong W, 2004.** Molecules consolidate the placental mammal tree, *Trends Ecol Evol.*, 19 (8), 430-438, <https://doi.org/10.1016/j.tree.2004.05.006>.
  - **Srivastava A, Patel J, Ankuya K, Chauhan H, Pawar M, et Gupta J, 2019.** Conservation of indigenous cattle breeds, *Journal of Animal Research.*, 9, 1-12.
  - **Sternstein I, Gudrun A, Brockman N, et Fontanesi L, 2021.** Cytogenetics, Physical and Genetic Maps and QTL Mapping in the European Rabbit, in: Fontanesi L (éditeur), the genetics and genomics of the rabbit, 43-65.
  - **Sternstein I, Reissmann M, Maj D, Bieniek J, et Brockmann G, 2015.** A comprehensive linkage map and QTL map for carcass traits in a cross between Giant Grey and New Zealand White rabbits, *BMC Genet.*, 16,16, <https://doi.org/10.1186/s12863-015-0168-1>.
  - **Stevens L, et Dorn P, 2017.** Population genetics of Triatominae, in : Telleria J, et Tibayrenc M, *American Trypanosomiasis Chagas Disease (Second Edition)*, Elsevier, 169-196, <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801029-7.00008-3>.
  - **SurrIDGE A, Bell D, Diana J, Ibrahim K et Hewitt G, 1999.** Population structure and genetic variation of European wild rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) in East Anglia, *Heredity.*, 82, 479-487.
  - **SurrIDGE A, Bell D, Rico C, et Hewitt G, 1997.** Polymorphic microsatellite loci in the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) are also amplified in other Lagomorph species, *Anim. Genet.*, 28 (4), 302-305.
  - **Szpiech Z, et Rosenberg N, 2011.** On the size distribution of private microsatellite alleles, *Theor Popul Biol.*, 80(2), 100-113, <https://doi.org/10.1016/j.tpb.2011.03.006>.
  - **Tamura K, Nei M, et Kumar S, 2004.** Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method, *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 101 (30) 11030-11035, <https://doi.org/10.1073/pnas.0404206101>.
  - **Tan S, et Yiap B, 2009.** DNA, RNA, and protein extraction: the past and the present, *J Biomed Biotechnol.*, 574398, <https://doi.org/10.1155/2009/574398>.
  - **Tapio M, Ozerov M, Tapio I, Toro M, Marzanov N, Cinkulov M, Goncharenko G, Kiselyova T, Murawski M, et Kantanen J, 2010.** Microsatellite-based genetic diversity and population structure of domestic sheep in northern Eurasia, *BMC Genet.*, 10, 11-21.
  - **Tautz D, 1989.** Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers, *Nucleic Acids Res.*,17, 6463–6471.
  - **Teil H, 1975.** Correspondence factor analysis: An outline of its method, *Mathematical Geology* 7, 3-12. <https://doi.org/10.1007/BF02080630>.
  - **Thyssen P, Lessinger A, Azeredo-espin A, et Linhares A, 2005.** The Value of PCR-RFLP Molecular Markers for the Differentiation of Immature Stages of Two Necrophagous Flies (Diptera: Calliphoridae) of Potential Forensic Importance, *Neotropical Entomology.*, 34(5),777-783.

- **Toro M, Fernández J, Caballero A, 2009.** Molecular characterization of breeds and its use in conservation, *Livestock Science.*, 120 (3), 174-195, <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.07.003>.
- **Tufarelli V, Tateo A, Schiavitto M, Mazzei D, Calzaretti G, et Laudadio V, 2022.** Evaluating productive performance, meat quality and oxidation products of Italian White breed rabbits under free-range and cage rearing system, *Anim. Biosci.*, 35, 884–889
- **Ulfah M, Fajri S, Nasir M, Hamsah K et Purnawan S, 2019.** Diversity, evenness and dominance index reef fish in Krueng Raya Water Aceh Besar, *Earth and Environmental Science.*, 348, 012074, <https://doi.org/10.1088/1755-1315/348/1/012074>.
- **USDA, 1972.** Selecting and Raising Rabbits, *Agricultural Information Bulletin*, 358.
- **Van Lith H, et Van Zutphen L, 1996.** Characterization of rabbit DNA microsatellites extracted from the EMBL nucleotide sequence database, *Anim. Genet.*, 27 (6), 387–395.
- **Van Loon E, Cleary D, et Fauvelot C, 2007.** ARES: software to compare allelic richness between uneven samples, *Mol. Ecol. Notes.*, 7 (4), 579–582.
- **Varga M, 2014.** Chapter 1 - Rabbit Basic Science, in: Varga M (éditeur), *Textbook of Rabbit Medicine (Second Edition)*, Butterworth-Heinemann, 3-108, <https://doi.org/10.1016/B978-0-7020-4979-8.00001-7>.
- **Venge O, 1956.** Chromosome number in rabbit blastocysts, *Nature.*, 177, 384-385.
- **Vicente J, Viudes de Castro, Lavara R, et Moce E, 2004.** Study of fertilizing capacity of spermatozoa after heterospermic insemination in rabbit using DNA markers, *Theriogenology*, 61 (7-8), 1357–1365.
- **Wan J, 2008.** Association between single nucleotide polymorphism of MC4R gene and carcass traits in rabbits, *Yi Chuan.*, 30 (12), 1574-1578.
- **Wang D, Xie K, Wang Y, Hu J, Li W, Yang A, Zhang Q, Ning C, et Fan X, 2022.** Cost-effectively dissecting the genetic architecture of complex wool traits in rabbits by low-coverage sequencing, *Genet Sel Evol.*, 54(1), 75, <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00766-y>.
- **Wang M, Barkley N, et Jenkins T, 2009.** Microsatellite Markers in Plants and Insects, Part I: Applications of Biotechnology, *Genes, Genom. Genom.*, 3, 54-67.
- **Weising K, Nybom H, Wolff K, et Kahl G, 2005.** *DNA Fingerprinting in Plants: Principles, Methods and Applications*, CRC Press Inc., Boca Raton, USA. 147-151.
- **Whitman B, 2004.** *Domestic Rabbits & Their Histories: Breeds of the World*, Leathers Publishing, 456 pages.
- **Wilson D, et Reeder D, 1992.** *Mammal Species of the World, A Taxonomic and Geographic Reference*, Smithsonian Institution Press, Washington, USA, 1, 2142 pages.
- **Woldvogel A, et Pfenninger M, 2021.** Temperature dependence of spontaneous mutation rates, *Cold Spring Harbor Laboratory Press*, 31, 1582–1589, <https://doi.org/10.1101/gr.275168.120>.
- **Womack J, et Kata S, 1995.** Bovine genome mapping: evolutionary inference and the power of comparative genomics, *Curr. Opin. Genet. Dev.*, 5 (6), 725-733.
- **Wright S, 1951.** The genetical structure of populations, *Annals of Eugenics.*, 15, 323–354, <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1949.tb02451.x>.

- **Wright S, 1965.** The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems of Mating, *Evolution.*, 19 (3), 395–420, <https://doi.org/10.2307/2406450>.
- **Wright S, 1978.** *Evolution and the Genetics of populations. Variability within and Among Natural Population*, University of Chicago Press.
- **Xin-Sheng W, Tian-Wen W, Hui-Ling W, Cheng Guang-Long C, Xu Q, JinHua C, Xiu-Bai Z, et Guo-Hong C, 2008.** Correlation analysis of wool yield in Wan Line Angora rabbits using microsatellite DNA markers, *J. Biol. Sci.*, 8(3), 679-682.
- **Yang H, Tao Y, Zheng Z, Li C, Sweetingham M, et Howieson J, 2012.** Application of next-generation sequencing for rapid marker development in molecular plant breeding: a case study on anthracnose disease resistance in *Lupinus angustifolius*, *BMC Genom.*, 13, 318-331.
- **Yang W, Kang X, Yang Q, Lin Y et Fang M, 2013.** Review on the development of genotyping methods for assessing farm animal diversity, *Journal of Animal Science and Biotechnology* 2013, 4, 1-6.
- **Yirgu M, Kebede M, et Feyissa T, 2023.** Single nucleotide polymorphism (SNP) markers for genetic diversity and population structure study in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare*) germplasm, *BMC Genom Data.*, 24, 7, <https://doi.org/10.1186/s12863-023-01109-6>.
- **Zachos F, 2020.** Mammalian Phylogenetics: A Short Overview of Recent Advances, in: Hackländer K, et Zachos F (éditeurs), *Handbook of the Mammals of Europe*, Springer, Cham, [https://doi.org/10.1007/978-3-319-65038-8\\_6-1](https://doi.org/10.1007/978-3-319-65038-8_6-1).
- **Zeder M, 2012.** The domestication of animals, *Journal of Anthropological Research.*, 68, 161–190.
- **Zerrouki N, 2006.** Caractérisation du lapin de la population locale : Evaluation des performances de reproduction des lapines en élevage rationnel, thèse de doctorat en Biologie Animale, Université Mouloud Mammeri Tizi-Ouzou, 131 pages.
- **Zerrouki N, Bolet G, Berchiche M, et Lebas F, 2005b.** Evaluation of breeding performance of a local algerian rabbit population raised in the Tizi-Ouzou area (kabylia), *World Rabbit Sci.*, 13, 29 – 37.
- **Zerrouki N, Bolet G, Gacem M, Lebas, 2014a.** Ressources génétiques cunicoles en Algérie : Analyse des performances de production de la souche synthétique en station et sur le terrain, en comparaison avec les deux types génétiques locaux : population Blanche et Population locale, 7èmes Journées de Recherche sur les Production Animales :10-11 Novembre 2014, Tizi-Ouzou Algérie, 51 pages.
- **Zerrouki N, Hannachi R, Lebas F, et Saoudi A, 2007a.** Productivité des lapines d'une souche blanche de la région de Tizi-Ouzou en Algérie, 12èmes Journées de la Recherche Cunicole, 27-28 novembre 2007, Le Mans, France, 141-144.
- **Zerrouki N, Kadi S, Berchiche M, et Bolet G, 2005a.** Evaluation de la productivité des lapines d'une population locale algérienne, en station expérimentale et dans des élevages, 11èmes Journées de la Recherche Cunicole, 2005 Novembre, Paris, France, 11, 14.
- **Zerrouki N, Kadi S, Lebas F, et Bolet G, 2007b.** Characterisation of a kabylian population of rabbits in Algeria : birth to weaning growth performance, *World Rabbit Sci.*, 15, 111-114.

- **Zerrouki N, Lebas F, Gacem M, Meftah I, et Bolet G, 2014b.** Reproduction performances of a synthetic rabbit line and rabbits of local populations in Algeria, in 2 breeding locations, *World Rabbit Sci.*, 22, 269-278, <https://doi.org/10.4995/wrs.2014.2129>.
- **Zhang D, He K, Raghavan N, Wang L, Mitroka J, et Maxwell B, 2009.** Comparative metabolism of <sup>14</sup>C-labeled apixaban in mice, rats, rabbits, dogs, and humans, *Drug Metab Dispos*, 37,1738-1748.
- **Zhu Y, Zhang J, Ren W, et Wang Y, 2004.** Genetic variation within and among five rabbit populations using microsatellite markers, *Proceedings of the 8th World Rabbit Congress*, 7-10 Sept. 2004, Puebla, Mexico, 181-185.

# **Annexes**

**Annexe 1.** Méthode de caractérisation de coloration de pelage de lapins proposée par Arnold et al (2005).

La méthode implique de répondre à un ensemble de 5 questions :

Q1 : Le lapin a-t-il une coloration albinos ?

- a. Non, le lapin n'a pas de coloration albinos.
- b. Oui, le lapin a une coloration albinos.

Dans ce cas, si la réponse est "non", vous pouvez poursuivre. Sinon, la description se termine.

Q2 : À quel modèle de coloration parmi les huit suivants le lapin appartient-il ?

- a. Agouti sauvage
- b. Agouti bicolore
- c. Agouti Harlequin
- d. Coloration plus intense aux extrémités du corps
- e. Unicolore
- f. Argenté
- g. Panaché plaqué
- h. Panaché tacheté

Q3 : La mélanine noire est-elle éclaircie en bleu ou convertie en teinte brune ?

- a. Elle reste noire
- b. Elle est diluée en bleu
- c. Elle est transformée en brun
- d. Elle devient lilas

Q4 : Pour les lapins agoutis uniquement, quelle est la couleur de l'entre-couleur ?

- a. L'entre-couleur est brun orangé
- b. L'entre-couleur est blanche

Q5 : Toujours pour les lapins agoutis, quelle est la largeur de l'entre-couleur ?

- a. Elle est de la même largeur que le lapin de garenne
- b. Elle est moins large que le lapin de garenne
- c. Elle est plus large que le lapin de garenne
- d. L'entre-couleur a envahi tout le poil

Les réponses à ces questions permettent de classifier les lapins en fonction des modèles de coloration définis par Arnold et al (2005).

## Annexe 2. Protocole de l'extraction de l'ADN

Un Kit extraction d'ADN, DNA easyspin (SP-TD 250, Citomed, Lisbonne, Portugal) a été employé pour l'extraction d'ADN totale de tissu de lapins selon les directives recommandées par le fabricant.

### Principe

Le kit DNA easyspin a été spécialement conçu pour l'isolement rapide de l'ADN à partir de tissus d'animaux. Il contient des colonnes EasySpin dotées d'une membrane permettant de lier jusqu'à 10 µg d'ADN génomique. Les protéines, les sels, les nucléotides et d'autres impuretés ne se fixent pas sur cette colonne. L'ADN génomique ainsi purifié peut être utilisé dans la plupart des expériences de biologie moléculaire, telles que la digestion par restriction, la PCR, la Southern blot, etc.

### Les étapes de l'extraction d'ADN

1. Nous avons prélevé jusqu'à 30 mg de tissu, que nous avons placé dans un tube de centrifugation de 1,5 ml.
2. Ensuite, dans ces tubes de centrifugation, nous avons ajouté 300 µl de Solution ACL (Solution de Lyse des Cellules Animales) ainsi que 20 µl de Protéinase K.
3. Nous avons procédé à une incubation à 55 °C jusqu'à ce que le tissu soit complètement dissous, ce qui a généralement pris de 1 à 3 heures. Pendant cette période, on a effectué des agitations. Il est à noter qu'une incubation dans un bain-marie agité aurait permis de réduire le temps de lyse.
4. Une fois la lyse achevée, nous avons refroidi le mélange à température ambiante, agité pendant 20 secondes, puis centrifugé à 12 000 tr/min pendant 5 minutes.
5. Par la suite, nous avons transféré 300 µl de surnageant dans une colonne EasySpin. Dans le cas où le pellet n'était pas visible, nous avons répété l'étape précédente. Ensuite, on a ajouté 300 µl de Solution AB au mélange, que nous avons agité. Et puis nous avons ensuite laissé reposer pendant 2 minutes.
6. Une centrifugation à 4 000 tr/min pendant 2 minutes a été effectuée pour éliminer le liquide de récupération.
7. Nous avons ajouté 500 µl de Solution de lavage et procédé à une centrifugation à 8 000 tr/min pendant 1 minute. Cette étape de lavage a été répétée une fois de plus.
8. Après avoir éliminé le liquide de récupération, nous avons centrifugé à 10 000 tr/min pendant 1 minute supplémentaire pour éliminer les éventuelles traces de Solution de lavage.
9. La colonne EasySpin a été placée dans un tube microcentrifuge propre de 1,5 ml. Pour augmenter le rendement de récupération, nous avons ajouté 30 à 50 µl de Tampon d'élution au centre de la membrane de la colonne. Le tube a été incubé à 37 °C ou 50 °C pendant 2 minutes.
10. Enfin, nous avons effectué une centrifugation à 10 000 tr/min pendant 1 minute pour extraire l'ADN de la colonne. Puis les ADN extrait sont stockés et conservés au congélateur à -20 °C.

**Annexe 3.** Fréquences alléliques pour les 85 locus chez les sept populations étudiées.

