

# Etude de la diversité génétique de la population d'Oryx dammah d'Afrique du Nord

## *Genetic Diversity In Oryx Dammah Of North Africa*

BEDHIAF A. (1), DJEMALI M. (2), BEDHIAF S. (2)

(1) Institut national agronomique de Tunisie, 43 Avenue Charles Nicolle 1082- Cité Mahrajène. Tunisie

(2) Banque Nationale de Gènes de Tunisie. Tunisie, 1080 Charguia1, Tunis

### INTRODUCTION

L'Oryx dammah est une antilope appartenant à la famille des *Bovidea*, genre *Oryx*. Elle était présente au moins jusqu'à l'époque romaine dans la zone méditerranéo-saharienne de la Tunisie. Sa date probable d'extinction est 1906. Dix oryx ont été réintroduits en Tunisie en 1985, dans le parc national de Bou Hedma. On compte actuellement 107 individus (2010). L'objectif de cette étude est de caractériser au niveau moléculaire la population d'oryx dammah en Tunisie afin d'étudier sa diversité génétique existante.

### 1. MATERIEL ET METHODES

Dix échantillons de sang et cinquante échantillons de poils ont été collectés dans les deux parcs nationaux Bou Hedma et Dghoumès. Le sang est placé dans des tubes EDTA, les poils sont conservés dans des enveloppes individuelles.

L'extraction de l'ADN génomique à partir du sang est faite selon le processus d'extraction saline. Pour les échantillons de poils, un kit spécial est utilisé pour la digestion, l'extraction et la purification de l'ADN (Tissu and Hair extraction kit, DNA IQTM System). L'ADN extrait est ensuite conservé à +4°C.

Une série de 7 microsatellites est utilisée dans cette étude, à savoir : OarAE119, OarFCB304, OarCP26, OarCP34, OarCP49, MAF50, MAF46 (Marshall et al.1999). Les amplifiants sont génotypés par électrophorèse automatisée puis analysés par le logiciel GENALEX 6.2.

### 2. RESULTATS

#### 2.1. DIVERSITE GENETIQUE INTRA-POPULATION

##### 2.1.1. Richesse allélique

Le nombre moyen d'allèles par locus varie de 8.57 pour la population d'oryx de Dghoumès à 6 pour les animaux de Bou Hedma, soit un nombre moyen d'allèle de 7.28 pour la population globale, un nombre relativement important.

##### 2.1.2. Taux de polymorphisme

Tous les locus se sont révélés polymorphes à 100%. Ce résultat confirme l'efficacité des marqueurs microsatellites dans l'étude de la diversité génétique des deux populations étudiées.

##### 2.1.3 Hétérozygotie

Les taux d'hétérozygotie attendue sont calculés sous l'hypothèse d'équilibre de Hardy Weinberg. Les valeurs de l'hétérozygotie sont de ( $H_o=0.5$ ,  $H_e=0.81$ ) pour la population de Dghoumès et de ( $H_o=0.35$ ,  $H_e=0.65$ ) pour la population d'oryx de Bou Hedma.

Pour la population totale sur la base de multi locus, l'hétérozygotie non biaisée est de 0.75 qui est supérieur à l'hétérozygotie observée qui est de 0.42. Cet écart positif entre les deux types d'hétérozygotie s'explique sans doute par une forte structuration de la population et par la consanguinité.

##### 2.1.5. Test de l'équilibre de Hardy Weinberg

Tous les loci sont en écart significatif par rapport à l'équilibre de Hardy Weinberg à l'exception du locus OarFCB304 qui vérifie bien cet équilibre.

##### 2.1.6. Indice de fixation $F_{IS}$

Les deux populations présentent des indices de fixations ( $F_{IS}$ ) positifs de l'ordre de 0.38 pour la population de Dghoumès et de l'ordre de 0.48 pour la population de Bou Hedma. Ces indices positifs traduisent à leur tour un déficit en hétérozygotie.

### 2.2. DIVERSITE ENTRE POPULATIONS

#### 2.2.1. Indice de fixation $F_{ST}$

La valeur moyenne de l'indice de fixation inter-population ( $F_{ST}$ ) est de 0.11, montrant qu'une grande partie de la variabilité génétique totale (89%) est expliquée par la variation intra-population et que le reste de cette variabilité (11%) est attribuée à la variation inter-population.

#### 2.2.2. Distance génétique

La distance génétique non biaisée de Nei est calculée, du fait de la taille réduite de l'échantillon et le taux élevé d'homozygotes dans les deux populations étudiées.

La matrice de distance génétique entre ces deux populations indique une variation de 0.99 qui est une valeur considérable traduisant un éloignement génétique des populations

### CONCLUSION

Cette première étude moléculaire de la population d'Oryx dammah en Tunisie détenue dans les deux parcs nationaux de Bou Hedma et de Tozeur montre une différence génétique entre les individus qui n'est pas accompagnée par une différence morphologique. Cette différence génétique malgré l'origine commune des deux populations peut être expliquée par une séparation des troupeaux quand ils se trouvaient tous dans le parc de Bou Hedma, par l'apparement et peut-être la consanguinité intra troupeau.

Marshall et al.1999 *Animal Conservation* (2000) 3, 241–248.