

***Hedysarum carnosum* Desf., une source de diversité pour l'amélioration des fourrages et des parcours en Tunisie**

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

Laboratoire de Génétique Moléculaire, Immunologie et Biotechnologie, Faculté des Sciences de Tunis, Campus Universitaire, 2092 El Manar, Tunis, Tunisie; e-mail: sonia.marghali@fst.rnu.tn

Introduction

L'étude et l'exploitation de la biodiversité végétale se limitent à un nombre réduit d'espèces de plantes supérieures qui sont pratiquement toutes cultivées. Pourtant les espèces sauvages apparentées présentent des caractéristiques de grande valeur agronomique telle que l'adaptation à la sécheresse. En Tunisie, parmi les légumineuses, le genre *Hedysarum* renferme des espèces papilionacées à vocation fourragère appartenant au groupe Méditerranéen ($2n=16$). En effet, les peuplements spontanés, très bien consommés par le bétail et bien adaptés aux irrégularités pluviométriques, contribuent à la fixation d'azote et à l'enrichissement du sol grâce à leur nombreuses nodosités racinaires ; ils sont ainsi susceptibles de repeupler les parcours dégradés. Seule l'espèce *H. coronarium* L., à allogamie préférentielle, est cultivée sporadiquement au nord du pays. Elle est utilisée non seulement pour la production de fourrage ensilé mais également en affouragement en vert et pour la production de semences. La valeur nutritive du sulla est comparable à celle du trèfle violet (CENNI *et al.*, 1968). L'espèce *H. carnosum*, préférentiellement autogame, est cantonnée au centre et au sud et semble être bien adaptée aux conditions arides. Les plantes de *H. carnosum*, en présentant un port à tendance érigée facilitant leur utilisation par la pâture et la fauche, se prête bien à l'ensilage ; par conséquent, son développement dans les assolements peut être associé à un ensilage pour un élevage hors-sol. De plus, cette espèce semble présenter des qualités agronomiques susceptibles d'être exploitées dans un programme d'amélioration en vue d'obtenir des cultivars résistants à la sécheresse. Ainsi, notre intérêt a porté sur l'analyse de la diversité génétique de *H. carnosum* en utilisant la technique AFLP (Vos *et al.*, 1995) dans le but de trouver des marqueurs moléculaires liés à des QTL contrôlant ce caractère morphologique d'intérêt agronomique.

Matériel et méthodes

1. Matériel végétal

Deux populations appartenant à l'espèce *H. carnosum* ont été utilisées dans ce travail ; elles sont représentées par des échantillons de graines récoltées lors des différentes prospections effectuées sur le territoire tunisien. Il s'agit des accessions de Kairouan [Ka] et de Ben Glouf [Bg]. La population de Jebel Zit [Zi] appartenant à l'espèce *H. coronarium* à port orthotrope est utilisée comme témoin.

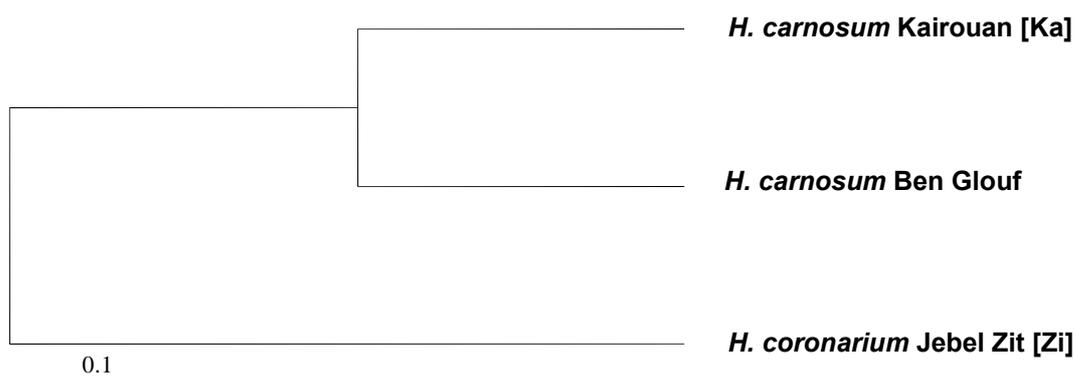
2. Analyse moléculaire

L'ADN est extrait à partir de lots de germination selon la procédure décrite par DELLAPORTA (1983). Les marqueurs AFLPs sont générés en utilisant le Kit AFLP Analysis System I (Life Technologies, Inc.) avec de petites modifications (MARGHALI *et al.*, 2002). Les profils d'amplification sont interprétés en attribuant le chiffre 1 si la bande est présente et le chiffre 0 si elle est absente, ce qui permet de générer une matrice binaire des données. Cette dernière est traitée par le programme GENEDIST (version 3.572c) pour estimer les distances génétiques entre les individus. Ainsi, sur la base de la méthode UPGMA, la matrice des distances génétiques est utilisée afin d'établir les arbres phylogénétiques (NEI, LI, 1979).

Résultats et discussion

L'analyse du polymorphisme des populations de *H. coronarium* L. par la technique AFLP a été effectuée à l'aide de 8 combinaisons d'amorces *EcoRI* et *MseI* (E_{AAC}/M_{CAG} ; E_{ACT}/M_{CTG} ; E_{AGC}/M_{CTT} ; E_{AAG}/M_{CAA} ; E_{AAC}/M_{CAA} ; E_{AGG}/M_{CAA} ; E_{AAG}/M_{CAG} ; E_{ACG}/M_{CAG}). L'analyse des résultats observés nous a permis de recenser un total de 486 bandes dont 452 se sont révélées polymorphes, soit 93%. L'analyse de la matrice des distances génétiques obtenue, basée sur les marqueurs AFLP, nous montre que la distance génétique la plus faible (0,680) se trouve entre les 2 populations appartenant à l'espèce *H. carnosum*, ce qui semble montrer d'importantes similitudes sur le plan moléculaire. D'ailleurs, ces deux populations montrent un rapprochement significatif lorsqu'on établit l'arbre phylogénétique correspondant (figure 1). La population spontanée de *H. coronarium* [Zi] se distingue autant par les marqueurs morphologiques, moléculaires (AFLP), que par l'aire de répartition des 2 espèces ainsi que par leur régime de reproduction. Par conséquent, les marqueurs AFLP permettent non seulement de révéler un très large polymorphisme entre la population témoin de *H. coronarium* et les 2 populations étudiées de *H. carnosum*, mais également de les caractériser par l'établissement de leur empreinte génétique. Quoiqu'il en soit, toutes ces populations spontanées constituent un important réservoir de biodiversité susceptible d'être exploité pour la production de fourrage et l'amélioration des parcours notamment dans les zones arides et semi-arides. Par l'analyse de la ségrégation des marqueurs AFLP lors de la réalisation de croisements appropriés, il est possible de détecter des loci liés au port de la plante pouvant être exploités pour l'amélioration de *H. carnosum*.

FIGURE 1– Arbre phylogénétique selon la méthode UPGMA regroupant les populations analysées par AFLP.



Références bibliographiques

- CENNI, B., JANNELLA G. G., COLOMBANI, N. (1968) Chemical composition, digestibility and nutritive value of sulla (*Hedysarum coronarium* L.) hay produced in Volterra district. Ann. Fac. Med. Vet. Univ. Pisa, 20: 155-168.
- DELLAPORTA, S.L., WOOD, J., HICKS, J.B. (1983) A plant DNA miniprep: version II. Plant Molecular Biology Reporter, 1: 19-21.
- MARGHALI, S., TRIFI-FARAH, N., GHARIANI, S., MARRAKCHI, M. (2002) Exploration of the genetic diversity in Hedysarum genus detected by AFLPs. In: Durand, J.L., Emile, J.C., Huyghe, C. and Lemaire, G. (eds). Proceedings of the 19TH General Meeting of the European Grassland Federation, France 7: 444-445.
- NEI, M., LI, W.S. (1979) Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease. Proceedings of the National Academy of Sciences, USA 76: 5269-5273.
- VOS, P., HOGERS, R., BLEEKER, M., REIJANS, M., VAN DE LEE, T., HORNES, M., FRIJTERS, A., POT, J., PELEMAN, J., KUIPER, M., ZABEAU, M. (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Research, 23: 4407-4414.