

**Caractérisation de la diversité
génétique de la population
cameline «Tergui» *Camelus
dromedarius* de la région du
Hoggar.**

Présentée par Mr *HAREK Derradji*

L'étude et la recherche des indices de la diversité génétiques permet d'estimer la valeur génétique et d'élaborer des programmes de conservation, d'amélioration et de sélection de ce patrimoine génétique.

De ce fait, comprendre la dynamique des RG cameline est un enjeu qui doit permettre non seulement de rationaliser l'accès à la diversité contenue dans les RG, mais aussi de développer avec la meilleure rigueur les approches analytiques de la génétique d'association pour repérer les gènes impliqués dans la variation des caractères d'intérêt agronomique et devrait permettre d'appréhender plus finement les différences entre les races existantes avec leurs profils génétiques.

Les recherches sur les RGA, notamment du dromadaire en Algérie, revêt une importance particulière en raison de ses nombreuses potentialités.

La bonne prise en charge de l'élevage camelin repose, avant tout, sur un processus d'identification et de caractérisation des populations autochtones et leur valorisation sur le plan génétique; processus, autour duquel pourra s'articuler des programmes relatifs à la conservation et l'amélioration du patrimoine génétique, d'une part, et à la sélection et spécialisation des individus en fonction des performances zootechniques d'autre part.

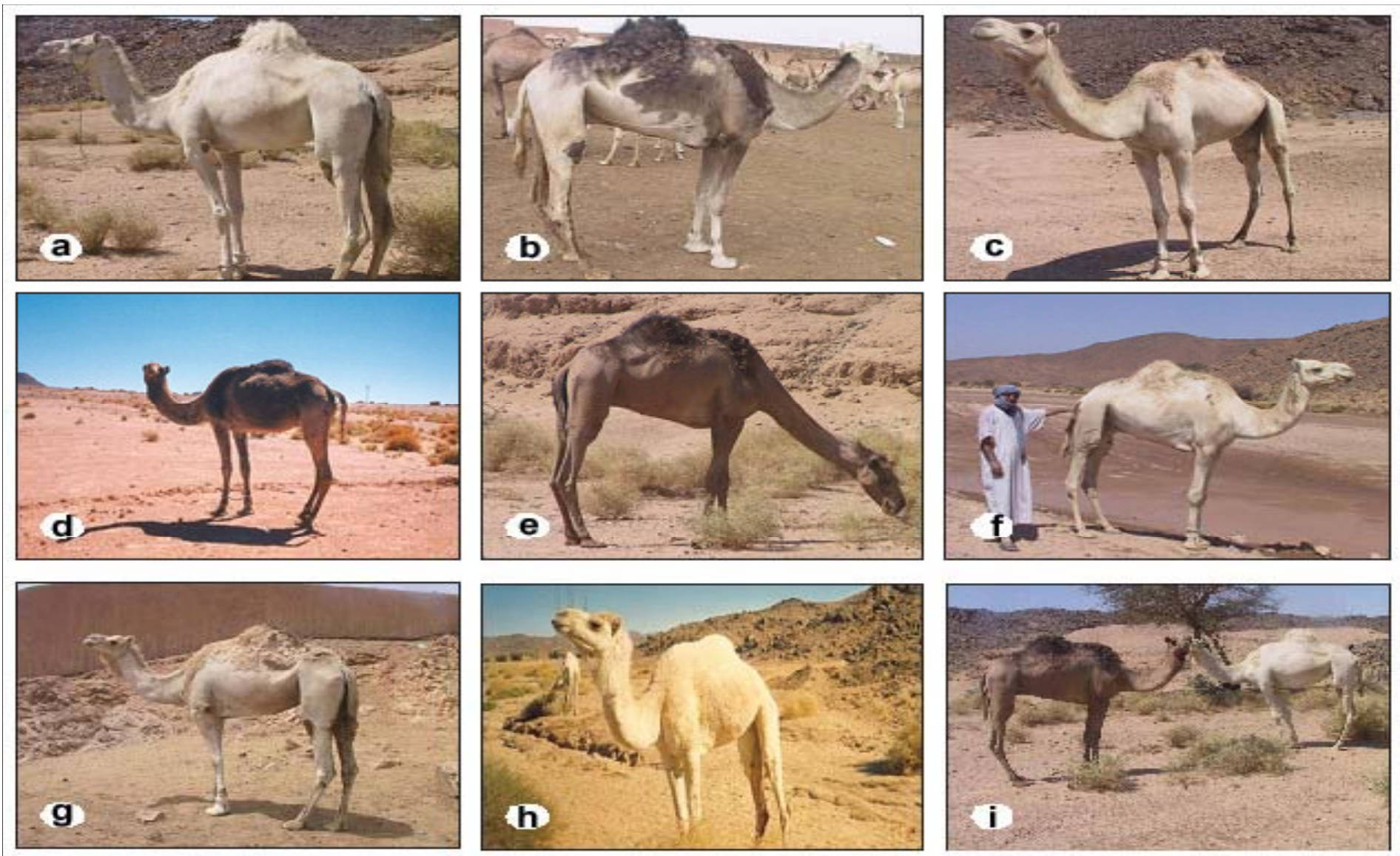
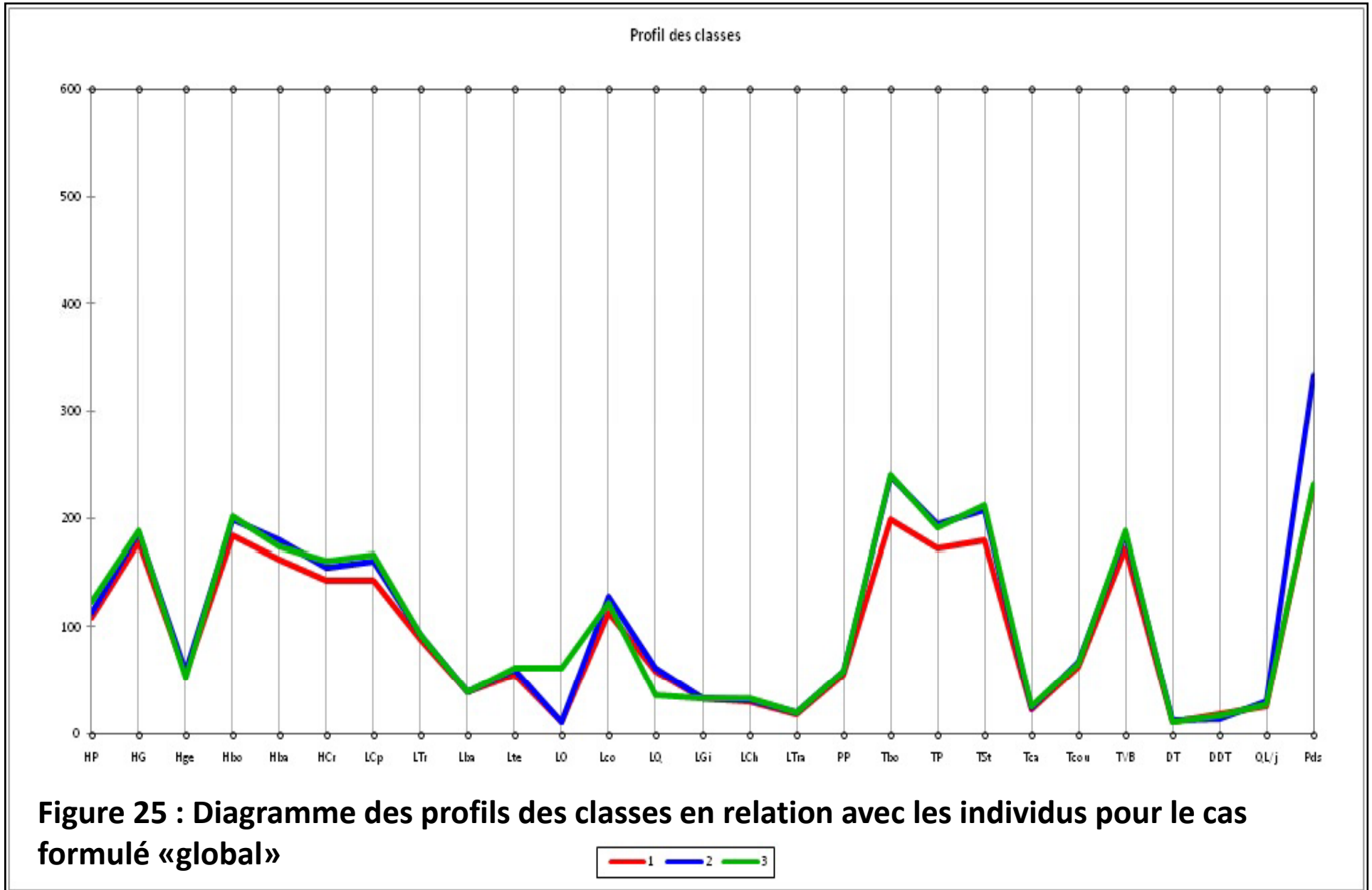


Figure 10 : Les différentes races de dromadaires «Tergui» dans la région du Hoggar



D'une façon générale, la présente étude a permis de mettre en évidence chez les dromadaires en Algérie, un niveau élevé de diversité génétique, principalement d'origine intra population.

Les résultats montrent que la population étudiée partage une grande base génétique malgré l'apparition de différences régionales avec un taux de consanguinité assez important (15%). En effet, la population semble menacée par l'absence de gestion des généalogies et par des croisements consanguins qui pourraient entraîner une évolution de sa structure génétique vers l'homozygotie.

Plusieurs facteurs dont les pratiques des éleveurs, le statut actuel de l'espèce et son histoire évolutive expliquent sa structuration génétique actuelle.

Toutefois, il convient de souligner que ce travail ouvre de nombreuses perspectives pour des recherches futures qui doivent être consolidées grâce à un échantillonnage plus exhaustif des populations peuplant le territoire national, afin d'avoir une vision plus complète sur le statut génétique de l'espèce sur le plan régional et national.