

Hedysarum coronarium : Caractérisation moléculaire, distribution et conservation en milieux méditerranéens

Trofi-Farah N., Marghali S., Ghariani S., Marrakchi M.

in

Ferchichi A. (comp.), Ferchichi A. (collab.).
Réhabilitation des pâturages et des parcours en milieux méditerranéens

Zaragoza : CIHEAM
Cahiers Options Méditerranéennes; n. 62

2004
pages 141-144

Article available on line / Article disponible en ligne à l'adresse :

<http://om.ciheam.org/article.php?IDPDF=4600147>

To cite this article / Pour citer cet article

Trofi-Farah N., Marghali S., Ghariani S., Marrakchi M. **Hedysarum coronarium : Caractérisation moléculaire, distribution et conservation en milieux méditerranéens**. In : Ferchichi A. (comp.), Ferchichi A. (collab.). *Réhabilitation des pâturages et des parcours en milieux méditerranéens*. Zaragoza : CIHEAM, 2004. p. 141-144 (Cahiers Options Méditerranéennes; n. 62)



<http://www.ciheam.org/>
<http://om.ciheam.org/>

***Hedysarum coronarium* : Caractérisation moléculaire, distribution et conservation en milieux méditerranéens**

N. Trifi-Farah, S. Marghali, S. Ghariani et M. Marrakchi
Faculté des Sciences de Tunis, 2092 El Manar Tunis, Tunisie
Fax: +216 71 88 54 80; Tel: +216 71 87 26 00; E-mail: neila.trifi@fst.rnu.tn

SUMMARY – "Evaluation of genetic diversity of *Hedysarum coronarium* in Mediterranean basin". The genetic diversity analysis in Mediterranean *Hedysarum coronarium* from Tunisia, Algeria, Morocco, Sardinia and Malta islands has permitted their inspection, collection, characterization and area of distribution. Regarding their wide and various distribution areas, these accessions constitute a genetic potential suitable in agronomic exploitation either in valorisation and improvement of range lands or in forage production. However, a genetic erosion is observed in the North African countries. In addition, molecular analysis carried out on five spontaneous populations and one cultivar, showed a great genetic variability related to vegetative development, which impact on agronomic issues.

Key words: *H. coronarium*, genetic resources, molecular variability.

Introduction

Les ressources phylogénétiques constituent un patrimoine précieux nécessaire au maintien de l'équilibre écologique qu'il faut préserver. Cependant, cette diversité se retrouve en continuelle dégradation en rapport avec le changement des systèmes agraires, l'urbanisation, l'industrialisation, l'extension des populations humaines et la destruction des écosystèmes.

Dans ce contexte, les populations naturelles d'*Hedysarum coronarium* L., appelées couramment Sulla (Fabacées), constituent un patrimoine d'un grand intérêt agronomique qui peuvent être exploitées dans la valorisation des régions dégradées. A l'état spontané, cette espèce se localise sur des sols argilo-limoneux bien drainés des zones méridionales de la moitié occidentale du bassin méditerranéen. Les populations spontanées sont caractérisés par une protrandrie marquée et sont exploitées pour la pâture. De plus, la production de graines qui se ressement naturellement favorise leur utilisation pour la protection des sols.

H. coronarium est cultivée pour la production de fourrage dans de nombreux pays du bassin méditerranéen. Occupant une même aire de répartition que les formes spontanées, les formes domestiquées se caractérisent essentiellement par un port érigé (Trifi-Farah *et al.*, 1989). En Tunisie sa culture est sporadique au nord du pays où les cultivars d'origine italienne, en particulier la variété Grimaldi (Bonciarelli et Monotti, 1976), sont exploités aussi bien en affouragement en vert qu'en ensilage.

Dans le but de préserver cet important potentiel génétique, un large programme de prospection et de collecte des populations naturelles d'*H. coronarium* a été entrepris dans le bassin méditerranéen, en particulier en Afrique du Nord (Algérie, Maroc et Tunisie), dans le sud de la France, aux îles de Sardaigne et de Malte. L'implication des outils moléculaires est importante pour explorer et évaluer cette diversité génétique ainsi que pour caractériser les populations.

Distribution des populations d'*H. coronarium* en milieux méditerranéens

Afin d'inventorier les ressources génétiques d'*H. coronarium* dans le bassin méditerranéen, plusieurs missions de prospections ont concerné initialement tout les territoires de la Tunisie, de l'Algérie et du Maroc pour s'étendre ensuite aux zones insulaires favorables à la constitution d'isolats, en l'occurrence les îles de Malte et de Sardaigne. L'extension de ces prospections au nord de la

méditerranée a conduit enfin à visiter le sud de la France (Baatout, 1991). Les sites diffèrent essentiellement par leurs paramètres climatiques, pédologiques et édaphiques. Les prospections ont permis le recensement et la collecte des différents écotypes ainsi que la connaissance de leur répartition géographique. Dans certains cas, les accessions n'ont pas été récoltées en raison d'un pâturage et/ou d'une fauche prématurée des plantes. Au total 55 sites ont permis la collecte d'écotypes méditerranéens de *H. coronarium*. En Afrique du nord, la collection s'est avérée riche et variée comme en témoigne le nombre d'accessions collectées (32) dont 24 sont en provenance de la Tunisie et 8 de l'Algérie. Au Maroc, seules quelques accessions ont été recensés et peu de semences ont pu être collectées et multipliées en Tunisie.

En Sardaigne, nous avons délimité l'aire de répartition de ces espèces sur des alluvions argilo-marno-sableuses du sud-sud-ouest de l'île. Notons la particularité d'une population au nord-ouest poussant sur un sol d'origine volcanique. Dans les trois îles maltaises: Malta, Gozo et Comino, la culture du Sulla (*H. coronarium*) est si répandue que les peuplements des différentes stations présentent un port du type érigé caractéristique des cultivars et sont considérés comme étant spontanés.

Dans le sud de la France, aucune population d'*H. coronarium* n'a été rencontrée.

A l'issue de toutes les prospections, une collection comportant les 55 accessions appartenant à *H. coronarium* est conservée au Laboratoire de Génétique Moléculaire, Immunologie et Biotechnologie de la Faculté des Sciences de Tunis (Tunisie). Cette collection constitue au moins en partie, une banque d'écotypes permettant la conservation *ex situ* de la diversité de *H. coronarium*.

Variabilité génétique des populations d'*H. coronarium*

L'analyse de la structure génétique des populations d'*H. coronarium* a porté sur cinq populations spontanées aussi bien entre les individus d'une même population qu'entre les différentes populations. Par ailleurs, et dans le but d'élucider l'effet de la domestication, un cultivar a été également analysé.

Pour chacune des populations, l'ADN cellulaire total est extrait à partir de 15 germinations individuelles selon la technique de Dellaporta *et al.* (1983) que nous avons adaptée à de petits échantillons.

Pour les analyses rDNA-RFLP, nous avons utilisé une sonde ribosomale homologue correspondant à l'espaceur intergénique couplée à quatre enzymes de restrictions à coupure fréquente (HpaII, AluI, SmaI et BglII).

Les résultats obtenus ont permis de révéler 39 bandes polymorphes ce qui traduit une importante diversité génétique chez *H. coronarium*. Le nombre élevé de bandes polymorphes a été également signalé par d'autres auteurs travaillant sur le genre *Medicago* et utilisant des sondes d'ADNr (Laalaoui-Kamal et Assali, 1997).

Les bandes RFLP polymorphes ainsi révélées sont considérées comme étant des marqueurs RFLP à deux états prenant respectivement la valeur 1 ou 0 selon leur présence ou absence. Les traitements statistiques correspondent à une analyse en composantes principales (ACP) et une analyse de groupes «Cluster Analysis» utilisant la méthode de regroupement moyen «Average linkage» sur la base des distances euclidiennes relatives à la moyenne des fréquences des bandes dans chaque population.

La matrice de similitude obtenue a été utilisée pour définir des groupes de liaison. Au niveau du dendrogramme obtenu (Fig. 1), le niveau de dissimilitude varie de 1,36 à 3,49 ce qui traduit une importante hétérogénéité au sein des populations analysées. A un niveau de dissimilitude très élevé, on observe l'individualisation du cultivar. Un deuxième groupe comporte les deux populations spontanées Mateur et Zit qui sont caractérisées par un port à tendance orthotropique. Le reste des populations (El-Haouaria, Tunis et Bizerte) constitue un 3^{ème} groupe avec des ports plagiotropes. Par ailleurs, l'ACP en montrant des résultats similaires, a permis de mettre en évidence des marqueurs RFLP qui semblent être corrélés au port de la plante. Les marqueurs RFLP HpaII4, SmaI (5, 6) et BglII (2, 8, 10) caractérisent les formes érigées. Les formes prostrées sont caractérisées par le marqueur RFLP HpaII3.

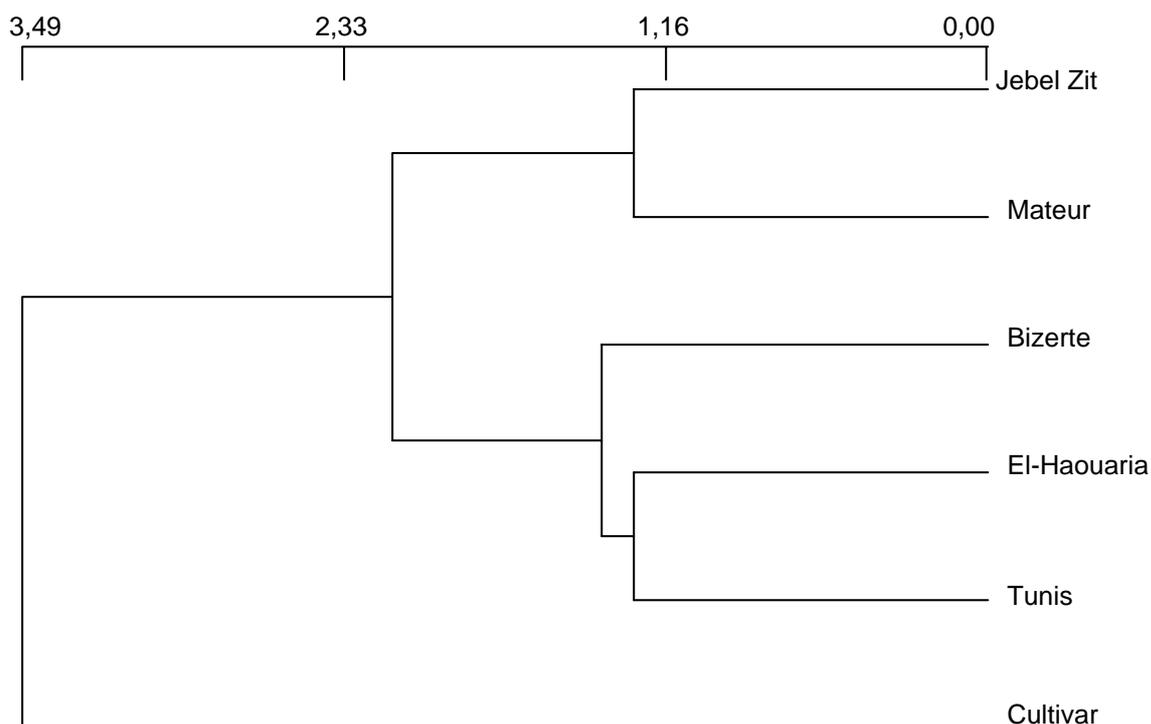


Fig. 1. Dendrogramme relatif à la matrice des distances euclidiennes basées sur les fréquences des bandes RFLP chez *H. coronarium* (populations spontanées et cultivar).

Conclusions et discussion

Les différentes prospections effectuées ont permis de collecter 55 accessions de *H. coronarium*. Ces accessions représentent les aires de répartition de leurs peuplements dans le bassin méditerranéen en particulier dans les pays de l'Afrique du Nord et les zones insulaires (Malte et la Sardaigne). Il en ressort que les populations de *H. coronarium* sont caractérisées par une diversité considérable avec une aire de répartition large et variée, ces populations constituent un réservoir de variabilité considérable, pouvant être exploité pour valoriser la diversité de ces ressources *in situ*. Cette considération est renforcée par le fait que *H. coronarium* est l'espèce la mieux exploitée en tant que plante fourragère et plante de fauche.

Toutefois, étant donné l'absence de plusieurs accessions dans des zones où elles ont été déjà explorées (Maire, 1958), il semble qu'une érosion génétique, particulièrement accentuée au Maroc, serait accélérée par l'extension des cultures, le surpâturage, la dégradation des sols ainsi que les changements climatiques. En ce qui concerne les zones insulaires (la Sardaigne et Malte) nous avons révélé une certaine stabilité de ces ressources génétiques.

Quoiqu'il en soit, cette diversité est sans doute révélatrice d'un potentiel génétique important pour une meilleure exploitation agronomique en particulier la valorisation des jachères, la protection des sols marneux et la production fourragère. Il est donc indispensable d'établir une base de données biologiques et écologiques afin d'élaborer une stratégie de conservation et de valorisation de la diversité existante. L'utilisation des marqueurs moléculaires est importante pour mieux apprécier la diversité génétique des populations et pour l'amélioration assistée de ces ressources d'autre part.

La caractérisation moléculaire de ces populations, réalisée à l'aide de marqueurs RFLP mis en évidence par des sondes r-DNA, a révélé un important polymorphisme aussi bien au niveau intra qu'inter populations. Cet important polymorphisme moléculaire serait le résultat de flux géniques liés au régime préférentiellement allogame tout en étant indépendant de l'origine géographique et du type architectural des populations. L'existence de marqueurs potentiellement corrélés avec le port de la plante serait d'une grande opportunité au cours des programmes d'amélioration et pour identifier et

cartographier des *loci* affectant ce caractère d'intérêt agronomique. Par ailleurs, le cultivar en étant assez individualisé des formes spontanées, témoigne de l'effet marqué de la domestication. Cette constatation est confirmée en considérant le cultivar avec plusieurs espèces du genre *Hedysarum* (Trifi-Farah *et al.*, 2001).

Remerciements

Nos remerciements s'adressent au Ministère de l'Enseignement Supérieur (Direction Générale de la Recherche Scientifique et Technique), au Ministère de la Recherche Scientifique et de la Technologie et à l'Agence de Coopération Culturelle et Technique. Ce travail a été réalisé grâce à l'appui de la Coopération Scientifique Française (Institut Français de Coopération auprès de l'ambassade de France en Tunisie).

Références

- Bonciarelli F., Monotti M. 1976. Grimaldi Una nuova varieta di sulla (*Hedysarum coronarium* L.). *Revista di agronomia*, 10 : 52-56.
- Laalaoui-Kamal M., Assali N.E. 1997. Utilisation des marqueurs moléculaires RFLP pour la caractérisation de la diversité génétique. *In Actualités Scientifiques, Actes 6èmes Journées Scientifiques du Réseau AUPELF-UREF*, : 355-360.
- Maire R. 1958. *Flore de l'Afrique du Nord*, Lechevalier Eds., Paris, France
- Trifi-Farah N., Chatti W.S., Marrakchi M., Pernes J. 1989. Analyse de la variabilité morphologique et enzymatique des formes cultivées et spontanées de *Hedysarum coronarium* L. en Tunisie. *Agronomie*, 9 : 591-598.
- Trifi-Farah, N., Marrakchi M. 2001. *Hedysarum* phylogeny mediated by RFLP analysis of nuclear ribosomal DNA *Genetic Resources and Crop Evolution*, 48 : 339-345.