

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



Département des Sciences Agronomiques

**Laboratoire de physiologie animale
appliquée, UMAB-Mostaganem**

**Laboratoire de Génétique Moléculaire
Appliquée, USTO-Oran**

Mémoire de Magister en Sciences Agronomiques

Option «Génétique et Reproduction Animale »

Présenté par M^{elle} FARADJI OUDA

Sous le thème

**Contribution à la caractérisation phénotypique des populations
avicoles locales du Nord-Ouest algérien et initiation aux techniques
de la biologie moléculaire par l'amplification du microsatellite
MCW41**

Composition du jury de soutenance :

Nom et prénom	Grade	Qualité	Structure
M. BOUDEROUA Kaddour	Pr.	Président	Université de Mostaganem
M. HALBOUCHE Miloud	Pr.	Rapporteur	Université de Mostaganem
M. CHOUGRANI Fadila	MCA.	Examinatrice	Université de Mostaganem
M. HOMRANI Abdelkader	MCA	Examineur	Université de Mostaganem

REMERCIEMENTS

Je tiens à exprimer mes sincères remerciements et toute ma gratitude :

A M. le Pr. BOUDEROUA Kaddour, qui m'a fait l'honneur d'accepter la présidence du jury de ma thèse,

A M. le Pr. HALBOUCHE Miloud, promoteur de cette étude, pour ses encouragements, ses orientations et ces précieux conseils,

A Mme. Le Dr CHOUGRANI Fadila, Maître de conférence à l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, d'avoir accepté la lourde tâche d'examiner ce travail,

A M. le Dr. HOMRANI Abdelkader Maître de conférence à l'Université Abdelhamid Ibn Badis de Mostaganem, pour avoir accepté d'examiner ce travail,

Je tiens à exprimer ma sincère gratitude à Mme MEHTAR Nadhira, Professeur de biologie Moléculaire à l'Université des Sciences et de la Technologie d'Oran (USTO), qui m'a accueillie au sein de son laboratoire de Génétique Moléculaire appliquée (USTOMB).

J'exprime ma sincère gratitude à Mme BOUSHABA Nadjat, pour son soutien et son aide technique au niveau du laboratoire,

Je ne saurais oublier tous ceux qui m'ont apporté leurs savoir-faire, leurs aides techniques, leur expérience, nécessaires pour la réalisation et le développement de ce travail, je remercie tout particulièrement M^{elle} MAHAMIE Fatima Zohra et toute l'équipe du laboratoire de génétique moléculaire appliquée.

Ma reconnaissance va également à tous mes collègues de Magister qui, par leur soutien et leur bonne humeur, m'ont aidée à mener à bien ce travail : Nacéra, Nadjia, Ourida, Tayyeb, Mohamed et Abdelkader.

Résumé

Le maintien et la sauvegarde du poulet local s'imposent encore tant que l'élevage extensif et semi-intensif reste une nécessité socio-économique. Les races locales, aux indéniables qualités de rusticité, méritent une autre attention sur le plan scientifique. La connaissance de leurs caractéristiques, leurs exigences et l'amélioration graduelle de leurs performances zootechniques peut être un cofacteur de développement économique et de sauvegarde de la biodiversité.

Le présent travail a pour but de contribuer à la caractérisation phénotypique des populations de poules locales du Nord-ouest de l'Algérie et de s'initier aux techniques de la biologie moléculaire et cela par l'amplification du microsatellite MCW41.

Les enquêtes sur terrain nous ont permis d'avoir une idée sur les différents phénotypes de poulets de la variété locale existants dans les régions visitées. Dans la présente étude, nous avons étudié les caractères mesurables chez deux phénotypes, le cou nu et le cou normal.

La poule normale atteint un poids de $1,53 \pm 0,169$ Kg et la longueur de ses pattes est de $7,329 \pm 0,827$ cm tandis que la poule cou nu atteint un poids de $1,462 \pm 0,250$ Kg et la longueur de ses pattes est de $6,856 \pm 1,030$ cm.

Nous avons constaté qu'il y a une différence significative entre les phénotypes chez les poules concernant le paramètre poids vif, et la longueur des pattes. Chez le coq, il y a une différence significative entre les phénotypes concernant le poids vif, la longueur d'aile et la longueur des pattes. Le dimorphisme sexuel est clair dans cette étude, on remarque que les coqs sont toujours plus lourds, plus long et plus larges que les poules.

L'extraction des 21 ADN à partir des prélèvements sanguins de 21 poulets choisis de 111 poules locales, nous a permis de contribuer à la constitution d'une bio thèque d'ADN aviaire au niveau du laboratoire de physiologie animale appliquée. Nous avons été initiés aussi à la technique d'amplification in vitro (PCR) et cela par l'amplification de 11 ADN par l'utilisation du microsatellite MCW41 les produits d'amplification ont été testés par une électrophorèse sur gel d'Agarose. Cette technique est fiable, non coûteuse et facile à réaliser.

Mots clés

Poule locale – Phénotype cou nu– PCR – Bio thèque d'ADN – Microsatellite MCW0041.

Summary

The maintenance and preservation of local chicken is still needed so long as extensive and semi-intensive farming is a socio-economic necessity. Local breeds, of undeniable hardiness, deserve further attention at the scientific level. Knowledge of their characteristics, requirements and the gradual improvement of their growth performance may be a cofactor for economic development and biodiversity conservation.

The present paper is intended to contribute to the phenotypic characterization of populations of local hens North-western Algeria and to learn the techniques of molecular biology through the amplification of microsatellite MCW41.

Field surveys have allowed us to have an idea about the different chicken phenotypes of the existing local variety in the visited regions. In this study, we investigated the measurable characteristics in two phenotypes, namely, those of a naked and a normal neck.

We found that there is a significant difference between phenotypes in chickens with regard to body weight and leg length parameters. For roosters, there is a significant difference between the phenotypes with regard to body weight as well as wing and leg length.

Normal chicken achieve a weight of $1,53 \pm 0,169$ Kg, a leg length of $7,329 \pm 0,827$ cm and naked chicken have a weight of $1,462 \pm 0,250$ Kg, a leg length of $6,856 \pm 1,030$ cm.

Sexual dimorphism is clear in this study. We notice that the roosters are still heavier, longer and wider than the hens.

The extraction of DNA from 21 blood samples from 21 chickens selected out of 111 local ones, allowed us to contribute to the establishment of an avian DNA bio-bank at the Applied Animal Physiology laboratory. We were also introduced to the in-vitro amplification technology (PCR) through the amplification of 11 DNA by using microsatellite MCW41. Amplification products were tested by an electrophoresis on Agarose gel. This technique is reliable, cheap and easy to carry out.

Key words

Local chicken, DNA Bio-bank, phenotype naked, PCR, microsatellite MCW0041.

ملخص

إن حفظ وصيانة الطيور المحلية الدجنة إلزامي إلى حد كبير , ما دامت تربيتها المكثفة وشبه المكثفة ضرورة اقتصادية و اجتماعية.

إن تميز السلالات المحلية بخصائصها القوية بتحملها, بخصائصها المقاومة تستوجب الاهتمام على الصعيد العلمي.

معرفة خصائصها و متطلباتها و التحسين التدريجي لمؤهلاتها يعتبر عاملا للتنمية الاقتصادية و للحفاظ على التنوع.

هذا العمل التوصيفي لبعض الأنماط الظاهرية لفصائل الطيور المحلية على مستوى ثلاث ولايات للشمال الغربي الجزائري ,

تحققنا أن هناك اختلافا معتبرا بين الدجاجات ذات الأنماط الظاهرية المختلفة فيما يخص عامل الوزن ألصافي و طول الأرجل و استنادا على هذه الأخيرة,

يصل وزن دجاجة عادية إلى $0,225 \pm 1,53$ كغ و يصل طول أرجلها إلى $1,336 \pm 7,329$ سم, غير أن الدجاجة عارية الرقبة تزن $1,462$ كغ و يصل طول أرجلها إلى $6,856$ سم.

لدى الديك هناك اختلافات معتبرة بين الأنماط فيما يخص الأجنحة و طول الأرجل, الاختلاف الجنسي واضح في هذه الدراسة, حيث نلاحظ دائما أن الديوك تتميز بثقلها و طولها عن الدجاجات.

استخلاص 21 حمضا نوويا من خلال 21 عينة دم لدجاجات مختارة من أصل 111 دجاجة محلية, مكنتنا من تكوين بنك للحمض النووي للدجاج في مخبر الفيزيولوجيا الحيوانية التطبيقية.

و يعتبر هذا الأخير هاما بحيث يمكن استعماله في الوصف الجيني لسلالات الطيور الدجنة باستعمال الواسمات الجزئية

هذا العمل مكننا من دراسة التنوع الجيني لعينة من دجاجات محلية ل 11 منها غير أبوية باستعمال واسمات MCW0041 متبعة بهجرة كهربائية على هلام الأغاروز (PCR) باستعمال طريقة تضخيم الحمض النووي

هذه الطريقة عملية و غير مكلفة, سمحت باستنتاج أحماض نووية متماثلة العوامل الوراثية و حمض نووي واحد ذو عوامل وراثية مختلفة الاقتران

الكلمات المفتاحية

دجاجات محلية, PCR, MCW41, واسمات, microsatellites, نمط ظاهري عارية الرقبة

Liste des tableaux

Tableau	Titre	Page
01	Enquêtes sur terrain et nombre des prélèvements sanguins.....	35
02	Caractéristiques du microsatellite MCW41	45
03	Paramètre poids vif chez les poules et les coqs de l'échantillon total.....	49
04	Paramètre Longueur du corps chez les poules et les coqs de l'échantillon total.....	50
05	Paramètre envergure des ailes chez les poules et les coqs de l'échantillon total.....	51
06	Paramètre longueur de l'aile chez les poules et les coqs de l'échantillon total.....	52
07	Paramètre longueur de patte chez les poules et les coqs de l'échantillon total.....	53
08	Paramètre poids vif chez les poules normales et les poules cou nu de l'échantillon des coqs normaux et coqs cou nu.....	55
09	Paramètre Longueur du corps les poules normales et les poules cou nu coqs de l'échantillon des coqs normaux et coqs cou nu.....	56
10	Paramètre envergure des ailes chez les poules et les coqs de l'échantillon total.....	57
11	Paramètre longueur de l'aile chez les poules normales et les poules cou nu de l'échantillon coqs cou nu et des coqs normaux	58
12	Paramètre longueur des pattes chez les poules normales et les poules cou nu de l'échantillon coqs cou nu et des coqs normaux	60
13	Résultats de l'extraction de l'ADN.....	62
14	Résultats du dosage des ADN par spectrophotométrie.....	63

Liste des figures

Figure	Titre	Page
01	<i>Gallus varius</i> (Java).....	06
02	<i>Gallus sonnerati</i> (Inde)	06
03	<i>Gallus lafayetti</i> (Ceylan).....	06
04	<i>Gallus gallus</i> (Thaïlande).....	06
05	<i>Gallus gallus spadiceus</i> (Chine).....	06
06	<i>Gallus gallus jabouillei</i> (Viêt-Nam).....	06
07	<i>Gallus gallus murghi</i> (Inde).....	06
08	<i>Gallus gallus bankiva</i> (Java).....	06
09	La White Leghorn.....	09
10	La Rhodes Island Red.....	09
11	La Sussex herminée.....	09
12	L'Orpington.....	09
13	Poule naine japonaise Yamato gunkei.....	09
14	Détail d'un microsatellite.....	30
15	Présentation de La zone d'étude.....	34
16	lyse hypotonique par TE10/10.....	38
17	Choc thermique par la glace.....	39
18	Centrifugation.....	39
19	Élimination du surnagent.....	39
20	Obtention d'un culot blanchâtre.....	39
21	Agitation rigoureuse.....	40
22	Incubation au bain marie.....	40
23	Précipitation de l'ADN à l'éthanol et obtention de la méduse.....	41
24	Dissolution de la méduse dans un tampon TE10/1.....	41

25	Principe de l'électrophorèse sur gel d'agarose.....	42
26	Principe de l'amplification in vitro (PCR).....	44
27	Dépôt des ADN dans les puits du gel d'agarose.....	46
28	Cuve remplie de tampon et générateur de courant électrique Utilisés pour l'électrophorèse en gel d'agarose.....	46
29	Visualisation de l'ADN sous Ultraviolets UV.....	46
30	Distribution du poids vif dans la population avicole locale.....	49
31	Distribution de la longueur du corps chez la population avicole locale.....	50
32	Distribution de l'envergure des ailes chez la population avicole locale.....	51
33	Distribution de la longueur d'aile chez la population avicole locale.....	52
34	Distribution de la longueur de patte chez la population avicole locale.....	53
35	Distribution du poids vif selon le phénotype chez la population poules Cou nu/normaux.....	54
36	Distribution du poids vif selon le phénotype coqs cou nu/normaux.....	55
37	Distribution de la longueur du corps selon le phénotype poules cou nu/normal...	56
38	Distribution de la longueur du corps selon le phénotype coqs cou nu/normal.....	56
39	Distribution de l'Envergure selon les poules cou nu/normal.....	57
40	Distribution de l'Envergure selon le phénotype coqs cou nu /normaux.....	58
41	Distribution la longueur d'Aile selon le phénotype poules cou nu/normal.....	59
42	Distribution de la longueur d'Aile selon le phénotype coqs cou nu/normaux ...	59
43	Distribution de la longueur Patte selon le phénotype poules cou nu / normal.....	60
44	Distribution de la longueur patte selon le phénotype coqs cou nu/normaux.....	60
45	Test de qualité des ADN des poules extraits après une migration à 100 Volts pendant 1 heure.....	64
46	Test d'amplification des ADN des poules sur gel d'agarose pour le microsatellite MCW41.....	65

Liste des abréviations

µl : Microlitre

ADN : Acide Désoxyribonucléique

Ae : Nombre efficace d'allèles

BET: Bromure d'ethidium

cM: Centimorgan

DO: Densité Optique

EDTA: Ethylene diamine tetracetic acid

EHW: Equilibre de Hardy-Weinberg

FAO: Food and Agriculture Organization

Hcl : Acide chlorhydrique

Hnb : Taux d'hétérozygotie non biaisé

Hobs : Taux d'hétérozygotie observé

Hth : Taux d'hétérozygotie théorique

Kb: Kilo base

M : Molaire

MgCl₂ : Chlorure de magnésium

ml : Millilitre

MT : Marqueur de taille

Na Cl : Chlorure de sodium

ng : nano gramme

pb : Paire de bases

PCR : Polymérase Chain Reaction

QTL: Quantitative Trait Loci

SNP: Single Nucleotide Polymorphism

STR: Short Tandem Repeat

TBE: Tris-Borate EDTA

TE : Tris-EDTA

USTOMB : Université des Sciences et de la Technologie d'Oran Mohamed Boudiaf

Sommaire

Introduction.....	01
I- Revue bibliographique	05
Chapitre I : L'espèce poule.....	05
1.1. L'origine de la poule.....	05
1.2. La domestication de la poule	05
1.3. Les effets de la domestication sur la reproduction des oiseaux.....	07
1.3.1. Avancement de la maturité sexuelle	07
1.3.2. Augmentation du nombre d'œufs pondus.....	07
1.3.3 Augmentation des performances du males	07
1.4. Les principales races mondiales	07
1.4.1. Les races légères ou type uniquement de ponte.....	09
1.4.2. Les races mixtes ou mi-lourds	09
1.4.3. Races lourdes ou type chair	09
1.4.4. Race naine.....	09
Chapitre II : La génétique de la poule.....	11
2.1. Le génome de la poule	12
2.2 Les gènes à effet visible chez la poule.....	12
2.2.1. Les principaux gènes affectant la coloration de la peau	12
2.2.1.1. la série allélique $W^+ w$	12
2.2.1.2. la série allélique $Y^+ y$	13
2.2.2. Les principaux gènes de la coloration du plumage.....	13
2.2.2.1. la série $C^+ cc^{re} c^{al}$	13
2.2.2.2. la série $I^D i^+$	14
2.3. Les principaux gènes affectant la structure, la longueur, ou la répartition des plumes.14	
2.3.1. Plumage frisé.....	14
2.3.2. Plumage soyeux.....	15
2.3.3. La pigmentation de l'œil	15
2.3.4. La coloration de l'œil	15
2.3.5. Les gènes affectant la forme de la crête	16
2.4. L'amélioration génétique de la poule locale.....	16
2.5. La sélection	17
2.6. L'utilisation des principaux gènes en amélioration de la population avicole locale	17
Chapitre III : L'aviculture traditionnelle	19

3.1. Les caractéristiques de l'aviculture traditionnelle	20
3.2. L'aviculture traditionnelle dans les pays en voix de développement	20
3.3. Systèmes de production de la poule locale	21
3.4. Comportement de la poule locale	22
3.5. Etat de l'élevage de poulet en Algérie	23
Chapitre IV : Les notions de la diversité génétique.....	24
4.1. La notion de race.....	25
4.2. L'étude de la variabilité génétique des animaux d'élevage.....	25
4.3. Critère de caractérisation des races domestiques.....	26
4.3.1. Marqueurs biochimiques.....	26
4.3.2. Polymorphisme de Longueur des Fragments de Restriction (RFLP)	27
4.3.3. Amplification Aléatoire d'ADN Polymorphe (RAPD)	27
4.3.4. Polymorphisme de Longueur des Fragments Amplifiés (AFLP)	27
4.3.5. Minisatellites.....	28
4.3.6. Microsatellites.....	29
4.3.7. Polymorphisme de simple nucléotide (SNP)	30
4.4. Les forces évolutives affectant la variabilité génétique des populations.....	31
4.4.1. Sélection.....	31
4.4.2. Dérive génétique.....	31
4.4.3. Mutation.....	32
4.4.4. Migration.....	32
II- Matériel et méthodes.....	33
1. Enquête sur terrain et échantillonnage.....	34
2. Etude statistique	36
3. Extraction de l'ADN par la technique de NaCl	36
3.1. Principe.....	36
3.2. Protocole expérimental.....	36
3.2.1. Préparation des solutions nécessaires pour l'extraction au Na CL.....	36
3.2.2. Etapes de l'extraction de l'ADN.....	37
3.2.2.1. Lyse des globules rouges.....	37
3.2.2.2. Lyse des globules blancs.....	39
3.3.3.3. Précipitation de l'ADN.....	40
4. Dosage de l'ADN par spectrophotométrie.....	41
5. Dilution des ADN	41
6. Test de qualité des ADN extrait par la technique d'électrophorèse sur gel d'agarose	42

7. Amplification de l'ADN <i>in vitro</i> par PCR.....	43
7.1 Principe	43
7.2 Choix du microsatellite MCW41	44
7.3 Conditions pratiques de la PCR.....	45
7.4 Mise en évidence des produits d'amplification par électrophorèse sur gel d'agarose....	46
III- Résultats et discussion.....	47
1. Résultats d'enquêtes sur terrain	48
1.1 Systèmes d'élevage.....	48
1.2 Alimentation et habitat.....	48
1.3 Maladies et traitements	48
2. Caractéristiques phénotype de la population de poules locale	49
2.1. Le poids vif.....	49
2.2. La longueur du corps.....	50
2.3. L'envergure des ailes	51
2.4. La longueur d'aile.....	52
2.5. Longueur des pattes.....	53
3. Effet du gène Na sur les paramètres morpho-pondéraux.....	54
3.1. Le poids vif.....	54
3.2. La longueur du corps.....	55
3.3. L'envergure des ailes	57
3.4. La longueur d'aile.....	58
3.5. Longueur des pattes.....	59
4. Extraction de l'ADN	61
5. Dosage des ADN	62
6. Test de qualité des ADN	63
7. Test d'amplification du microsatellite MCW41	64
CONCLUSIONS	68

INTRODUCTION

I- Introduction

L'Aviculture est indéniablement la branche des productions animales qui a enregistré en Algérie le développement le plus remarquable au cours de ces dernières années.

De nombreuses races et plusieurs centaines de variétés de poules sont connues à l'heure actuelle et de nouvelles populations sont développées quand les éleveurs cherchent à améliorer leurs animaux pour des raisons particulières. Les races peuvent être classées d'après la région du monde dont elles sont originaires et d'après leur fonction (Marle-Köster et al. 2008).

Dans de nombreux pays, il y a des espèces et des races animales autochtones qui pourraient éventuellement contribuer beaucoup plus qu'elles ne le font actuellement à la production alimentaire et ainsi satisfaire les besoins humains qui ne cessent d'augmenter à cause de la croissance démographique. L'utilisation des ressources génétiques agricoles, appropriées pour atteindre et maintenir les systèmes de production durables qui soient capables de répondre aux besoins de l'homme est indispensable pour la sécurité alimentaire au niveau national et mondial (Fadlaoui, 2006). L'élément fondamental dans l'élaboration de la politique globale de gestion des ressources génétiques est la diffusion des informations les concernant (Akouango *et al.* 2004). Une telle démarche implique un inventaire des races fondé sur les informations disponibles sur le terrain ou dans les bases de données nationales et internationales (Ollivier *et al.* 2000) : origine et histoire des races, informations sur les performances zootechniques et descriptions morphologiques.

Ces dernières années, de nombreuses études chez différentes espèces, y compris les animaux de ferme ont démontré que la variabilité génétique est une puissante source d'informations pour l'étude de la diversité au sein et entre les individus, familles, et des populations (Weigend et Romanov, 2001). Les marqueurs génétiques sont des fragments d'ADN, correspondant à des locus, pour lesquels il existe dans le génome d'une espèce, plusieurs formes, plusieurs allèles : c'est le polymorphisme (Pitel et Riquet, 2000). Parmi ces marqueurs, les microsatellites sont les plus couramment utilisés, l'application réussie de ce type de marqueurs dans les études de la biodiversité a été signalée pour toutes les espèces de ferme importantes (Soller et al. 2006).

L'Algérie possède des variétés de races qu'il convient d'identifier, contrôler et conserver. Une caractérisation phénotypique et génétique de ces races est, de ce fait, une priorité. Dans ce contexte notre étude a pour but de contribuer à la caractérisation morphologique des populations avicoles locales dans trois régions du nord-ouest algérien, dont les objectifs secondaires sont :

-D'étudier l'état de l'élevage des poules locales dans la région du nord-ouest de l'Algérie.

-D'étudier l'effet du phénotype cou nu sur les mensurations corporelles par rapport au phénotype normal.

-De contribuer à la constitution d'une bibliothèque d'ADN aviaire au niveau du laboratoire de Physiologie Animale Appliquée, de l'université de Mostaganem.

Pour cela, notre étude comporte deux parties, la première consiste à réaliser de nombreuses enquêtes sur terrain dans trois territoires du Nord-Ouest algérien : Mostaganem et Mascara et Relizane et cela pour échantillonner une population de poulets, des deux phénotypes normal et cou nu, élevée traditionnellement.

Dans une deuxième partie, les ADN d'animaux non apparentés ont été extraits à partir des échantillons sanguins prélevés durant les enquêtes sur terrain, ces ADN ont été utilisés pour l'initiation à la technique d'amplification in vitro "PCR" (Polymérase Chain Reaction).

REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I

L'ESPECE POULE

1. L'origine de la poule

La poule domestique (*Gallus Gallus domestiques*) est un oiseau qui appartient à l'ordre des « Galliformes », à la famille des « phasianidés » et au genre « Gallus ».

Il y a plus d'un million d'années, le genre *Gallus* était probablement constitué d'une seule population s'étendant sur tout le continent eurasiatique. Pendant les périodes de glaciation, le genre *Gallus* se serait trouvé divisé en trois groupes: le groupe méditerranéen ou moyen-oriental, le groupe indien et celui d'Asie de l'Est. Seul le groupe indien aurait survécu et évolué pour donner naissance aux quatre espèces actuellement reconnues (Coquerelle, 2000): *Gallus varius* trouvée le long de la côte de Java (figure 01), *Gallus sonnerati* rencontré en forêt dans le Sud-ouest du continent Indien (figure 2), *Gallus lafayetti* rencontré dans la zone boisée en Ceylan (figure 03) et *Gallus gallus* ou coq rouge de jungle. Ce dernier ressemble à certaines races domestiques de la variété rouge dorée. C'est celui qui a l'aire d'extension actuelle la plus vaste et il est divisé en cinq sous-espèces (Coquerelle, 2000) :

- *G. g. gallus* en Thaïlande et dans les régions voisines, à oreillons blancs (figures 04)
- *G. g. spadiceus* au Myanmar et en Chine et au Vietnam, à oreillons rouges (figures 05)
- *G. g. jabouillei* au sud de la Chine et au Vietnam, à oreillons blancs (figure 06)
- *G. g. murghi* en Inde, à oreillons blancs (figures 07).
- *G. g. bankiva* endémique de l'Île de Java, à oreillons rouges (figures 08).

2. La domestication de la poule

Le coq est un oiseau très territorial, et chante dès les premiers rayons du jour et passent la plus grande partie de la journée à rechercher leur nourriture, c'est leur activité favorite, et elles utilisent abondamment leur bec et leurs griffes pour piquer et gratter le sol, et y trouver les insectes, vers, graines, fruits et baies qui composent leur menu. Elles avalent également de petits cailloux pour remplir une poche spéciale de leur système digestif qui broie les aliments : les gésiers, les cailloux remplacent les dents que les oiseaux n'ont pas.

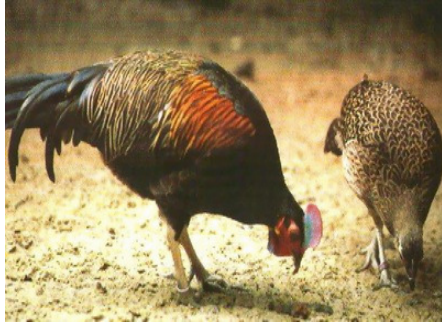


Figure 01 :*Gallus varius* (Java)
(Coquerelle, 2000)



Figure 02 :*Gallus sonnerati* (Inde)
(Coquerelle, 2000)



Figure 03 :*Gallus lafayetti* (Ceylan)
(Coquerelle, 2000)



Figure 04 :*Gallus gallusgallus* (Thaïlande)
(biobix. dk : JC Schou. Gallus gallus. com)



Figure 05 :*Gallus galluspadiceus* (Chine)
(biobix. dk : JC Schou. Gallus gallus. com)



Figure 06 :*Gallus gallus jabouillei* (Viet-Nam)
(Coquerelle, 2000)



Figure 07 :*Gallus gallus murghi* (Inde)
(Coquerelle, 2000)



Figure 08 :*Gallus gallus bankiva*
(Java) (Coquerelle, 2000)

Le coq sauvage était considéré comme oiseau sacré, il était interdit de le tuer. Du fait qu'il était vénéré et qu'il n'était pas pourchassé, le coq sauvage s'est habitué à la présence des hommes qu'il l'aimait pour son chant très matinal qui annonçait la venue du jour. Il semble bien en effet que la première raison de la domestication de la poule soit le coq et son caractère belliqueux pendant la période d'activité sexuelle (Coquerelle, 2000). L'homme a bénéficié de cette particularité pour organiser des combats de coqs, et enfin seulement il a trouvé sa multiplication importante à des fins alimentaires.

L'introduction des poules en Afrique n'est pas très documentée malgré qu'elles constituent l'espèce domestique la plus élevée en Afrique (Guèye, 1998). En Egypte, la première représentation d'un coq remonte à 1400 ans avant J-C, tandis que les recherches récentes situent la présence des poules en Afrique au 5ème siècle de notre ère, bien avant l'arrivée des européens. Il a notamment été suggéré que les poules présentes en Afrique ont des origines indiennes, liées au développement précoce des échanges commerciaux entre l'Inde et l'Afrique (Fotsa, 2008).

La première domestication de la poule a eu probablement lieu en Nouvelle-Guinée il y a entre 6000 et 3500 ans av. J.-C. Puis sa forme domestique s'est diffusée dans le monde entier pour la production de viande et d'œufs. Grâce au commerce maritime, les poules ont atteint le continent Asiatique, et de là se sont répandues à l'Ouest, en Europe et en Asie occidentale. Puis faire une sélection de races à haut potentiel de production pour la satisfaction des besoins en protéines d'origine animale, tandis que les premières tentatives d'amélioration génétique sont apparues en Amérique du nord vers 1930 (Coquerelle, 2000).

3. Les effets de la domestication sur la reproduction des oiseaux

La domestication puis la sélection ont conduit à des modifications fondamentales des caractéristiques morphologiques et des performances de reproduction des oiseaux. Elles les ont rendus aptes à produire un grand nombre de descendants grâce aux adaptations suivantes:

3.1. Avancement de la maturité sexuelle

Les dindons sauvages d'un an sont inaptes à la reproduction alors qu'au même âge les dindons domestiques ont leur maximum de fertilité. Les oies grises sauvages ne pondent qu'au cours de leur troisième printemps alors que leurs homologues domestiques peuvent, dans certains cas, pondre dès l'automne qui suit leur naissance. Cependant, ceci n'est pas vrai pour toutes les espèces, le coq de la jungle a sensiblement la même précocité que le coq domestique (Sauveur, 1988).

3.2. Augmentation du nombre d'œufs pondus

Ceci constitue un des points les plus évidents de l'augmentation de fertilité d'une espèce bien que les comparaisons soient quelquefois faites de façon biaisée, en effet, d'une part, les femelles domestiques reçoivent une alimentation permanente (et on sait très bien qu'on peut abaisser leurs performances de ponte en réduisant l'apport alimentaire), d'autre part, les œufs sont retirés chaque jour, ce qui freine considérablement le déclenchement de la couvaison.

Quoi qu'il en soit, cette augmentation de la ponte est indéniable. Elle est due à deux phénomènes complémentaires :

- les femelles domestiques pondent des séries d'œufs plus longues avant de couvrir, même si elles en ont la possibilité. Ainsi des canes khaki Combelle ou de Barbarie mises en présence d'un nid pondent tellement d'œufs avant de couvrir qu'il leur est même impossible d'en assurer correctement l'incubation ;

- La saison de reproduction est plus étendue chez les espèces domestiques que chez leurs ancêtres sauvages, même si elles sont placées dans les mêmes conditions d'environnement. Ceci ne doit donc pas être confondu avec l'augmentation de la ponte qui peut être obtenue en supprimant les jours courts d'hiver. Qui n'est plus un effet direct de la domestication sur l'animal (Sauveur, 1988).

3.3. Augmentation des performances du mâle

La taille des testicules en phase de reproduction a été accrue par la domestication chez le canard, le jârs et probablement d'autres espèces, En outre, comme chez la femelle, la durée annuelle de production des gamètes est beaucoup plus longue chez le mâle domestique que chez ses ancêtres, Ceci a été démontré particulièrement pour le canard mais est aussi vrai pour le coq. Le coq domestique produit du sperme tout l'année (bien qu'en quantité variable) alors que le coq de jungle présente des périodes d'inactivité (Sauveur, 1988)

4. Les principales races mondiales

Vers le Moyen Age, la volaille a acquis son importance commerciale comme fournisseur d'œufs et de viande. Des siècles durant, les éleveurs ont observé et mis à profit les modifications génétiques et par une sélection ciblée de certains types génétiques et la pression sur leur variabilité, ils ont créé une extraordinaire diversité parmi les 150 races de poules connues actuellement. Cette variabilité concerne aussi bien les caractères extérieurs (forme physique, couleur du plumage, huppées, plumage soyeux, absence de queue, cou nu, forme naine...) que les performances de production (viande ou œufs). Les races telles que nous les connaissons actuellement peuvent être regroupées selon leur utilité zootechnique comme suit :

4.1. Les races légères ou type uniquement de ponte

La race la plus connue dans ce groupe est la "White Leghorn" d'origine américaine caractérisée par un plumage blanc, grande crête, simple et droite chez le coq, tombante chez la poule avec des oreillons blancs. Les pattes et le bec sont jaunes (figure 9). Le coq pèse 2.5kg à 2.7kg et la poule 1.5 kg à 2.5 kg. Active, c'est la reine des pondeuses industrielles. Rustique et précoce, elle pond des œufs à coquille blanche et a complètement perdu l'instinct de couvaison. Exigeante dans son alimentation, son seul défaut majeur est à la qualité médiocre de sa chair, sèche et filandreuse (FFV, 2000).

4.2. Les races mixtes ou mi-lourds

Ils sont des races à double fin: chair et ponte, elles produisent un grand nombre d'œufs et une carcasse viandeuse à la réforme. Dans cette catégorie, nous retrouvons :

➤ La "Rhodes Island Red" d'origine américaine. Son plumage est roux (rouge foncé). La crête est droite et les oreillons rouges (figure 10). Le coq pèse 3 à 3.8 kg et la poule 2.5 à 3 kg. C'est une race rustique et docile, bonne pondeuse d'œufs à coquille brune ayant une chair de bonne qualité (FFV, 2000).

➤ La "Sussex herminée" originaire de la Grande Bretagne. Son plumage est blanc avec un camail bordé de plumes vert-noirâtre (figure 11). Chez le coq qui pèse 3 à 4 kg, les plumes de la queue sont noires à la partie supérieure. La poule est bonne couveuse; elle pèse 2.5 à 3 kg. La chair est très fine (FFV, 2000).

4.3. Races lourdes ou type chair

Ils sont des races à croissance rapide comme l'Orpington d'origine française (figure 12), sont des volailles calmes produisant des œufs brun clairs (FFV, 2000).

4.4. Race naine

Cette catégorie regroupe les races ornementales de plaisance ou de collection sans exigences zootechniques particulières, citant par exemple la poule japonaise Yamato gunkei (figure 13) (Falk M., 2006).



Figure 9: La White Leghorn
(feathersite.com/poultry/)



Figure 10: La Rhodes Island Red
(feathersite.com/poultry/)



Figure 11: La Sussex herminée
(feathersite.com/poultry/)



Figure 12: L'Orpington
(feathersite.com/poultry/)



Figure 13: La poule naine japonaise
Yamato gunkei (Falk M., 2006)

CHAPITRE II

LA GENETIQUE DE LA POULE

1. Le génome de la poule

Le caryotype normal de la poule ($2n = 78$) est constitué de 38 paires d'autosomes, morphologiquement différents et classés par ordre de taille décroissante, et d'une paire de chromosomes sexuels Z et W. Les femelles sont hétérogamétiques (ZW) et les mâles homogamétiques (ZZ). Les huit premières paires chromosomiques sont des macros chromosomes dont les 6 premières paires représentent approximativement 65% de la longueur totale du caryotype (Colleu, 2005).

Pour la carte génétique, la poule est la première espèce d'élevage à avoir eu une carte classique assez développée, en raison, d'une part, du nombre assez élevé de mutations morphologiques et, d'autre part, de la facilité à produire des familles assez grandes pour étudier la ségrégation d'un gène à effet visible. A l'heure actuelle, la carte classique n'est plus beaucoup utilisée, sauf pour certaines mutations qui n'ont pas encore été localisées. Le développement des marqueurs moléculaires a permis de construire une carte beaucoup plus complète couvrant tous les chromosomes avec un réseau de marqueurs. Enfin, la séquence du génome complet a été publiée en 2004 (Hillier et al. 2004).

2. Les gènes à effet visible chez la poule

2.1. Les principaux gènes affectant la coloration de la peau

2.1.1 La série allélique $W^+ w$

Elle appartient au groupe de liaisons III située sur le chromosome 1. L'allèle W^+ dominant autos mal donne des pattes blanches de type sauvage par opposition aux pattes jaunes parce qu'il empêche le dépôt des pigments xanthophylles dans la peau, les tarse, le bec et la graisse. Il est présent dans presque toutes les races. En présence de l'allèle Id, il donne une coloration du tarse blanche ou blanc rosé (races Gâtinaise, Bourbonnaise, Charolaise, Bourbourg, etc.) et en son absence une coloration du tarse gris bleu ardoisé (Bresse Gauloise, Ardennaise, Hergnies, poule de jungle, etc.).

L'autre allèle à ce locus est w , récessif autos mal, il donne la coloration jaune car il permet à l'état homozygote (ww) le dépôt des pigments xanthophylles dans le bec, les tarse, la peau et la graisse. Il faut attendre l'âge de 8 semaines pour être certain d'identifier w . En présence de l'allèle Id il donne des pattes de coloration jaune (Combattant du Nord, différentes variétés), et sinon, des pattes de coloration verte (Combattant du Nord, différentes variétés). L'allèle w est considéré comme mutant bien que présent dans certaines populations sauvages, car dans celles-ci la majorité des animaux est à pattes gris bleuté donc W^+ .

Les bonnes pondeuses ww ont les pattes beaucoup moins jaunes en fin de ponte que les mauvaises pondeuses car elles exportent davantage de pigments par le jaune de l'œuf (Coquerelle, 2000).

2.1.2. La série $Y^+ y$

Située sur le chromosome Z, elle appartient au groupe de liaison V. L'allèle Y^+ de type sauvage est dominant et lié au sexe à 23 centimorgans de S (argenté) et à 13 unités de br (œil brun). En présence de ww, il permet la coloration jaune des tarses et de la peau (Y^+ : Yellow).

L'allèle y récessif élimine la pigmentation jaune des tarses et de la peau des animaux ww et il diminue la coloration du jaune de l'œuf (Mc Gibbon, 1981). Ce mutant diminue la vitesse de croissance et l'efficacité alimentaire (Patterson *et al.* 1983). Il a donc un effet pléiotropie, il est en partie épistatique sur w. Il n'est pas fréquent et n'est pas caractéristique d'une race.

2.2. Les principaux gènes de la coloration du plumage

Deux séries alléliques au locus C et au locus I commandent l'expression de la coloration.

2.2.1. La série $C^+ c c^{re} c^{al}$

Son locus n'est pas connu. Elle comprend quatre allèles. L'allèle C^+ permet la coloration du duvet et du plumage par les pigments noirs, bruns et rouges. Par conséquent toutes les races colorées portent cet allèle.

Le blanc récessif est dû à l'allèle c, qui généralement donne à l'état homozygote un duvet jaune très clair et des rémiges blanches. Chez les poussins d'un jour, le plumage est blanc, les yeux colorés. Parfois cependant le duvet des poussins peut être «fumé», les rémiges étant blanches. Cela peut traduire la présence du gène E noir étendu, mais le plumage adulte est blanc (cela se produit aussi dans la race Nègre Soie blanche).

La vitesse de croissance d'animaux colorés C^+c ou blancs cc issus de mêmes parents constate que les poulettes et poulets C^+c sont plus lourds à 8 semaines que leurs sœurs et frères cc. De même les poules adultes C^+c sont plus lourdes que leurs sœurs blanches et pondent des œufs plus gros que ces dernières, mais elles ont un moins bon rendement alimentaire (Mérat, 1967).

Les pondeuses cc ont le plumage en meilleur état que celui de leurs sœurs colorées après 6 mois de ponte en cages individuelles (Mérat, 1990).

Deux formes d'albinisme sont induites par les allèles c^{re} et c^{al} (Warren 1983 ; Brumbaugh 1983 ; Smyth 1986), les yeux des c^{re} étant rouges foncés et ceux des c^{al} roses. Ces mutations n'étant pas caractéristiques d'une race (Coquerelle, 2000).

Il existe un albinisme imparfait sur le chromosome 7 abordé avec la série doré rouge, argenté (Coquerelle, 2000).

2.2.2. La série $II^D i^+$

Elle appartient au groupe de liaisons II (Fr Cr I F) qui est localisé sur un micro-chromosome.

L'allèle I inhibe la formation des eu mélanines et dans une moindre mesure celle des phæomélanines dans le duvet et le plumage. C'est pourquoi on l'appelle souvent blanc dominant.

Le poussin peut donc être jaune très clair ou présenter plus ou moins de rouge brun. De même, l'adulte ne présente pas de noir dans son plumage qui peut être blanc ou rouge doré à sous-plumage clair. La plupart des coqs Pyle exposés sont $I i^+$ car les II ont généralement trop peu de rouge dans leur plumage.

Cependant à l'état hétérozygote (Ii^+) et notamment avec les allèles E et E^R (noir étendu de la série d'extension du noir) les poussins ainsi que les adultes peuvent présenter des taches ou des plumes noires et/ou une couleur de fond blanc sale. L'allèle I est donc incomplètement dominant (Coquerelle, 2000).

L'allèle I^D a été trouvé chez un coq de combat, il donne des animaux blanchâtres à l'état homozygote, un peu comme les hétérozygotes I avec E.

Le duvet des hétérozygotes $I^D i^+$ ressemble à celui des poussins $BIbI^+$ (dilution du noir) mais dès la pousse des plumes cette ressemblance disparaît. Cet allèle n'est pas caractéristique d'une race (Ziehl et Hollander, 1987).

L'allèle i^+ permet la pigmentation et il récessif aux deux autres allèles. Toutes les races présente du noir, du noir dilué, ou du noir barré dans leur plumage sont homozygotes $i^+ i^+$ et portent aussi l'allèle C^+ (Coquerelle, 2000).

2.3. Les principaux gènes affectant la structure, la longueur, ou la répartition des plumes

2.3.1. Plumage frisé

Le plumage frisé est dû à l'allèle dominant incomplet F appartenant au groupe de liaisons II et situé à 17% de recombinaisons de I (absence de noir).

Le caractère frisé est très répandu, notamment dans la zone intertropicale et il est connu depuis des siècles.

Homozygotes FF le cœur est plus gros et bat plus vite. Chez, les femelles cette accélération du rythme cardiaque est de 27% par rapport aux poules normalement emplumées. Cependant, il ne s'agit pas d'un effet permanent de F puisqu'en augmentant la température ambiante, cette différence entre génotypes disparaît (Haaren, 1988).

En milieu chaud, une meilleure production des poules Ff⁺ (augmentation du nombre d'œufs, de la masse d'œufs et de l'efficacité alimentaire).

Bordas et Mérat (1990), chez les couples de frères et sœurs frisés Ff⁺ (Crawford et Smyth, 1965) ou à plumage normal f⁺f⁺, n'ont constaté aucune différence significative sur la croissance ni sur les caractéristiques de ponte et d'œufs ni sur l'efficacité alimentaire en milieu chaud.

(Mathur et Horst 1990), associant les gènes cou nu Na et frisé F, notent un effet de F à température élevée, avec un poids corporel supérieur d'environ 10% à 7 semaines (du même ordre de grandeur que pour Na), et de 15% chez les animaux portant à la fois Na et F.

2.3.2. Le plumage soyeux

L'allèle de plumage soyeux h est dû à une mutation récessive autos male. Il est situé sur le chromosome 3, à 43 unités de recombinaison de Na (Coquerelle, 2000).

2.2.4. La pigmentation de l'œil

La couleur de l'œil dépend des proportions relatives des pigments xanthophylles et des mélanines, masquant plus ou moins la coloration rosâtre à rouge due aux capillaires sanguins (Coquerelle, 2000).

La génétique de la pigmentation de l'œil n'est pas bien connue. Il semble qu'il y ait interaction entre les allèles de la série E (E et E^R), de la série B (B^{sd}, B et b⁺), de la série Id (Id, id⁺, id^M) et de la série Br (Br⁺ et br), ces deux dernières séries étant sur le chromosome Z, à 22,5 points de recombinaison (Mc Arthur, 1933).

2.2.5. La coloration de la coquille de l'œuf

Certaines races de poules pondent des œufs dont la coquille est blanche, c'est à dire les races Leghorn, Brakel, Bresse-Gauloise, Ancône, Andalouse, etc. Comme la plupart des races méditerranéennes ou de création antérieure à l'importation des races asiatiques.

Différentes études ont montré que lorsque l'on croise une race à œufs blancs avec une race à œufs teintés, les œufs pondus par les poules de F1 sont de coloration intermédiaire par rapport à celles des œufs des races parentales. Cependant il peut y avoir des variations suivant le sens du croisement, car ce caractère œuf teinté est polygénique et certains gènes concernés sont situés sur le chromosome Z, ce qui veut dire qu'en croisement, pour avoir plus de chance de foncer l'œuf, on choisira le père dans la lignée aux œufs plus foncés (Benjamine, 1920).

Le pigment responsable de la coloration jaune à brun-roux est une porphyrine (protoporphyrine IX) dérivée de l'hémoglobine

2.2.6. Les gènes affectant la forme de la crête

Plusieurs types de crêtes sont couramment rencontrés chez les poules. Les formes de ces crêtes dépendent généralement des gènes situés aux locus R et P.

La crête rosacée est une mutation à dominance complète décrite au locus R. D'abord étudiée par (Bateson 1902) puis (Bateson et Punnett 1906), la crête rosacée peut revêtir plusieurs formes sous l'effet des gènes modificateurs, allant de l'horizontal avec une pointe projetée vers l'arrière à la crête suivant la courbure de la tête avec la partie postérieure descendante. L'effet associé à ce locus est l'infertilité des coqs homozygotes RR/RR par rapport à leurs homologues hétérozygotes R*R/R*N et homozygotes R*N/R*N; D'après certaines études (Fox *et al.*, 1964; Crawford et Smyth, 1965 et Cook et Siegel, 1973 cités par Coquerelle, 2000), les homozygotes dominants sont moins actifs du point de vue accouplement et selon Crawford et Smyth (1964), la durée de fertilité est plus courte après insémination. Il est également montré que la motilité de leurs spermatozoïdes après stockage est moindre (Pitjean et Cochez, 1966).

La mutation crête en pois est dominante incomplète au locus P (Bateson, 1902). Ce caractère de trois rangées de papilles, la rangée centrale étant la plus développée. Les animaux portant une crête en pois ont des barbillons de taille très réduites, ce qui est plus marqué chez les poules que chez les coqs tandis que les hétérozygotes P*P/P*N ont la crête suffisamment développée au point de tomber de côté et peut cacher l'œil. Chez ces derniers, la rangée de papilles centrales est moins développée que les rangées latérales. A la naissance, il est facile de détecter les animaux portant cette mutation (Coquerelle, 2000). L'effet de cette mutation sur les performances zootechniques est une diminution de la croissance à 8 semaines et à 40 semaines, son effet est légèrement dépressif sur le poids corporel chez les femelles et diminue aussi leur consommation résiduelle de 1,8% (Mérat, 1990c). Cette conclusion a été renforcée par la corrélation positive trouvée par (Bordas et Mérat 1981) entre la taille des barbillons et la fraction <<résiduelle>> [à poids et ponte égaux] de la consommation alimentaire. En outre (Mérat 1990c) a montré un effet favorable de la mutation P de 8% sur le poids corporel des coqs P*P/P*P comparé à celui de leurs homologues P*N/P*N. Selon cet auteur, l'avantage observé chez les mâles et non chez les femelles serait probablement influencé par les hormones sexuelles.

3. L'amélioration génétique de la poule locale

Les principales méthodes de l'amélioration génétique sont : la sélection et l'amélioration par l'utilisation des principaux gènes.

3.1. La sélection

Quoique de meilleures méthodes de gestion puissent améliorer significativement les performances des races locales, certains chercheurs ont estimé qu'il existait également un besoin de sélection génétique (Nwosu, 1979).

Des programmes de sélection en race pure ont été mis en place au Bangladesh (Ahmed et Hashnath, 1983) sans être conduits sur le terrain. Les différents chercheurs ci-dessus sont arrivés à la conclusion que, même si l'amélioration des races locales de volailles pouvait être bénéfique, il était essentiel d'évaluer ces races et leurs croisements préalablement à la mise en place d'une stratégie de sélection.

Des recherches menées en Tanzanie (Katule, 1991) ont conclu que la sélection pour les caractères à deux fins au sein des populations locales demandait du temps tout en étant coûteuse. Le croisement avec des races améliorées, suivi d'une sélection au sein de ces populations composites, est préalable.

Quoique, dans la plupart des pays en développement, la préférence soit accordée à des races à deux fins, il est important de réaffirmer que, chez le même oiseau, l'amélioration de la production d'œufs et de l'instinct de couvaison sont génétiquement incompatibles tout comme accroissement d'œufs et de production de viande. La sélection à l'intérieur d'une paire de ces caractères, va forcément réduire l'autre trait (Archives de documents de la FAO).

3.2. L'utilisation des principaux gènes en amélioration de la population avicole locale

L'utilisation de gènes dominants simples ou combinés pour la réduction (Na) ou la structure (F) du plumage, ainsi que celle du gène récessif lié au sexe pour la réduction du poids corporel (dw) a été estimée comme particulièrement appropriée pour les tropiques (Horst, 1989 ; Harren-Kiso, Horst et Valle Zarate, 1995). La recherche sur l'effet de ces gènes sur les répercussions économiques a été entreprise en Malaisie (Khadija, 1988 ; Mathur et Horst, 1989). A titre d'exemple, la réduction du plumage du "Cou Nu " (Na) entraîne une diminution totale de plumage de 40% avec la partie inférieure du cou presque totalement nue. Ceci réduit considérablement le besoin nutritionnel protéique pour la production de plumes.

L'utilisation de ces gènes majeurs afin d'améliorer la productivité dans les programmes de sélection d'aviculture à petit échelle a été expérimentée dans différents pays tropicaux : Indonésie, Malaisie, Thaïlande, Bangladesh, Bolivie, Inde, Cameroun, Nigeria.

D'autres caractères morphologiques qui permettent une meilleure dissipation de la chaleur comprennent ; le développement de la crête et des barbillons, l'allongement des pattes. Dans ce cas, il s'agit du résultat de l'action combinée de gènes multiples. Cela peut également être

envisagé favorablement pour être incorporé dans le développement de races locales hautement performantes sous les tropiques (Archives de documents de la FAO).

CHAPITRE III

L'AVICULTURE TRADITIONNELLE

1. Les caractéristiques de l'aviculture traditionnelle

L'aviculture traditionnelle est un type d'élevage pratiqué essentiellement en milieu rural d'une manière extensive où chaque famille paysanne possède un effectif plus ou moins faible de poules (Ravelson, 1990). Dans ce type d'élevage il n'y a pas une spécialisation de production. Ce système traditionnel exploite les races locales et se caractérise par un apport minime voire nul d'intrants (aliments, médicaments) et une faible productivité; une poule locale produit en moyenne 40 à 50 œufs par an et pèse environ 1,2 kg à 26 semaines d'âge. Un coq de même âge pèse 1,4 kg (Buldgen et al. 1996). La production issue de cet élevage est souvent destinée à l'autoconsommation et les ventes sont occasionnelles.

Dans l'aviculture traditionnelle la couverture sanitaire moderne est presque inexistante, mais lorsqu'une maladie apparaît, les soins se résument en l'administration des produits de la pharmacopée traditionnelle. C'est ainsi que les extraits de piment ou de feuilles et d'écorces d'*Azadirachta indica* dilués dans l'eau de boisson sont utilisés comme vermifuges (Bulgen et al. 1992).

2. L'aviculture traditionnelle dans les pays en voix de développement

L'aviculture familiale, qui comprend aussi bien la production avicole extensive et la basse-cour que celle intensive, est toujours importante dans les pays économiquement faible et à déficits vivriers d'Afrique, d'Asie, d'Amérique latine et du Pacifique sud. La contribution de l'aviculture familiale à la production avicole totale de ces pays, à quelques exceptions près, est supérieure à 70% par exemple, au Bangladesh, les volailles familiales représentent plus de 90% du cheptel avicole totale, et 74% des 10 millions de ménages élèvent des volailles. Même les familles dépourvues de terre (22%des ménages) élèvent 5 à 6 poulets. En Afrique les poulets traditionnels représentent environ 80 % du cheptel avicole total et contribuent à une proportion de viande (25 à 70%) et d'œufs (12 à 36%) (Guèye, 1998).

Au Nigeria, les volailles familiales représentent environ 94% du cheptel avicole total. Quant aux poulets précisément, ceux familiaux représentent 83% des 82 millions de poulets adultes élevés dans les conditions d'exploitation traditionnelles et commerciales (FAO ,1998).

En outre, la production avicole familiale, qui est habituellement de la responsabilité des femmes, contribue à la nutrition de la famille ainsi qu'à la génération de revenus. L'élevage avicole représente un moyen d'épargne, d'investissement et d'assurance pour les ménages des petits fermiers puisque la valeur des volailles augmente avec le temps. Élever des volailles fournit également un emploi à la famille de l'exploitation lors de la morte saison des cultures. Cependant, le développement de l'aviculture familiale affaire à de nombreuses contraintes. Parmi celles-ci les contraintes socioculturelles (les canards sont prohibés au niveau de

certaines communautés, les poulets sont quelquefois considérés comme des animaux familiers ou membres de la famille) et techniques (risques de maladies, prédateurs, logement de volailles, aliments et eau, potentiel génétique et commercialisation). Tous ces points justifient des travaux en recherche et développement par rapport aux caractéristiques de production et aux contraintes (FAO, 1998).

3. Systèmes de production de la poule locale

Dans beaucoup de villages la volaille est laissée en liberté avec peu ou pas de suivi et d'attention, ce qui entraîne une perte considérable de productivité. Les oiseaux trouvent leur nourriture en errant entre les habitations du village, et récupèrent les restes de la récolte et de la cuisine domestique. L'alimentation est donc rarement ajustée aux besoins des oiseaux. Les petits poussins divaguent avec les adultes pour trouver leur nourriture. Ils souffrent de la compétition pour l'alimentation et sont facilement les cibles des prédateurs ainsi que la source de la dispersion des maladies.

Souvent les oiseaux n'ont pas suffisamment d'eau ou l'eau qu'ils trouvent est sale est source de transfert de maladies. Les oiseaux sont rarement mis dans un enclos ou sous un abri pour les protéger du vent et de la pluie, des prédateurs ou des voleurs. Les poules ne sont pas souvent dans leurs nids et pondent leurs œufs sur le sol. Dans ce système, les poules couvent et élèvent leurs poussins elles-mêmes. Ceci a beaucoup d'avantages, mais les longues périodes de couvain réduisent la production des œufs.

Les oiseaux sont rarement vaccinés et les médicaments contre les maladies et les parasites ne sont pas souvent donnés, car ils ne sont pas considérés comme rentables.

Différentes espèces de volaille sont gardées ensemble et les animaux achetés au marché ou dans d'autres villages sont mélangés avec le reste du troupeau.

De nombreux animaux meurent très jeunes, en raison des prédateurs, des maladies, du manque de nourriture, des conditions climatiques défavorables et des accidents. Huit poussins sur dix meurent généralement dans les premiers mois.

Beaucoup d'oiseaux sont malades ou grossissent lentement, produisant peu d'œufs et de viande. Les oiseaux qui sont en liberté attrapent et dispersent facilement les maladies. Quand un oiseau a une maladie contagieuse, il y a de fortes chances pour que tous les oiseaux du village l'attrape. S'il y a un manque de substances nutritives essentielles, la résistance contre les maladies est faible.

La production de volaille villageoise fait souvent face à des problèmes dus à un manque d'organisation. Les apports locaux tels que l'alimentation, l'approvisionnement en médicaments, les services vétérinaires et la formation sont rarement localement disponibles.

Sans organisation, sans connaissance des potentiels de la production de volaille villageoise, et avec un manque d'un milieu favorable, les producteurs, et surtout les femmes, se donnent et reçoivent très peu de soutien et de conseils, entre eux et des agents d'extension. La production de volaille à petite échelle reste de ce fait, rudimentaire dans de nombreux endroits.

4. Comportement de la poule locale

Normalement la volaille villageoise est formée de petits groupes de 5 à 10 poules avec un coq. Chaque coq ou poule a son statut par rapport aux autres, impliquant que certains ont la priorité sur d'autres concernant par exemple, la place pour le nid, le repos, la nourriture, etc. Les animaux respectés auront de belles plumes et crêtes, et leurs tenues montreront leur position dominante. Si une poule de bas statut vient trop près du territoire d'une poule de haute position, cette dernière le fera remarquer en allongeant son cou et en dirigeant son bec vers l'imposteur. Normalement ceci est suffisant pour que l'autre se retire. Le statut varie en fonction de l'âge, de la couvaison et d'autres facteurs. Le système de la dominance plus ou moins stable est très pratique, permettant aux animaux de se concentrer sur la nourriture et sur la surveillance de ses ennemis.

La volaille a un rythme journalier très régulier. Dans la matinée et en fin d'après midi, elle divague. En fin de matinée, les poules vont souvent pondre leurs œufs et après midi elles vont se reposer. Quand elles dorment la nuit, elles préfèrent être en hauteur pour éviter d'être des cibles faciles pour les prédateurs.

Une poule villageoise ne pèse pas plus que 1,2 à 1,5 kg au moment de la ponte. Un coq villageois pèse de 1,4 à 2,0 kg à l'âge de la maturité. La volaille a besoin d'un bon supplément de nourriture équilibré et de l'eau propre. Selon les périodes de l'année, elle pourra trouver de la nourriture en errant dans les environs de l'habitation. Souvent, elle aura cependant besoin d'un supplément de ressources nutritives pour gagner du poids et pour pouvoir pondre une bonne quantité d'œufs. En particulier, les petits poussins ont besoin d'une nourriture riche en protéines, telle que des aliments équilibrés ou des sources alimentaires simples telles que les escargots, les termites et les asticots, etc.

Souvent une poule en liberté va pondre les premiers œufs à l'âge de 18 semaines et 3-4 couvées de 10-15 œufs dans l'année, selon les saisons et en particulier selon la nourriture disponible. Une poule va souvent trouver une place sombre et tranquille pour pondre et couvrir ses œufs. Elle ne veut pas être ennuyée par d'autres et elle veut se sentir en sécurité des prédateurs et des passants.

Malheureusement, de nombreux œufs n'éclosent pas en raison des perturbations, du manque de nids, de la non présence des poules, due aux dérangements des parasites externes

présents dans les nids entraînant une faible éclosion des œufs. Après 21 jours d'incubation, les œufs restants vont éclore. La plupart des producteurs de volaille va laisser les poussins suivre leur mère immédiatement après l'éclosion, entraînant alors une forte mortalité des poussins pendant les premières semaines, principalement due aux prédateurs, aux accidents de la route et à l'échappade des poussins.

5. Etat de l'élevage de poulet en Algérie

Au début des années 80, l'Etat a mis en œuvre un important programme de développement du secteur avicole, basé sur l'élevage intensif de souches exotiques citant par exemple les races ISA, Tétr...etc. Ces dernières sont régulièrement importées puisqu'il n'y a pas de caractérisation de matériel génétique de base localement (AnGR, 2003). Selon la FAO, l'Algérie importe annuellement 3 millions de poussins reproducteurs dont 15 % de poussins mâles. La conduite des souches se fait en intensif avec une taille moyenne de 3000 à 5000 sujets par atelier respectivement pour le poulet de chair et les poules pondeuses. La production des exploitations privées représente 92% de la capacité de production nationale. Les performances réalisées sont médiocres. L'âge avancé à l'abattage (62 et 55,5 jours) entraîne des pertes économiques considérables, ajouté à cela le taux de mortalité élevé (Amghrous et Kheffache, 2007). Selon la FAO, la consommation annuelle de l'Algérie en viande de volaille est estimée à 6 kilos par habitant, pour une production de 342000 tonnes (FAO, 2001).

Quant aux races locales, exclusivement exploitées dans les élevages traditionnels extensifs, elles sont très mal connues et sont regroupées sous l'appellation commune de populations. Elles n'ont fait l'objet ni de recensement ni de caractérisation génétique mais des essais d'alimentation et des travaux de caractérisation ont été initiés par l'institut technique spécialisé (ITELV) (AnGR, 2003).

CHAPITRE IV

LES NOTIONS DE LA DIVERSITE GENETIQUE

1. La notion de race

Depuis l'origine de la domestication, l'homme a essayé par divers moyens d'identifier et de conserver les animaux présentant des capacités supérieures. Très tôt dans l'histoire de la domestication, on voit en effet apparaître l'idée de n'élever que les animaux les plus adaptés aux besoins humains et de les faire reproduire entre eux. La très large diversité des milieux dans laquelle ces animaux ont été élevés et les multiples utilisations auxquelles les destinait l'homme (production de viande, lait, œuf, cérémonie...etc.), ont conduit les espèces d'élevage au travers de voies d'évolution multiples. L'homme a alors tenté de regrouper les animaux domestiques en unités de référence nommées « races ».

D'un point de vue génétique, la notion de race est liée à la consanguinité car il est difficilement possible de fixer un caractère initialement anecdotique dans une population sans passer par la reproduction d'un très faible nombre d'animaux portant ce caractère. Ainsi, de plus en plus, de scientifiques considèrent que l'appartenance d'une population à une race ne peut s'établir par une simple observation, mais doit être validée par l'étude du génome des organismes, de ce fait une race est un ensemble de populations ou d'individus, dont les patrimoines génétiques ont des structures semblables et nettement différenciées des structures des autres races de la même espèce" (Maudet, 2001).

2. L'étude de la variabilité génétique des animaux d'élevage

L'information sur la diversité génétique est essentielle pour optimiser les stratégies de conservation et d'utilisation des ressources zoo génétiques. Pour répondre aux objectifs de gestion de la diversité génétique, il est nécessaire d'avoir la connaissance la plus complète possible des ressources génétiques disponibles (Barker *et al.* 1998 ; BRG, 1999).

Initialement, les outils et méthodes utilisés pour appréhender ou contrôler la diversité génétique étaient surtout basés sur l'observation des caractères visibles et sur l'analyse des données généalogiques dans les populations (Moazami-Goudarzi *et al.* 1994). La caractérisation phénotypique fournit une estimation brute de la variabilité des gènes induisant des variations sur les caractères observés. L'avantage de ce type d'information est que son recueil est généralement simple, peu coûteux et peut ainsi s'effectuer sur de grands effectifs d'animaux. Cependant, la plupart des phénotypes de la majorité des espèces d'animaux d'élevage ne sont pas enregistrés (Baumung *et al.* 2004).

Par la suite, les apports de la génétique biochimique ont offert de nouvelles perspectives grâce à la description des polymorphismes génétiques révélés par des méthodes immunologiques (groupes sanguins) ou électrophorétiques (protéines sériques ou

érythrocytaires). Les polymorphismes biochimiques étaient les premiers marqueurs utilisés dans le secteur de l'élevage pour l'analyse des relations génétiques entre races, afin d'apprécier leur degré d'originalité et d'orienter les programmes de conservation (Moazami-Goudarzi *et al.* 1994). Cependant, le nombre de loci polymorphiques pouvant se doser et le niveau des polymorphismes observés aux loci sont souvent faibles, ce qui limite beaucoup leur application aux études sur la diversité génétique.

Le développement des méthodes de biologie moléculaire a profondément modifié et amélioré le pouvoir d'investigation des chercheurs, puisque l'ensemble du polymorphisme de l'ADN est maintenant accessible. L'augmentation très rapide du nombre de marqueurs génétiques, a offert la possibilité de compléter les travaux antérieurs avec de nouveaux outils (Moazami-Goudarzi *et al.* 1994). Les mesures de ce polymorphisme se sont multipliées : variabilité génétique, consanguinité et flux génétiques, identification de gènes d'intérêt médical ou agronomique QTL (Quantitative Trait Loci), empreintes génétiques et cartographie. Un certain nombre de marqueurs moléculaires sont à présent disponibles pour détecter les polymorphismes d'ADN (mini satellites, microsatellites et SNP «Single Nucléotides Polymorphisme»). En effet, actuellement dans les études sur la diversité génétique, les marqueurs les plus fréquemment utilisés sont les microsatellites.

3. Critère de caractérisation des races domestiques

3.1. Marqueurs biochimiques

C'est grâce à la technique de l'électrophorèse sur gel qu'il a été possible de mettre en évidence les variantes protéiques (allozymes). Cette technique est basée sur une migration différentielle des protéines à travers un gel sous l'effet d'un champ électrique. La migration est alors fonction de la conformation et du poids moléculaire des protéines et de la charge électrique globale. Les études des allozymes deviennent alors un outil standard pour l'analyse de la variation biochimique et fournissent le premier moyen non biaisé d'estimer la variabilité du génome. Ces marqueurs ont été et sont encore largement utilisés pour des études de génétique des populations. (Grosclaude *et al.* 1990) ont étudié 13 allozymes dont 11 loci des groupes sanguins afin d'analyser les relations génétiques entre 18 races bovines françaises. Cette étude a permis la distinction entre quatre sous-groupes de races cohérents avec les données historiques et géographiques. De même (Randi *et al.* 1991) ont utilisé la technique des allozymes pour préciser les relations évolutives entre différentes espèces animales d'élevage.

3.2. Polymorphisme de Longueur des Fragments de Restriction (RFLP)

La découverte d'enzymes de restriction bactériennes (end nucléase) a permis le développement de nouvelles techniques d'exploration de l'ADN, basées sur la coupure spécifique de séquences nucléiques par ces end nucléases (Bostein et al. 1980). Ces enzymes, dont plusieurs centaines ont été découvertes, coupent l'ADN au niveau de sites présentant une séquence spécifique. A partir de cette approche, la technique appelée RFLP a été développée. Cette méthode est basée sur la digestion de l'ADN, une séparation par taille des fragments d'ADN sur gels d'électrophorèse et une visualisation de séquences spécifiques d'ADN en utilisant des sondes marquées par radioactivité ou par des molécules fluorescentes.

La méthode des RFLP initialement, n'a été utilisée que très rarement dans le cadre des espèces domestiques. Il fallait attendre l'association de cette technique avec la PCR pour que cette méthode prenne la place qu'elle occupe aujourd'hui dans l'étude du polymorphisme (Klungland et al. 1995 ; Lagziel et al. 2000).

3.3. Amplification Aléatoire d'ADN Polymorphe (RAPD)

Williams et *al.*, (1990) ont défini la RAPD comme un autre type de marqueurs moléculaires récemment développé reposant sur la mise en évidence du polymorphisme généré par l'amplification aléatoire de fragments d'ADN grâce à des amorces dont les séquences ont été définies arbitrairement. Son principe repose sur l'utilisation d'amplification PCR d'amorces d'une dizaine de bases de séquence aléatoire et pouvant s'hybrider en plusieurs endroits du génome. Cette méthode est utilisée couramment en cartographie génétique des plantes et ont été employés chez les animaux pour des études de diversité génétique (Pitel et Riquet, 2000).

3.4. Polymorphisme de Longueur des Fragments Amplifiés (AFLP)

Les AFLP sont des marqueurs moléculaires nucléaires dominants qui mettent en évidence un polymorphisme de sites de restriction et un polymorphisme d'hybridation d'amorce arbitraire. Ils sont reproductibles et révèlent un grand nombre de locus, régulièrement répartis sur le génome et très polymorphes. La technique des AFLP a été mise au point en 1995 (Vos et al., 1995). Elle est apparentée à la technique des RAPD et basée sur une amplification sélective de fragments de restriction obtenus par digestion d'ADN génomique. Le principe général de cette technique repose sur trois phases successives : une digestion-ligation, une amplification pré-sélective et une amplification sélective. Dans un premier temps, l'ADN total est digéré à l'aide de deux enzymes de restriction. La première de ces deux enzymes sectionne fréquemment l'ADN, la deuxième de façon plus rare. Des adaptateurs double brin, spécifiques des extrémités issues des coupures enzymatiques, sont ensuite fixés aux extrémités cohésives

de l'ADN grâce à une ADN ligase. Afin de réduire le grand nombre de fragments d'ADN engendrés par la digestion, deux amplifications sélectives successives sont ensuite réalisées. La première, dite amplification pré-sélective est effectuée grâce à des amorces complémentaires des adaptateurs et du site de coupure des amorces auxquelles ont été ajouté en 3' une base sélective (nucléotide supplémentaire arbitraire). Ces amorces se fixent sur les extrémités pourvues d'un adaptateur et permettent une amplification par PCR et une réduction par 16 du nombre de fragments. Le produit de l'amplification pré sélective est à nouveau amplifié (amplification sélective) grâce à deux types d'amorces présentant la même organisation que celles utilisées lors de la phase précédente, mais possédant deux bases sélectives supplémentaires (soit trois au total). Cette seconde, amplification réduit de nouveau par 256 le nombre de fragments de restriction. L'amorce spécifique du site de l'enzyme EcoRI présente en 5' une extension fluorescente détectable sur séquenceur automatique. Après migration sur un gel de polyacrylamide, entre 30 et 200 fragments de 50 à 500 pb sont visibles (fragments ayant au moins un site de coupure EcoRI). En faisant varier la composition des bases sélectives, un grand nombre de couples d'amorces sélectifs est disponible. Tout comme la technique des RAPD, celle AFLP ne requiert aucune connaissance préalable du génome étudié, synthèse d'amorces ou caractérisation de sondes. Elle permet ainsi une mise au point rapide, présente une bonne reproductibilité et génère une grande quantité de marqueurs (Vos et al. 1995 ; Ajmone-Marsan et al. 1997). (Ajmone- Marsan et al. 1997) montrent qu'au travers l'utilisation du couple enzymatique EcoRI/MseI,

les AFLP peuvent générer des marqueurs codominants et un très fort polymorphisme au sein des races bovines. Ils suggèrent d'utiliser ces marqueurs pour les études de diversité génétique et de parenté des races domestiques.

3.5. Minisatellites

Jeffreys et al. (1985) ont découvert au niveau du génome un type de marqueurs moléculaires polymorphes connus sous le nom de mini satellites hypervariables. Ces marqueurs sont constitués des répétitions en chaîne d'un motif formé de 15 à 70 nucléotides. Les mini satellites appartiennent à la classe des VNTR (Variable Number Tandem Repeat), et présentent un polymorphisme de taille dû à la variation du nombre d'unités de répétition qui les constituent. L'évolution du nombre de copie du motif constituant le minisatellite est relativement rapide et s'explique par des crossing-over inégaux durant la méiose. Ces éléments sont très largement représentés et distribués dans le génome des mammifères avec une fréquence moyenne d'apparition d'un mini satellite tous les 100 kb. La technique permettant d'étudier ces éléments a été nommée empreinte génétique (DNA fingerprinting) et

a été largement employée dans des problèmes de génétique des populations. Ainsi (Trommelen et al., 1993) proposent les minisatellites comme outil d'identification des paternités chez les bovins. Néanmoins, des difficultés concernant les quantités d'ADN requises, la visualisation et l'identification des marqueurs ont rapidement limité l'utilisation de cette technique.

3.6. Microsatellites

Généralement, le polymorphisme au niveau de l'ADN peut être classé en trois types, les variations ponctuelles, les réarrangements de séquence et les variations de nombre de répétitions de séquences anonymes ou les VNTRs. Une part considérable (30 à 40%) du génome des mammifères est composée de séquences répétées. Ces dernières sont aussi classées en trois catégories : les LINES (long interspersed elements), les SINES (short interspersed elements) et les ADN satellites. Ces derniers présentent une organisation particulière de motifs variants en taille d'un à plusieurs nucléotides et répétés un certain nombre de fois en tandem. Empiriquement, quatre classes de séquences d'ADN satellites sont distinguées en fonction de la longueur de l'unité répétée : les satellites (des milliers de bases), les midi satellites (quelques centaines de bases), les minisatellites (quelques dizaines de base) et enfin les microsatellites (quelques nucléotides). Ce sont des séquences de 2 à 6 bases, présentes par dizaines de milliers dans tout le génome (Weber et May, 1989). La figure 14 montre le détail d'un microsatellite ou STR (Simple Tandem Repeats). Ces marqueurs sont notamment considérés comme outils pour estimer la ségrégation aux loci (déficit ou excès d'hétérozygotes) ou la recombinaison entre les loci, processus fortement affectés par les systèmes de reproduction pratiqués chez les populations naturelles. Canon et al. (2001) mentionnent au moins trois avantages de ce type de marqueurs : i) ils sont largement disponibles, ii) ils sont en général très polymorphes, et iii) ils sont supposés être neutres vis-à-vis du processus de sélection, la diversité génétique observée étant la conséquence de deux forces : dérive génétique et mutation. Ils sont localisés, pour la grande majorité, dans les régions non codantes du génome, dont le nombre de répétition s'avère être très variable selon les individus. Il existait environ 35.000 de ces séquences dans le génome humain et qu'elles étaient réparties avec une fréquence d'une tous les 100 kb (Weber, 1990). Au sein du génome des mammifères, le motif microsatellite le plus répandu est le di nucléotide CA/GT. Ces régions peuvent être amplifiées par PCR et les variations de longueur des fragments amplifiés peuvent être mises en évidence par des techniques d'électrophores. De cette façon, les microsatellites fournissent des marqueurs codominants et pouvant présenter un très grand

alimentaire. Dans ce cadre, les technologies liées à l'ADN peuvent être utiles. En effet, d'une part, toutes les cellules d'un animal possèdent la même information génétique et, d'autre part, celle-ci est propre à l'individu. En plus, l'ADN possède des régions polymorphes qui servent de marqueurs génétiques (China et al., 2001).

4. Les forces évolutives affectant la variabilité génétique des populations

L'équilibre de Hardy-Weinberg (EHW), ou l'équilibre panmictique a été mis en évidence au début du XXème siècle par un mathématicien anglais, G.H. Hardy, et un médecin allemand, W. Weinberg, et stipule que « les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale ».

La notion d'équilibre dans ce modèle est soumise aux conditions suivantes :

- 1) la population est panmictique ;
- 2) la population est de grande taille ;
- 3) il ne doit y avoir ni sélection, ni mutation, ni migration ;
- 4) les générations ne sont pas chevauchantes, c'est-à-dire qu'il n'y a pas de croisement entre individus appartenant à différentes générations.

Une perturbation de l'EHW donne des indications sur la divergence génétique des populations. Celle-ci dépend de quatre facteurs évolutifs : la sélection, les mutations aléatoires, la dérive génétique, le flux génique. La conséquence de l'action des facteurs évolutifs est de faire varier le taux d'hétérozygotes de la population par rapport à l'EHW.

4.1. Sélection : Il y a sélection lorsque, selon leur phénotype, les individus n'ont pas la même probabilité de devenir reproducteur et/ou n'ont pas, une fois reproducteur, la même espérance de taille de descendance, tout en admettant que la différence entre individus dépend d'une ou de plusieurs de leurs caractéristiques. Pour que la sélection ait des conséquences sur la constitution génétique des populations, les différences phénotypiques entre individus doivent correspondre, de façon plus ou moins étroite, à des différences héréditaires (Rognon et Verrier, 2007).

4.2. Dérive génétique : Dans des populations de taille finie, le passage d'une génération à l'autre constitue un échantillonnage des gènes. Ce phénomène de dérive génétique, introduit par (Wrighten, 1968), se définit par la fluctuation des fréquences géniques d'une génération à l'autre (variation au cours du temps) à l'intérieur d'une population. Les conséquences engendrées peuvent être la diminution du taux moyen d'hétérozygotes (calculé sur l'ensemble de la population) ; l'augmentation des différences de fréquences géniques entre sous-populations et, après un grand nombre de générations, la fixation d'un des deux allèles dans

certaines groupes d'individus de la population alors qu'il est perdu dans d'autres et donc diminution du polymorphisme au sein de ces derniers (Rognon et Verrier, 2007).

4.3. Mutation : Le terme mutation est utilisé pour désigner une modification irréversible de l'information génétique. Le rôle de la mutation, à l'échelle de l'évolution, est fondamental en tant que facteur de création de la nouveauté. Pour que la mutation contribue de façon substantielle à l'évolution d'une population, il est nécessaire que les allèles nouveaux soient "repris" par des forces plus efficaces, comme la sélection ou la dérive.

4.4. Migration : elle permet le flux de gènes entre plusieurs populations. Elle peut parfois être à sens unique. Dans cette situation, les fréquences alléliques de la population d'origine demeureront constantes dans le temps, contrairement à celles de la population réceptrice. La migration apparaît ainsi comme un moyen rapide de faire évoluer les fréquences géniques. i constitue d'ailleurs un des intérêts du croisement en élevage.

MATERIELS ET METHODES

1. Enquête sur terrain et échantillonnage

Nous avons commencé notre travail par des enquêtes sur terrain dans trois wilayas de l'Ouest algérien: Mostaganem, Mascara et Relizane (Figure 15) et cela pour échantillonner une population de poulets élevée traditionnellement. Les enquêtes ont été assurées par des contacts avec différents éleveurs.

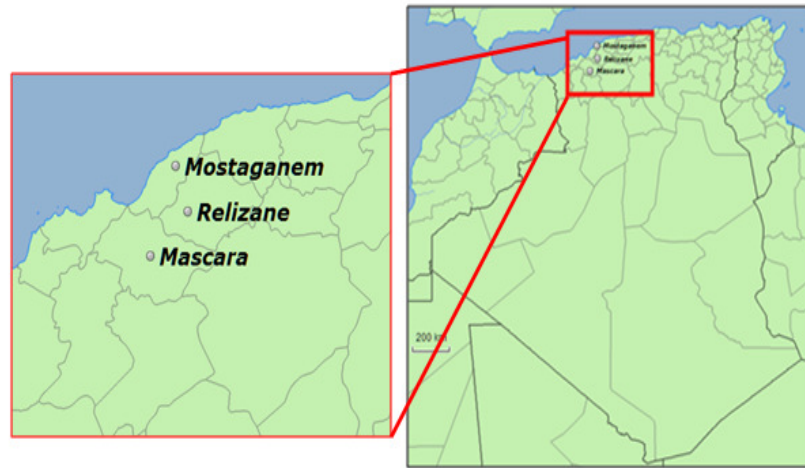


Figure 15 : Présentation de la zone d'étude

Le questionnaire (joint en annexe) a été réalisé par interrogation des éleveurs de manière à faire ressortir le système d'élevage appliqué, l'alimentation et l'habitat, ainsi que les maladies qui touchent le plus les volailles locales et les traitements appliqués.

Par la suite, les poules locales ont fait l'objet de mensurations corporelles (poids vif, envergure, longueur d'aile et longueur de patte). Nous avons utilisé une balance portative et un ruban mètre.

Le travail a été réalisé sur 111 sujets adultes dont 18 poules et 8 coqs sont de phénotype cou nu et 65 poules et 20 coqs sont de phénotype normal.

Les différentes mesures corporelles individuelles (enregistrées sur une fiche de description) ont été effectuées sur les bases suivantes :

- Longueur corporelle: distance entre la partie supérieure du cou et celui de la queue ;
- Longueur de l'aile: longueur de l'aile étendue depuis la jonction de l'humérus à la colonne vertébrale jusqu'au bout de l'aile ;
- Longueur de l'envergure : entre les bouts des ailes
- Longueur du tarse : distance entre le calcaneum et la cheville.

Le tableau 01 représente les différents villages visités et le nombre de poules échantillonnées.

Tableau 01 : Enquêtes sur terrain et nombre des prélèvements sanguins

Wilayas	Villages	Nombre d'éleveurs	Effectif de l'élevage	Echange avec d'autres éleveurs	Nombre de prélèvements
m	Ouled El Bachir	1	12	Oui	5
		1	13	Oui	3
	Lakhdar	1	12	Oui	5
		1	15	Oui	4
	Bouguirat	1	17	Non	3
Mascara	Sidi Abd El Djbar	1	15	Oui	6
		1	12	Oui	5
	Hassi Oujrna	1	19	Oui	5
		1	20	OUI	5
	Oued El Abtal	1	6	OUI	3
		1	11	Nom	4

.../...

Tableau 01 (suite) : Enquêtes sur terrain et nombre des prélèvements sanguins

Wilayas	Villages	Nombre d'éleveurs	Effectif de l'élevage	Echange avec d'autres éleveurs	Nombre de prélèvements
Relizane	Oued Rhiou	1	11	Oui	3
		1	11	Nom	4
	Djdiwiya	1	16	Oui	4
		1	19	Oui	3
	Ami Moussa	1	13	Oui	3

Les prélèvements sanguins ont été effectués sur des animaux non apparentés on utilisant des seringues et des tubes de 5 ml contenant de l'EDTA à raison de 0,3 ml. Ainsi

Un volume de sang varie entre 1 à 3 ml a été prélevé par animal de la veine axiale sous l'aile.

Ces échantillons ont été collectés dans une glacière pour être conserver à une température de – 20°C au laboratoire.

2. Etude statistique

L'analyse statistique a été réalisée par le logiciel STATISTICA, Elle à pour but de savoir comment se structurent les deux groupes phénotypiques cou nu et normal consternant le poids vif, l'envergure, la longueur du corps, la longueur d'aile et la longueur de patte. Par la suite nous avons comparé ces deux groupes phénotypiques par l'application de l'analyse de la variance (test de FISHER) et la comparaison des moyennes (test de STUDENT). Les intervalles de confiance ($P=0,05$, $P=0,01$) ont été calculés pour analyser les distributions des paramètres mesurés.

3. Extraction de l'ADN par la technique de Na Cl

Les premières étapes de toute étude de biologie moléculaire nécessitent l'extraction d'ADN génomique. Cette extraction peut se faire à partir de tissus de différents organes, de la peau. Cependant, le sang est le matériel biologique duquel l'ADN est le plus souvent extrait car il est plus simple à utiliser, à prélever.

3.1. Principe

L'extraction d'ADN à partir du sang par la technique de Na Cl nécessite d'abord une lyse des globules rouges par une solution hypotonique, suivie d'un choc thermique dans la glace (ceci permettra leur élimination). Ensuite, on procède à la lyse des lymphocytes afin que l'ADN soit libéré. Cet ADN sera ensuite traité par la protéase K qui le débarrassera de toutes les protéines qui lui sont liées. Enfin, l'ADN pur sera dissout dans un tampon adéquat.

3.2. Protocole expérimental

3.2.1. Préparation des solutions nécessaires pour l'extraction au NaCl

Préparation de 1L de TE10/10

- 10ml tris-Hcl (1M, pH=8)
- 20ml EDTA (0.5M, pH=8)
- eau distillée.

Préparation de 1 l de TE10/1

- 10ml tris-Hcl (1M, pH=8)
- 2 ml EDTA (0.5M, pH=8)
- eau distillée.

Préparation de la solution de lyse (100ml)

- 1ml tris-Hcl (1M, pH=8)
- 20ml EDTA (0.5M, pH=8)
- 5ml SDS (10%)

- qsp eau distillée.

Préparation de NaCl (5M)

- Pour 5M : 292,25 g ———→ 1000 ml eau distillée.

Préparation de l'EDTA (0,5 M ; PH=8)

- Fait dissoudre 93,06g de EDTA dans 400 ml d'eau distillée puis ajuste jusqu'au 500ml, et avec du NaOH (5M) règle le PH à 8

2.2.2. Etapes de l'extraction de l'ADN

L'extraction de l'ADN au NaCl nécessite les étapes suivantes

a) Lyse des globules rouges

Dans un tube falcon contenant le sang total, on ajuste avec le tampon TE10/10 (Tris/HCL 10mM, EDTA 10mM, pH =8) jusqu'à un volume final de 30 ml (figure 16).



Figure 16 : lyse hypotonique par TE 10/10

Après une délicate homogénéisation, le tube est mis dans la glace pendant 30 mn (figure 17) (Ceci provoquera un choc thermique qui fragilisera les membranes des globules rouges. Ainsi, la solution hypotonique de TE provoquera l'éclatement de celles-ci) suivie d'une centrifugation à 2500 tours/mn pendant 15mn (figure 18), le surnageant est éliminé (figure 19) et le culot obtenu est suspendu dans 30 ml de TE. Pour une élimination maximale des globules rouges et une obtention d'un culot blanchâtre (figure 20) correspondant aux globules blancs, on procède à plusieurs lavages.



Figure 17 : choc thermique par la glace



Figure 18 : centrifugation



Figure 19 : élimination du surnageant

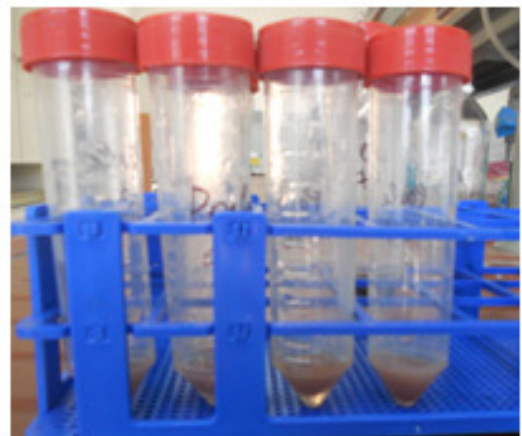


Figure 20 : obtention d'un culot blanchâtre

b) Lyse des globules blancs

Au culot de lymphocytes obtenu, 1500 μ l de solution de lyse (SLB : Tris/Hcl 10mM, EDTA 0.1M, SDS 0.5%, pH=8) sont ajoutés.

Le SDS (Sodium Dodécyl Sulfate) contenu dans cette solution a pour rôle de solubiliser les lipides des membranes plasmiques afin de déstructurer ces dernières, inhiber les nucléases et dénaturer les protéines.

Après resuspension de ce culot par une agitation rapide (figure 21), 25 μ l de protéinase K à 20mg/ml sont ajoutés afin qu'elle digère toutes les protéines associées à l'ADN.les tubes seront ensuite incubés au bain-marie over-night (figure 22).



Figure 21 : agitation rigoureuse

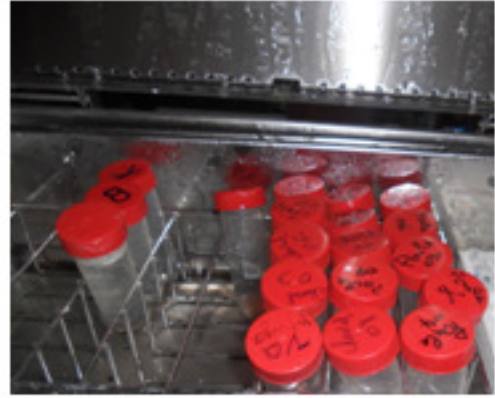


Figure 22 : incubation au bain-marie

c) Précipitation de l'ADN

Une fois le tube retiré du bain-marie, 500µl de solution Na Cl 5M sont ajoutés à celui-ci. Ce qui permettra une séparation de deux phases :

- Une phase contenant de l'ADN
- Une phase contenant les débris membranaires des globules blancs.

Ceci est dû essentiellement à la compétition entre les ions salins ajoutés et les autres solutés dissous par la solvataion des molécules. Ainsi beaucoup de protéines indésirables (PK+ Débris cellulaires) sont éliminées de la solution après avoir été entraînées vers le fond du tube. Le surnageant ainsi formé contient de l'ADN. C'est le phénomène de **Salting-Out (précipitation saline)**. Après une agitation vigoureuse suivie d'une centrifugation à 4000 tours/mn pendant 15 mn (pour que les deux phases soient séparées), le surnageant résultant est transféré dans un autre tube en évitant de décoller le culot. Deux volumes d'éthanol absolu froid de celui du surnageant sont ajoutés dans le tube.

On remarque que dès l'ajout de l'éthanol, la solution devient blanchâtre et l'ADN commence à se précipiter (l'éthanol condense l'ADN).

Après une agitation douce, l'ADN se précipite sous forme de filaments qui se compactent rapidement en une masse blanchâtre visible à l'œil nu appelée : *méduse* (figure 23) qui sera ensuite récupérée dans un tube eppendorf stérile, puis lavée à l'éthanol froid à 70% et à 100% et séchée. La dissolution de la méduse se fait dans 200 à 500 µl de tampon TE 10/1 (Tris/HCl : 10 mM ; EDTA : 1mM ; pH=8.0) selon la taille de la méduse (figure 24) et à une agitation douce à température ambiante pendant au moins 24h pour avoir enfin un ADN complètement dissout prêt à être utilisé (dosage, PCR...).

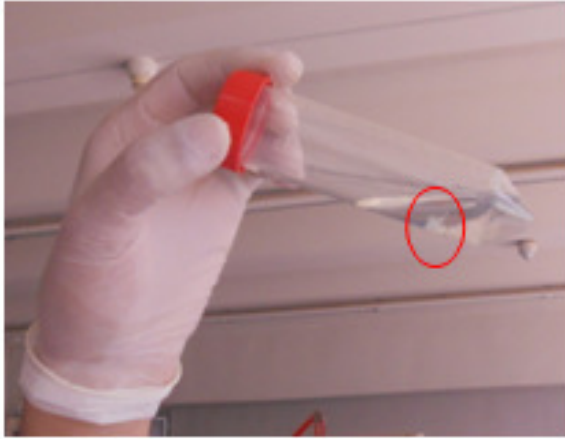


Figure 23 : précipitation de l'ADN à l'éthanol et obtention de la méduse



Figure 24: dissolution de la méduse dans le tampon TE10/1

4. Dosage de l'ADN par spectrophotométrie

Le dosage de l'ADN est effectué par spectrophotométrie d'un aliquote dilué au 1/100^{ème} (10µl d'ADN + 990µl d'eau distillée stérile). En effet les bases puriques et pyrimidiques absorbent dans l'ultraviolet à 260nm. Il est indispensable de mesurer également l'absorption à 280nm. Cette dernière permet d'estimer la contamination éventuelle de l'ADN par les protéines. Le rapport de densité optique DO260/DO280 est normalement compris entre 1.8 et 2. Si le rapport est inférieur 1.8, cela témoigne d'une éventuelle contamination par des protéines et s'il est supérieur à 2, il y a contamination par les sels. Lorsque la solution d'ADN est pure, une unité de DO correspond à une concentration d'ADN de 50 ng/ml (Kaplan et Delpech, 1998).

5. Dilution des ADN

La dilution a été effectuée pour chaque échantillon d'ADN à une concentration finale de 25ng/µl dans un volume d'eau distillée stérile pour une quantité suffisante de 250 µl. Les ADN dilués ont été conservés à -20°C.

6. Test de qualité des ADN extrait par la technique d'électrophorèse sur gel d'agarose

Afin de faire migrer un gel d'agarose, plusieurs éléments sont essentiels. Il faut d'abord un support et un peigne pour le gel d'agarose. Le support est scellé avec du ruban-cache pour couler le gel; lorsque le gel est polymérisé, il faut enlever le ruban-cache pour permettre au courant électrique de circuler à travers le gel au cours de la migration. On a besoin aussi d'une chambre à électrophorèse ainsi que d'un générateur de courant électrique (figure 25).

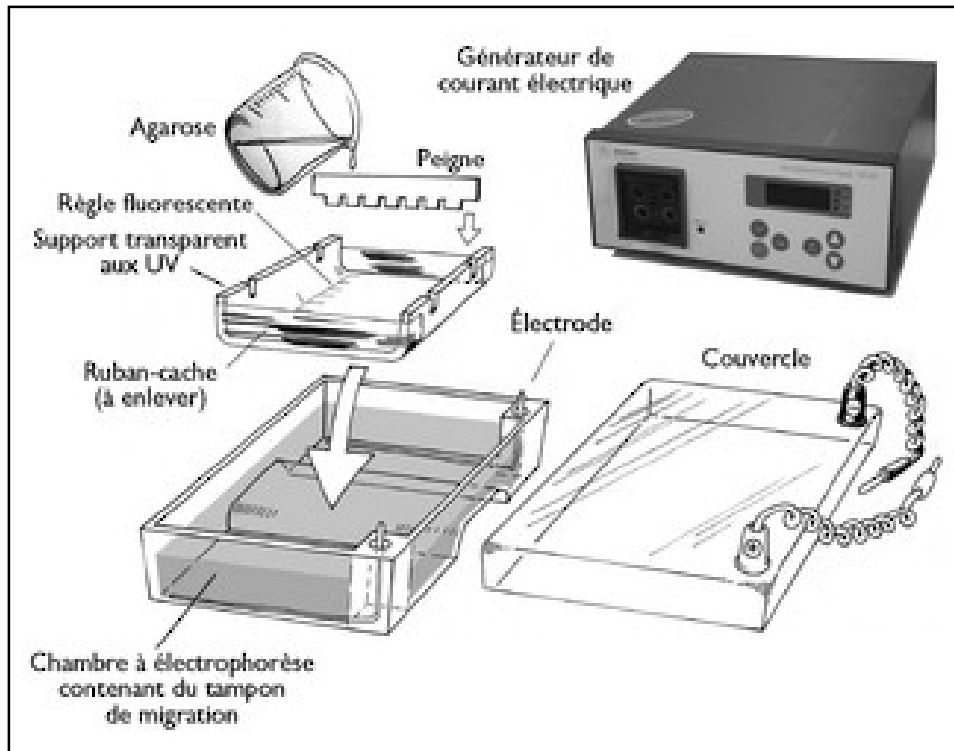


Figure 25 : principe de l'électrophorèse sur gel d'agarose

- **Réalisation du gel**

Pour tester la bonne qualité d'ADN extrait, c'est-à-dire un ADN de haut poids moléculaire, un aliquote de 5 μ l d'ADN avec 5 μ l de Bleu de Bromophénol et de sucrose (le Bleu de Bromophénol est un indicateur de migration par contre le sucrose sert à alourdir l'ADN dans les puits) est soumis à une électrophorèse sur gel d'agarose à 0,8 % dans un tampon de migration TBE 1X (Tris/HCl 0,89 M ; acide borique 0,89 M ; EDTA Na₂ 2,5mM ; Ph = 8) pendant une heure à 100 Volts.

L'ADN est visualisé sous illumination aux UV grâce à la fluorescence du Bromure d'Ethidium (BET) incorporé dans le gel d'agarose à raison de 5 μ l.

7. Amplification de l'ADN *in vitro* par PCR

7.1 Principe

La réaction de polymérisation en chaîne (PCR) a été mise au point par K. Mullis en 1987. Cette technique permet d'amplifier spécifiquement *in vitro* un segment d'ADN double brin compris entre deux régions de séquences connues, en des millions de copies. Cette amplification est assurée par la polymérase de la bactérie thermophile des sources chaudes *Thermus aquaticus* (Taq polymérase), par un procédé d'extension de deux amorces oligonucléotidiques de synthèse de 20 à 25 nucléotides complémentaires des extrémités 3' des deux brins d'ADN. Ces amorces encadrent la séquence à amplifier, l'une avec le brin sens et l'autre avec le brin anti sens. La quantité de la séquence recherchée est ainsi multipliée de façon exponentielle puisque chaque brin nouvellement synthétisé par la polymérase peut servir de matrice pour le cycle d'amplification suivant.

La PCR est une réaction cyclique, chaque cycle étant subdivisé en 3 phases (figure 26) :

- une phase de dénaturation de l'ADN double brin par la chaleur (92°C – 95° C) ;
- une phase d'hybridation avec les deux amorces spécifiques entre 50°C et 60°C ;
- une phase d'extension par l'ADN polymérase à partir des amorces à 72°C.

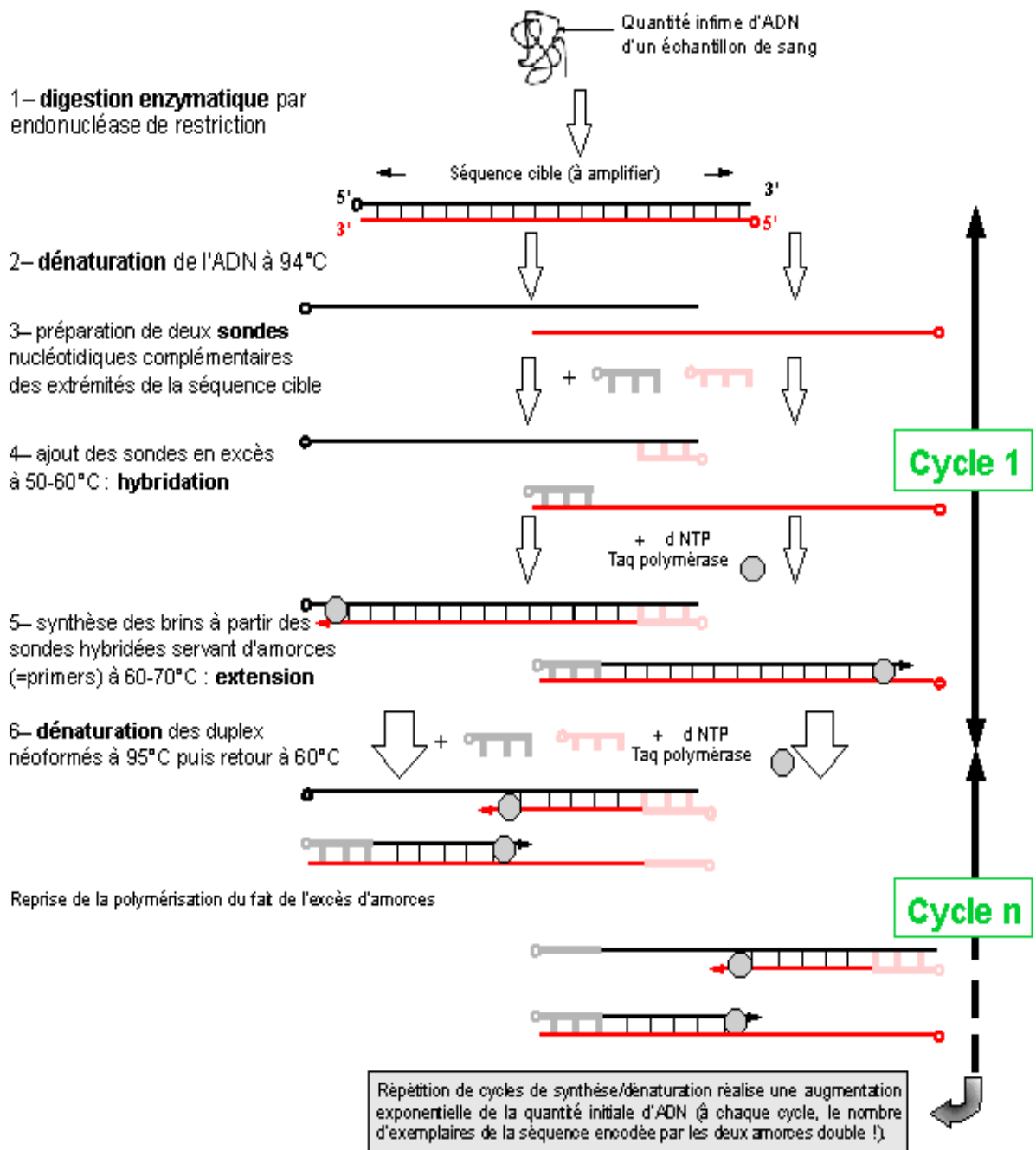


Figure 26 : principe de l'amplification in vitro (PCR)

7.2 Choix du microsatellite MCW41

Le marqueur microsatellite choisi pour l'étude du polymorphisme de l'ADN de la population locale est le microsatellite MCW41 localisé sur le chromosome C3 de poule (tableau 2).

Ce marqueur fait partie d'un panel de microsatellites et appartient à la liste établie par la FAO pour l'étude de la structure génétique des races aviaires à l'échelle mondiale.

Tableau 2 : Caractéristiques du microsatellite MCW41 (Wardêcka, 2004).

Nom du microsatellite	Séquences des amorces	Origine	Localisation chromosomique	Température d'hybridation des amorces
MCW41	5'- CCCAATGTGCTTGAATAACT TGGG-3' 5'- CCAGATTCTCAATAACAATG GCAG-3'	aviaire	C3	60°C

7.3 Conditions pratiques de la PCR

Un total de 15 ADN génomiques (75 ng) ont été amplifiés chacun dans un mélange réactionnel d'un volume final de 25 µl composé de 1.5 mM de MgCl₂, 0.2 mM de chacun des désoxyribonucléotide triphosphate (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), 0.1 µM de chaque amorces, 0.5 U de Taq polymérase et 1 X de tampon de réaction de l'enzyme.

L'amplification a été réalisée dans un thermocycleur (TECHNE, Flexigene). Elle a été effectuée selon le programme suivant :

- 1^{ère} étape : 5 min à 95°C (phase de dénaturation) pendant 1 cycle
- 2^{ème} étape : 35 cycles comprenant chacun :
 - 30 secondes à 94°C (phase de dénaturation)
 - 30 secondes à 60°C (phase d'hybridation)
 - 30 secondes à 72°C (phase d'élongation)
- 3^{ème} étape : une dernière élongation à 72°C est réalisée pendant 7min pendant 1 cycle
- Enfin, une étape de fin d'amplification à 15°C (*Hold Temp*) qui correspond à la température de conservation des produits d'amplification.

7.4 Mise en évidence des produits d'amplification par électrophorèse sur gel d'agarose

Le test d'amplification est réalisé par électrophorèse sur gel d'agarose,

Un aliquot de l'ADN amplifié (3 μ l) est mélangé à 2 μ l de tampon de charge (bleu de bromophénol 0.01% et 40% de sucrose) puis déposé dans un gel d'agarose à 2% avec un tampon de migration TBE 1X (Tris / HCl 0.89M ; acide Borique 0.89M ; EDTA 2.5mM) (figures 27 et 28). Le bleu de bromophenol est un indicateur du front de migration par contre le sucrose sert à alourdir l'ADN dans les puits.

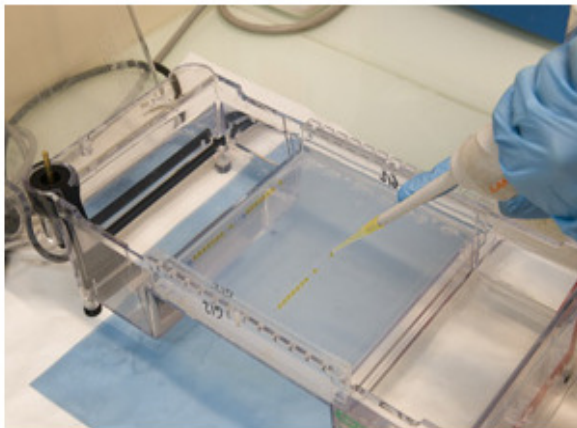


Figure 27 : dépôt des ADN dans les puits du gel d'agarose

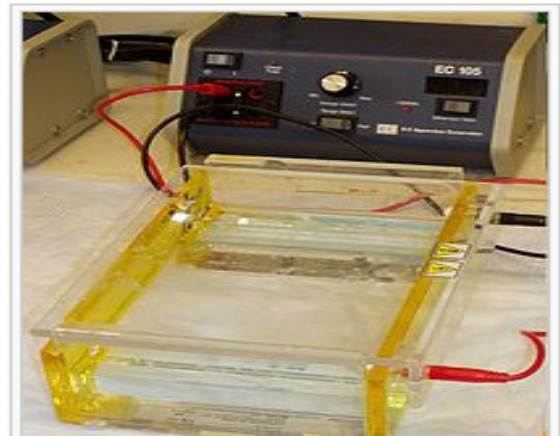


Figure 28: Cuve remplie de tampon et générateur de courant électrique utilisés pour l'électrophorèse en gel d'agarose

Le marqueur de taille 100pb est utilisé pour déterminer la taille du fragment amplifié. Après une migration de 30 minutes à 100 volts, l'ADN est ensuite visualisé sous Ultraviolets (figure 29) par fluorescence du bromure d'éthidium (BET) incorporé dans le gel à une concentration finale de 5mg/ml. Le BET est un agent intercalant entre les bases d'ADN.



Figure 29 : visualisation de l'ADN sous Ultraviolets UV

RESULTATS ET DISCUSSIONS

Résultats d'enquêtes sur terrain

1.1 Systèmes d'élevage

Les enquêtes sur terrain ont montré que les élevages sont essentiellement de petite taille avec un effectif de 5 à 20 poules.

L'élevage du poulet villageois est une activité qui implique tous les membres de la famille, mais dans 85% des cas l'élevage était conduit par les femmes qui veillent le plus aux soins et à la conduite de ces volatiles.

Les volailles sont principalement élevées pour l'autoconsommation et dans une moindre mesure pour générer des revenus et pour les sacrifices.

1.2 Alimentation et habitat

La fouille demeure la principale source d'aliments pour les volailles en élevage traditionnel, parmi les aliments prélevés par la fouille, on trouve des céréales, des insectes, des vers et différentes herbes. Parallèlement, les femmes donnent à leurs poussins et poules le distribué qui consiste en son de blé, grains d'orge, pain sec moulu ou imbibé, restes de couscous, etc. Ces observations sont en accord avec les rapports d' (El- Yuguda et al 2007) relatifs à la description des modèles alimentaires du poulet villageois au Nigeria et en Inde.

En élevage familial, les poulaillers, quand ils existent, sont en général aménagés et construits à l'aide de matériaux locaux hétéroclites (bois, plastique, tôle de zinc, grillage) ; ils ne protègent en aucune façon des intempéries et des prédateurs.

1.3 Maladies et traitements

Les maladies les plus couramment signalées sont celles affectant l'appareil respiratoire. D'autres maladies touchent le plumage et sont dues à des parasites externes (poux, puces et acariens).

En cas de maladie, le traitement se fait avec des médicaments traditionnels et certaines plantes médicinales (oignon sauvage, poivre noir et huiles végétales).

2. Caractéristiques phénotypiques de la population de poules locale

2.1. Le poids vif

Dans la population totale des poules et coqs échantillonnée dans les trois régions du nord-ouest algérien, le poids vif des coqs a été supérieur à celui des poules ($P < 0,01$, +0,435 Kg) (tableau 03). La mesure des critères d'hétérogénéité (figure 30) a montré également une plus grande variabilité ($P < 0,05$) chez les coqs comparée à celle des poules. Les écarts-type ont été respectivement de 0,331 et 0,235 Kg, montrant une courbe de distribution plus étalée chez les coqs.

Tableau 03 : Paramètre poids vif chez les poules et les coqs de l'échantillon total

	Poules (n=83)	Coqs (n=28)	T	F
<u>Poids vif (Kg)</u>				
Moyenne	1,52b	1,95a	7,58**	1,98*
E. Type	0,24	0,33		
Icd (0,05)	0,46	0,65		
Icd (0,01)	0,61	0,85		

* $P < 0,05$; ** $P < 0,01$; a,b=moyennes différentes au test de Student

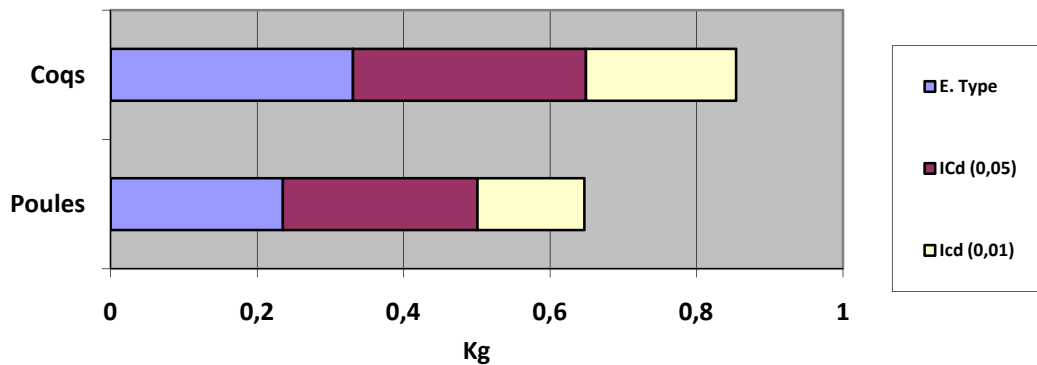


Figure 30 : Distribution du poids vif dans la population avicole locale

2.2. La longueur du corps

La mesure de ce paramètre a montré que les coqs ont un corps plus long que celui des poules ($P=0,01$, +8,8 cm, Tableau 04). Pour ce paramètre également la variabilité a été supérieure ($P<0,05$, figure 31) chez les coqs chez qui l'écart-type a été de 6,5 cm contre 2,7 cm chez les poules.

Tableau 04 : Paramètre Longueur du corps chez les poules et les coqs de l'échantillon total

	Poules (n=83)	Coqs (n=28)	T	F
<u>Longueur du corps</u>				
(cm)				
Moyenne	37,7b	46,5a	10,09**	5,88*
E. Type	2,7	6,5		
Icd (0,05)	5,3	12,7		
Icd (0,01)	6,9	16,8		

* $P<0,05$; ** $P<0,01$; a,b=moyennes différentes au test de Student

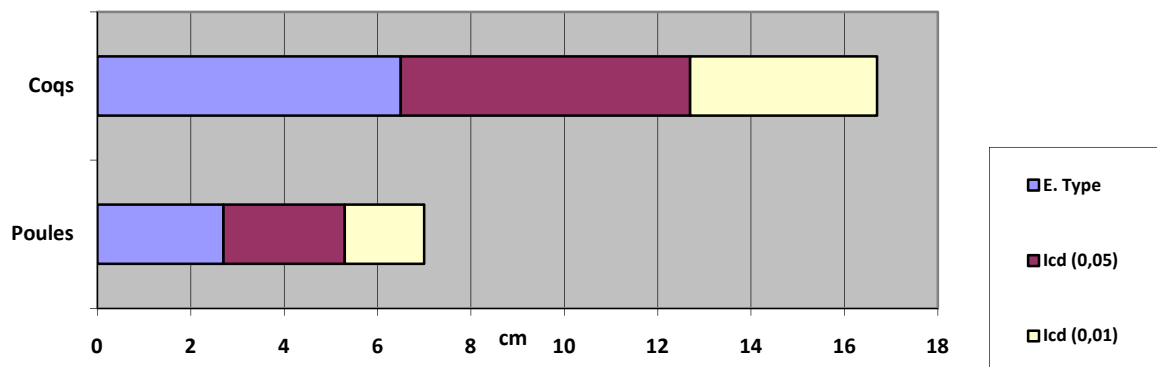


Figure 31 : Distribution de la longueur du corps chez la population avicole locale

2.3 L'envergure des ailes

Le dimorphisme sexuel s'exprime aussi quand l'envergure des ailes est mesurée. Les coqs ont une envergure supérieure à celle des poules ($P=0,01$, +15 cm, tableau 05). Par contre nous observons plus de variabilité de ce paramètre chez les poules que chez les coqs (11,2 vs. 9,2 cm, figure 32) sans que cela ne soit statistiquement significatif.

Tableau 05 : Paramètre envergure des ailes chez les poules et les coqs de l'échantillon total

	Poules (n=83)	Coqs (n=28)	T	F
Envergure (cm)				
Moyenne	55b	70a	6,37**	1,48 ^{NS}
E. Type	11,2	9,2		
Icd (0,05)	22	18,1		
Icd (0,01)	29	23,8		

^{NS} $P>0,05$; ** $P<0,01$; a,b=moyennes différentes au test de Student

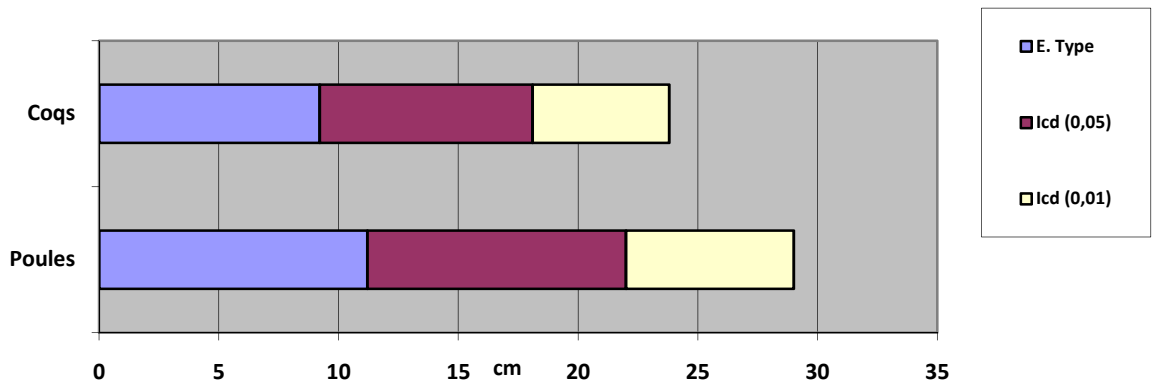


Figure32: Distribution de l'envergure des ailes chez la population avicole locale

2.4 La longueur d'aile

Ce paramètre, mesuré indépendamment, mais lié à l'envergure manifeste aussi une supériorité chez les coqs (P=0,01, +7,2 cm, tableau 06). L'hétérogénéité dans l'échantillon de poules est légèrement supérieure à celle des coqs (figure 33), mais reste non significative.

Tableau 06 : Paramètre longueur de l'aile chez les poules et les coqs de l'échantillon total

	Poules (n=83)	Coqs (n=28)	T	F
<u>Longueur d'aile (cm)</u>				
Moyenne	27b	34,2a	6,20**	1,28 ^{NS}
E. Type	5,5	4,8		
Icd (0,05)	10,7	9,5		
Icd (0,01)	14,1	12,4		

^{NS}P>0,05 ; **P<0,01 ; a,b=moyennes différentes au test de Student

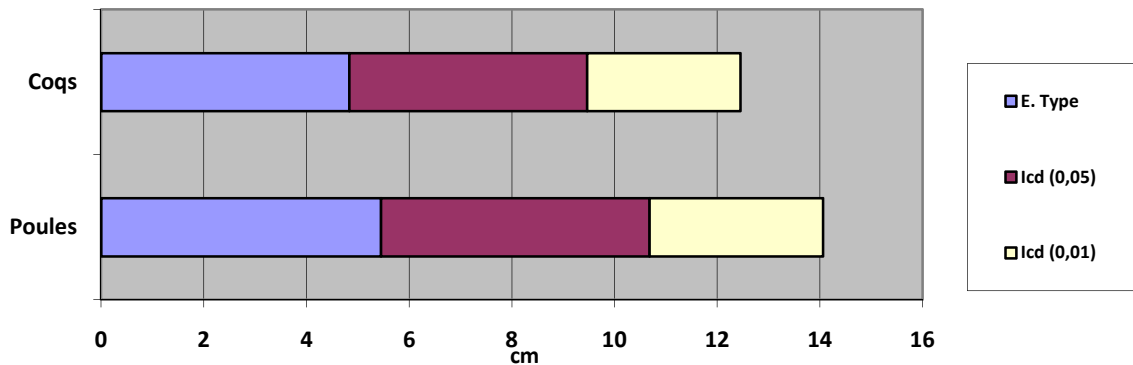


Figure 33 : Distribution de la longueur d'aile chez la population avicole locale

2.5 Longueur des pattes

Les coqs ont une longueur de pattes supérieure à celle des poules ($P=0,01$, +3,6 cm, Tableau 07), indiquant qu'ils sont plus hauts. Les paramètres de distribution ont montré que la variabilité de ce paramètre est également distribuée entre poules (E. type=1,1 cm) et coqs (E. type=1,2 cm) (figure 34).

Tableau 07 : Paramètre longueur de patte chez les poules et les coqs de l'échantillon total

	Poules (n=83)	Coqs (n=28)	T	F
<u>Longueur de patte (cm)</u>				
Moyenne	6,6b	10,3a	15,21**	1,34 ^{NS}
E. Type	1,1	1,2		
Icd (0,05)	2,1	2,4		
Icd (0,01)	2,8	3,2		

^{NS} $P>0,05$; ** $P<0,01$; a,b=moyennes différentes au test de Student

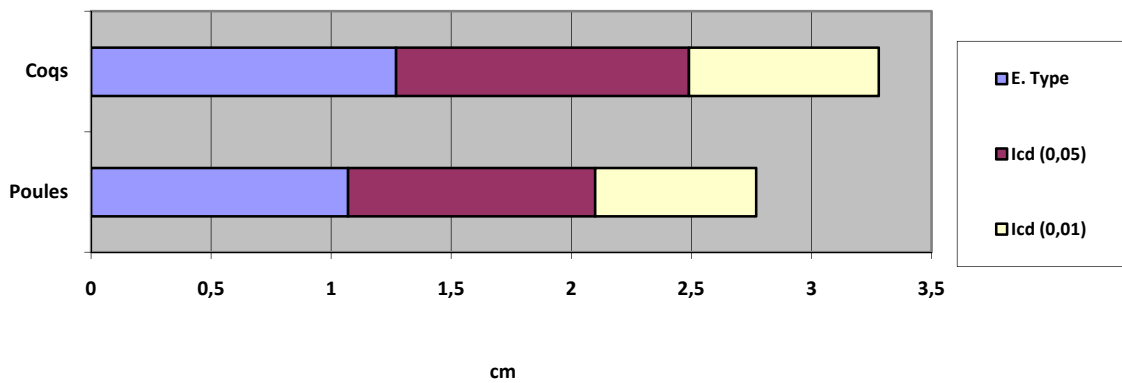


Figure 34: Distribution de la longueur de patte chez la population avicole locale

3. Effet du gène Na sur les paramètres morpho-pondéraux

3.1 Le poids vif

Le poids vif des poules normales a été supérieur à celui des poules cou nu ($P < 0,01$, +0,72 Kg, tableau 08). La mesure des critères d'hétérogénéité (figure 35) a montré également une plus grande variabilité ($P < 0,05$) chez les poules normales comparée à celle des poules cou nu. Les écarts-type ont été respectivement de 0,169 et 0,250 Kg, montrant une courbe de distribution plus étalée chez les poules normales.

Le poids vif des coqs normaux a été supérieur à celui des coqs cou nu ($P < 0,01$, +0,257 Kg, tableau 08). La mesure des critères d'hétérogénéité (figure 36) a montré également une plus grande variabilité ($P < 0,05$) chez les coqs normaux comparée à celle des coqs cou nu. Les écarts-type ont été respectivement de 0,518 et 0,201 Kg, montrant une courbe de distribution plus étalée chez les coqs cou nu.

Tableau 08 : Paramètre poids vif chez les poules normales et les poules cou nu de l'échantillon des coqs normaux et coqs cou nu

	Poules		T	F	Coqs		T	F
	Cou Nu (n=18)	Normales (n=65)			Cou Nu (n=8)	Normaux (n=20)		
Poids vif (Kg)								
Moyenne	1,46	1,53	1,15 ^{NS}	2,19 ^{NS}	1,83	2,09	1,92 ^{NS}	6,67*
E. Type	0,17	0,25			0,52	0,20		
Icd (0,05)	0,33	0,49			1,02	0,39		
Icd (0,01)	0,44	0,64			1,34	0,52		

^{NS} $P > 0,05$; * $P < 0,05$; a,b=moyennes différentes au test de Student

2

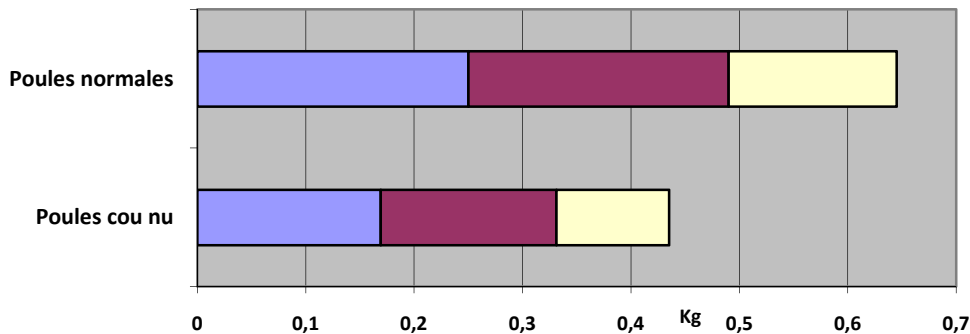


Figure 35 : Distribution du poids vif selon le phénotype chez la population de poules cou nu/normaux

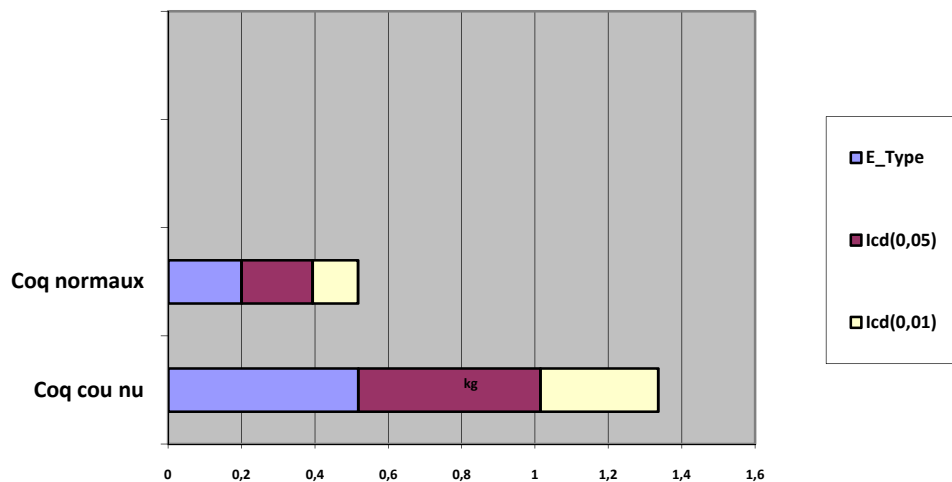


Figure 36: Distribution du poids vif selon le phénotype coqs cou nu/normaux

3.2 La longueur du corps

Nous remarquons que les poules cou nu ont un corps plus long que celui des poules normales ($P=0,01$, +2,56 cm, tableau 09). Pour ce paramètre également la variabilité a été supérieure ($P<0,05$, figure 37) chez les poules normales chez qui l'écart-type a été de 2,56 cm contre 2,72 cm chez les poules cou nu.

Contrairement aux poules, les coqs cou nu présentent un corps plus court que celui des coqs normaux ($P=0,01$, + 5,9 cm, tableau 09). Pour ce paramètre également la variabilité a été la même ($P<0,05$, figure 38) chez les coqs normaux qui l'écart-type a été de 5,89 cm 5,82cm chez les coqs cou nu.

Tableau 09 : Paramètre Longueur du corps les poules normales et les poules cou nu coqs de l'échantillon des coqs normaux et coqs cou nu

	Poules		T	F	Coqs		T	F
	Cou Nu (n=18)	Normales (n=65)			Cou Nu (n=8)	Normaux (n=20)		
Longueur du corps (cm)								
Moyenne	38,11	37,61	0,70 ^{NS}	1,12 ^{NS}	42,6 _b	48,5 _a	2,41*	1,02*
E. Type	2,56	2,72			5,88	5,82		
Icd (0,05)	5,03	5,33			11,52	11,40		
Icd (0,01)	6,62	7,02			15,17	15,01		

^{NS} $P>0,05$; * $P<0,05$; a,b=moyennes différentes au test de Student

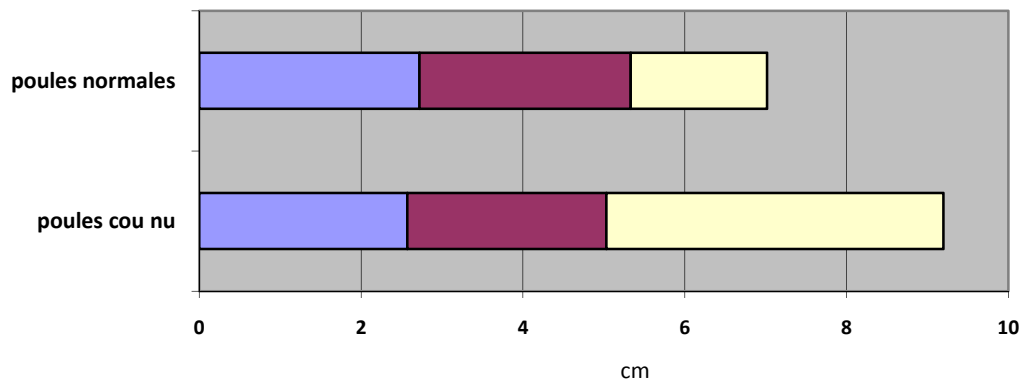


Figure 37: distribution de la longueur du corps selon le phénotype poules cou nu/normal

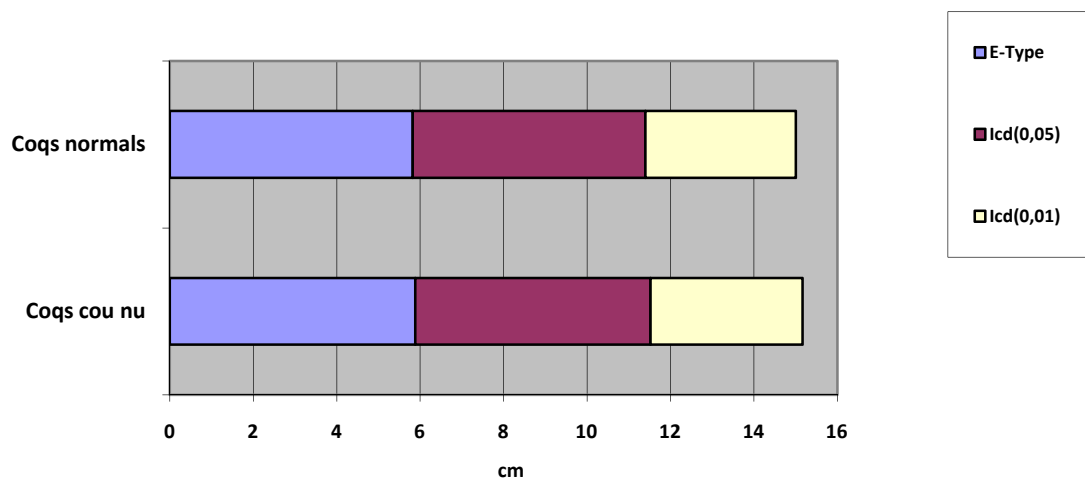


Figure 38: distribution de la longueur du corps selon le phénotype coqs cou nu/normaux

3.3 L'envergure des ailes

Les poules cou nu ont une envergure supérieure à celle des poules normales (P=0,01, +1,93 cm, tableau 10). Par contre nous observons plus de variabilité de ce paramètre chez les poules normales que chez les poules cou nu (18,90vs. 11,56cm, figure 39).

Les coqs normaux ont une envergure supérieure à celle des coqs cou nu (P=0,01, +6 cm, tableau 10). Par contre nous observons plus de variabilité de ce paramètre chez les coqs cou nu que chez les coqs normaux (23,22vs. 7,16 cm, figure 40).

Tableau 10 : Paramètre envergure des ailes chez les poules et les coqs de l'échantillon total

	Poules		T	F	Coqs		T	F
	Cou Nu (n=18)	Normales (n=65)			Cou Nu (n=8)	Normaux (n=20)		
<u>Longueur de l'Envergure (cm)</u>								
Moyenne	58,0	54,1	1,29NS	1,44NS	67,1 _b	73,1 _a	2,07*	10,51*
E. Type	9,63	11,56			11,85	3,65		
Icd (0,05)	18,88	22,66			23,22	7,16		
Icd (0,01)	24,85	29,83			30,57	9,43		

^{NS}P>0,05 ; *P<0,05 ; a,b = moyennes différentes au test de Student

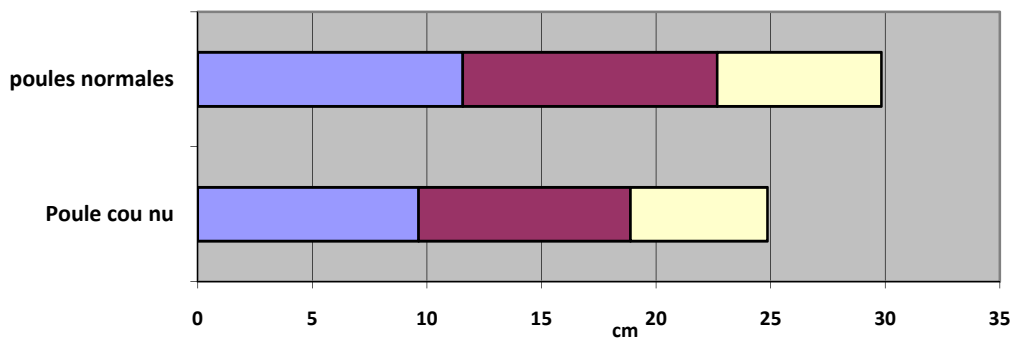


Figure 39: distribution de l'Envergure selon les poules cou nu/normal

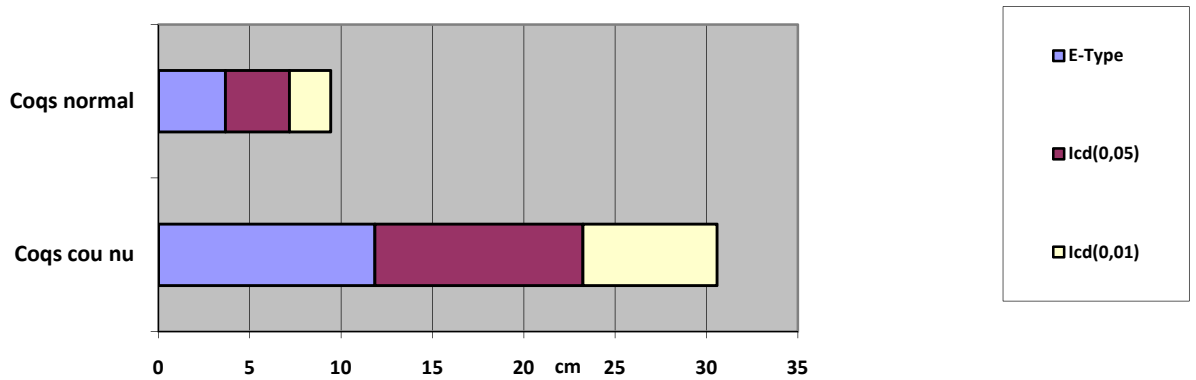


Figure 40: distribution de l'envergure selon le phénotype coqs cou nu /normaux

3.4 La longueur d'aile

Ce paramètre manifeste une supériorité chez les poules cou nu ($P=0,01$, + 1,9cm, tableau 11). L'hétérogénéité dans l'échantillon de poules normales est légèrement supérieure à celle des poules cou nu (figure 41), mais reste non significative.

La longueur d'aile est plus élevée chez les coqs normaux ($P=0,01$, +3,67 cm, tableau 11), mais l'hétérogénéité dans l'échantillon de coqs cou nu est légèrement supérieure à celle des coqs normaux (figure 42).

Tableau 11: Paramètre longueur de l'aile chez les poules normales et les poules cou nu de l'échantillon coqs cou nu et des coqs normaux

	Poules		T	F	Coqs		T	F
	Cou Nu (n=18)	Normales (n=65)			Cou Nu (n=8)	Normaux (n=20)		
<u>Longueur de l'aile (cm)</u>								
Moyenne	28,5	26,6	1,31 ^{NS}	1,31 ^{NS}	32,25 _b	35,92 _a	2,41*	14,46*
E. Type	4,86	5,57			6,45	1,70		
Icd (0,05)	9,53	10,92			12,64	3,32		
Icd (0,01)	12,55	14,37			16,63	4,37		

$t^{NS}P>0,05$; $*P<0,05$; a,b=moyennes différentes au test de Studen

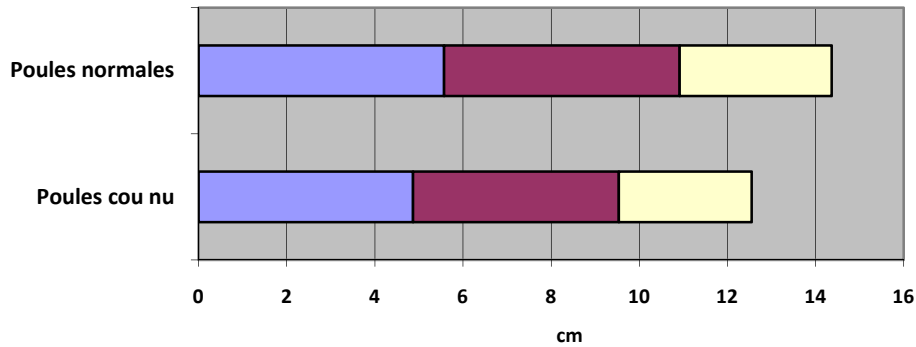


Figure 41: distribution la longueur d'Aile selon le phénotype poules cou nu/normal

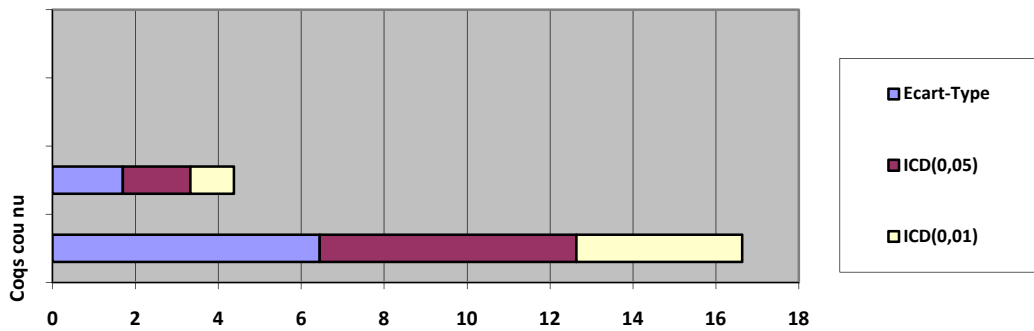


Figure 42: distribution de la longueur d'Aile selon le phénotype coqs cou nu/ normaux

3.5 La longueur de patte

Les poules cou nu sont plus hautes que les poules normales ($P=0,01$, $+0,35$ cm, Tableau 12). Les paramètres de distribution ont montré que la variabilité de ce paramètre est également distribuée entre poules cou nu (E. type= $1,030$ cm) et poules normale (E. type= $0,827$ cm) (figure 43). Nous constatant aussi que les coqs normaux sont plus hauts que les coqs cou nu ($P=0,01$, $1,10$ cm, Tableau12). Les paramètres de distribution ont montré que la variabilité de ce paramètre distribuée entre coqs cou nu (E. type= $1,321$ cm) et coqs normaux (E. type= $0,734$ cm).est statistiquement significatif (figure 44).

Tableau 12: Paramètre longueur des pattes chez les poules normales et les poules cou nu de l'échantillon coqs cou nu et des coqs normaux

	Poules		T	F	Coqs		T	F
	Cou Nu (n=18)	Normales (n=65)			Cou Nu (n=8)	Normaux (n=20)		
<u>Long De pattes (cm)</u>								
Moyenne	6,85	6,5	1,26 ^{NS}	1,09 ^{NS}	9,6 _b	10,7 _a	10,7*	3,16*
E. Type	1,03	0,83			1,32	0,73		
Icd (0,05)	2,2	1,62			3,59	1,46		
Icd (0,01)	2,66	2,13			3,41	1,92		

^{NS}P>0,05 ; *P<0,05 ; a,b=moyennes différentes au test de Student

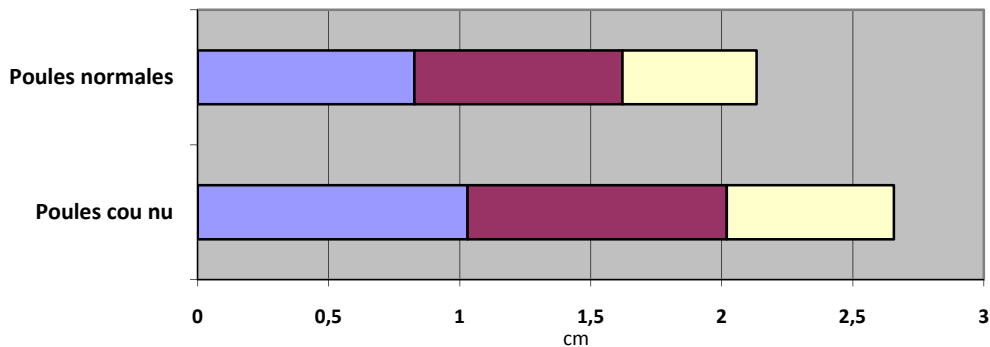


Figure 43: distribution de la longueur Patte selon le phénotype poules cou nu / normal

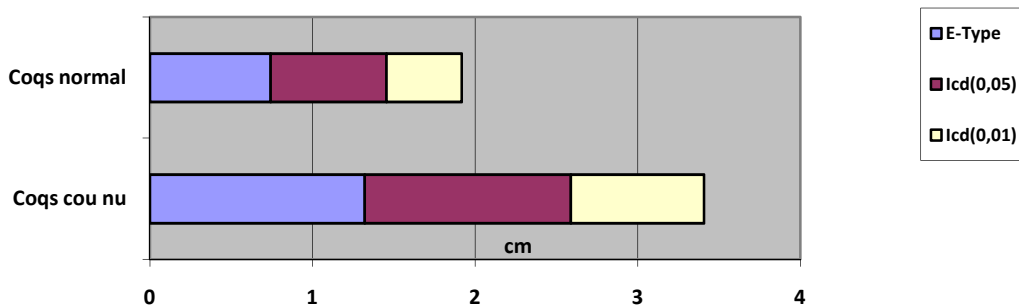


Figure 44: distribution de la longueur de patte selon le phénotype coqs cou nu/normaux

Les enquêtes sur terrain nous ont permis d'avoir une idée sur les différents phénotypes de poulets de la variété locale existants dans les régions visitées. Dans la présente étude, nous avons étudié les caractères mesurables chez deux phénotype, le cou nu et le normal.

Nos résultats montrent que dans la population avicole locale, le dimorphisme morpho-pondéral sexuel est très prononcé. Les coqs sont plus lourds et présentent une morphologie plus imposante que les poules, tous les paramètres morphologiques ont été supérieurs.

Par contre, il y a une grande hétérogénéité des paramètres morpho-pondéraux mesurés tant chez les poules que chez les coqs. Cette hétérogénéité indique qu'il est possible de réaliser du gain génétique dans cette population avicole en cas de sélection sur ces paramètres.

Le dimorphisme sexuel se traduit aussi en termes d'hétérogénéité intra-groupe de ces paramètres, notamment chez les coqs pour ce qui concerne le poids vif et la longueur du corps, les autres paramètres n'étant pas significativement différents.

Nous avons constaté aussi qu'il y a une différence significative entre les phénotypes chez les poules concernant le paramètre poids vif, et la longueur des pattes en fonction de ce dernier. Chez le coq, il y a une différence significative entre les phénotypes concernant le poids vif, la longueur d'aile et la longueur des pattes. (Boudjenah 2008) qui a traité le même sujet dans la région d'Oued Rhiau, a trouvé que la moyenne des poids ne dépasse pas 2 Kg pour les coqs et 1,5 Kg pour les poules. (Fellahi 2008) a fait le même travail dans la région de Mostaganem, a obtenu les résultats suivants : la longueur de l'aile des coqs est 32 cm avec un Ecart type de 2,7 cm et pour les poules il a trouvé 29,4 cm avec un Ecart type de 2,1 cm ; pour l'envergure il a trouvé une moyenne de 69,8 cm des coqs et une moyenne de 63,9 cm d'envergure des poules.

3 – Initiation aux techniques de biologie moléculaire

3.1 Extraction de l'ADN

Après extraction de l'ADN de 21 animaux les résultats sont regroupés dans le (Tableau 13).

Le tableau 13 montre que les échantillons P1, P2, P3, P4, P5, P6, P9, P14, P15, P17, P18 et P19 sont de couleur rosâtre alors que les échantillons P7, P8, P10, P11, P12, P13, P16 et P21 sont de couleur blanchâtre

La précipitation à l'éthanol nous a permis de récupérer l'ADN et d'obtenir des méduses de tailles différentes variant selon l'importance de celle-ci de ++ à ++++ à cet effet les volumes de dissolutions varient entre 200 et 600 µl.

Tableau 13 : Résultats de l'extraction de l'ADN des poules

N° d'échantillon	Volume initial du sang (ml)	Couleur du culot des globules blancs	Importance de la méduse	Volume final dans le tampon(TE 10/1) en µl
P1	7.5	Rosâtre	++	200
P2	7.5	Rosâtre	++	300
P3	7.5	Rosâtre	++++	400
P4	7.5	Rosâtre	++	400
P5	7.5	Rosâtre	+++	400
P6	7.5	Rosâtre	+++	400
P7	2	Blanchâtre	+++	400
P8	1.5	Blanchâtre	++	300
P9	3	Rosâtre	++++	400
P10	2	Blanchâtre	+++	600
P11	1	Blanchâtre	++	200
P12	1	Blanchâtre	++	200
P13	1.5	Blanchâtre	++	200
P14	2	Rosâtre	+++	400
P15	3	Rosâtre	+++	400
P16	1.5	Blanchâtre	+++	400
P 17	3	Rosâtre	+++	600
P18	2.5	Rosâtre	++	400
P19	3	Rosâtre	++++	600
P20		Coagulé		
P21	2	Blanchâtre	++	200

P : Poulet local

1, 2, 3,21 : N° d'échantillon.

+ : Importance de la méduse

3. 1 Dosage des ADN

Les résultats du dosage par spectrophotomètre des 21 échantillons d'ADN, sont représentés dans le (tableau 14).

Le rapport DO260/DO280 est inférieur à 1.8 pour un total de 21 ADN. Il indique une contamination par les protéines, donc une digestion incomplète par la protéinase K, ces protéines peuvent être éliminées soit par précipitation au phénol suivie par un lavage à l'éthanol, soit par une digestion enzymatique par la protéinase K suivi de l'action du NaCl et précipitation à l'éthanol. Pour la concentration des ADN, les valeurs varient entre 1,05 et 3.38 µg/µl.

Nous avons remarqué aussi que les échantillons qui ont le même volume de sang ont des concentrations d'ADN différentes. Aussi pour les échantillons P8, P1 ayant respectivement un volume de 1 à 3 ml représentent une concentration d'ADN supérieur aux concentrations des échantillons qui ont un volume de 7,5ml.

Nous avons constaté qu'il n'existe pas de corrélation entre la quantité de l'ADN extraite et le volume initial du sang prélevé.

Ce résultat peut être expliqué par :

- La proportion des leucocytes contenus dans le sang puisque ceux-ci représente la source majeure du matériel génétique.
- Une lyse incomplète des globules blanc au cours des manipulations ce qui engendre des pertes importantes de l'ADN à cause des opérations de lavage répétées.

Tableau 14: Résultats du dosage des ADN par spectrophotométrie.

	DO à 260	DO à 280	DO260/DO280	Concentration d'ADN ng/ml	Quantité totale de l'ADN en ng
P1	0.527	0.447	1.18	2,635	573
P2	0.710	0.666	1,06	3,55	1065
P3	0.462	0.431	0,10	2,31	924
P4	0.447	0.515	0.92	2.38	952
P5	0.451	0.409	1.10	2.55	1020
P6	0.248	0.239	1.03	1,24	496
P7	0.211	0.220	0,95	1.05	420
P8	0.492	0.444	1.10	2.05	410
P9	0.245	0.218	1.12	1.22	488
P10	0.680	0.526	1.33	3.4	1360
P11	0.510	0.510	1	2.55	510
P12	0.451	0.420	1.07	2.25	450
P13	0.335	0.349	0.96	1.67	668
P14	0.666	0.523	0.99	3.33	1332
P15	0.777	0.672	1.15	3.88	1352
P16	0.545	0.489	1.11	2 ,72	1360
P17	0.542	0.456	1.18	2.71	1355
P18	0.539	0.490	1.1	2.69	1076
P19	0.556	0.445	1.25	2.78	1390
P20	0	0.	0	0	0
P21	0.548	0.525	1.04	2.74	588

P : Poulet domestique

1, 2, 3,21: N° d'échantillon

5. Test de qualité des ADN

Le test de qualité des ADN ou Sizing a été réalisé par la migration d'un aliquote de 5 µl des ADN à 100 volts pendant 1 h sur un gel d'agarose à 0,8 %. Les résultats que nous avons obtenus représentent des ADN de même profil électrophorétique (figure 45), cela veut dire

que ces ADN sont de haut poids moléculaire et qu'ils n'ont pas été dégradés lors de l'extraction.

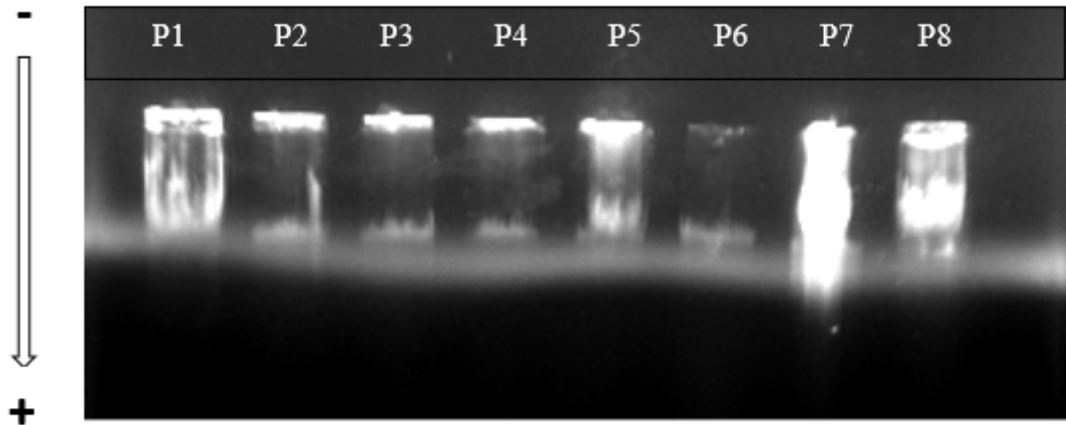


Figure 45: Test de qualité des ADN des poules extraits après une migration à 100 Volts pendant 1 heure.

2. Test d'amplification du microsatellite MCW41

Après la PCR, les produits d'amplification ont été testés sur gel d'agarose à 2%.

Après migration des 10 ADN amplifiés, en présence d'un marqueur de taille 100 pb, nous avons remarqué la présence d'une bande intense entre 100 et 200 pb (figure 46)

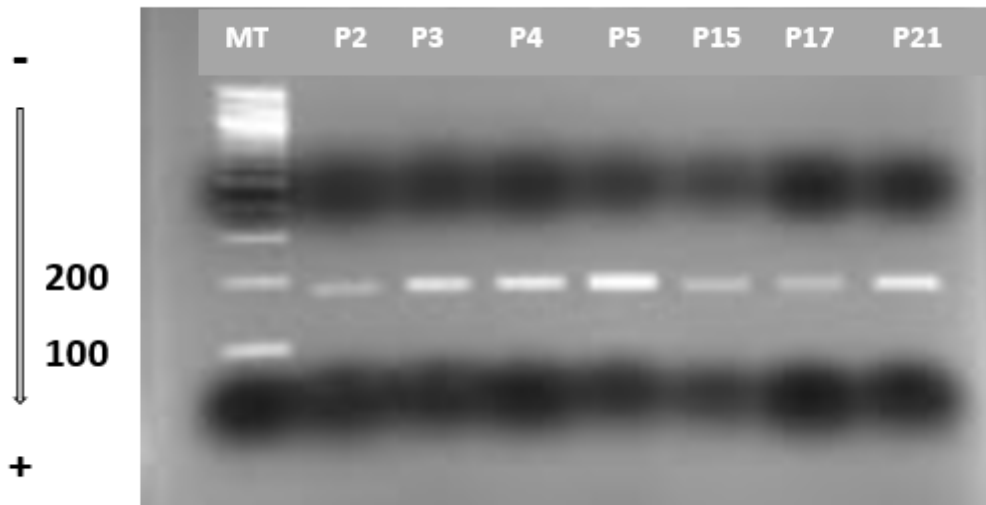


Figure 46: Test d'amplification des ADN des poules sur gel d'agarose pour le microsatellite MCW41.

En effet, l'étude du polymorphisme de l'ADN par PCR devrait être suivie par une électrophorèse sur gel de polyacrylamide non dénaturant et de coloration au nitrate d'argent. Cette technique est basée sur l'analyse du changement de mobilité électrophorétique de deux fragments d'ADN double brin qui ne diffèrent que par deux paires de bases. Cette résolution est exploitée en particulier pour la révélation des microsatellites (De Vienne, 1998).

Cette méthode offre beaucoup d'avantage : elle est simple, rapide et la qualité du profil électrophorétique est bonne. De plus, les ADN homozygotes et hétérozygotes sont nettement interprétables.

A cause de problèmes de temps, de matériel et des produits, nous n'avons pas pu analyser nos ADN amplifiés sur le gel de polyacrylamide non dénaturant.

Une étude a été réalisée dans le laboratoire d'accueil LGMA d'USTO sur trois populations du Nord-Ouest : Oran, Tlemcen et Mostaganem par le même microsatellite que nous avons utilisé (Mahammi, 2009), ils ont pu détecter 3 allèles (161, 163 et 165 pb), le suivie de notre étude au futur nous permettra de comparer les résultats.

CONCLUSION

CONCLUSION

Les résultats que nous avons obtenus montrent que ces populations de poules ne subsistent qu'au niveau des régions rurales, sous forme d'effectifs très réduits de 5 à 20 poules, il s'agit d'un élevage extensif pratiqué par les villageois où l'alimentation est basée principalement sur la fouille, la lutte contre les maladies se fait par des traitements traditionnels et certaines plantes médicinales (oignon sauvage, poivre noir et huiles végétales).

Les résultats des enquêtes sur terrain indiquent une très grande variabilité phénotypique des populations locales de poulet, malgré l'étendue géographique modeste investiguée, qui apparaisse sous forme d'une diversité de plumage, forme de la crête, longueur des pattes, longueur des ailes...

Toutefois, c'est le génome de ces populations qui présente un intérêt capital dans l'amélioration génétique des souches plus particulièrement dans les régions à climat chaud. Le génome de ces volailles locales peut être, en effet, utilisé dans des lignées synthétiques pour des systèmes de production présentant des conditions spécifiques.

Les résultats obtenus à partir des extractions des ADN de 21 poules non apparentés par la technique NaCl montrent que cette technique est facile et ne représente aucun risque d'intoxication par des produits dangereux tel que le phénol. Les ADN que nous avons obtenus sont de bonne qualité et de haut poids moléculaires ce qui constitue un bon outil de travail pour les études ultérieures de génétique surtout pour les recherches menés dans notre laboratoire de physiologie animale appliquée.

Le polymorphisme du microsatellite MCW41 n'a pas été clairement démontré à cause de la faible résolution du gel d'agarose qui ne permettra pas d'avoir une sensibilité suffisante nécessaire pour étudier le polymorphisme de l'ADN microsatellite.

En effet, l'étude du polymorphisme de l'ADN par PCR devrait être suivie par une électrophorèse sur gel de polyacrylamide non dénaturant et de coloration au nitrate d'argent. Cette méthode offre beaucoup d'avantage : elle est simple, rapide et la qualité du profil électrophorétique est bonne. De plus les ADN homozygotes et hétérozygotes sont nettement interprétables.

L'ensemble de nos résultats sont considérés comme préliminaires et mériteraient d'être approfondis et complétés par la prise en compte d'un nombre plus important de loci.

Les perspectives de ce travail seraient d'augmenter le nombre de microsatellites analysés ainsi que le nombre des individus échantillonnés afin d'établir une meilleure caractérisation, cela servira à long terme de base de données pour des études de filiation.

De plus, la caractérisation génétique des différentes populations serait un très bon moyen pour cataloguer les différentes espèces avicoles. En effet ceci permettrait une bonne gestion de la variabilité génétique des populations animales et l'optimisation des programmes d'amélioration génétique en particulier pour les races avicoles et en général pour l'ensemble des animaux d'élevage.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

AMGHROUS S. et KHEFFACHE H. (2007). L'aviculture algérienne en milieu rural, quel devenir après la libéralisation des échanges ? Cas des régions d'Aflou et de Freha. Méditerranéen Conférences of Agro-Food Social Scientistes, Spain.

AnGR, (2003). Rapport National sur les Ressources Génétique Animales, Algérie.

BARKER J. S. F., HILL W. G., BRADLEY D., NEI M., FRIES R. ET WAYNE R. K. (1998). Meurement of domestic animal diversity (MoDAD). Original working group report. Fao. Rome.

BAUMUNG, R., SIMIANER, H. ET HOFFMANN, I. (2004). Genetic diversity studies in farm animals – a survey, *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121: 361–373.

BENABDELJELIL K. et BORDAS A. (2005). Prise en compte des préférences des éleveurs pour la Caractérisation des populations locales de poulets au Maroc. Sixièmes Journées de la Recherche Avicole.

BIENVENU T., MEUNIER C., BOUSQUET S., CHIRON S., RICHARD L., GAUTHERET-DEJEAN A., ROUSSELLE J.-F. ET FELDMANN D. (1999). Les techniques d'extraction de l'ADN à partir d'un échantillon sanguin. *Annales de Biologie Clinique*, 57, 77-84.

BORDAS A, Mérat P, (1990), Croissance, production d'œufs et efficacité alimentaire de poulets et poules hétérozygotes Ff^+ à température ambiante élevée, *Arch, Geflugelkd*, 54, p, 66-69,

BOTSTEIN, D., R. L. White, M. Skolnick and R. Davis.(1980). Construction of a genetic Bovidae). *Heredity*. 67: 281-286.

BULDGEN A., DETIMMERMAN F., SALL B. et COMPERE R., (1992). Etude des paramètres démographiques et zootechniques de la poule locale dans le bassin arachidier sénégalais. *Revue Elev, Méd, Vét, Pays trop*, 45 :341-647.

BULDGEN A., PARENT R., STEYAET P. et LEGRAND D., (1996). Aviculture semi-industrielle en climat tropical : guide pratique. Gembloux : Les Presses agronomique de Gembloux, 112 p.

- CANON, J., P. ALEXANDRINO, I. BESSA, C. CARLEOS, Y. CARRETERO, S.**
- DUNNER, S. FERRAN N., GARIA D., JORDANA J., (2001)** Genetic Diversity Measures of local European Beef cattle for using Conservation Purposes. *Genetic, Selection and Evolution*, 33(3), 311-332.
- CHAMBERS G. K. ET MACAVOY E. S. (2000).** Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part B*, 126, 455-476.
- CHINA, B., V. EVRARD, R. NOIRFALISE, A. CLINQUART et G. DAUBE. 2001.** La traçabilité dans la filière viande. Les marqueurs génétiques. *Ann. Méd. Vêt.* 145 : 15-24.
- COLLEU S. (2005).** Une cryobanque pour préserver la diversité génétique des espèces aviaires domestiques, INRA. Biodiversité science et gouvernance, Paris, 24-28.
- COQUERELLE G. (2000)** : Les poules: diversité génétique visible. INRA, pp 181.
- DE VIENNE D. (1998).** Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologie végétales. Paris: INRA Editions, P. 15-47.
- FADLAOUI A. (2006)** : Modélisation bioéconomique de la conservation des ressources génétiques animales. Thèse de doctorat. Université Catholique de Louvain.
- FAO (FOOD AND AGRICULTURE ORGANISATION). (1998).** Programme mondial de gestion des ressources génétiques des animaux d'élevage. Conservation de la diversité des animaux domestiques//initiative pour la diversité des animaux domestiques. FAO, : 16-20.
- FFV (FEDERATION FRANÇAISE DES VOLAILLES), *Standards officiels. Grandes volailles, canards, oies, dindons et pintades.* FFV, (2000); 508 p.**
- FOTSA J-C AND PONÉ D.K. (2001).** Study of some morphological characteristics of local
- FOTSA J-C. (2008).** Caractérisation des populations de poules locales (*Gallus gallus*) au Cameroun. Thèse de Doctorat.
- GHOLIZADEH M. AND MIANJI G.R. (2007).** Use of Microsatellite Markers in Poultry Research. *International Journal of Poultry Science* 6 (2): 145-153.

- GOUDARZI. (2001).** Genetic Diversity Measures of Local European Beef Cattles.
- GUÈYE E.F. (1998).** Village egg and fowl meat production in Africa. *World's Poult. SCI. J.*, 54, 73-86.
- GROSCLAUDE, F., R. Y. AUPETIT, J. LEFEBRE J. C. MERIAUX. (1990).** Essai d'analyse des relations génétiques entre les races bovines françaises à l'aide du polymorphisme biochimique. *Genetic Sélection and Evolution.* 22: 317-338.
- HAAREN KISO a ,v, ,HORST P,,VALLE ZARAT A, ,1988 ,** The effect of frizzle gene <<F>> for the productive adaptability of laying hens under warn and temperate environmentale condition , *Porc, 18h world's poultry cong, Nagoya, p,386-388*
- HILLIER LW, MILLER W, BIRNEY E, WARREN W, HARDISON RC, PONTING CP, BORK P, BURT DW, GROENEN MA, DELANY ME et al. (2004).** Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature*, 432, 695-716.
- JEFFREYS, A. J., V. WILSON AND S. L. THEIN. (1985).** Hyper variable "minisatellite" regions in *Journal of Human Genetics*.
- KAPLAN JC. ET EDLPECH M. (1998).** *Biologie moléculaire et médecine (2^{ème} édition).* Flammarion Médecine-Sciences, Paris.
- KHADIDJA, (1988),** (Archives de documents de la FAO)
- KLUNGAND, H., D. I. VAGE, L. GOMEZ-RAYA, S. ADALSTEINSSON AND S. LIEN. (1995).** The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mammalian Genome.* 6: 636-639.
- KOE P.F., (2001).** Contribution à l'étude de l'impact de la coccidiose chez les poules pondeuses dans les élevages semi-industriels au Sénégal. Thèse Méd, Vêt, Dakar 7,
- LUIKART, G., M.P. BIJU-DUVAL, O. ERTUGRUL, Y. ZAGDSUREN, C. MAUDET P. TABERLET.M. T. R. KUIPER. (1999).** Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*). *Animal Genetics.* 30 : 431-438.

MATHUR P ,K.,HORST P ,(1990), Genetic aspect of adaptation to heat stressing :Hill W,G.,THOMPSON R , ,Wooliams A ,J,eds :*proceedings of the 4th world Congress on Genetics applied to Livestock Production* ,Edinburgh,p,286-296,

MARLE-KOSTER E., HEFER C.A., NEL L.H. AND GROENEN M.A.M. (2008). Genetic diversity and population structure of locally adapted South African chicken lines: Implications for conservation. *South African Journal of Animal Science*, 38 (4).

MAUDET C. (2001). Diversité et caractérisation génétique des races bovines et caprines originaires de la région Rhône – Alpes. Thèse de Doctorat. Université Joseph Fourier. Laboratoire de Biologie des populations d'altitude de Grenoble.

Mc ARTUR J,W ,(1933),sex linked genes in the fowl, *Gen.*,18 ,p ,210-220 **BENJAMIN, 1920**, A study of selections for the size, shape and color of hens eggs, *Cornell Agric, Exp, Stn, Mem.*,31,P,195-312.

Mc GIBBON W.H., (1981). White skin: a Z linked recessive mutation in the fowl. *J. Hered.*, 72 :139-140.

MAHAMMI F., (2009).**Contribution à la constitution d'une bibliothèque d'ADN aviaire (populations de l'Ouest algérien) et étude du polymorphisme par le microsatellite MCW41.**Algérie.

MERAT P., 1967. Contribution à l'étude de la valeur sélective associée à quelques gènes chez la poule domestique, II : Effet maternels. *Ann. Biol. Ani. Biochim. Biophys.*, 7 :183-203.

MERAT P., 1990. Gènes majeurs chez la poule (*Gallus gallus*) : autres gènes que ceux affectant la taille. *Prod. Anim.* 3(5):355-368.

MILLER S.A., DYKES D. D. ET POLESKY H. F. (1989): A simple salting-out for extracting DNA from human nucleated cells, *Nucleic acids Res.*, 16, 1215.

MOAZAMI-GOUDARZI K., VAIMAN D., MERCIER D., GROHS C., FURET JP., LEVEZIEL H. ET MARTIN P. (1994). Emploi de microsatellites pour l'analyse de la diversité génétique des races bovines françaises : premiers résultats. *Genet Sel Evol, Supple 1*, 155s-165s.

PANDEY A., TANTIA M., KUMAR D., MISHRA B., CHAUDHARY P. AND VIJH R. (2002). Microsatellite Analysis of Three Poultry Breeds of India. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 15, 11: 1536-1542.

PITEL, F ET J. RIQUET. 2000. Les marqueurs anonymes et la détection de leur polymorphisme. *INRA Production Animale*, hors série << Génétique moléculaire : principes et application aux populations animales >>, 45-53.

POT, J. PELEMAN, M. KUIPER AND M. ZABEAU. 1995. AFLP: a new rechniques for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research.* 23: 4407-4414.

RANDI, R., G. FUSCO, R. LORENZINI, S. TOSO ET G. TOSI. 1991. Allozyme divergence and phylogenetic relationships among Capra, Ovis and Rupicapra (Artyodactyla, Bovidae). *Heredity.* 67 : 281-286.

RAVELSON C., 1990. Situation et contraintes de l'aviculture villageoise à Madagascar (135-138) .

ROGNON X. ET VERRIER E. (2007). Caractérisation et gestion des ressources génétiques. Les outils et méthodes de la génétique pour la caractérisation, le suivi et la gestion de la variabilité génétique des populations animales. UMR. INRA/Agro.Paris.Tech., Génétique et Diversité Animale.

SAUVEUR B, (1988) : Reproduction des volailles et production d'œufs, Ed, Paris : INRA, 4
Testing in goats (*Capra hircus*). *Animal Genetics.* 30: 431-438.

SOLLER M., WEIGEND S. ROMANOV M. DEKKERS J. C. ANDLAMONT S. (2006). Strategies to Assess Structural Variation in the Chicken Genome and its Associations with Biodiversity and Biological Performance. *Poultry Science*, 85:2061–2078.

TROMMELEN, G. J., J. H. DEN DAAS, J. VIGJ AND A. G. UITTERLINDEN. (1993). DNA profiling of cattle using micro- and minisatellite. *Animal Genetics.* 24 : 235-241.

VOS, P., R. HOGERS, M. BLEEKER, M. REIJANS, T. VAN DE LEE, M. HORNES, A. FRIJTERS, J. POT, J. PELEMAN, M. KUIPER AND M. ZABEAU. (1995). AFLP: a new rechniques for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research.* 23: 4407-4414.

WEBER, J. L AND C. WONG. (1993). Mutation of human short tandem repeats. Human Molecular Genetics. 2: 1123-1128.

WEBER, J. L AND P. E. MAY. (1989). Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. American Journal of Human Genetics. 44: 388-396.

WEBER, J. L. (1990). Informativeness of human (dC-dA) n-(dG-dT)n polymorphisms. Genomics. 7: 524-530.

.WARDECHA B., JAZCSZAK K., PIRESCHA M., PARADA R. ET KORCZAKI M. (2004). Divergent selection for skeletal malformations in chickens alters polymorphism at microsatellite loci. Appl. Genet. 45(1), pp. 61-71.

WEIEDNES. ANDROMANOVA M (2001). Current strategies for the assessment and evaluation of genetic diversity in chicken resources. World's Poult. Sci. J. 57:275–287.

WILLIAMS, J. G. K, A. R. KUBELIK, J. LIVAK, J. A. RAFAISKI AND S. V. TINGEY. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic makers. Nucleic Acids Research. 18: 6531-6535.

ZIEHL , M,A ,HOLLANDER WF,,1987, Dun, a new plumage color mutant at the ilocus in the fowl(Gallus gallus) ,Iowa state J,Res, ,62,p,337-342.

Annexes

Les différentes mesures corporelles :

Les différentes mesures corporelles individuelles (enregistrées sur une fiche de description) ont été effectuées sur les bases suivantes:

- Longueur corporelle: distance entre la partie supérieure du cou et celui de la queue ;
- Longueur de l'aile: longueur de l'aile étendue depuis la jonction de l'humérus à la colonne vertébrale jusqu'au bout de l'aile ;
- Longueur de l'envergure : entre les bouts des ailes
- Longueur du tarse : distance entre le calcanéum et la cheville.

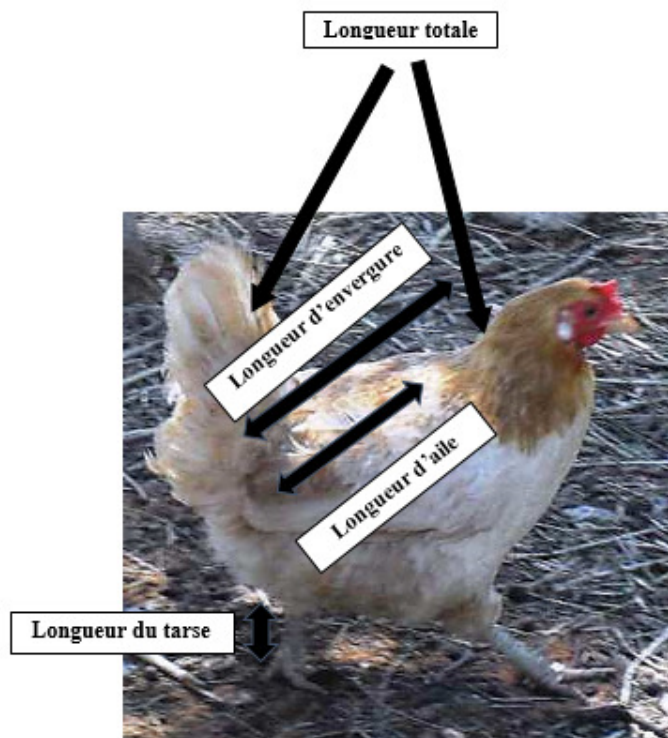


Figure 01 : Schéma de mesures réalisées sur les poules

