



Revue semestrielle – Université Ferhat Abbas Sétif 1

REVUE AGRICULTURE

Revue home page: <http://revue-agro.univ-setif.dz/>



Analyse de la variabilité de la région D-loop de l'ADN mitochondrial chez la population caprine domestique du semi-aride tunisien

Yosra Ressaissi^a, Marcel Amills^b, Mohamed Ben Hamouda^a

^a Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie (INRAT), Rue Hédi Karray, 2049 Ariana, Tunisie

^b Centre for Research in Agricultural Genomics (CRAG), CSIC-IRTA-UAB-UB, Campus Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, Spain

Corresponding author: yos.re@hotmail.fr

ARTICLE INFO

Article :

Reçu le : 07/05/2017

Accepté le : 03/07/2020

Mots clés : Phylogénie, chèvre locale, D-loop, haplotypes, diversité.

RESUME

L'analyse des polymorphismes de la région de la boucle D de l'ADN mitochondrial est très instructive sur la diversité génétique des populations. Le présent travail porte sur une étude de la variabilité de cette région mitochondriale chez une population de chèvres domestiques du semi-aride tunisien pour comprendre son histoire évolutive et démographique. Le séquençage partiel de la région a été réalisé sur 26 chèvres locales. Les données générées ont été analysées par les méthodes Neighbour-joining et Median-joining. Les résultats ont montré que la population caprine locale est apparentée aux populations domestiques d'Afrique du nord et qu'elle appartient au groupe maternel A. Cependant, elle se caractérise par une différenciation génétique intra-spécifique élevée, sur la base d'un nombre restreint de polymorphismes ponctuels. Suivant laquelle, 12 nouveaux haplotypes ont été identifiés et peuvent contribuer à enrichir la base de données des séquences mitochondriales. Des mutations spécifiques ont été relevées et définit la population comme un pool génétique particulier résultant d'une diversification récente.

1. Introduction

Depuis les années 1980, l'ADN mitochondrial (ADNmt) est considéré un outil puissant dans l'étude de la génétique évolutive. L'une de ces particularités les plus intéressantes est sa voie de transmission uniquement maternelle. Ce qui permet la détermination des origines ancestrales d'une population et par conséquent retracer son histoire évolutive. Cet ADN se caractérise par un nombre élevé de copie et se distingue par une région spécifique, ladite région hypervariable de la boucle D (D-loop). Cette région dispose d'un locus particulier composé de plusieurs sites polymorphes qui lui permette d'accumuler, rapidement et régulièrement, un taux élevé de mutations neutres, et ce en absence de toute recombinaison. L'étude de ces mutations est utile dans l'estimation de la variabilité génétique, étant le seul mécanisme responsable de l'apparition de nouveaux allèles. D'où, les analyses des données relatives au séquençage de la partie hypervariable de la boucle D sont considérées assez instructives dans la génétique évolutive. Actuellement, grâce aux progrès technologiques ainsi qu'à la contribution de nombreux groupes, le séquençage de l'ADNmt entier est devenu une approche de routine. Ce qui a révélé les détails de la phylogénie de l'ADNmt d'un nombre croissant de populations à travers le monde [1].

Chez la chèvre domestique, une diversité mitochondriale élevée a été mise en évidence suite à la détermination de 6 groupes maternels distincts. En effet, d'après les études archéologiques, cette espèce a été domestiquée depuis à peu près 10 000 ans à partir de l'espèce sauvage *Capra aegagrus* [2-3-4]. En Tunisie, la chèvre « Arbi » définit l'espèce caprine domestique locale qui fait partie de la population indigène de l'Afrique du Nord. Elle semble être

apparue sur l'île Galite, conséquences des échanges marins, en substituant l'espèce *aegagrus*. Elle a, par la suite, subi une large diffusion territoriale [5]. Au cours de son histoire évolutive, cette population a connu l'introduction d'une multiplicité de races de différentes origines qui dicte qu'elle présente actuellement une mosaïque de génotypes [6]. Les objectifs de cette étude étaient : (i) d'étudier la composition génétique de la population caprine locale de la zone semi-aride de la Tunisie, (ii) d'évaluer sa diversité phylogénétique (iii) d'identifier ses origines maternelles (iiii) et développer un aperçu sur l'histoire évolutive de la population caprine, et ce en se basant sur l'analyse de la région hypervariable de la boucle D de l'ADNmt.

2. Matériel et méthodes

2.1. Echantillonnage et séquençage partiel de la région hypervariable de la boucle D

Des échantillons de sang ont été prélevés dans des tubes EDTA à partir de 26 chèvres locales Tunisiennes (TU Cap). Ces chèvres appartiennent au troupeau de la station expérimentale de l'Ouesslatia de l'Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie. La station est localisée à 200 km du sud-ouest de Tunis (35° 51' N et 9° 35' E) sous un climat de type semi-aride. L'échantillonnage a été effectué sur la base du livre généalogique du troupeau et les individus sélectionnés sont les moins apparentés. Les ADN génomiques ont été extraits suivant le protocole standard salin puis dilués à un volume final de 50 µl pour une concentration de 10ng/µl. Une partie de 778 pb de la région hypervariable de la boucle D des chèvres a été amplifiée par une paire d'amorces conçue à partir de la séquence référence du génome mitochondriale de la chèvre domestique (Numéro d'accèsion GenBank: AY860914.1). Les parties Forward et Reverse étaient respectivement 5'-TCCCACTCCACAAGCCTAC-3' et 5'-GATCCCTGCCAAGCG-3'. L'amplification par PCR a été réalisée dans un volume final de 14µl contenant 1,5µl de tampon de réaction 10 x, 1,5µl de MgCl₂ (25mM), 0,15µl, dNTPs (25mM), 0,45µl de chaque amorce (10µM), 0,15µl d'AmpliTaQ Gold® DNA Polymerase (5u/µl), 1µl d'ADN génomique (10ng/µl) et 9,8µl H₂O. Les conditions de la PCR étaient : 10 min à 95°C puis 35 cycles dont le profil thermique est de 1 minute à 95°C, 1 minute à 60°C, 1 minute à 72°C suivie de 7 minutes à 72°C pour une conservation à 4°C. Les produits PCR ont été purifiés en utilisant l'Exonuclease I (Exo I) et le kit de purification FastAP™ Thermosensitive. Pour chaque échantillon, le séquençage a été fait en utilisant un volume de 0.33 µl de chacune des amorces mélangé avec 6.67 µl du mixte du kit BigDye® Terminator v.1.1 Sequencing (Applied Biosystem) et 3 µl d'ADN, soit un volume final de 10µl. Les réactions ont été effectuées dans l'électrophorèse capillaire ABI Prism 310. Les électrophérogrammes ont été visualisés avec le logiciel Sequencing Analysis 5.1.1 et édités avec le logiciel MEGA 6.06 [7].

2.2. Analyse de la diversité phylogénétique

Les 26 séquences obtenues (TU Cap) ont été alignées à l'aide du programme Multalin [8] avec 10 séquences locales tunisiennes publiées par [9] (référence GeneBank : FJ571562-FJ571571) pour une analyse plus approfondie de la population locale du semi-aride. Pour identifier le groupe maternel de la population locale du semi-aride tunisien, un alignement a été établi avec 20 séquences de différentes origines géographiques et apparentant aux 6 différents haplo-groupes maternels [8]. Dans le but de définir et de quantifier le lien de parenté qui puisse exister entre la population locale et les populations Nord africaines locales, 9 séquences africaines ont été utilisées. Considérant l'histoire évolutive de la population caprine locale, une évaluation de sa composition génétique a été faite en utilisant des séquences relatives aux races exotiques qui lui ont été introduites [10]. L'ensemble des séquences utilisées est représenté par le tableau 1.

L'analyse de la diversité génétique a été effectuée en utilisant le logiciel DnaSP v.5.10.1 [11]. La diversité haplotypique (hd), la diversité nucléotidique (p) et le nombre moyen des sites de ségrégation (k), ont été calculés. Les tests statistiques D de Tajima [12] et Fu's de Fu [13] ainsi que l'analyse de la distribution des mésappariements entre paires de séquences ont été développés. Et ce pour estimer l'équilibre par rapport à la théorie de la neutralité sélective, pour déterminer les mécanismes évolutifs et apprécier les événements historiques de l'accroissement ou du déclin de la population. Sur la base des scores des critères d'informations bayésiennes (BIC), parmi les différents modèles de maximum de vraisemblance disponibles dans le logiciel, la méthode « Neighbour-joining » (NJ) s'est montrée la plus descriptive du meilleur motif de substitution pour analyser les relations phylogénétiques entre les séquences [14]. De même, le modèle de Tamura à 3 paramètres avec une distribution Gamma, un taux de correction α de l'ordre de 5 et un nombre de répétition de 300, s'est révélé le plus approprié pour corriger les distances génétiques entre séquences. Par ailleurs, les réseaux haplotypiques et l'analyse de discordance ont été établies à l'aide du logiciel Network 4.6.1.3 [15]. Après simulation, les positions et les distances entre haplotypes ont été pondérées en fonction des fréquences des mutations détectées entre paires de séquences, et ce en ramenant le ratio de mutation transversion/transition à 3:1.

3. Résultats

3.1. Analyse phylogénétique de la population caprine locale tunisienne

3.1.1. Diversité mitochondriale

La comparaison des polymorphismes d'une partie commune de 409 bp de la région de la boucle D chez les 36 séquences tunisiennes a révélé 27 mutations par rapport à la référence. Les sites polymorphes identifiés étaient de 43 dont 14 étaient des sites de ségrégation simple et 29 étaient des sites informatifs pour la parcimonie. Une diversité nucléotidique de 0.02 et une diversité haplotypique de 0.96 ont été trouvées. Le nombre moyen de différence nucléotidique entre paires de séquences était de 8.79 et la diversité haplotypique était de 0.96 suivant laquelle 21 haplotypes ont été mis en évidence. Les résultats obtenus se rapprochent de ceux de [9] et indiquent l'existence d'un polymorphisme mitochondriale au sein de la population locale (tableau 2).

Tableau 1 Numéro d'accension GenBank des séquences utilisées

Haplotype	Genbank accession number
Haplotypes tunisiens (Vacca et al., 2010)	FJ571562, FJ571563, FJ571564, FJ571565, FJ571566, FJ571567, FJ571568, FJ571569, FJ571570, FJ571571
Haplo-group A: France, Iran, Italy, Jordan	EF617779, EF617945, EF618134, EF618200
Haplo-groupe B : Laos, Mongolia, Azerbaïdjan, China	AB044303, AJ317833, EF617706, DQ121578
Haplo-groupe C : Switzerland, China, Spain, Inda	AJ317838, DQ188892, EF618413, AY155708
Haplo-groupe D : India, China, Australia	AY155952, DQ188893, EF617701
Haplo-groupe G : Turkey, Egypt, Iran	EF618535, EF617727, EF618084
Haplo-groupe F : Sicilia	DQ241349, DQ241351
Haplotypes de l'Afrique du Nord	
Tindouf (Algeria)	AY424904, AY424934
Baladi (Egypt)	EF617719
Sahlien (Burkina Faso)	EU910322
Black Moroccan (Morocco)	GQ168980, GQ168981, GQ168985, GQ169013
Nigerian breed (Nigeria)	KM582203
Espèce sauvage	
Bezoard <i>Capra Agargus</i>	AB004076
Haplotypes exotiques	
Boer	KM260519
Murciana	AY424945
Alpine	EF617735
Sannen	FJ571555, FJ571544
Nubien	FJ571537

Tableau 2 : Numéro d'haplotype des 26 séquences des chèvres du semi-aride

N° Haplotype	N° Individus
Hap_1	TU_G0007 TU_G9001 TU_G3405
Hap_2	TU_G8560 TU_G6602 TU_G0010
Hap_3	TU_G6658
Hap_4	TU_G2740
Hap_5	TU_G1302 TU_G2759
Hap_6	TU_G6001 TU_G6005 TU_G0002
Hap_7	TU_G6003
Hap_8	TU_G7005
Hap_9	TU_G7012 TU_G3407 TU_G0001
Hap_10	TU_G8501 TU_G3430 TU_G8539
Hap_11	TU_G2729
Hap_12	TU_G6025 TU_G6681 TU_G2706 TU_G8541

3.1.2. Groupes maternels des haplotypes tunisiens du semi-aride

Un ensemble d'haplotypes qui partagent une grande proportion de nucléotides similaires représente un haplo-groupe. La comparaison des polymorphismes d'une région de 385 bp au sein de l'ensemble des 56 séquences a révélé une variabilité nucléotidique de l'ordre de 0.05. Les sites de ségrégation étaient de 100 sites et ont décrit 103 mutations, dont 17 correspondaient à des sites de ségrégation simple et seulement 2 à des sites informatifs pour la parcimonie, avec 19.45 différences nucléotidiques moyennes entre paires de séquences. La diversité haplotypique était de 0.98 révélant 40 haplotypes distincts. La tendance trouvée a traduit une diversité entre les haplo-groupes qui résultait d'un taux de substitution de 0.05. D'après la matrice des distances génétiques (tableau 3), les coefficients ont varié entre 0.133 et 0.933, dont les valeurs les plus importantes ont été observées entre les haplo-groupes. L'ensemble des séquences Tunisiennes a exprimé des distances génétiques de 0.133 à 0.90, vis à vis des différents haplo-groupes, dont la plus faible été par rapport au groupe A. Ces coefficients ont permis la construction d'une généalogie sur la base des haplotypes (figure 1) suivant laquelle les séquences tunisiennes ont formé un clade avec le groupe maternel A. Une répartition plus représentative de l'ensemble des séquences a été développée avec le réseau haplotypique (figure 2). Le réseau obtenu a montré que les haplotypes tunisiens se concentrent au niveau du groupe maternel A.

Tableau 3 : Matrice des distances génétiques entre haplo-groupes et les séquences tunisiennes

	Tunis	A	B	C	D	F
Haplo-groupe_A	0.133					
Haplo-groupe_B	0.717	0.646				
Haplo-groupe_C	0.781	0.732	0.791			
Haplo-groupe_D	0.617	0.517	0.722	0.775		
Haplo-groupe_F	0.900	0.861	0.933	0.914	0.893	
Haplo-groupe_G	0.634	0.534	0.690	0.808	0.655	0.913

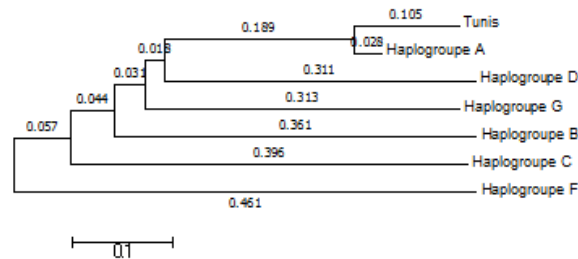


Figure 1 : Arbre phylogénétique « Neighbour-Joinings » des haplo-groupes de la chèvre domestique et la sous-population tunisienne locale.

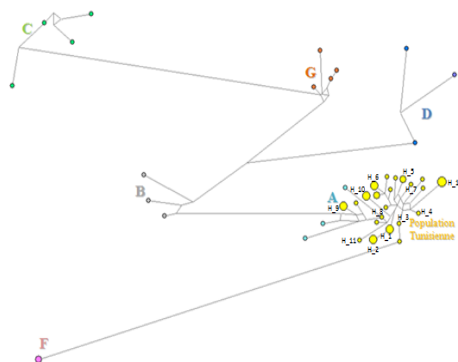


Figure 2 : Arbre phylogénétique « Neighbour-Joinings » des haplo-groupes de la chèvre domestique et la sous-population tunisienne locale.

3.2. Structure génétique des haplotypes du semi-aride tunisien

L'histoire évolutive de la chèvre « Arbi » a été marquée par différents échanges avec les populations indigènes de l'Afrique du Nord, surtout les pays du Maghreb [16]. La comparaison des polymorphismes d'une région de 395 bp communes aux séquences tunisiennes et africaines a montré 50 sites de ségrégation, 50 mutations avec une différenciation nucléotidique de 0.02 et une moyenne de 8.72 de différences nucléotidiques entre paires de séquences. Les haplotypes identifiés étaient 30 avec une diversité haplotypique de 0.97. En outre sur la base des haplotypes trouvés et la procédure de bootstrap, une phylogénie (figure 3) a été construite pour illustrer la généalogie des loci homologues des séquences étudiées. L'ordre d'embranchement obtenu a illustré 8 haplotypes, parmi les 12 nouveaux haplotypes identifiés au semi-aride, à savoir Hap_1, Hap_2, Hap_5, Hap_6, Hap_8, Hap_9, Hap_10, Hap_12, formant des clades distincts avec des valeurs «bootstrap» très élevées, respectivement de l'ordre de 89, 89, 90, 90, 95, 98 et 99. En outre, 3 haplotypes à savoir Hap_3, Hap_7 et Hap_11, ont formé des clades avec la race autochtone marocaine avec des bootstrap significatifs de 62, 99 et 75 respectivement. Quant à l'haplotype Hap_4, il a formé un clade avec la race indigène de Burkina-Faso avec un bootstrap de 80. Le réseau haplotypique (figure 4) n'a montré qu'un seul haplotype partagé avec une séquence marocaine (Hap_3) parmi les 12.

Les polymorphismes d'une région de 395 bp commune aux séquences tunisiennes et celles des races Boer, Murciana, Alpine, Sannen, Nubienne et Maltaise, ont décrit 49 sites de ségrégation, 49 mutations, une diversité nucléotidique de 0.02 et un nombre moyen de 8.85 de différences nucléotidique entre paires de séquences. Les haplotypes identifiés étaient 27, résultants d'une diversité haplotypique de 0.97. L'arbre phylogénétique (figure 5) a révélé que 7 haplotypes, issus de la présente étude, forment des clades distincts à savoir Hap_5, Hap_7, Hap_8, Hap_9, Hap_10, Hap_11, Hap_12 dont 4 définies d'importante valeur bootstrap de l'ordre de 98, 77, 98 et 99. Les Hap_1, Hap_2 ont formé un groupe avec la Murciana avec un bootstrap de 76 et le Hap_4 avec la Sannen suivant un bootstrap de 80. Conjointement, le réseau haplotypique (figure 6) a montré que l'ensemble des 26 séquences dégage 12 haplotypes isolés en fonction d'un certain nombre de mutations ponctuelles.

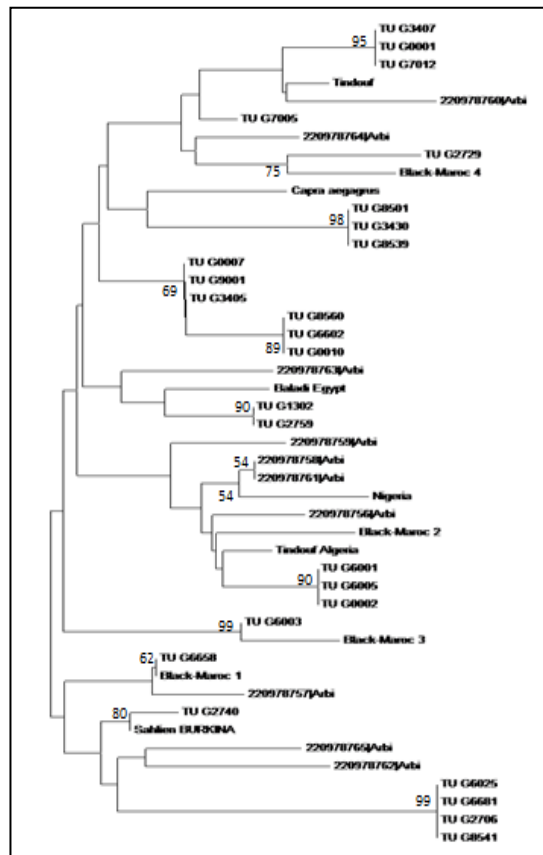


Figure 3 : Arbre phylogénétique des haplotypes caprin locaux du semi-aride tunisien, l'espèce sauvage et les populations indigènes de l'Afrique du nord

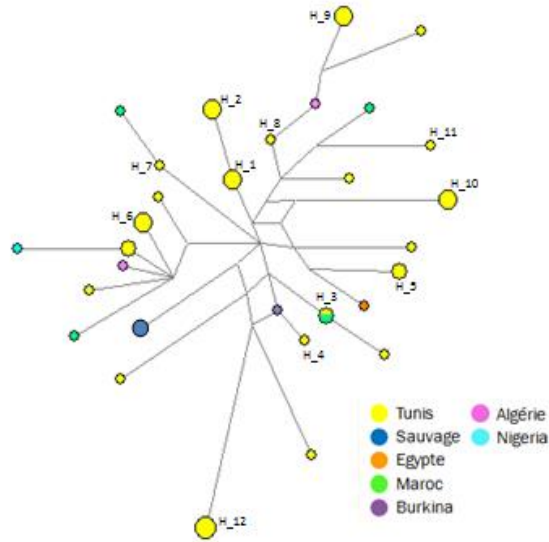


Figure 4 : Arbre phylogénétique des haplotypes caprin locaux du semi-aride tunisien, l'espèce sauvage et les populations indigènes de l'Afrique du nord

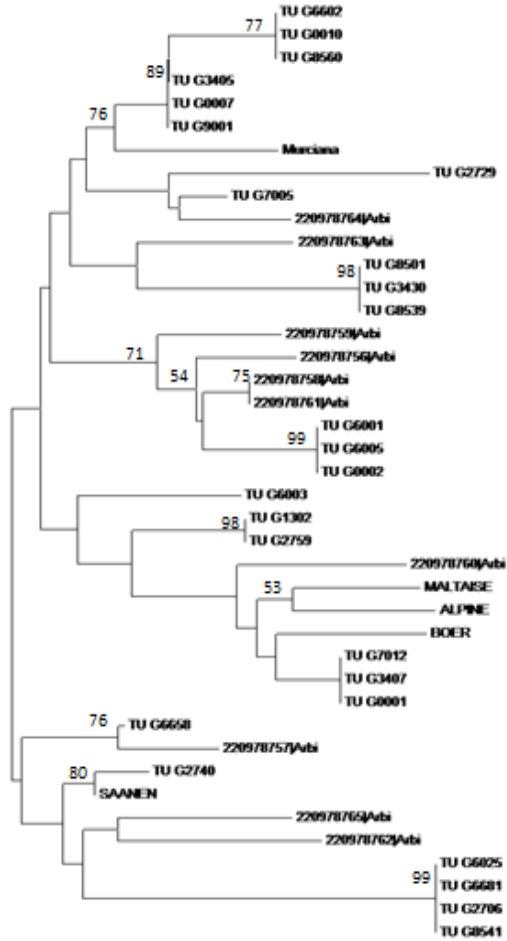


Figure 5 : Arbre phylogénétique des haplotypes caprin locaux du semi-aride tunisien et les races exotiques

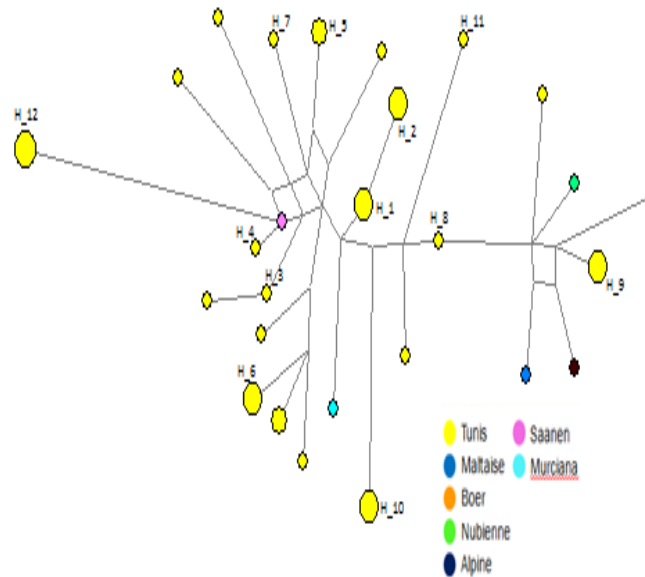


Figure 6 : Réseau haplotypique « Median-joining » des haplotypes caprin locaux du semi-aride tunisien et les races exotiques

3.3. Particularité génétique des haplotypes du semi-aride tunisien

La différenciation remarquable examinée chez les haplotypes de la présente étude semble être le résultat de quelques polymorphismes exceptionnels. Parmi les 26 séquences de la présente étude, le Hap_12, soit 4 séquences, montre une substitution d'un G en A à la position 341. Le Hap_2, soit 3 séquences, affiche un C au lieu d'un T à la position 392. Le Hap_9, soit 3 séquences, expose un T à la place d'un C à la position 457 et le Hap_4, soit une séquence, illustre un G plutôt qu'un A à la position 540. Ces mutations ont été observées que chez les haplotypes de la présente étude. En incluant les séquences des 6 haplo-groupes, les mutations identifiées chez les Hap_12 et Hap_2 ont été retrouvées respectivement chez les haplo-groupes D, C et F et l'haplo-groupe C. Ces substitutions n'ont pas été observées chez aucun individu du groupe A mais uniques au groupe F, qui est une exception des chèvres sauvages récemment capturées et limitées à la Sicile, et aux groupes C et D qui sont originaires de toute l'Asie et l'Europe suite à une expansion démographique récente [17]. Quant aux polymorphismes relatifs aux Hap_9 et Hap_4, ils n'ont été observés chez aucun haplo-groupe et sont donc exceptionnels aux nouveaux haplotypes tunisiens.

3.4. Théorie évolutionnaire des haplotypes du semi-aride tunisien

Les expansions démographiques historiques des haplotypes mitochondriaux ont servi pour évaluer l'évolution qu'a connue la population caprine domestique. En considérant la totalité des séquences, une valeur négative et significative ($p=0.000$) a été trouvée pour le test $Fu's F_s$, qui était de l'ordre de $-21,709$. Parallèlement, le test $Tajima's D$ était négatif de l'ordre de $-0,70$ mais non significative ($P>0.10$). Les tests ont été également calculés pour l'ensemble des haplotypes tunisiens et la même tendance a été trouvée avec un $Tajima's D$ négatif (-0.54) et non significatif ($P>0.10$) et un $Fu's F_s$ négatif (-4.077) et significatif ($p=0.001$). En outre, la trace de l'expansion de la population a été testée par l'analyse de distribution des mésappariement [18]. En tenant compte de la totalité des séquences, la distribution des mésappariement était multimodale (figure 7). Le premier pic explique un maximum de 9 différences nucléotidiques entre paires d'haplotypes d'un même haplo-groupe avec une fréquence allélique de 0.08. Deux autres pics ont été observés avec des maxima de 24 et 38, correspondant respectivement aux différences nucléotidiques intergroupes et intragroupes par paires d'haplotypes avec des fréquences alléliques de l'ordre de 0.02 et 0.18. De même, l'estimation des paramètres démographiques a été réalisée pour la population caprine locale du semi-aride et une distribution uni-modale a été observée (figure 8) avec un pic de 9 mutations et une fréquence allélique de 0.16.

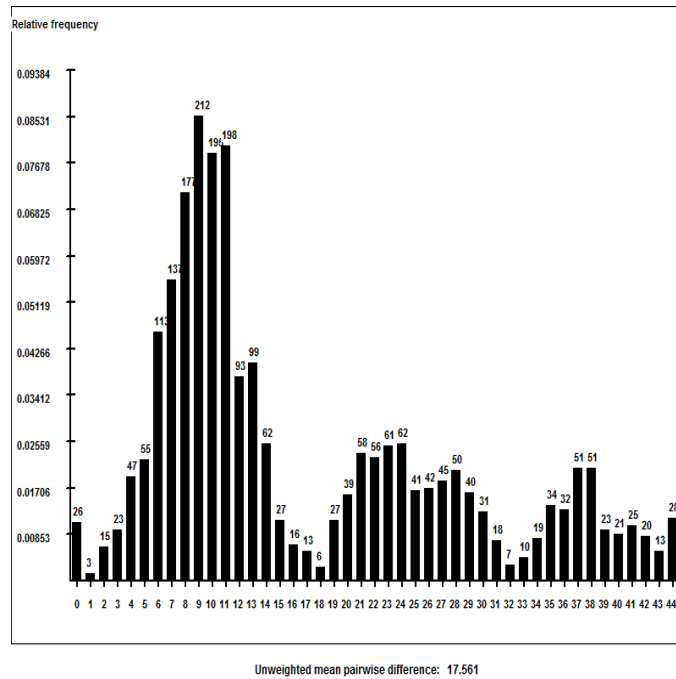


Figure 7 : Répartition des mésappariement des séquences de l'ADNmt des chèvres totales

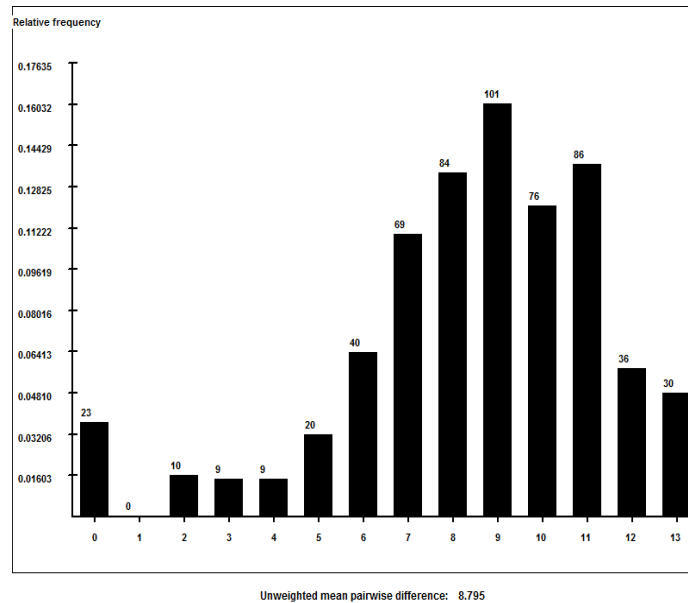


Figure 8 : Répartition des mésappariement des séquences de l'ADNmt des chèvres tunisiennes.

4. Discussion

L'utilisation du marqueur mitochondriale a permis d'analyser la variabilité de la région de la boucle D de l'ADN mitochondrial chez une population caprine domestique locale du semi-aride tunisien, ainsi que l'exploitation de la diversité génétique globale au sein d'un ensemble de différentes populations caprines. La distribution multimodale des mésappariements obtenue, pour la totalité des différentes séquences, a supposé que l'ensemble de la population caprine analysée est en équilibre. Or les résultats des deux tests statistiques ont soutenu la théorie d'expansion; d'où une distribution uni-modale était censée être obtenu. Selon [19], la subdivision d'une population mère en sous-populations en fonction de la répartition géographique diminue le taux de migration entre celles-ci. Ceci peut donc engendrer une modification du modèle de distribution des différences nucléotidiques par paires de séquences. En outre, l'hétérogénéité observée au niveau de la répartition des mésappariements a supporté

l'existence d'une variabilité génétique entre les haplotypes. En prenant en considération la large distribution de l'espèce ainsi que la grande diversité environnementale, ceci explique donc que la diversité génétique chez la population caprine domestique est fonction de l'air de répartition géographique. Ce qui fait de chaque sous-population un échantillon d'allèle avec des particularités génétiques, conjointement aux explications rapportées par [20-21-22-23-24]. Parallèlement [25] ont expliqué qu'une population mère est représentée par différentes sous-populations partiellement isolées qui décrivent de moindres variabilités génétiques. Quant à [17], ils ont rapporté que les haplotypes qui appartiennent au même haplo-groupe se différencient par moins de 20 mutations ; alors que ceux qui appartiennent à des haplo-groupes distincts disposent de plus que 20 mutations. C'est ainsi qu'ils ont démontré qu'un haplo-groupe peut renfermer des haplotypes de différentes origines géographiques à condition qu'ils partagent un nombre élevé de similitudes. L'appréciation de la relation génétique que détiennent les chèvres du semi-aride avec d'autres populations caprines a montré qu'elles partagent de remarquables similitudes avec les haplotypes de la lignée maternelle A. De même, un certain héritage génétique commun avec les haplotypes autochtones africains a été identifié, majoritairement la marocaine, ainsi qu'avec les haplotypes introduites à la population locale au cours de son histoire évolutive. Cependant, une différenciation génétique notable des haplotypes tunisiens a été observée. En effet, les tests statistiques relatifs à l'ensemble des séquences du semi-aride, appuyée par une distribution uni-modale, ont signalé un phénomène d'expansion. Ceci supporte une récente diversification de cette dernière en différents haplotypes suite à la succession de plusieurs polymorphismes mitochondriaux. Par conséquent cela suppose une spécificité qui semble être le résultat d'une évolution remarquable de la région de la boucle D ; ce qui justifie donc la différenciation des 26 séquences en 12 nouveaux haplotypes distincts. Or, la diversité nucléotidique trouvée explique que ces haplotypes se caractérisent par une faible variabilité génétique et sont donc peu différenciés. Cela suppose que l'évolution de cette région mitochondriale résulte d'un ensemble d'événements démographiques qui ont permis la fondation des sous-populations d'haplotypes, à partir de la population mère, soit donc d'une dérive génétique. En effet, au fil d'un grand nombre de générations, de nouvelles combinaisons nucléotidiques se succèdent et peuvent donc générer différentes mutations. Ces dernières, au fur et à mesure qu'elles envahissent une partie majeure de la population, favorisent la fixation progressive des allèles les plus fréquents. Par conséquent, elles modifient les fréquences alléliques. Ainsi certaines mutations s'accumulent dans des sites silencieux sans pour autant qu'elles deviennent assez fréquentes. Ce qui va donc, graduellement, diminuer la variabilité génétique et seulement quelques polymorphismes ponctuels prennent place. Ceci peut donc expliquer le fait qu'on observe un nombre important de sites de ségrégation mais une faible diversité nucléotidique. Cette constatation accorde, à chaque pool génétique, une spécificité qui fait augmenter la diversité haplotypique, conjointement aux explications rapportées par [24]. C'est ainsi que la diversification observée aujourd'hui chez les haplotypes tunisiens du semi-aride résulte d'une différenciation génétique unique liée à un phénomène d'expansion récent ainsi qu'aux événements démographiques qu'a connus la population caprine domestique.

CONCLUSION

L'importante diversité mitochondriale inter haplo-groupe souligne multiples origines maternelles chez l'espèce caprine domestique qui résulte de plusieurs événements démographiques. La spécificité des haplotypes de la population caprine locale du semi-aride définit une diversité intra-spécifique qui décrit des traces historiques de domestication et la signature de plusieurs milliers d'années de sélection et d'adaptation. Une étude plus rigoureuse en élargissant le nombre des échantillons et leur diversification et en utilisant d'autres marqueurs génétiques serait très utile. Et ce dans le but d'étudier l'effet des recombinaisons et apporter plus de cohérence aux résultats de la présente étude.

Remerciements

Les auteurs souhaitent remercier : Pr. Marcel Amills, chercheur au département Animal Genetics du Center for Research in Agricultural Genomics (CRAG) du Campus de l'Universitat Autònoma de Barcelona (UAB), pour sa collaboration scientifique.

References

[1] Kivisild T. 2015. Maternal ancestry and population history from whole mitochondrial genomes. *Investigative Genetics*. 6:3 DOI 10.1186/s13323-015-0022-2 : 1-2.

- [2] Yan-Ping WU, Wei-Jun G, Qian-Jun Z, Xiao-Hong HE, Ya-Bin PU, Jun-Hong H, Jin-Fang X, Jian-Lin H, Shao-Qi R, Yue-Hui M. 2009. A fine map for maternal lineage analysis by mitochondrial hypervariable region in 12 Chinese goat breeds. *Ani. Sci. Jou.* **80** : 372–380.
- [3] Sardina MT, Ballester M, Marmi J, Finocchiaro R, Van Kaam JB. 2006. Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new ADNmt lineage. *Anim. Genet.* **37**: 376–378.
- [4] Ferrando A, Manunza A, Jordana J, Capote J, Pons J, Pais J et al. 2015. A mitochondrial analysis reveals distinct founder effect signatures in Canarian and Balearic goats. *Stichting International Foundation for Animal Genetics*, 10.1111/age.12302.
- [5] Shackleton DM. 1997. *Wild Sheep and Goats and their Relatives. Status Survey and Conservation Action Plan for Caprinae*. IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, UK. (ed.) and the IUCN/SSC Caprinae Specialist Group., 45-47.
- [6] Gaddour A, Najari S, Abdennebi M. 2010. Amélioration de la productivité de la chèvre locale par le croisement en Tunisie. *Renc. Rech. Rum.* **17**: 459.
- [7] Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipiński A and Kumar S, 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* **30**: 2725-2729.
- [8] Corpet F, 1988. Multiple sequence alignment with hierarchical clustering". *Nucl Acids Res* **22**: 10881-10890.
- [9] Vacca GM, Daga C, Pazzola M, Carcangiu V, Dettori ML, Cozzi MC. 2010. D-loop sequence mitochondrial DNA variability of Sarda goat and other goat breeds and populations reared in the Mediterranean area. *Journal of Animal Breeding and Genetics.* **127**: 352–360.
- [10] Gaddour A, Najari S, Abdennebi M. 2010. Amélioration de la productivité de la chèvre locale par le croisement en Tunisie. *Renc. Rech. Rum.* **17**: 459.
- [11] Librado P and Rozas J, 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphisms data. *Bioinformatics* **25**: 1451-1452.
- [12] Tajima F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics.* **123**: 585-595.
- [13] Fu YX. 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics.* **147** : 915–925.
- [14] Saitou N, Nei M. 1987. The Neighbor-joining Method: A New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees, *Mol. Biol. Evol.* **4**: 406-425.
- [15] Bandelt HJ, Forster P, Rohlf A. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol. Biol. Evol.* **16** : 37–48.
- [16] Espérandieu G, Chaker S. 1994. Chèvre. In: *Chèvre – Columnatien*, Aix-en-Provence, Edisud (« Volumes », no 13), p. 1913-1918.
- [17] Naderi S, Rezaei HR, Taberlet P, Zundel S, Rafat SA, Naghash HR, El-Barody AA, Ertugrul O, Pompanon F. 2007. Large-Scale Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat Reveals Six Haplogroups with High Diversity. *PLoS ONE* **2**, e1012. doi:10.1371/journal.pone.0001012.
- [18] Rogers AR, Fraley AE, Bamshad MJ, Watkins WS, Jorde LB. 1996. Mitochondrial mismatch analysis is insensitive to the mutational process. *Mol. Biol. Evol.* **13**: 895–902.
- [19] Hartl DL. 2004. The origin of malaria: mixed messages from genetic diversity, *Nature Reviews.* **2**: 15-22.
- [20] Cozzi MC, Strillacci MG, Valiati P, Bighignoli B, Cancedda M, Zanotti M. 2004. Mitochondrial D-loop sequence variation among Italian horse breeds. *Genet. Sel. Evol.* **36**: 663–672.
- [21] Amills M, Ramirez O, Toma's A, Badaoui B, Marmi J, Acosta J et al. 2009. Mitochondrial DNA diversity and origins of South and Central American goats. *International Society for Animal Genetics, Animal Genetics.* **40**: 315–322.
- [22] Holsinger Kent E. 2012. Tajima's D, Fu's FS, Fay and Wu's H, and Zeng et al.'s E, <http://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/>
- [23] Mladineo I, Bubić TŠ, Stanić R, Desdevises Y. 2013. Morphological plasticity and phylogeny in a monogenean parasite transferring between wild and reared fish populations. *PLoS One* **8**: 4.
- [24] Liao PC, Kuo DC, Lin CC, Ho KC, Lin TP and Hwang SY. 2010. Historical spatial range expansion and a very recent bottleneck of *Cinnamomum kanehirae* Hay.
- [25] Frankham R, Ballou JD, Briscoe DA. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge, U.K.: Cambridge University Press.