

L'analyse économique de la conservation du patrimoine génétique : les leçons du passé et les modèles pour l'avenir

Pierre-Benoît JOLY et Michel TROMMETTER *

Résumé : A partir d'une analyse des expériences de l'utilisation des ressources **phytogénétiques** (RPG) au cours du XX^e siècle, cette communication présente différents modèles économiques permettant d'évaluer l'intérêt de la conservation des **RPG**. Ces modèles sont des modèles séquentiels de décision en présence d'irréversibilité, d'incertitude, et d'information croissante. Une application non finalisée sera présentée sur l'arbitrage entre la non conservation, la conservation en banque ou la core collection. Une telle approche devra permettre de préciser les enjeux des différentes modalités institutionnelles de la régulation des ressources génétiques.

Abstract : Based on an analysis of the use of **phytogenetic** resources in the 20th Century, this article presents different economic models for the evaluation of genetic resources. These models are sequential, with irreversibility, uncertainty, and growing information. We will then present a non empirical model concerning the choice between non conservation, gene banks, or core collection. Such an approach should give precisions concerning the **different** modalities for the regulation of genetic resources.

Introduction : la problématique de la conservation du patrimoine génétique

On est en droit d'attendre de l'économiste qu'il contribue à la conservation du patrimoine génétique par la définition d'approches plus rationnelles montrant d'une part l'intérêt que la société a à investir dans une telle activité (que doit-on investir dans la conservation du patrimoine génétique ?) et, d'autre part, la façon la plus efficace de le faire (quels mécanismes d'incitation à la conservation ?).

Cependant, s'agissant ici d'un problème qui pousse l'analyse économique au-delà de ses frontières, il convient d'être extrêmement prudent afin de ne

* INRA/SERD, BP 47, 38040 Grenoble cedex 09, France.

pas tomber dans le piège classique qui consiste à utiliser le discours économique pour valider des arguments partisans.

A son niveau le plus général, le problème central de la conservation du patrimoine est celui de faire des choix concernant l'état futur de la nature pour notre génération et pour les générations futures. Cette phrase mérite une petite explication qui va permettre d'identifier clairement la nature du problème.

Tout d'abord, l'introduction d'un arbitrage entre notre génération et les générations futures est un artefact qui permet de faire jouer au temps un rôle non conventionnel dans l'analyse économique. En effet, si on utilise le taux d'actualisation usuel (le taux d'intérêt r relatif au numéraire de l'économie), il apparaît que ce qui se passe dans un horizon de plus de 20 ans a une importance négligeable. Aussi vitale que soit pour les générations futures la préservation de la **biodiversité**, elle n'a qu'une faible valeur actualisée. Il faut donc changer de convention et représenter l'intérêt pour les générations futures en soi, faisant ainsi abstraction des problèmes de coût du capital. Bien qu'une telle démarche soit de plus en plus développée, notamment en économie de l'environnement, elle dépasse le cadre de l'analyse économique *stricto sensu* puisqu'elle s'appuie sur un principe éthique de co-propriété des ressources entre les générations actuelles et les générations futures.

En second lieu, les choix concernant les états futurs de la nature ne peuvent évidemment pas être réduits à un simple calcul économique. La nature a d'autres valeurs qu'économiques, des valeurs que nous qualifierons de symboliques mais qui n'en sont pas moins réelles. L'émotion ressentie au cours d'une promenade en Vallée d'Aspe où on croise les troupeaux de brebis « **basco-béarnaises** », le plaisir de manger un vrai cassoulet, cuisiné avec des « **Tarbais** »... tout cela ne se mesure pas. Ce sont pourtant des éléments indissociables de notre culture et donc, de la valeur attribuée à la conservation de la **biodiversité**.

Pour mieux comprendre les différentes rationalités sous-jacentes à la conservation du patrimoine génétique, il est alors nécessaire de repérer les représentations de la nature auxquelles elles se réfèrent. Au risque d'être très schématique, on peut distinguer deux attitudes radicalement différentes. La première, utilitariste et « prométhéenne », n'attribue pas à la nature une valeur intrinsèque mais y voit seulement le support de valeurs d'usages qui se renouvellent dans le temps au rythme du progrès technique (on peut alors parler de « **technonature** »). La seconde, qu'on peut qualifier d'« aristotélicienne », confère à la nature un statut particulier, non réductible à celui des objets inanimés ; la nature a alors un caractère sacré.

Il n'appartient pas à l'économiste de trancher entre ces deux attitudes éthiques qui sont affaire de choix de société. Il faut savoir s'y référer pour expliquer certaines controverses qui seraient sans cela incompréhensibles. Il en est ainsi par exemple des débats sur la conservation *in situ* vs. [la](#) conservation *ex situ*. Alors que la première vise à maintenir avec les espèces conservées des techniques et des cultures qui sans cela disparaîtraient, la seconde ne se préoccupe finalement que de la valeur économique potentielle des caractéristiques (résistance à une maladie, précocité, teneur en acides aminés) contenues dans les échantillons stockés dans la banque (c'est pourquoi il n'est pas choquant dans ce cas de parler de banque de gènes plutôt que de banque de génotypes).

De façon plus pragmatique, nous situant dans le cadre d'une approche utilitariste, nous essaierons de répondre tout d'abord à la question suivante : pourquoi conserver les ressources génétiques ? On verra qu'on peut encore tomber sur certains écueils qui relèvent soit de la définition de politiques globales de la conservation, soit de controverses techniques qui ne sont pas encore résolues. Nous montrerons d'une part que la définition des stratégies de conservation ne saurait être déduite de la valeur économique et, d'autre part, que le calcul de la valeur est contingent aux représentations techniques (doit-on conserver des gènes, des génotypes ou des pools génétiques ?).

Nous en viendrons ensuite à l'analyse économique pour montrer qu'on peut utiliser différents modèles de décision qui conduisent à des prescriptions radicalement différentes. Est-ce à dire qu'une telle analyse relève simplement de l'exercice scolastique ? Il nous appartiendra alors de montrer que, en dépit d'une absence de caractère normatif, de tels modèles constituent d'une part des instruments fructueux pour améliorer le dialogue entre les différentes parties prenantes et, d'autre part, qu'ils permettent d'affiner les stratégies dans l'incertain en donnant une place centrale aux notions d'irréversibilité des décisions et d'information croissante.

Problèmes stratégiques et valeur économique de la conservation du patrimoine génétique

Nous nous limiterons ici au cas des « ressources génétiques agricoles » entendues comme les ressources facilement utilisables dans le cadre de l'activité agricole (l'expression anglaise « *crop germplasm* » est mieux adaptée). Il s'agit de l'ensemble des plantes apparentées avec les plantes cultivées : variétés finies, lignées en cours de sélection, écotypes locaux, parents sauvages et parfois également les adventices qui leur sont associées. La conservation de la biodiversité renvoie à des problèmes beaucoup plus larges. A titre illustratif, rappelons que les experts considèrent que deux tiers des 50 millions d'espèces terrestres sont localisées dans les forêts tropicales humides. Parmi elles, moins d'1,5 million sont identifiées ; pourtant on estime qu'au rythme actuel d'érosion, 1 million d'espèces peuvent disparaître d'ici l'an 2050. Si rien n'est fait, l'humanité perdra alors un patrimoine qu'elle n'est même pas dans la mesure d'évaluer.

Deux types d'approches peuvent être utilisées pour définir l'amplitude des besoins pour la conservation des ressources génétiques agricoles (RGA) :

— Une approche par le calcul de la valeur espérée de l'utilisation des ressources (approche « descendante »). L'étude de Prescott Allen est l'une des rares tentatives d'estimation de la contribution des ressources génétiques à la production agricole. L'étude se base sur des travaux d'experts pour 1) repérer les variétés qui utilisent des ressources sauvages, et 2) estimer la contribution des « gènes sauvages » à la production (p. ex., un gène de résistance qui permet de réduire les pertes de 30 %). Prescott Allen évalue ainsi l'apport des RGA à l'agriculture américaine à 350 millions de dollars par an (Prescott-Allen, 1986). Notons que ces calculs sont rétrospectifs alors qu'on aimerait avoir une vision prospective

et qu'il vaut mieux éviter de regarder les hypothèses en détail (notamment l'hypothèse d'additivité des facteurs génétiques). Cependant, même si les estimations sont grossières, ces travaux donnent un ordre de grandeur de la contribution des RGA.

— Une approche par les coûts calculés à partir des « besoins minimaux » de conservation estimés par les experts (approche descendante). C'est l'approche utilisée dans le Keystone Dialogue. L'objectif de ce « Dialogue », réunissant 41 participants (responsables des administrations nationales, d'organisations internationales ou d'entreprises de l'agrofourniture, représentants d'organisations tiers-mondistes ou de défense de l'environnement) provenant de 22 pays était de préparer une « initiative globale » sur les ressources génétiques pour la Conférence de Rio de Janeiro sur l'environnement et le développement (juin 1992). Dans ce cadre, il était donc nécessaire de calculer les besoins de financement supplémentaires qui pourraient être satisfaits par la création d'un nouveau Fonds International. Les participants ont tout d'abord exclu les besoins de conservation liés à la sélection végétale qui relèvent en principe directement de la responsabilité des différentes nations. L'effort d'évaluation le plus complet porte sur la conservation en banques de moyen et long terme (de — 10 °C à — 20 °C). On estime que les dépenses actuelles sont de 75 millions \$US par an alors qu'il faudrait consacrer à cette seule activité 200 millions \$US pour couvrir les frais de fonctionnement nécessaires à la conservation de 4 millions d'accessions. Les participants ont estimé qu'il était nécessaire de conserver en stockage de moyen et long terme 2 millions d'échantillons dupliqués (soit 4 millions d'accessions), la charge annuelle de conservation s'élevant à 50 \$US par accession. Les coûts d'investissement pour la création d'une nouvelle banque sont estimés à 75 \$US par échantillon. Cette dépense supplémentaire (125 millions \$US) représente 43 % du nouveau fonds dont le montant total est estimé à 300 millions \$US. Les autres postes du Fonds sont les suivants : conservation *in situ* (18 millions \$US), conservation par les agriculteurs (18 millions), activités de soutien (30 millions), recherche (51 millions), formation (12 millions), information grand public (24 millions), investissements annuels (18 millions).

Ces deux approches donnent une première idée de l'ordre de grandeur des moyens qu'il serait nécessaire de consacrer à la conservation du patrimoine génétique : 300 millions \$US représentent 2 % de la valeur du marché des semences commerciales et moins de 0,002 % de la production agricole totale (Keystone Dialogue, 1991).

Cependant, il y a loin de cette estimation globale, aussi précise soit-elle, à des prescriptions précises en matière d'allocation des ressources. Par exemple, au niveau d'un pays comme la France, quelles espèces doit-on conserver ? Comment doit-on les conserver ?

Pour ce qui concerne le choix des espèces, deux attitudes sont envisageables. La première consiste à conserver ce qui n'est plus utilisé, supposant ainsi qu'il faut compenser par la conservation la perte de diversité en culture. La seconde, plus pragmatique, revient à conserver au contraire les plantes les plus utilisées, anticipant ainsi une poursuite de la standardisation génétique. On sait que, en dehors des associations d'amateurs dont les motivations sont très particulières, les efforts de conservation sont généralement concentrés sur les espèces les plus cultivées. On ne risque pas de se tromper

de beaucoup si on dit, pour fixer les idées, que 80 % des ressources consacrées à la conservation par les organismes publics ou les entreprises privées concernent une dizaine d'espèces (ce qui correspond en gros à la concentration des efforts de sélection végétale).

Le problème du choix des espèces n'est pas simple lorsqu'on considère les possibilités croissantes de substitution dans l'utilisation des produits agricoles. Il peut être utile par exemple de raisonner en terme de caractéristiques élémentaires des produits (le pouvoir sucrant, l'apport en protéines ou en acides gras...), sachant que différentes espèces peuvent être concurrentes pour la production d'une même caractéristique élémentaire : pour le pouvoir sucrant par exemple, la canne à sucre et la betterave à sucre mais également le maïs, le blé... A long terme, les possibilités de substitution entre les espèces sont contingentes à l'état de la technique. Il est cependant indéniable que, dans une perspective de substituabilité croissante, les processus de standardisation génétique des espèces cultivées vont être accentués. Dans ce contexte, l'anticipation des valeurs économiques des différentes espèces est hasardeuse. D'un point de vue stratégique, on sait par contre que les espèces dont la base génétique sera trop étroite auront un lourd handicap par rapport aux autres. Dans les processus de standardisation génétique, le soutien public des espèces stratégiques joue un rôle crucial compte-tenu de l'importance des rendements croissants d'adoption qui sont en jeu. La notion de rendements croissants d'adoption (RCA), conçue dans le cadre des approches théoriques de la standardisation, désigne le fait que les bénéfices de l'utilisateur d'une technique (d'une espèce) sont fonction du nombre total d'utilisateurs de cette technique (espèce) (Arthur, 1988). L'exemple classique est celui du téléphone ou d'un standard informatique. Il est clair que dans l'histoire de l'agriculture, les RCA ont joué un rôle essentiel dans la standardisation des plantes cultivées : concentration de la recherche sur les plantes les plus utilisées, interdépendance technologique (mécanisation, lutte chimique). Compte tenu que les états futurs de la nature (dans ce cas, par exemple, l'importance relative des différentes espèces cultivées) sont liés pour partie aux décisions actuelles, le problème est de nature stratégique : cette situation implique que le décideur construise sa propre vision de l'avenir.

Si on raisonne sur les grandes espèces cultivées, les choix en matière de conservation ne peuvent donc pas être dénués de considérations stratégiques. Supposons qu'un nouveau prédateur s'attaque à l'ensemble des variétés de maïs utilisées en France. Le délai de réaction pour la mise au point de nouvelles variétés résistantes jouera un rôle d'autant plus crucial qu'on raisonne dans un cadre concurrentiel. En terme économique, la perte occasionnée sera proportionnelle au délai de réaction. En terme stratégique, c'est-à-dire de prise de marché, un retard d'un an par rapport à un concurrent peut avoir des conséquences dramatiques. Le choix des méthodes sera alors très sensible à des considérations d'ordre stratégique. Cela devrait conduire très logiquement à une intégration de la conservation dans le cadre des activités de sélection végétale. Un tel choix correspond à la conception de la conservation dynamique qui privilégie une co-adaptation de la plante à son environnement (maintien d'un « dialogue » permanent) mais aussi à une tradition française qui consiste à confier la conservation des collections aux sélectionneurs et non à des organisations spécialisées comme c'est le cas dans de nombreux pays. Si une telle pratique est probablement un gage de

qualité de la conservation à court et moyen terme, elle ne va pas sans poser de problèmes dans une perspective de long terme. Dans ce cadre le sélectionneur considère en effet la collection comme un outil de travail dans ses programmes et non comme une fin en soi ; qu'il change de programme et la conservation de la collection perd tout son intérêt. Combien de collections ont cessé d'être entretenues en raison de cette absence d'existence pour elles-mêmes ?

Mais, en dehors de ces problèmes qui relèvent de logiques institutionnelles, le choix de la conservation dynamique ne se justifie pas systématiquement. L'avantage supposé de la conservation dynamique par rapport par exemple à une conservation en banque ne réside pas tant dans la plus grande probabilité de trouver le gène recherché dans le pool génétique que dans l'idée que le délai de réaction sera inférieur. En effet, dans le cas de la conservation en banque, on considère d'une part qu'il sera **difficile** de trouver le caractère génétique recherché et, d'autre part, que le délai d'intégration de ce gène dans les variétés cultivées sera long. Compte tenu de l'état actuel des techniques, mieux vaut donc conserver des pools génétiques que des génotypes d'où on pourrait extraire des gènes. Compte tenu de l'évolution rapide des techniques, cette conception sera **t'elle** encore valable dans 20 ans ? Dans la négative, quelles sont les implications sur nos décisions actuelles ?

Les modèles de décision

Le type de problème mentionné au paragraphe précédent renvoie à une classe de modèles bien connue par les économistes : les modèles séquentiels de décision. Pour illustrer l'utilisation de tels modèles, nous allons donner un exemple d'application à un choix simple en matière de conservation du patrimoine génétique. Pour une espèce donnée, on se demande si on doit choisir une conservation en banque de gènes ou une conservation en « core collection » :

- la conservation en banque de gènes permet de préserver un nombre d'échantillons plus élevé ;
- les probabilités de trouver la réponse génétique à un nouveau prédateur est plus forte dans le cas de la core collection à nombre d'échantillons équivalent (voir graphique) ;
- les délais de réponse sont en principe beaucoup plus rapides dans le cas de la core collection ;
- cependant on sait, compte tenu de l'évolution des techniques, qu'il est possible que les délais de la banque soient, dans l'avenir équivalents à ceux de la core collection, pour des probabilités de trouver un gène résistant plus grandes.

Dans ce cas, on voit clairement que la décision de conservation en banque (d1) est plus flexible que la décision de conservation en core collection (d2). Si j'ai choisi d2 en première période, je ne pourrais pas revenir sur mon choix en deuxième période, même si les techniques ont évolué. Par contre, si j'ai choisi d1 et qu'en seconde période les techniques n'ont pas évolué, j'aurais la possibilité de me réorienter vers la stratégie de « core collection ».

Une telle situation associe deux éléments essentiels :

- une différence des deux décisions pour ce qui concerne leur degré d'irréversibilité ;
- l'information croissante qu'on suppose pour simplifier totale en fin de première période.

Le problème revient alors à se demander s'il n'est pas intéressant de renoncer à la décision la plus efficace à court terme de façon à pouvoir bénéficier des gains d'information en prenant une meilleure décision en seconde période. En d'autres termes, on est conduit à analyser le prix qu'on est prêt à payer pour maintenir une option supplémentaire en seconde période.

La problématique de la conservation des ressources génétiques

Comme nous avons pu le voir, la rationalisation de la conservation des ressources génétiques végétales passe par l'analyse des délais de réaction face à un avenir incertain. Dans ce modèle nous allons tenir compte de l'incertitude sur l'apparition d'un prédateur (occasionnant une perte de production agricole), de la probabilité de détenir un gène de résistance en fonction du type de conservation et de l'évolution des techniques d'évaluation. Selon la modélisation utilisée, le type de conservation à mettre en place sera différent. Cela est dû aux biais systématiques que peut entraîner une intégration erronée de l'évolution de l'information attendue.

Hypothèses

Soit un modèle de décision à deux périodes (le présent et le futur) et un décideur neutre au risque. Il est confronté à deux décisions en période 1 :

d1 : la conservation en banque (décision flexible en terme de diversité et de liquidité du capital) ;

d2: la conservation en core collection avec évaluation, décision plus irréversible en terme de diversité, et de liquidité du capital.

En période 1, il existe une incertitude sur l'apparition d'un prédateur, les probabilités *a priori* sont données par :

π : le prédateur apparaît et menace les cultures ;

$1-\pi$: le prédateur n'apparaît pas.

L'information sur la réalisation de cet état de la nature est croissante, dans le sens où nous considérerons que dès le début de la seconde période, on sait exactement si le prédateur est apparu ou non.

Ces hypothèses sont les seules nécessaires, pour construire un modèle séquentiel de décision de type « valeur d'option ». Dans un souci de plus grande conformité à la réalité, nous allons poser des hypothèses supplémentaires :

Conservation Incertitude	Banque	Core collection	Dynamique
Probabilité de présence d'un gène de résistance dans la collection (1)	$\alpha(m)$	$\gamma(n)$	$\beta(s)$
Probabilité d'apparition d'une nouvelle technique d'évaluation instantanée (2)	p	indifférent	indifférent
Délais de réaction (3)	si p alors T1 si (1-p) alors T2 + T1	T1	T1
coûts de période 1 (4)	$c1(m) = a + b(m)$	$c2(m) = a' + b'(n)$	$c3(s) = a'' + b''(s)$

- (1) $\alpha(m)$ correspond à la probabilité de la présence dans une banque de gènes (de m échantillons), du gène de résistance au prédateur. $\gamma(n)$ est la probabilité de trouver, dans une core collection (de n échantillons), le gène de résistance. $\beta(s)$ est la probabilité de trouver un gène de résistance, grâce à une conservation dynamique effectuée sur s sites. Le cas de la conservation dynamique ne sera pas directement étudié ici.
- (2) Cette probabilité p tient compte des anticipations d'évolution des techniques telles que les RFLP et des opportunités d'évolution des transferts direct de gènes.
- (3) Dans le cas d'apparition d'un prédateur, le délais de réaction optimal est donné par T1, il se réalise dans le cas de la core collection, de la conservation dynamique et de la banque si l'évolution des techniques d'évaluation est favorable (probabilité p). Par contre si l'évolution des techniques est défavorable (1-p), il faut passer de la banque à la core collection (délai T2), puis effectuer les recherches (délai T1), ce qui donne un délai de réaction total T2 + T1.
- (4) Les coûts de première période sont décomposés en coûts fixes, et en coûts variables qui dépendent du nombre d'échantillons conservés, et de la technique de conservation utilisée. Nous supposons que les coûts de seconde période seront intégrés dans la valeur des bouts d'arbre. Dans le cas de la banque, les coûts fixes sont estimés à 50 \$US par échantillon et les coûts variables à 50 \$US par période (Keystone Dialogue 1991).

La figure 1 illustre le fait que la core collection est moins diversifiée que la banque de gènes, mais qu'elle est plus rationnelle en ce sens que, pour un niveau donné de probabilité b (présence du gène de résistance), il faut posséder moins d'échantillons dans la core collection (n1) que dans la banque de gène (n2).

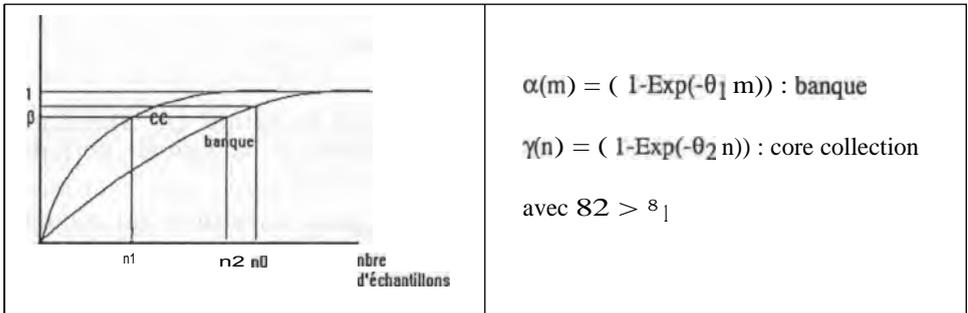


Fig. 1. Représentation graphique de la probabilité de présence d'un gène résistant en fonction du type de conservation et du nombre d'échantillons.

Explication de la figure 2: Les valeurs de bout d'arbre représentent le différentiel net de la valeur économique apportée par cette décision (on tient compte des coûts de seconde période).

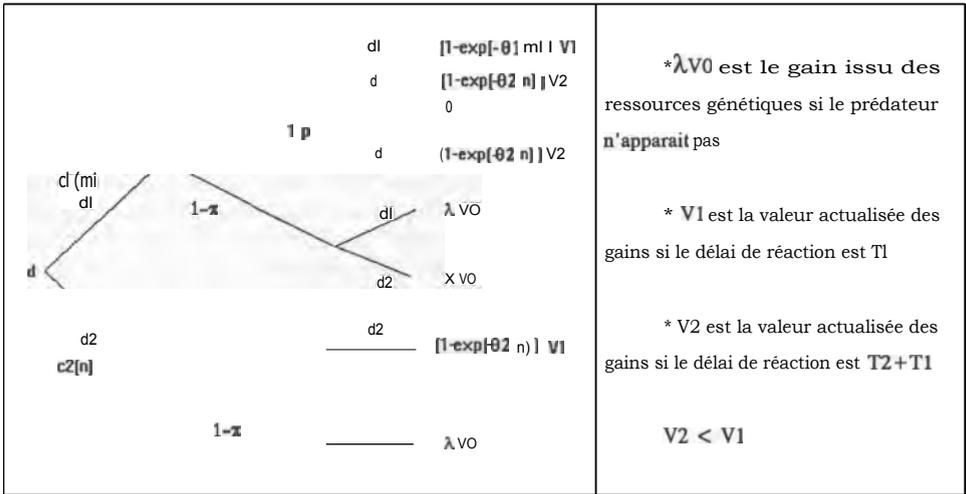


Fig. 2. Arbre de décision.

Si on prend la décision d1 :

- si le prédateur n'apparaît pas, alors il y a indifférence entre la décision de conserver en banque ou en core collection (ce qui est favorable à la conservation en banque) ;
- par contre, si le prédateur apparaît, la décision dépendra de l'anticipation de l'évolution des techniques d'évaluation, si l'espérance actualisée des revenus issus de la banque (sous l'évolution technologique de probabilité p) est supérieure à celle de la banque (sans l'évolution technologique de probabilité 1-p), on reste sur la banque, sinon on passe à la core collection.

Si on prend la décision d2, on est obligé de rester sur cette décision quels que soient les états du monde qui se réalisent, du fait des investissements irréversibles consentis et de la disparition irréversible d'un grand nombre d'espèces qui auraient pu être conservées en banque (en période 1).

Les équations du modèle

Sans information supplémentaire :

$$d1 = \text{Max} (r p \alpha(m) V_1 + (1 - \pi) \alpha V_0, \pi (p \gamma(n) V_2 + (1 - p) \gamma(n) V_2) + (1 - \pi) \alpha V_0)$$

$$d2 = \pi (\gamma(n) V_1 + (1 - \pi) \alpha V_0)$$

La décision irréversible est choisie dès que d1 est supérieur à d2

En tenant compte de l'information supplémentaire :

$$d1^* = \pi p (\text{Max} (\alpha(m) V_1, \gamma(n) V_2) + (1 - p) (\text{Max} (0, \gamma(n) V_2))) + (1 - \pi) \alpha V_0$$

$$d2 = \pi (\gamma(n) V_1 + (1 - \pi) \alpha V_0)$$

La règle de décision est identique à celle ci dessus, mais on peut immédiatement remarquer que $dl^* > dl$, ce qui traduit que le fait de tenir compte de l'information croissante est plus contraignant pour la prise de décision irréversible, cette différence représente la somme que l'on est prêt à perdre en période 1, pour ne pas prendre la décision irréversible, c'est-à-dire pour pouvoir utiliser le cas échéant l'information supplémentaire.

Prolongements

Nous avons jusqu'à présent fait abstraction des coûts de la conservation, nous allons discuter les différents cas de façon schématique (la non conservation rapporte en différentiel un bénéfice espéré de $(-p V)$). Ils vont représenter l'arbitrage entre le risque de ne pas avoir le gène résistant dans la core collection (alors qu'on aurait pu l'utiliser), mais de l'avoir en banque et de ne pas pouvoir l'utiliser. Cet arbitrage sera fonction des anticipations des agents sur l'apparition d'un prédateur, sur l'évolution des techniques d'évaluation, et surtout sur les coûts des différentes techniques et l'évaluation du bénéfice ainsi dégagé.

Coûts de la conservation en banque en période 1, supérieurs aux coûts de la core collection :

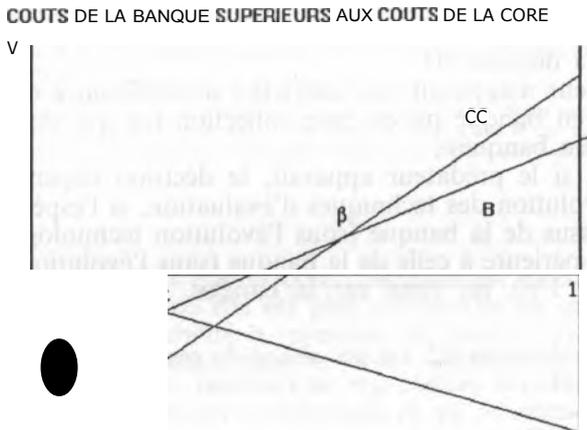


Fig. 3. Analyse sur les probabilités d'apparition du prédateur (p) pour une probabilité d'apparition des techniques donnée (p).

Explication de la figure 3 : Pour des probabilités d'apparition de nouvelles techniques d'évaluation données, le critère de décision sera fonction de la probabilité d'apparition du prédateur :

- entre 0 et a on prend la décision de ne pas conserver,
- entre a et β on conserve en banque,
- par contre, pour n supérieur à β , on décide en période 1 de mettre en place une core collection.

Ce cas rejoint l'analyse classique de l'effet irréversibilité (la valeur de la décision irréversible en période 1, est supérieure à la valeur de la décision irréversible), où la décision flexible, la conservation en banque, est réévaluée en première période (prise en compte de la valeur espérée de l'information parfaite) (Hart, 1949). En effet, si l'on ne tient pas compte de l'information supplémentaire sur l'apparition de la nouvelle technique d'utilisation (analyse en terme de délai de réaction) et de l'apparition du prédateur, alors la zone où l'on prend la décision de conserver en banque (flexibilité externe) serait réduite (la zone de prise de décision flexible, sera une fonction croissante de la probabilité p d'apparition de la nouvelle technique d'évaluation). On peut également remarquer que l'évaluation de la décision flexible en terme de VAN, réduit également l'espace de prise de la décision flexible, ce qui est en accord avec l'effet irréversibilité montré ci-dessus. Sous certaines conditions sur les paramètres, la conservation en banque peut ne jamais être prise.

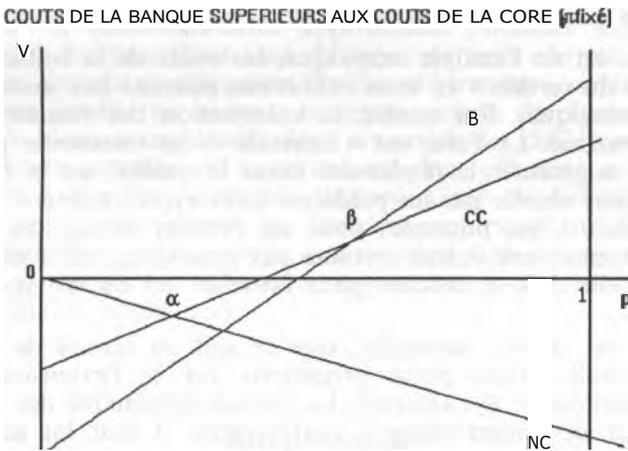


Fig. 4. Analyse sur p à π donné.

Explication de la figure 4 : Dans ce cas, pour des probabilités d'apparition du prédateur (p) données, le critère de décision sera (en fonction des probabilités d'apparition de techniques d'évaluation) :

- entre 0 et α on prend la décision de ne pas conserver,
- entre α et β , on décide en période 1 de mettre en place une core collection,
- pour des valeurs supérieures à β , on conserve en banque.

On peut remarquer que plus la probabilité d'apparition du prédateur sera élevée, et plus le point β sera proche de 1, c'est à dire, plus la contrainte sera forte pour la prise de décision de conserver les ressources génétiques en banque.

Les coûts de la core collection sont supérieurs aux coûts de la banque en période 1

Dans le cas classique de l'effet irréversibilité, si la décision flexible rapporte plus en période 1, sans aucun doute, nous prendrons cette décision en 1 (Llerena 1985, Ramani-Richard 1991). Or, les développements récents de la

théorie de la décision en incertitude et irréversibilité ont permis d'intégrer dans ces modèles la notion de flexibilité interne. Si la décision irréversible ouvre des options de création d'une variété résistante que n'ouvre pas la décision flexible, ce qui représente une flexibilité interne plus grande pour la décision irréversible par rapport à la décision flexible, on peut choisir de conserver en core collection plutôt qu'en banque (Ramani-Richard-Trommetter 1991). En effet, on considère que la probabilité d'apparition des nouvelles techniques d'évaluation est **suffisamment** faible, pour que le décideur considère que la décision irréversible (la core collection) ouvre des options plus grandes (si elle est prise en 1) que la décision flexible. Cette analyse, rappelons le, suppose que si on prend la décision flexible en période 1, si le prédateur apparaît, et si les techniques d'évaluations n'évoluent pas, alors on est obligé d'aller vers la core collection, d'où des délais de réaction **efficace** plus important (valeur économique plus faible).

Prolongements

Pour ce qui est de l'analyse empirique, les coûts de la conservation sont du domaine « du certain » et leurs évolutions peuvent être anticipées (prospective technologique). Par contre, la valorisation des ressources est d'un tout autre domaine. Le futur est « incertain », les ressources peuvent être utilisées pour augmenter le rendement **et/ou** la qualité, ou la résistance (la destruction d'une récolte par un prédateur peut avoir un intérêt économique aussi important). C'est pourquoi dans un premier temps, ces modèles ne visent pas à donner une valeur certaine aux ressources, mais une fourchette dans laquelle elle doit se trouver pour favoriser tel ou tel type de conservation.

Ce modèle est encore incomplet, que ce soit au niveau de l'intégration des données réelles (voir point précédent), ou de l'extension des choix possibles (conservation dynamique). La gestion dynamique des espèces n'est pas un facteur de conservation à part entière, il faut lui adjoindre une technique de conservation statique de la diversité génétique. La gestion dynamique doit permettre d'accroître la diversité, par une adaptation progressive à différents environnements. Ces réservoirs sont utiles dans l'amélioration végétale, par la découverte de nouvelles souches de variétés à rendement (resp. qualité) élevé (resp. spécifique), et de diversité génétique plus grande. Grâce à la poursuite de l'évolution, ces réservoirs peuvent contenir des gènes de résistance à certains pathogènes, qui n'existent ni en banque, ni en core collection.

L'arbitrage se fera entre la conservation en banque et la core collection, ces deux modes étant associés à la gestion dynamique. La gestion dynamique apporte un surcoût, mais élève la probabilité de trouver un gène de résistance, avec des délais de réaction équivalents à ceux de la core collection.

Cette modélisation devra être comparée à celle de cet article. Elle portera sur : l'intégration de la gestion dynamique modifie-t-elle la typologie des techniques de conservation précédemment mise en évidence, et, les surcoûts apportés par l'association d'une gestion dynamique sont-ils justifiés, c'est-à-dire le gain issu de la plus grande probabilité de trouver un gène résistant est-il supérieur aux coûts qu'il entraîne (la valeur étant fonction de la probabilité d'apparition d'un prédateur, de la probabilité de trouver un gène de résistance, et de la probabilité de modification des techniques d'évaluation — biologie moléculaire —).

Conclusion

Chacun admet que la conservation est nécessaire pour les générations présentes et futures (du fait de la disparition d'un grand nombre d'espèces pour des raisons principalement économiques), mais personne ne veut financer rationnellement cet effort de conservation. Le problème de la reconnaissance de l'intérêt de la conservation (donc de son financement), repose avant tout sur l'information qui est diffusée par les banques aux **semenciers** ou **biotechnologues**. Si l'information est mauvaise, c'est souvent la faute à un type de conservation non adéquat et surtout à un manque de fonds pour réaliser un bon travail. Or, le budget est limité du fait du manque d'intérêt des **semenciers** et **biotechnologues** pour les banques. On voit poindre à l'horizon le cercle vicieux du financement des banques de gènes, il faut essayer d'en sortir en tenant compte de la **séquentialité** du problème étudié.

L'intérêt de la micro-économie approfondie (modèles séquentiels avec prise en compte de l'incertitude) est d'essayer de tenir compte du maximum de paramètres dans la modélisation, de façon à rendre compte de la réalité du phénomène étudié (de rompre le cercle vicieux du financement de la conservation). Nous avons étudié dans cet article les différents modèles qui existent à l'heure actuelle, en montrant que leur **efficacité** est fonction du degré de réalité que l'on veut leur donner. Cette modélisation théorique demande un approfondissement par l'analyse empirique, qui sera la seule à même de définir la typologie de la conservation (sur des bases théoriques) en terme de potentialité d'utilisation du matériel à des fins agronomiques (rendement, qualité, résistance).

Bibliographie

- ARROW K.J., FISCHER A.C., 1974 — Environmental preservation, uncertainty, and irreversibility. In : *Quarterly Journal of Economics*, vol 88, : 312-319.
- ARTHUR W., 1988 — Competing technologies : an overview. In : *Technical change and economic theory*, DOSI et ALII, New York : Pinter Publishers
- HENRY C., 1974 — Investment decision under uncertainty : the irreversibility effect, In : *American economic review*, vol. 64 : 1006-1012.
- HART A.G., 1949 — Risk, uncertainty and the **unprofitability** of compounding probabilities. In : *Studies in mathematical economics and econometrics*, Lange O., Mc.
- Keystone Dialogue 1991 — *Final consensus report*, Oslo Plenary Session, Oslo Norway
- LLERENA P. 1985 — *Décision avec incertitude et irréversibilité : fondements de la théorie de la valeur d'option et application aux investissements productifs*. Thèse d'état, Université Louis Pasteur, Strasbourg.
- RAMANIS., RICHARD A., 1991 — *Decision and flexibility : with an application to a pricing problem*. Working paper n° 1 INRA/SERD Grenoble.
- RAMANIS S., RICHARD A., TROMMETER M., 1991 — *Une approche élargie de l'effet irréversibilité : application au cas de la conservation de la biodiversité*. Communication au colloque annuel de l'AFSE, Paris, 24 et 25 septembre.

Pour une diversité des approches

Christine NOUAILLE *

Mots-clés : biotechnologie, propriété intellectuelle, industrie **semencière**, industrie de transformation, **moléculture**, agrochimie, *public*, environnement, information.

Parler la dernière est **difficile**. La richesse et la diversité de ces trois jours ont été une telle démonstration du titre de mon exposé, que j'ai dû le modifier plusieurs fois en vous écoutant. Je vais donc plutôt essayer de vous illustrer certaines des nouvelles situations suscitées ou accentuées par l'évolution des biotechnologies, telles que nous les observons à Biofutur.

Beaucoup s'attachent à dire que les biotechnologies ont réalisé une véritable révolution scientifique, dont les implications stratégiques, économiques et politiques sont immenses. Sur le plan scientifique, elles ont permis de sauter un ordre de grandeur dans nos connaissances, d'accéder directement aux génomes, et de tester des hypothèses au niveau le plus fin. Par ailleurs, les gènes transférables par génie génétique s'ajoutent aux ressources génétiques des plantes cultivées. Les biotechnologies sont ainsi à la source d'un nouvel essor de toutes les disciplines de l'amélioration des plantes, en passant par l'étude des espèces sauvages : citons les évaluations de polymorphismes ou les études sur l'auto-incompatibilité **gamétophytique**. Réciproquement, des pistes de recherche pour la biologie moléculaire sont ouvertes par ces disciplines, par exemple sur l'apomixie. Mais nous n'y reviendrons pas.

Tout aussi importants sont les bouleversements des filières agricoles. Ils sont en train de transformer les rapports entre industries transformatrices, **agrochimistes**, **semenciers** et agriculteurs, au point, selon certains, d'engendrer un nouveau type d'agriculture : la **moléculture**. Marie-Angèle Hermitte vous a fait part de toutes les questions soulevées par la propriété intellectuelle, j'aimerais de mon côté vous faire part des situations engendrées par cette évolution.

Un premier aspect concerne la sélection des variétés, où l'on observe un décloisonnement des compétences. Le **semencier** n'y est plus le seul acteur,

* Biofutur, 29 rue Buffon, 75005 Paris, France.

puisqu'arrivent, en concurrence ou en complémentarité avec lui, les firmes chimiques et agro-alimentaires. Par ailleurs, le génie génétique amène de nouveaux acteurs : industrie pharmaceutique, chimie de transformation, qui vont encore complexifier le système.

Dans le dernier rapport OCDE intitulé *Biotechnology, agriculture and food*, les dépenses en R&D « traditionnelle » ou en biotechnologies de 14 sociétés ayant investi dans l'agriculture sont analysées. On y voit que 8 d'entre elles, dont Monsanto, Du Pont, Ciba-Geigy, ont investi exclusivement dans les biotechnologies (entre 10 et 20 M\$ en 1990). Parmi celles qui ont investi dans la recherche « traditionnelle » (16 à 46 M\$ en 1990), c'est-à-dire qui ont une activité semence, deux investissent à même hauteur que ces derniers en biotechnologies : Sandoz et ICI. Les premiers **semenciers**, Pioneer et **Limagrain**, ont un effort bien inférieur (7 et 5 M\$, respectivement). D'ores et déjà, on voit les routes empruntées par les chimistes. Routes qui croisent celles des **semenciers** pour la mise au point de variétés. Cependant, ce tableau ne rend pas compte d'un troisième type d'acteurs : les transformateurs.

Le leader mondial en cafés solubles, **Nestlé**, transformateur mais non **semencier**, a investi dans la recherche végétale au centre de biotechnologies végétales de Tours. Ses objectifs : réduire ses coûts de production, y compris par la maîtrise de la matière première. Le centre maîtrise aujourd'hui la production à grande échelle d'embryons somatiques de caféiers.

Quarante litres de culture en fermenteurs **suffisent** à couvrir les besoins annuels du Mexique, quatrième producteur mondial, pour le renouvellement de ses plantations. Pour la recherche de génotypes **embryogènes**, le centre s'est associé avec des sélectionneurs et les instituts de recherche concernés. Des souches **embryogènes** et **agronomiquement** intéressantes ont été trouvées chez des variétés cultivées de toutes les espèces de caféiers cultivés : *Coffea arabica*, *C. robusta*, leur hybride *C. arabusta*, et *C. liberica*. L'étape suivante consistera à apprendre aux planteurs mexicains à multiplier localement ces génotypes, qui leur seront donnés. L'accord consiste en une aide technique de la part de la société, qui achètera au planteur une récolte mieux adaptée à ses besoins. Le but, à terme, pour **Nestlé**, est la diffusion d'hybrides F1 (*C. arabica* est multiplié par graines, peu homogènes). Ici le transformateur ne cherche pas à commercialiser sa semence, bien au contraire, car il ne tient pas à en livrer l'information à la concurrence.

Ce type d'approche est également pratiqué par les brasseurs. Ceux-ci ont mis au point, en relation avec les sélectionneurs, des variétés **brassicoles** aux qualités nettement améliorées. Ces brasseurs préfèrent également distribuer leurs variétés gratuitement aux agriculteurs, plutôt que de les commercialiser, ce qui entraînerait leur inscription au catalogue sans protection **suffisante** pour empêcher la diffusion des caractéristiques technologiques de ces variétés.

Il va de soi que ces industries demandent une révision du système d'inscription au catalogue qui puisse intégrer les critères technologiques dans la description du matériel, pour commercialiser leurs produits. La question de la prise d'un brevet se pose ensuite.

Les oppositions à la **brevetabilité** du végétal ont pour argument principal le blocage de l'accès aux ressources génétiques. Il semble en fait que, brevet ou non, la maîtrise des marchés reviendra au détenteur de la technologie et de ses applications. Nous en avons d'autres exemples.

Michel Caboche vous a montré les performances impressionnantes des variétés de Monsanto obtenues par génie génétique et résistantes au **glyphosate** ou aux insectes. Considérant les différents moyens de mettre son travail sur le marché et d'en garder la propriété intellectuelle, la société pense utiliser le droit de dépendance de la convention **UPOV** : elle proposerait aux **semenciers** intéressés (Pioneer serait déjà sur les rangs) de réaliser pour eux le premier croisement, puis un ou deux back-cross, pour **l'introgression** de son gène dans leurs variétés. Le risque, ici, se situe au niveau de la diversité génétique : s'il est vraiment exceptionnel, au lieu d'un gène, c'est un génotype entier, celui de « l'étalon » de Monsanto, qui risque de se diffuser dans la plupart des variétés cultivées d'une espèce donnée, et d'y reproduire la situation d'**inbreeding** que l'on connaît chez les espèces animales d'élevage.

Les aléas de la propriété intellectuelle ne sont pas toujours à l'avantage des pays du Nord. Invités l'an dernier à une réunion d'horticulteurs et de chercheurs pratiquant la multiplication *in vitro*, nous avons été surpris de les entendre se plaindre de la concurrence des pays en développement dans ce domaine. L'un d'eux, un producteur de roses coupées, nous a même raconté ses (relatifs) déboires. Ayant signé un contrat avec une société brésilienne pour la multiplication et la vente en Amérique de l'une de ses variétés à succès, il a vu les chiffres de ventes annoncés par cette société diminuer de plus de la moitié par rapport à sa propre estimation des ventes réalisées sur le continent américain. Sûr qu'une partie des ventes avait été détournée, il ne put jamais le prouver, les variations provoquées par la multiplication à grande échelle ne lui permettant pas de démontrer l'identité des roses trouvées sur le marché américain. Selon nos conseillers, les cartes d'identités génétiques résoudre aujourd'hui le problème. La question d'une intervention juridique dans ces pays reste cependant posée.

Sans aller plus loin, il nous semble que presque toutes les situations agronomiques peuvent aujourd'hui, si les problèmes sont bien posés, trouver des solutions génétiques. La diversité des compétences indispensables incite plus que jamais à des contacts étroits entre les spécialistes de toutes les disciplines pour transférer les technologies nouvelles là où elles sont nécessaires, voire les adapter. La structure la plus adaptée est certainement la constitution de réseaux, fédérant des disciplines diverses sur des intérêts communs. C'est l'un des succès du Bureau des Ressources Génétiques. Des réseaux de recherches par filières existent en France. Mais on pourrait en imaginer d'autres, qui auraient pour fonction de concentrer des efforts sur des verrous technologiques ou méthodologiques. A cet égard, on peut noter les thématiques proposées par la division biotechnologies de la DG XII, à Bruxelles, pour développer les recherches sur la gestion des ressources génétiques. Son prochain programme fondamental, Biotech, prévoit en effet quatre axes principaux de développement des technologies, toutes espèces confondues, du moins sur chaque règne :

- la mise au point de méthodes moléculaires rapides de criblage pour les plantes et les animaux ;
- l'établissement, pour les plantes, de systèmes taxonomiques plus orientés vers les utilisateurs, intégrant les informations en génétique moléculaire, et sur les métabolites d'intérêt commercial (l'industrie pharmaceutique, en particulier, est très intéressée) ; ces deux thèmes impliquent une recherche sur les bases de données ;

- une stratégie pour la conservation du *germplasm* animal : en particulier l'étude des méthodologies de cryoconservation, comme alternative à l'entretien de troupeaux.
- l'exploration des communautés microbiennes des milieux extrêmes.

Enfin, une dernière remarque, qui pourrait être un appel à l'imagination. Elle est tirée d'une expérience canadienne dirigée vers le grand public. En juin 1991, la ville de Montréal a ouvert une plage sur un lac artificiel à l'île Notre Dame, une île construite par les canadiens à l'occasion de l'exposition universelle de 1967. Ce lac, qu'il a fallu rendre propice à la baignade, est alimenté par le très pollué fleuve Saint Laurent, dont les eaux ont été analysées. Ce sont ensuite les botanistes de l'Institut des sciences végétales qui ont été mis à contribution, pour la conception d'un système d'épuration entièrement naturel, constitué de cinq bassins de décantation. Pour favoriser l'implantation des écosystèmes épurateurs, les botanistes ont étudié, puis acclimaté une douzaine d'espèces végétales connues pour leur pouvoir épurateur, comme la jacinthe d'eau tropicale. D'après les scientifiques, le système devrait être entièrement en équilibre, c'est à dire en *autoépuration*, d'ici trois ans. Il n'a donc pas encore fait ses preuves, mais ce type de réalisation n'aurait jamais pu voir le jour sans les connaissances de la biologie moderne. Les scientifiques eux-mêmes n'en auraient pas eu les moyens sans un partenariat avec les responsables d'une ville, soucieux de communication et de service public.

Bibliographie

- CHEVALLIER D.**, 1990 — *Rapport sur les applications des biotechnologies à l'agriculture et à l'industrie agro-alimentaire*. Tome 1 : conclusions du rapporteur, Tome 2 : annexes. Office Parlementaire d'Évaluation des Choix Scientifiques et Technologiques, Assemblée Nationale.
- FEILLET P.**, **RAJNCHAPÉL-MESSAI J.**, 1992 — Impact des biotechnologies sur l'agro-alimentaire. *Biofutur*, 111 (à paraître).
- JULLIEN E.**, 1989 — *Les impacts économiques de la protection de l'innovation sur le secteur européen de la semence*. Rapport Cerna, Ecole Nationale Supérieure des Mines.
- LE BUANEC B.**, 1990 — Protection des variétés végétales : le fond du problème. *Biofutur*, 88: 41-48.
- NOUAÏLLE C.**, 1991 — La diversité génétique : terre à l'abandon ou continent à découvrir ? *Biofutur*, 97 : 22-41.
- NOUAÏLLE C.**, 1991 — Les biotechnologies végétales chez Nestlé : un modèle d'intégration. *Biofutur*, 105: 52-54.
- OCDE, Committee for scientific and Technological Policy, 1991 — *Biotechnology, agriculture and food*.

POSTERS

Approche moléculaire et cellulaire du génome

Approche chimométrique du complexe *sativa* au sein du genre *Oryza*

Chantal BOYET, Maurice JAY, Gérard SECOND *

Mots-clés: *Oryza*, chimométrie, flavonoïdes.

Deux complexes spécifiques constituent la section *Eu-Oryza* du genre *Oryza* : *O. latifolia*, *O. sativa*. Ce dernier complexe renferme 5 espèces dont la distribution est pantropicale ; certaines sont annuelles et largement auto-games : *O. breviligulata*, *O. glaberrima* et *O. rufipogon* ; d'autres sont pérennes : *O. longistaminata* et *O. rufipogon* et développent une allogamie associée à une significative multiplication végétative ; d'autres enfin sont intermédiaires : *O. sativa* et *O. rufipogon*, avec une bonne aptitude colonisatrice.

Nous avons développé sur une collection de plus de 100 individus représentatifs de ce complexe *sativa*, une étude chimométrique basée sur les produits d'accumulation du métabolisme flavonique foliaire, soit plus de 30 molécules, en vue d'évaluer structuration et organisation de cet ensemble d'espèces.

Les principaux résultats sont les suivants :

1 Les riz pérennes africains de l'espèce *O. longistaminata*, pourtant issus de onze populations différentes, forment une entité chimiquement très homogène et très démarquée du reste du complexe. Elle accuse néanmoins plus de différence avec ses homologues africains qu'avec les représentants d'origine asiatique : *O. sativa* et *O. rufipogon* chinois qui partagent avec elle des caractéristiques biologiques et écologiques proches.

2 — L'essentiel de la diversité de *O. sativa* réside dans la différenciation de deux groupes variétaux : *indica* et *japonica* qui s'individualisent nettement au niveau de leur métabolisme flavonique. Il a été en outre possible de resituer un certain nombre de produits d'introggression entre ces deux catégories de génotypes : le type *javanica* près de la variété *japonica*, et les types « Sadri » d'Iran, riz rouge japonais « Akai Mai » et « Purures » de Zanzibar près de la variété *indica*. Il a été vérifié que l'introduction en Afrique d'*O. sativa* originaire d'Asie ne semble pas avoir bouleversé son métabolisme flavonique.

3 — Les riz annuels africains, sauvage *O. breviligulata* et cultivé *O. glaberrima*, sont apparus chimiquement très proches, tout comme le sont les deux types flottants et dressés de *O. glaberrima* ou bien encore les adventices « non stapfi », produits d'hybridation entre les deux espèces annuelles précitées.

4 Le cas de *O. rufipogon* est très singulier puisque cette espèce à elle seule recouvre par le polymorphisme d'expression de son métabolisme flavonique l'ensemble de la variabilité chimique de *O. sativa*, *O. breviligulata* et *O. glaberrima*, à tel point que nous préférons à son sujet parler d'un nouveau complexe spécifique.

En conclusion, cette organisation du complexe spécifique *O. sativa*, au travers du polymorphisme flavonique mesuré au niveau d'une représentation significative, semble traduire aussi bien des affinités d'ordre adaptatif que des filiations génétiques.

Bibliographie

- BOYET C., 1985 — Organisation du genre *Oryza* à l'aide de marqueurs micromoléculaires. Thèse Doc. Lyon, France.
- BOYET C., JAY M., 1989 — Taxonomic variation in flavonoids in the *Oryza latifolia* complex. *Biochem. Syst. & Ecol.*, 17, 6 : 443-447.
- SECOND G., 1982 — Origin of the genic diversity of cultivated rice. *Jap. J. Genet.*, 57 : 25-57.

Development of RFLP markers in rubber tree (*Hevea brasiliensis*)

Pascale BESSE, Patricia LEBRUN, Marc SEGUIN, Claire LANAUD

Key words : RFLP, DNA fingerprints, genetic diversity, genetic map.

Mots-clés : RFLP, empreintes génétiques, diversité génétique, cartes génétiques.

As an alternative to isozymes, RFLP studies are being performed in *Hevea brasiliensis* in order to support *Hevea* breeding programs. New tools for identification of cultivated (Wickham) clones are developed. DNA fingerprints were performed using human minisatellite probes (Jeffreys *et al.*, 1985)

and **microsatellite** probes (Weising *et al.*, 1991). The suitability of these different probes for clonal identification in *Hevea* is discussed. Furthermore, genetic diversity studies are being conducted in order to state precisely the genetic variability among *Hevea* genetic resources. For that purpose, a nuclear library was constructed. We demonstrate here the usefulness of those single copy probes in the assessment of genetic diversity and for RFLP mapping purposes in *Hevea*.

Bibliographie

JEFFREYS A.J., WILSON S.L., THEIN S.L., 1985 — Hypervariable **minisatellite** regions in human DNA. *Nature*, 314: 67-73.

WEISING K., BEYERMANN B., RAMSER J., KAHL G., 1991 — Plant DNA fingerprinting with radioactive and **dioxigenated oligonucleotide** probes complementary to simple repetitive DNA sequences. *Electrophoresis*, 12 : 159-169.

Construction d'une carte RFLP saturée du génome du riz grâce à l'utilisation d'hybrides interspécifiques

Mathilde CAUSSE, Gérard SEGOND * et Steve TANKSLEY **

La première carte RFLP du génome du riz a été construite à partir d'une population F2 issue du croisement de 2 variétés de riz cultivé (*O. sativa* L.). Malgré la distance existant entre les deux parents de cette population, le pourcentage de sondes révélant du polymorphisme restait faible, et après avoir cartographié plus de 100 sondes, la carte demeurait constituée de 18 groupes de liaison alors que le génome comprend 12 chromosomes (McCouch *et al.* 1988).

Afin de développer rapidement une carte saturée et de haute densité, il était nécessaire de disposer d'une population fortement polymorphe et dont la propagation à long terme était assurée. Pour cela nous avons proposé un croisement interspécifique entre *O. sativa* et une espèce sauvage et pérenne, particulièrement distante du riz cultivé. Le programme de cartographie extensive du riz a donc été réalisé sur une population composée de 113 plantes backcross : (*O. longistaminata* x *O. sativa*) x *O. sativa* (obtenue par Ghesquière, ORSTOM).

Station de Génétique Végétale (INRA, UPS Orsay), Ferme du Moulon, 91190 Gif/Yvette, France.

* International Rice Research Institut (IRRI), PO Box 933, Manila, Philippines.

** Department of Plant Breeding and Biometry, Cornell University, Ithaca, NY14250, USA.

Cette population a permis d'accroître le pourcentage de sondes **cartographiables** de 40 à 85 %, tout en réduisant le nombre d'enzymes de restriction utilisés. La carte compte désormais plus de 300 marqueurs (Causse, 1991). Environ 20 % des sondes révèlent des distorsions de ségrégation, mais ce taux ne diffère pas de celui rencontré dans les croisements **intraspécifiques**. Par contre une réduction globale des distances entre marqueurs est observée, mais on n'observe pas d'incohérence entre les cartes développées à partir des populations **intra** et **interspécifiques**, ce qui confirme la **colinéarité** des génomes des deux espèces.

Cette carte a été utilisée pour localiser des gènes de résistance à différentes maladies à l'aide de lignées **isogéniques**. L'existence d'une carte fortement saturée dans les secteurs couvrant ces gènes permettra d'initier une marche sur le chromosome afin de cloner ces gènes, dont le produit est inconnu. Par ailleurs, l'utilisation simultanée de sondes **cDNA** hétérologues pour la cartographie des génomes de riz, blé, orge, avoine et canne à sucre devrait faciliter la comparaison de l'organisation des génomes de ces espèces.

Bibliographie

- CAUSSE M., 1991 — Cartographie du génome du riz. Séminaire IN RA, Marquage moléculaire et sélection, **Méribel**, pp. 42-46.
- McCOUCH S.R., KOCHERT G., YU Z.H., WANG Z.Y., KHUSH G.S., COFFMAN W.R., TANKSLEY S.D., 1988 - Molecular mapping of rice chromosomes. *Theor. Appl. Genet.*, **76** : 815-829.

Diversité par **RFLP** des sorghos cultivés (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) au moyen de sondes **génomiques** de maïs

Monique DEU, Isabelle DEGREMONT, Diego GONZALEZ DE LEON,
Jacques CHANTEREAU, Jean-Christophe GLASZMANN

Mots-clés: *Sorghum*, **RFLP**, diversité génétique.

Une étude de diversité par **RFLP** des sorghos cultivés est développée afin de déterminer si des marqueurs supplémentaires modifieraient la structuration **intra** et intergroupes enzymatiques.

Un échantillon de 100 variétés, représentatif de la variabilité géographique, morphologique et biochimique de la plante a été constitué. Les génomes du maïs et du sorgho présentant une bonne homologie, un ensemble de sondes génomiques de maïs, régulièrement réparties sur les chromosomes de ce dernier, est utilisé pour cette étude. Deux enzymes de restriction ont été retenues pour leur capacité à détecter du polymorphisme. Actuellement, 43 sondes ont été testées : 36 s'hybrident avec l'ADN de sorgho et 33 détectent du polymorphisme avec au moins une des deux enzymes.

Construction of a genetic map of the genome of the banana (*Musa acuminata*)

Sabine FAURE, Diego GONZALEZ DE LEON, Jean-Pierre HORRY *,
Claire LANAUD.

Key words: *Musa*, RFLP, genetic mapping.

Mots-clés: *Musa*, RFLP, cartes génétiques.

As part of CIRAD's breeding effort, RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) analyses have been initiated in the bananas. One of our major aims was the construction of a genetic map of the *Musa acuminata* genome. A provisional linkage map was generated from F2 segregation data (82 individuals) from a cross between a diploid banana cultivar and a wild clone. Using 2 restriction enzymes, 50 % of the probes of two homologous nuclear libraries revealed polymorphism between the two parental clones. So far, the map comprises 27 RFLP loci and 5 isozyme loci. This map is now being extended up to about 130 markers. It will be used to mark important agronomic traits such as the resistance to *Mycosphaerella fijiensis*, causal agent of Black Leaf Streak. In a second phase, two additional maps will be constructed from two segregating populations belonging to groups having different putative structural arrangements. This will provide a basis for the manipulation of sterility in breeding programs using wild and cultivated diploid materials, as well as new insights into the evolution of the banana genome.

Genus *Dactylis* : chromosome image analysis system (CHIAS)

Gaëtan GUIGNARD

Key words: cocksfoot, *Dactylis*, chromosomes, synthetic images.

Mots-clés : *Dactylis*, chromosomes, images synthétiques.

The monospecific genus *Dactylis* is occurring in very various types of habitats. One of the characteristics of this complex being its high degree of both plasticity and adaptability, it is considered as a very important reserve of genes. Chromosome studies are a very important step for the genetic determination of plants, but in that field there is actually a real lack of information about this genus. As it shows some very interesting results in grasslands, the genus *Dactylis* is more and more studied in both applied and basic researches in Japan. Among this genus, diploid *Dactylis glomerata* L. subsp. *himalayensis* Domin. ($2n = 14$) is growing wild in Eurasian and temperate areas, that is to say precisely in Western Himalaya and also in Central China. Because of its genetic characteristics this unit has good promises in Japan ; in order to precise the genetic data of this subspecies a morphological study of the chromosomes began, as another interesting approach of the genetic possibilities of this subspecies.

Chromosomes are observed in the cells of fixed root-tips at metaphase ; in order to eliminate the walls of the cells the apexes are immersed in an enzyme solution, they are later spread on a glass-slide. The dried slide is stained with a **Giemsa** solution.

Precise description of the chromosomes are actually performed with the very recent CHIAS system (Chromosome Image Analysis System) from Tsukuba City (National Institute of Agrobiological Resources, Laboratory of adaptability genes), which was created to analyse plant chromosomes. This computer system can generate synthetic coloured images, further analysed by various specific programs. Compared with classical analyses of chromosomes, this new computer system is characterised by two main points :

- its quickness : metaphases spread on a glass-slide can be directly observed and studied through an usual microscope ;
- its efficiency : it is a man-machine interactive system, that is to say that some routine steps are automatically done (such as measurements, statistics...), but some particular steps have to be decided by the user (such as precise details observed on the chromosomes, corrections of errors due to the techniques of preparation...). Using this chromosome computer system

Laboratoire Botanique, Plasticité et Microévolution, campus Beaulieu, 35042 Rennes cedex, France.

Pasture Plant Breeding Laboratory. National Grassland Research Institute, Nishinasuno Tochigiken, Japan.

a **karyotype** can be obtained in about thirty minutes ; later **idiograms** can be calculated using the different analysed **karyotypes**.

This technique was applied to diploid *Dactylis glomerata* subsp. *himalayensis*. It revealed very interesting details in the morphology of the fourteen chromosomes of this entity.

Recombinaison génétique et **ultrastructure** des chromosomes au cours de la prophase I de la méiose chez *Petunia hybrida*

Mona DARMENCY, Eliane FARCY et Denise ZICKLER *

L'étude **ultrastructurale** des chromosomes, en prophase I de méiose, est effectuée à l'aide du complexe **synaptonémal** formé dans la surface d'appariement au moment où les recombinaisons ont lieu. L'étalement des chromosomes de cellules-mères de pollen par la technique de « **microspreading** » nous a permis une visualisation directe du complexe **synaptonémal** chez *Petunia hybrida*. En effet, chez le pétunia, nous disposons d'un modèle intéressant de régulation génétique de la recombinaison méiotique, dû à la présence du gène **Rml** (recombination modulator) qui induit des augmentations considérables des fréquences de recombinaison (jusqu'à 30 %), en particulier au niveau de marqueurs génétiques très liés. L'analyse de la cinétique d'appariement de plantes **rml/rml** a montré que les chromosomes appariés se séparent plus tôt que dans les plantes **Rml/Rml** (comparaison des droites de régression des taux d'appariement). Par ailleurs, nous avons mis en évidence deux types morphologiques de nodules de recombinaison localisés dans la région centrale du complexe **synaptonémal**. L'étude de la fréquence et de la distribution de ces nodules, nous permet d'établir des cartes chromosomiques de distribution de recombinaisons et d'élaborer des modèles, en tenant compte des paramètres liés à la structure du chromosome, notamment par rapport aux centromères et aux **télomères**.

Approche cytogénétique de la domestication du mil

Nadra KHALFALLAH, Sonja SILJAK-YAKOVLEV *,
Kinh LE THI **, Robert LESPINASSE *, Marie-Thérèse PEIGNE *,
Nasrine BARGHI *, Aboubakry SARR *

L'étude de la domestication du mil a été abordée au GPDP à différents niveaux, dont l'approche cytogénétique qui permet de connaître :

1. La constitution caryotypique des différentes variétés au sein du complexe d'espèces

— Les analyses ont mis en évidence une variabilité *intra* et *intergénéotypique* de la paire portant l'organisateur *nucléolaire*. L'origine et le rôle de la constriction II sur le déroulement de la méiose et les phénomènes de distorsion de ségrégation observés sur les descendances sont discutés.

— Une variabilité, liée à la présence de chromosomes B, a été observée dans une variété sauvage. Le croisement avec différentes lignées cultivées permet l'étude de leur comportement dans des structures génétiques différentes, ce qui a permis de mettre en évidence l'existence d'un mécanisme de gestion des B (élimination en télophase 1 de méiose).

— L'analyse de lignées d'origine *androgénétique* a montré, parmi d'autres modifications chromosomiques, la présence de chromosomes B. L'origine de ceux-ci est discutée en liaison avec l'évolution des séquences répétées.

2. L'organisation génique à travers l'établissement de la cartographie génétique

Dans le but d'obtenir des lignées *aneuploïdes*, l'analyse des plantes tétraploïdes de départ (issues d'un hybride entre deux lignées cultivées) révèle, au travers d'anomalies de méiose et de stérilité, l'existence de différences dans la structure du génome. Cette non concordance entre différenciation structurale des chromosomes et différenciation fonctionnelle est discutée.

Restriction fragment length polymorphism in pearl millet (*Pennisetum glaucum*)

Chunji LIU, John WITCOMBE *, C.T. NASH ** et Mike GALE.

The initial objectives of this project, which is funded by the Overseas Development Administration and supported by the International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, are the construction of a relatively dense RFLP-based linkage map of pearl millet and the identification of « tags » for genes controlling downy mildew resistance, photoperiod insensitivity and other agronomic characters. The project has already involved many other personnel, including Tracy Pittaway, Matthew Nash and Remy Maufrand (Cambridge Laboratory), Carlos Busso and M.N.V. Ratnaji Rao (ICRISAT), and Thierry Robert (Université de Paris-Sud XI — CNRS).

To date, emphasis has been on evaluating the level of polymorphism among adapted millet germplasm and development of the genetic map. A partial Pst 1 generated genomic library consisting of 1 000 clones was constructed. Modified « dot blot » analyses indicated that about 90 % of these are low copy number sequences. More than 400 of these have been screened against six diverse parental genotypes, which are involved in five available F2 populations. A high degree of polymorphism was observed with an average RFLP frequency of 55 %. Mapping is now underway using 140 progenies derived from a single F1 plant of the cross of ICMP 85410 x lgd-1. The map includes 81 loci identified from the analysis of 75 probes. Seventy of these probes detected single loci, another four detected two, and only one detected three. Eight linkage groups have been identified with the largest containing 37 loci.

In addition, 105 probes were used to investigate the feasibility of employing RFLP to determine the systematic relationships among 19 diverse genotypes, consisting of hybrid parents (male-sterile line maintainers and restorer lines) and a range of possible parents. The results indicated that the approach, complemented by cluster analysis, can quantify the differences between parents of released hybrids, and it confirmed or, in two cases, contradicted published parentages. Among other analyses, the results with isogenic pairs for dwarfing genes indicated that, despite many generations of breeding, diversity within the isogenic pairs may still account for very large segments of chromosomes from the donor parents.

Cambridge Laboratory, Colney Lane, Norwich NR4 7UJ, UK.

* Center for Arid Zone Studies, Bangor, Gwynedd LL57 2UW, Wales, UK.

** ICRISAT, Patancheru, Andhra Pradesh, 502 324 India.

Genetic studies of cocoa (*Theobroma cacao* L.) : Usefulness of RAPD

Jeanne N'GORAN KOHI, Olivier SOUNIGO *,
Ange-Marie RISTERUCCI, Claire LANAUD

Mots-clés: *Theobroma*, RAPD.

In order to complement the work done on the mapping of the cocoa genome by RFLP's, a survey was conducted at the BIOTROP laboratory of CIRAD on the usefulness of RAPD markers in the detection of polymorphism in cocoa clones. The amplification reactions were primed by oligodeoxynucleotide 10-mers of arbitrary sequence purchased from Operon Technologies, Inc. The amplification conditions were based on the procedure of Williams *et al.* (1990), with some modifications. First, the best conditions for the amplification reaction were determined by testing the effects of various factors on the stability of the obtained bands. Those factors include the concentration and the quality of DNA, the concentration and the brand of the Taq DNA polymerase and cycling temperature. Preliminary tests show that it is not necessary to purify the cocoa genomic DNA with the CsCl method in order to get a good amplification as it is the case for RFLP's studies. Small amounts of DNA are needed for the amplification reaction (Saiki *et al.*, 1990, Welsh and McClelland, 1990). Consistent patterns are obtained only when the number of copies reaches a certain level. This number is comprised between 500 and 1 000 copies for cocoa whose genome size is $0,39 \times 10^9$ bp (Lanaud *et al.*, in press).

Eighty nucleotide primers were tested. 50 % of those showed polymorphic patterns between the three clones tested, whereas 6 % gave no bands at all.

Some of the polymorphic primers were used on an F1 and its F2 progenies. A chi square goodness of fit test of the hypothesis of a single dominant locus showed that the segregation of some bands fits the 3 :1 ratio of presence *vs* absence. These markers could be considered as single mendelian factors. A total of 20 such factors have been revealed with the first 20 polymorphic primers analysed. Other markers gave a 1 :1 ratio. This class could not be explained as single loci and will not be used for mapping purposes.

The work presented here indicates that RAPD markers could be valuable for cocoa gene mapping and other genetic analyses. Unlike genomic RFLP probes, most primers reveal polymorphisms in cocoa. Some primers reveal so much polymorphism that they could be used for fingerprinting cocoa cultivars.

Bibliographie

- LANAUD C., HAMON P. and DUPERRAY C., 1992 — Estimation of nuclear DNA content of cocoa by flow cytometry. *Café, cacao, thé*, vol. 36, n° 1 : 3-8.
- SAIKI R.K., 1990 — Amplification of genomic DNA. In *PCR protocols : a guide to method and application*. Edited by INNIS A.M., GELFAND D.H., SNINSKY J.J. and T.T WHITE.
- WELSH J. and McCLELLAND M., 1990 — Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, 18 : 7213-7218.
- WILLIAMS J.G.K., KUBELIK A.R., LIVAK K.J., RAFALSKI J.A., TINGEY S.V., 1990 — DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18 : 6531 -6535.

RFLP study of cytoplasmic diversity of cocoa (*Theobroma cacao* L.)

Valérie LAURENT, Ange-Marie RISTERUCCI, Olivier SOUNIGO * et
Claire LANAUD

Key words: *Theobroma*, cytoplasmic diversity, RFLP.

Mots-clés: *Theobroma*, diversité cytoplasmique, RFLP.

RFLP markers are being used to study the genetic diversity of cocoa in conjunction with the IRCC/CIRAD's breeding programs. The present classification of cocoa trees in genetic groups is based on geographical localization and morphological characters (Cheesman, 1944) ; RFLP diversity analyses will allow to refine the present classification and estimate genetic distances in order to help define the crossing strategies in breeding programs.

The cytoplasmic diversity of 150 cocoa clones representing the 3 different genetic groups, Criollo, Forastero and Trinitario, was studied. Eleven cytoplasmic (mitochondrial and chloroplastic) heterologous probes were hybridized on genomic DNA digested by the restriction enzymes, *DraI* and *EcoRI*. The variable bands were identified and used in a factorial analysis of correspondences (Benzecri, 1973). Polymorphism in cytoplasmic DNA has been revealed.

Eleven levels of variable bands were identified which distinguish 31 distinctive patterns of cytoplasmic DNA. The first two axes of the

factorial analysis of correspondence are constructed with the main participation of 9 out of the 10 variable bands analyzed. They explain 71 % of the total variation.

The first plan separates three groups :

- one composed of mostly **Trinitario** and **Criollo**,
- another composed of mostly **Trinitario** and lower Amazon **Forastero**,
- a third composed of a majority of lower and upper amazonian **Forastero**.

Among the **Forastero** group, the probes used do not allow us to separate the lower amazonian clones from those of the upper Amazon region.

This study has shown that **RFLP** markers can provide a better understanding of the evolution of the cocoa tree. Indeed, the distribution of clones on the factorial analysis of correspondences plane fits nearly the morphological classification of cocoa. However, some new informations appear as :

- the relative low variability of the upper amazonian **Forastero** whereas it was the most variable group for nuclear characters such as morphological ones or **isozymes**,
- the important diversification of **Criollo**.

This analysis will be extended to the nuclear level to complete the diversity study of the species and to estimate genetic distances in order to help define the crossing strategies in breeding programs.

Bibliographie

- BENZECRI J.-P.**, 1973 — L'analyse des données. 2 : L'analyse des correspondances, Dunod, Paris, 616 p.
- CHEESMAN E.E.**, 1944 — Notes on the nomenclature, classification and possible relationships of cocoa populations. *Trop. Agric. Trin.*, 21 : 144-59.

Diversité du genre *Ananas* par étude des RFLP

Jean-Louis NOYER et Claire LANAUD

Mots-clés: *Ananas*, RFLP, ADN ribosomique, diversité génétique.

Une étude de la diversité du genre *Ananas* par RFLP est développée pour compléter l'étude déjà réalisée au laboratoire à l'aide de marqueurs isoenzymatiques (Garcia, 1988).

Un échantillon de 73 clones, représentatif de la classification de Smith (1979) a été constitué. Le génome cytoplasmique a été étudié à l'aide de 8 sondes mitochondriales, de 3 sondes chloroplastiques et de 8 endonucléases de restriction. Du polymorphisme a été détecté pour deux sondes mitochondriales associées à l'endonucléase *Hind III*. Deux groupes cytoplasmiques ont été définis. Aucune correspondance n'apparaît entre cette structuration en 2 groupes et l'organisation de la diversité génétique définie à l'aide d'isoenzymes. Aucun lien avec l'origine géographique n'a pu être mis en évidence.

Un autre échantillon de 21 clones également représentatif de la classification a été étudié à l'aide d'une sonde rDNA de blé, couplée avec deux endonucléases de restriction. Les six groupes obtenus confirment en grande partie la classification de Smith. L'espèce *A. comosus* est nettement différenciée des autres espèces. Une liaison entre un type de rDNA et la taille du fruit semble apparaître.

Bibliographie

- GARCIA M-L., 1988 — *Etude taxinomique du genre Ananas. Utilisation de la variabilité enzymatique*. Thèse, Université des Sciences et Techniques du Languedoc, 156 p.
- SMITH L.B., 1979 — *Ananas comosus* (L.) Merr. in *Flora Neotropica* 14: 2048-2064.

Application des marqueurs moléculaires à l'étude des introgressions interspécifiques chez le riz : recherche de marqueurs spécifiques chez *O. longistaminata* et *O. sativa*

Olivier LEBLANC, Philippe MARMEY et Alain GHESQUIERE

Mots-clés : riz, *Oryza*, RFLP, hybridation, introgression.

L'identification de marqueurs spécifiques est une condition préalable pour suivre les introgressions dans les croisements éloignés. Dans cet objectif, différentes souches de l'espèce sauvage de riz *O. longistaminata*, ont été évaluées pour le polymorphisme révélé par RFLP comparativement à un hybride interspécifique F1 (*O. sativa* x *O. longistaminata*) ; les différentes souches représentent la variabilité écogéographique d'*O. longistaminata* et

sont impliquées dans des descendance en back-cross avec cet hybride F1. Un échantillonnage de 42 sondes cartographiées appartenant à une banque génomique de riz a permis de retenir 53 couples enzyme/sonde et d'identifier 29 marqueurs spécifiques ; pour 10 autres sondes une variabilité commune aux deux espèces a été mise en évidence.

La variabilité intraspécifique d'*O. longistaminata* est élevée et 176 fragments différents ont été identifiés. L'utilisation de distances génétiques ne permet pas de mettre en évidence une organisation génétique particulière et montre une forte variabilité intrapopulation, ce qui est en accord avec le mode de reproduction allogame de cette espèce. Compte tenu de l'origine écologique des plantes, la distribution des marqueurs communs avec *O. sauva* ne peut pas être interprétée en termes d'introgressions naturelles avec les riz cultivés et confirme l'isolement reproductif d'*O. longistaminata*. La mise en place d'une population de 26 descendance en autofécondation de back-cross sur *O. longistaminata* représente un matériel original d'une grande variabilité morphologique accompagnée d'une ségrégation pour l'expression des rhizomes ; ces descendance sont particulièrement favorables pour rechercher des marqueurs de ce caractère et suivre les introgressions entre les deux espèces.

Amélioration du riz par la transgénie : résistance contre le « Rice Tungro » au moyen de la « Coat Protein Mediated Resistance Strategy »

Rongda QU, Alexandre DE KOCHKO *, Liangcai LI, Roger BEACHY

Le « Rice Tungro » est une maladie virale du riz qui affecte très sérieusement toute l'Asie du Sud-Est et le sous-continent indien ; elle a été aussi signalée récemment en Chine du Sud. Cette maladie est provoquée par la présence simultanée de deux virus, le Rice Tungro Spherical Virus (RTSV) et le Rice Tungro Bacilliform Virus (RTBV).

Le premier est indispensable au second pour être transmis par les jassides ; par contre c'est le deuxième qui provoque les symptômes les plus graves qui vont jusqu'à la mort de la plante infectée.

Nous avons isolé, cloné et séquencé le génome entier du RTBV qui est constitué par un ADN à double brin d'une longueur totale de 8 000 pb. La protéine de capsid d'un poids moléculaire de 37 kDa est codée par un gène contenu dans une longue phase ouverte de lecture (ORF 3) qui contient également des gènes présumés codant pour une protéinase, une transcriptase reverse et une ribonucléase H. Ni le début ni la fin du gène de la protéine de capsid ne sont connus. Nous savons où commence la séquence corres-

pendant à un produit de dégradation de cette protéine, d'un poids moléculaire de 33 kDa. Par calcul, nous avons estimé le début et la fin de ce gène.

Quatre constructions ont été réalisées ; elles contiennent, outre un promoteur, le 35S du CaMV, et la terminaison 3' du gène de la nopaline synthase :

1. La séquence correspondant au produit de dégradation de la protéine de capsid (33 kDa).
2. Le gène présumé de la protéine de capsid (37 kDa).
3. Le gène présumé de la protéine de capsid (37 kDa), plus une séquence à chaque extrémité ; le produit de cette construction est supposé être un précurseur de la protéine de capsid.
4. La séquence précédente et le gène présumé de la protéinase qui suit celui de la protéine de capsid.

Ces quatre constructions seront introduites indépendamment dans des cellules de riz en culture soit par la technique du micro-bombardement, soit par celle du PEG dans des protoplastes. Après régénération, les plantes transformées sélectionnées, RO, seront testées pour l'intégration de la séquence introduite dans leur propre génome et le niveau d'expression de la protéine de capsid du RTBV. Les plantes transformées de deuxième génération, R I, ayant conservé la séquence du gène de la protéine de capsid, seront testées en serre et en champ pour leur résistance aux deux virus.

Chimiotaxonomie du genre *Zygophyllum* L. (espèces d'Algérie)

Fatma GRIM, Nicole BOUNAGA et Philippe LEBRETON *

Mots clés: flavonoïdes, *Zygophyllum*, chimiotaxonomie, Algérie.

Le genre *Zygophyllum* est représenté dans le Sahara septentrional algérien par le *Z. cornutum* et par un complexe *Z. album*, *geslini*, *gaetulum*. Ce sont des espèces spontanées, très abondantes dans les zones gypseuses, plus ou moins salées ou sableuses. Sauf *Z. album*, les trois autres sont endémiques dans le Maghreb. Elles sont utilisées traditionnellement comme engrais vert et en médecine populaire, essentiellement contre le diabète. Leur effet hypoglycémiant a été confirmé par des travaux pharmacologiques (Poey et

al., 1977), puis infirmé (Aclinou et al., 1988). Ce dernier a signalé une action **hypocholestérolémiant**e de ces plantes.

Il existe sept espèces de *Zygophyllum* en Afrique du Nord, toutes morphologiquement fort semblables. Leur détermination est délicate, basée seulement sur des caractères morphologiques des fruits instables et ténus. Seuls *Z. simplex* et *Z. cornutum* se distinguent nettement, le premier à l'état végétatif par ses feuilles et le second par ses fruits. Leur statut taxonomique varie avec les auteurs.

L'étude a été réalisée sur plusieurs populations par l'analyse des caractères morphologiques, microscopiques et biochimiques.

Les résultats biochimiques sur les composés **flavoniques**, marqueurs taxonomiques reconnus (Harbone, 1977), sont présentés. L'analyse qualitative du contenu **flavonique** confirme la présence de la **quercétine** et d'**isoramnétine** (Saleh et al., 1977), et met en évidence la présence d'un troisième **aglycone flavonique**, le **kaempférol** (Grim, 1991). Ces **aglycones** se trouvent à l'état natif sous forme de **monoside** et de **dioside flavonique**. Les hauteurs de pic (en chromatographie liquide à haute performance) des différents composés sont mesurées, et leur teneur relative calculée. Les teneurs relatives moyennes des glycosides **flavoniques** de huit populations de *Zygophyllum* ont été soumises à l'analyse en composantes principales (ACP).

Cette analyse met en évidence trois groupes de populations : un groupe Ouest (Adrar, Béni-Abbés), un groupe Est (Biskra, Toggourt et El-Oued), et un groupe Est-Centre (Ouargla et El-Goléa). Ce regroupement des populations est assez conforme à la géographie des stations ; il met en évidence une variabilité inter-population. Si nous restreignons notre analyse aux deux molécules principales (D et F) régissant l'axe 1 de l'ACP, on peut constater que le regroupement des populations en trois sous-ensembles est confirmé par le test de Student. Ceci nous permet de distinguer trois classes pour chaque composé : D1, D2 et D3, F1, F2 et F3, respectivement faible, moyen et fort.

Dans un second temps, l'analyse **intra-population** des teneurs relatives de D et F montre qu'il est possible de rencontrer dans chaque population des individus présentant tous les profils définis plus haut (D1,... ; F1,...). Ceci met en évidence l'existence d'un polymorphisme **flavonique** au sein des populations. Ces résultats sont préliminaires. Ils doivent être approfondis ultérieurement, mais ils peuvent déjà être pris en considération pour guider ou orienter les travaux de pharmacologie.

Bibliographie

- ACLINOU P., ABDESSEMED K., MASSIOT G. et LE MEN-OLIVIER L., 1988 — Plantes des Aurès. Structure d'un flavonoïde de *Z. cornutum*. *Plant Medic. Phytoth.* XXII, 4 : 212-218.
- GRIM F., 1991 — Etude biosystématique de populations de *Zygophyllum* L. subsp. d'Algérie. Thèse de Magister, USTHB, Alger, 111 p.
- HARBORNE J.B., 1977 — Flavonoid and evolution of the angiosperms. *Bioch. Syst. Ecol.*, 5 : 7-22.

POEY J., EL-SAIR J., DENINE R., MERAD R., RAHAL M., AL-AMIR B. et SALHI R., 1977 — Effet hypoglycémiant d'une plante saharienne (*Zygophyllum cornutum*) chez le lapin à jeun. *J. Physiol.*, 73, 1, - 53 A.

SALEH N.A.M., 1979 — The biosynthesis of the flavonoids, glycosids and their importance in chemosystematics. *Biochem. Syst. Ecol.*, 7 : 37-45.

Variabilité intra-cultivar du palmier dattier décelée par électrophorèse

Malika BENNACEUR, Robert-Ali BRAC DE LA PERRIERE,
Nicole BOUNAGA

Mots-clés: palmier, cultivars, variabilité, isoenzymes.

L'inventaire du verger phoenicicole rend compte d'une importante diversité variétale dans les palmeraies traditionnelles (Brac de la Perrière et Benkhelifa, 1989). Chaque palmeraie possède sa composition variétale propre. Elle est constituée par le clonage des meilleurs palmiers francs obtenus par semis dans la localité et par l'introduction des cultivars sélectionnés dans d'autres palmeraies (Brac de la Perrière et Bounaga, 1990). La dénomination d'un nouveau cultivar peut être indépendante d'une palmeraie à l'autre.

Les travaux de Bennaceur *et al.* (1991) ont montré que certains systèmes enzymatiques (ADH, ENDO, LAP, PGM, PAC, GOT, DIA) pouvaient être de bons marqueurs pour l'identification des cultivars. Plusieurs échantillons d'un même cultivar (jusqu'à 40) prélevés dans des oasis éloignées de plusieurs centaines de kilomètres ont donné des profils isozymiques identiques.

Sur les 28 cultivars analysés avec répétition, quatre cultivars bien distribués dans les palmeraies algériennes présentent un polymorphisme allélique interne. L'électrophorèse révèle pour chaque cultivar deux types de profils correspondant probablement à un clonage indépendant de deux génotypes. Chaque cultivar étant formellement un clone, en absence de données morphologiques complémentaires, sa variabilité génétique demande à être discutée.

— Pour Hartan et Tazerzayt, les échantillons analysés sont tous issus de la collection de la station INRA. Les variations alléliques concernent respectivement quatre et trois systèmes enzymatiques. Des différences phénotypiques marquées pourraient être attendues. On sait par ailleurs qu'il a été recensé dans les palmeraies du Sud-Ouest trois homonymes de Hartan : Ahartan, Hartan lhorr, Hartan Umazzer. Aucun homonyme de Tazerzayt n'a été identifié.

Hypothèse : La confusion peut être due à l'homonymie des rejets introduits dans la collection. Une erreur de notation au moment de l'implantation ou du prélèvement n'est pas à rejeter.

– Pour **Taqerbucht**, les échantillons analysés sont issus des collections d'Adrar, d'Igli et de jardins particuliers. La variation **allélique** ne concerne qu'un seul système enzymatique. Des variations phénotypiques faibles ou nulles seraient attendues. Dans les palmeraies il existe au moins cinq cultivars partiellement homonymes : **Taqerbucht sefra**, **T. beida**, **T. hamra**, **T. kahla**, **Aqerbucht**. Le cultivar **Taqerbucht sefra**, le plus répandu, est résistant à la **fusariose**.

Hypothèse : Le cultivar **Taqerbucht** est activement multiplié dans les palmeraies contaminées par la **fusariose**. Dans les anciens foyers de **bayoud** où **Taqerbucht** est majoritaire, les cultivateurs exercent une forte pression de sélection sur les palmiers issus de graines, ce qui peut conduire à la sélection de différents clones présentant les caractéristiques phénotypiques majeures de **Taqerbucht**.

– Pour **Ghars**, sur les 17 échantillons analysés provenant de collections ou de jardins particuliers, la variation **allélique** concerne un seul système enzymatique pour un seul individu dans un jardin des palmeraies de l'Est. Des variations phénotypiques faibles ou nulles seraient attendues. Dans les palmeraies de l'Ouest, il a été recensé deux homonymes : **Gharas** et **Aghars**.

Hypothèse : Dans la région où l'échantillon a été prélevé, le cultivar prédomine et il n'a pas été recensé d'homonyme. Pour un nouveau **phoeniculteur**, commerçant ou nomade sédentarisé de plus en plus nombreux dans la région, la confusion avec un palmier issu de graine est possible. Une mutation somatique au cours de la multiplication végétative du clone n'est pas à exclure.

Dans l'étape actuelle de nos analyses, l'existence de variations **intra-cultivar** confirme la présence d'une autre variabilité que celle mise en évidence par les appellations données par les paysans, basées essentiellement sur les caractères morphologiques du fruit et de la graine.

Cette variabilité est à prendre en compte lors de nouvelles prospections des cultivars, pour l'établissement du catalogue **variétal** en cours et dans la sélection des cultivars résistants à la **fusariose**. Par ailleurs, la mise en place de collections vivantes en station expérimentale doit nécessairement tenir compte des marqueurs moléculaires en plus des critères morphologiques.

Cette variabilité pourrait être utilisée pour diversifier génétiquement les palmeraies monoclonales tout en maintenant les standards commerciaux de la qualité **dattière**.

Bibliographie

- BENNACEUR M., LANAUD C., CHEVALLIER M-H. et BOUNAGA N., 1991
— Genetic diversity of the date palm (*Phoenix dactylifera* L.) from Algeria revealed by enzyme markers. *Plant Breeding* 107: 56-69.

- BRAC DE LA PERRIERE R-A. et BENKHALIFA A., 1989 — Identification des cultivars de dattiers (*Phoenix dactylifera* L.) du Sud-Ouest algérien. *FAO/IBPGR Plant Genetic Resources Newsletter*, 78/79 : 13-19.
- BRAC DE LA PERRIERE R-A. et BOUNAGA N., 1990 — Etude du verger phoenicicole d'une palmeraie traditionnelle (Béni-Abbès, Sud-Ouest algérien). I. Inventaire exhaustif et composition variétale. *Rév. Res. Amél. Agr. Milieu Aride*, 2 : 9-18.

Les glycosides flavoniques, marqueurs infra-spécifiques du palmier dattier, *Phoenix dactylifera* L.

Saida OUAFI, Robert-Ali BRAC DE LA PERRIERE,
Nicole BOUNAGA et Philippe LEBRETON *

Mots clés: palmier, chimiotaxonomie, flavonoïdes.

Les caractères du fruit et de la graine sont les descripteurs les plus couramment utilisés pour la détermination des cultivars de dattier. Un certain nombre de ces caractères ne sont pas stables et dépendent du stade phénologique ou des conditions de l'environnement. La recherche de marqueurs biochimiques pour identifier précisément les clones a conduit à s'intéresser aux flavonoïdes, composés issus du métabolisme secondaire, très utilisés dans la chimiotaxonomie des végétaux. Les aglycones flavoniques (flavone-flavonol) sont des marqueurs spécifiques du *Phoenix dactylifera* (Ouafi *et al.*, 1988). Les analyses par chromatographie bidimensionnelle sur couche mince de polyamide des extraits hétérosidiques (C-glycosides et O-glycosides) laissaient suggérer leur rôle en tant que marqueurs infra-spécifiques. L'analyse des profils HPLC semble le confirmer.

Matériel végétal : L'analyse a porté sur des penes de palmes externes de 53 individus appartenant à 9 cultivars de la collection de la station d'Adrar. Les penes sont séchées à l'air libre à l'abri de la lumière vive et de la chaleur.

Préparation des extraits : Deux grammes de poudre végétale sont soumis à une extraction hydro-alcoolique (7/3) pendant 48 heures à température ambiante. L'extrait est récupéré par filtration, évaporé à sec sous pression et repris par l'eau bouillante. De cette solution, les composés hétérosidiques sont extraits à l'aide de n-butanol. L'extrait butanolique réduit à sec est repris par le méthanol pour le traitement chromatographique.

Unité de Recherches sur les Zones Arides, BP 119, Alger Gare, Algérie.

* Laboratoire de Phytochimie, Université de Lyon I, Villeurbanne, France.

Analyse **chromatographique** : Celle-ci est réalisée sur un équipement haute pression et développée sur une colonne C 18. Un tel système permet de détecter les pics correspondants soit à une molécule, soit à quelques molécules de forte **affinité** structurale. Le système **d'éluion** est constitué d'eau **acétonitrile-acide** acétique.

Traitement des données : Les données de base ont été transformées en pourcentage en divisant pour chaque profil individuel la hauteur de chaque pic par la somme des hauteurs de pics. Le traitement statistique des données transformées en classe consiste en une classification ascendante hiérarchique du moment d'ordre 2 et porte sur les 13 pics majeurs.

La classification regroupe de manière bien individualisée les arbres d'un même cultivar. Le premier niveau d'agrégation de deux cultivars se situe à 8,9. Ces cultivars **Agamu** et **Tazerzayt** sont bien distincts **phénotypiquement**. A l'intérieur du groupe **Taqerbucht**, la variabilité est plus importante : le dernier niveau d'agrégation qui pourrait correspondre à deux clones distincts se situe à 12,7. Cette variabilité à l'intérieur du cultivar **Taqerbucht** a déjà été révélée par d'autres caractères moléculaires : les systèmes enzymatiques (**Bennaceur et al.**, 1991). La facilité de prélèvement et de conservation du matériel végétal d'une part, le nombre et la diversité des glycosides **flavoniques** de l'autre en font d'intéressants marqueurs moléculaires pour des palmiers pris dans les mêmes conditions. La stabilité de ces molécules dans le temps et l'espace doit être confirmée.

Bibliographie

- BENNACEUR M.**, **LANAUD C.**, **CHEVALLIER M-H.** et **BOUNAGA N.**, 1991 — Genetic diversity of the date palm (*Phoenix dactylifera* L.) from Algeria revealed by enzyme markers. *Plant Breeding*, 107: 56-59.
- OUAFI S.**, **GACEB-TERRAK R.**, **BOUNAGA N.**, **LEBRETON P.**, 1988 — Les flavonoïdes, marqueurs **infraspécifiques** chez le palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.). *C. R. Acad. Sci.* Paris, T. 306, série III, 399-404.

Organisation reproductive et structure des populations



Analyse préliminaire de quatre systèmes enzymatiques (leucine amino peptidase, glutamine oxaloacétate transaminase, aryl-estérase et xanthine déshydrogénase) chez des populations d'espèces annuelles de *Medicago*

Zohra FYAD-LAMECHE

Neuf populations appartenant à trois espèces annuelles de *Medicago* (*M. truncatula*, *M. orbicularis* et *M. polymorpha*) et provenant d'une prospection réalisée en 1987 par l'IDGC à Sidi-Bel-Abbès ont fait l'objet d'une première analyse par électrophorèse sur gel d'acrylamide continu à 8 % de quatre systèmes enzymatiques (LAP, GOT, EST, XDH).

Les profils électrophorétiques obtenus montrent pour la LAP, dont le déterminisme génétique (deux loci) et la structure (monomère) sont connus chez les espèces de *Medicago*, deux zones de migration.

La plus rapide comporte exclusivement une seule bande pour tous les individus testés, la zone lente, souvent deux bandes, c'est le cas pour les populations (Tru DZ 26A) de *M. truncatula*, (Orbi DZ 12 D, Orbi 240 INA, Orbi DZ 23B, Orbi B 447) de *M. orbicularis*.

Le système GOT ne présente aux deux loci mis en évidence que des homozygotes.

Les estérases, aux deux loci dont les bandes sont clairement visibles, montrent des individus qui sont en majorité des hétérozygotes (trois bandes) la forme active dans ce cas étant un dimère.

La XDH ne présente qu'une seule bande pour toutes les espèces et toutes les populations et un seul niveau de migration.

Pour les quatre systèmes enzymatiques il n'y a pas de variation intraspécifique, les niveaux de migration sont les mêmes pour tous les individus d'une même espèce. Certains loci sont caractéristiques de l'espèce comme le locus (LAP2), alors que d'autres peuvent être communs à plusieurs espèces (locus XDH).

La comparaison de ces résultats avec ceux obtenus antérieurement sur d'autres populations montre que le nombre des hétérozygotes par locus est relativement plus élevé dans ces populations que celles précédemment étudiées. Cependant on retrouve ici aussi une grande homogénéité intraspécifique.

figure ; il n'y a pas de différences entre des individus de différentes populations d'une même espèce. Cette structure semble caractériser les espèces spontanées annuelles du genre *Medicago* que nous avons étudiées.

Diversity, polyploidy and evolution in the genus *Bromus* L. sect. *Bromus* Sm. (*Poaceae*)

Malika AINOUCHE et André HUON*

Mots-clés: *Bromus*, polyploïdie, allozyme.

Colonizing species, essentially self-pollinating, are frequent in the genus *Bromus* L. They are of great interest because they display a wide range of evolutionary pathways, which allow both territorial expansion and adaptation to environmental perturbations.

Several ruderal annual species such as *Bromus hordeaceus* L., *B. lanceolatus* Roth., *B. squarrosus* L. and *B. intermedius* Guss., of the section *Bromus* Sm., are well represented in North Algeria, which is our studied area.

B. intermedius and *B. squarrosus*, both diploids, are limited to mountainous humid or subhumid localities, while *B. hordeaceus* and *B. lanceolatus*, tetraploids, have a large geographic range from coastal to saharian Atlas.

Fourty populations belonging to these four species are sampled in different ecological situations and examined at morphological, chromosomal and biochemical levels.

Morphological data allow to bring out and characterize phenotypical groups corresponding to taxonomical units. Population variability is also shown, linked with their environmental origin.

Cytogenetic analysis is in agreement with previously known ploidy levels of these species ($2x = 14$; $4x = 28$) ; it reveals in both diploids and tetraploids regular meiotic configurations (respectively 7 and 14 ring bivalents).

Electrophoretic survey of several enzyme systems indicate at different loci both low level of allozyme variation and high homozygosity within diploid populations, related with their predominantly self-breeding system.

On the other hand, the two selfing tetraploid species exhibit in most cases fixed heterozygous (non segregating) phenotypes, characteristics of allopolyploidy with disomic inheritance. In this case, heterozygosity is the result

Laboratoire de Génétique Ecologique, ISN, USTHB, Bab Ezzouar, Alger, Algérie.

* Laboratoire de Botanique, Plasticité et Microévolution, Campus scientifique de Beaulieu, 35042 Rennes cedex, France.

of duplicate gene expression, revealed by different alleles of the two diploid ancestor **genomes**. The molecular diversity available to such **polyploids** may confer a greater tolerance to environmental variation and progressive adaptation to new conditions.

The different strategies evolved by these species are discussed : breeding system (predominant self-fertilization), phenotypic plasticity (particularly at the morphological level), and genetic diversity induced and maintained by **allopolyploidy**.

Utilisation de la **cytométrie en flux** pour l'identification rapide du niveau de **pléidie** au sein de *Dioscorea cayenensis-rotundata*

Jeanne **ZOUNDJIHEKPON**, Perla **HAMON ***, Serge **HAMON ****,
C. **DUPERRAY ***** et Bakary **TIO TOURE**

En Afrique de l'Ouest, *Dioscorea cayenensis-rotundata* est l'igname cultivée la plus consommée. Originnaire de cette région, leur diversité génétique a été étudiée à l'aide des caractères morphologiques et **isozymiques** par Hamon *et al.*, 1986 ; Hamon P., 1987 ; Hamon P. et Touré, 1990. Ainsi, 20 groupes variétaux ont été définis.

Les études cytologiques ont permis de mettre en évidence des groupes variétaux tétraploïdes, **hexaploïdes** et un **octoploïde** avec $x = 10$ (Zoundji-hépon *et al.*, 1990). Le dénombrement chromosomique ne peut se faire que sur un nombre très limité d'échantillons ; aussi avons-nous utilisé la technique de **cytométrie** en flux pour l'identification rapide du niveau de **pléidie** des ignames cultivées africaines en collection vivante au champ.

Les études ont été effectuées sur 22 échantillons de *Dioscorea cayenensis-rotundata* collectés en Côte d'Ivoire. La variété **Krenglé** dont on connaît le niveau de **pléidie** a été utilisée comme témoin.

Une jeune feuille est finement découpée dans 1 ml de tampon (10 ml de Macro MS ; 9,1 g de sorbitol ; 0,56 g de **thioglyconate** de sodium ; ajuster à pH 7,1 avec du **KOH** et compléter avec de l'eau distillée, **qsp** 100 ml). 0,5 ml de la suspension filtrée est prélevé et mélangé à 40 ml de triton — 10 % et 80 ml d'iodure de **propidium** à 1 mg/ml.

Laboratoire de génétique, Faculté des Sciences et Techniques, 22 BP 582 Abidjan 22, Côte d'Ivoire.

* CIRAD/ IRAT, BP 5 035, 34 032, Montpellier, France.

** ORSTOM, BP 5 045, 34 032, Montpellier, France.

*** INSERM, Service commun de **cytométrie** en flux, U 291, 99 rue Puech Villa, 34 090, Montpellier, France.

Un appareil du type FAC Scan, Becton Dickinson, Mountain View, CA et un laser Argon 15 mW à 488 nm ont été utilisés. L'index d'ADN est lu sur 1 000 à 2 000 noyaux par échantillon.

Les échantillons étudiés appartiennent à onze groupes variétaux. Ils se répartissent en 4 niveaux d'index d'ADN allant de 204 à 455 13 u.a. (Tableau 1). Treize échantillons possèdent une teneur en ADN de 270 25 u.a. ce qui correspond au niveau tétraploïde déterminé par le dénombrement chromosomique. Les hexaploïdes ont un index d'ADN de 380 35 u.a. en moyenne, tandis qu'un seul échantillon possède un index de 455 13 u.a. et correspond à l'octoploïde. Nous constatons que le doublement du nombre de chromosome de 4 x à 8 x ne s'accompagne pas d'un doublement de la teneur en ADN. Ceci nous permet de penser que deux génomes de taille différente pourraient être à l'origine de l'échantillon octoploïde.

Les groupes variétaux Kangba, Krandoufou et Baniakpa sont polymorphes sur le plan de la teneur en ADN.

Quatre échantillons ont un index d'ADN inférieur à celui des tétraploïdes. S'agit-il d'un index correspondant au niveau 2 x, 3 x ou 4 x de l'un ou l'autre des deux génomes ? Des dénombrements ultérieurs bien ciblés nous permettront de répondre à cette question.

Tableau 1 : Relation entre l'index d'ADN et le niveau de ploïdie chez *Dioscorea cayenensis-rotundata*

Groupes variétaux	Teneur en ADN			
	204±24	270±25	380±35	455± 13
Kangba	1	1	2	
Cocoassié	2			
Krandoufou	1	2		
Frou		2		
Zrézrou		3		
Baniakpa		1	1	
Lokpa		1		
Krenglé		2		
Dahomé		1		
Sammancou			1	
Yaobadou				1
Correspondance avec le niveau de ploïdie		4x	6x	8x

La technique de cytométrie en flux est efficace et donne de bons résultats reproductibles. Elle a permis de confirmer l'existence d'une série polyploïde chez les ignames cultivées d'Afrique de l'Ouest.

Elle montre que le passage de 4 x à 8 x ne s'accompagne pas d'un doublement de la teneur en ADN ; ceci pourrait indiquer que deux génomes sont probablement intervenus dans l'évolution du complexe *D. cayenensis-rotundata*.

Quatre échantillons ont un index d'ADN inférieur à celui correspondant aux tétraploïdes et méritent donc un comptage chromosomique dans le but de déterminer avec exactitude leur degré de ploïdie.

Bibliographie

- HAMON P., 1987 — Thèse de Doctorat d'Etat, Université de Paris-Sud, 247 p.
 HAMON P., HAMON S. et TOURE B., 1986 — IBPGR/FAO (ed.) Italie, 63 p.
 HAMON P. et TOURE B., 1990 — *Euphytica*, 46 : 101 - 107.
 ZOUNDJIHEKPON J., ESSAD S. et TOURE B., 1990 — *Cytologia*, 55: 115-120.

Dispersion d'un gène cytoplasmique de résistance à l'atrazine à partir d'une culture de millet (*Setaria italica*) résistant

Xavier REBOUD, Claire LAVIGNE, Fernand VEDEL *,
 Irène TILL-BOTTRAUD

Mots-clés: herbicide, atrazine, résistances, flux de gènes, *Setaria*.

Le complexe d'espèces des *sétaires* comporte un compartiment cultivé (le millet des oiseaux : *Setaria italica*) et un compartiment sauvage dans lequel certaines espèces sont des adventices (par exemple *Setaria viridis*). Le principal obstacle à l'hybridation entre ces deux compartiments est un taux d'autogamie très élevé de l'ordre de 99 %. La résistance chloroplastique à l'atrazine a été introduite dans une variété cultivée par croisement et backcross avec une population sauvage spontanément résistante.

De manière générale, l'introduction de gènes cytoplasmiques est une des solutions envisagées pour diminuer les risques liés à l'utilisation de cultures transgéniques : n'étant, en effet, pas transmis par le pollen dans une majorité d'espèces, ces gènes ont une plus faible probabilité d'être transférés aux espèces sauvages.

Pour évaluer les risques de dispersion de tels gènes au sein du complexe des *sétaires*, nous avons récolté des hybrides naturels entre millet cultivé et sauvage au cours de prospections en 1988 et 1989 dans des champs de millet du Maine et Loire, et nous avons recherché l'origine de leurs gènes cytoplasmiques (origine maternelle).

Après ultracentrifugation de l'ADN total sur un gradient de chlorure de césium, l'ADN chloroplastique a été récupéré et mis à digérer par des enzymes de restriction. Les patrons RFLP obtenus avec *EcoRI* ont montré

Laboratoire d'Evolution et Systématique Végétales, Bât. 362, UA 121 CNRS, Université Paris-Sud XI, 91405 Orsay cedex, France.

* Laboratoire de Génétique moléculaire des Plantes, Bât. 360, UA 115 CNRS, Université Paris-Sud XI, 91405 Orsay cedex, France.

un polymorphisme permettant de différencier les chloroplastes des variétés cultivées de ceux des plantes sauvages. L'origine maternelle des hybrides a ainsi pu être déterminée.

Parmi les hybrides étudiés, les deux origines maternelles (sauvage et cultivée) étaient représentées mais la prédominance du pollen de type cultivé au dessus du champ favorise vraisemblablement les croisements sur parent maternel sauvage (cinq hybrides sur les six étudiés).

L'hybride possédant un cytoplasme d'origine cultivée indique que la résistance peut dès la première année quitter le compartiment cultivé. Ce type d'hybrides est donc une source possible de dispersion du gène de résistance. Des simulations sur ordinateur montrent que de tels risques sont d'autant plus importants que l'espèce à laquelle on a affaire est **allogame** et qu'elle possède des parents proches dans les zones de culture.

Bibliographie

TILL-BOTTRAUD I., REBOUD X., BRABANT P., LEFRANC M., RHERISSI B., VEDEL F., DARMENCY H., 1991 — **Outcrossing** and hybridization in wild and cultivated foxtail millets : consequences for the release of **transgenic** crops. Soumis à *Theor. Appl. Genet.*

Déterminisme, plasticité et structuration géographique de la variabilité pour le cycle de vie chez les betteraves sauvages (*Beta vulgaris* subsp. *maritima*)

Pierre BOUDRY et Henk VAN DIJK

Mots-clés: annualité, **bisannualité**, pérennité, *Beta*, écologie, développement.

Problématique :

On définit de manière générale trois principaux cycles de vie chez les végétaux : annuel, bisannuel et pérenne. Cette classification est fondée sur l'année de première floraison (précocité de reproduction) et la possibilité ou non de survie après cette première floraison (**semelparité**/**itéroparité**). Lorsque

l'on rencontre de la variabilité pour le cycle de vie au sein d'une espèce, on est amené à se poser les questions suivantes :

- Quelle est la démographie des populations naturelles ?
- Comment est structurée la variabilité observée ?
- Quels sont les facteurs responsables de l'existence de cette variabilité et de son éventuel maintien dans les populations naturelles ?
- Quelles sont les bases génétiques de la variabilité observée ?

La situation chez les betteraves :

Les betteraves, cultivées et sauvages, présentent des formes annuelles, bisannuelles et pérennes. Cette diversité, présente au sein des populations françaises, s'explique par une grande variabilité génétique (pour le besoin de vernalisation et la précocité de floraison) et une plasticité phénotypique importante. Cette dernière est liée aux mécanismes physiologiques de l'induction florale, fortement influencés par les facteurs du milieu (photopériode et température).

Le besoin ou non d'une période de vernalisation pour permettre la floraison est déterminé par le gène majeur du «bolting» (montaison). Le non besoin de vernalisation est dominant. L'étude de la structuration géographique de la variabilité pour ce caractère montre une différenciation entre les populations littorales et les populations à l'intérieur des terres, et un cline **nord/sud**. La précocité de première floraison des plantes sans besoin de vernalisation est très variable et fortement **héritable**. Une grande précocité semble liée à un cycle annuel strict (**sémelpare**). Quant aux plantes qui nécessitent une période de vernalisation pour fleurir, la durée minimale de cette période est variable suivant l'âge de la plante et son origine géographique. L'ensemble de ces plantes sont pérennes et seules les formes cultivées semblent avoir été indirectement sélectionnées pour la **bisannualité**.

L'interaction entre les caractères de cycle de vie mentionnés ici et l'environnement est très forte. Si on associe à ces éléments une variabilité environnementale pour le moment de la germination (automne ou printemps) et pour l'espérance de vie, on obtient une situation démographique et génétique complexe qui permet le maintien de polymorphisme non seulement au niveau **interpopulation**, mais également au niveau **intrapopulation** (notamment pour le gène du « bolting »).

Analyse de la variabilité génétique des écotypes marocains du genre *Medicago*

Ahmed BIROUK et A. EL MOUSADIK *

Les techniques d'**électrophorèse** ont été mises au point sur gel de **polyacrylamide** à partir des extraits foliaires de quinze espèces annuelles du genre *Medicago*. Elles ont permis l'étude du polymorphisme de quatre systèmes

enzymatiques (β -amylase, leucine-amino-peptidase, estérase et peroxydase). L'interprétation des zymogrammes a révélé l'existence de cinq locus monomériques et polymorphes.

La classification des espèces, basée sur les données enzymatiques, est partiellement concordante avec la classification botanique.

L'identification des espèces s'est avérée possible à l'aide des estérases. Le système β -amylase combiné à l'un des systèmes Lap ou Prx permet de lever la difficulté d'identification des espèces de *Medicago*, y compris entre les espèces morphologiquement très proches.

La distribution géographique des allèles a été clairement observée chez les écotypes de *M. aculeata*.

La structure génétique des écotypes spontanés apparaît globalement présenter des niveaux de polymorphisme très semblables à ceux des variétés sélectionnées. Toutefois, l'identification « variétale » est possible pour la plupart des cultivars grâce aux variations de fréquences alléliques et à la présence d'allèles rares et/ou caractéristiques.

Analyse du polymorphisme enzymatique et protéique des cultivars marocains du palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.)

Saïd FAKIR, Jacques CAR BONNIER * et Ahmed BIROUK **

L'identification des cultivars marocains du palmier dattier a été principalement basée jusqu'à présent sur la morphologie du fruit. La recherche de marqueurs protéiques et enzymatiques devient une nécessité avec le développement de la culture *in vitro* et la sélection de génotypes résistants à la fusariose du dattier.

Cette étude vise une analyse préliminaire de la variabilité génétique des cultivars marocains du palmier, dattier au moyen de l'électrophorèse des protéines sur gel de polyacrylamide.

Le matériel végétal étudié a été collecté dans différentes palmeraies du sud marocain. Les extraits protéiques ont été obtenus à partir du pollen de 18 génotypes mâles et des tissus de l'albumen des graines de 20 variétés-clones femelles.

Au niveau du pollen, deux systèmes enzymatiques se sont révélés d'un polymorphisme élevé : les estérases avec 24 sites de bandes et les glutamate-oxaloacétate-transaminases qui présentent 13 sites de bandes au total. Les

IAV Hassan II, Département d'Horticulture, BP 6202, Rabat, Maroc.

* Laboratoire de Chimie du MNHN, 63 Rue Buffon, 75005 Paris, France.

** IAV Hassan II, Laboratoire de Phytogénétique, BP 6202, Rabat, Maroc.

phénotypes enzymatiques obtenus sont stables au cours de la conservation du pollen à 4 °C et permettent chacun l'identification des génotypes étudiés.

Au niveau des **protéinogrammes** de l'albumen aucune variabilité notable n'a été enregistrée au sein d'une même variété fécondée par 8 types de pollen différents, alors que la variabilité **interclonale** s'est révélée très importante, permettant de caractériser les 20 **variétés-clônes** étudiées. Un maximum de variabilité a été obtenu par **l'électrophorèse** en système discontinu de protéines natives alors que l'analyse des protéines dénaturées en **SDS-PAGE** ne révèle que des variations minimales entre **protéinogrammes de variétés-clônes** différentes.

Analyse biométrique de la variabilité quantitative de caractères morphologiques de 21 populations du complexe d'espèce *Hedysarum spinosissimum* L. dans quatre pays du bassin méditerranéen occidental

Hedi BAATOUT et Mohamed MARRAKCHI *

Mots-clés: *Hedysarum*, variabilité, populations végétales.

Plusieurs échantillons de populations naturelles de deux sous-espèces du genre *Hedysarum* (1) originaires de Tunisie, Algérie, Maroc et du sud de la France, dont l'une est allogame (*H. spinosissimum* subsp. *capitatum*) et l'autre autogame (*H. spinosissimum* subsp. *euspinosissimum*), ont fait l'objet d'études portant sur la variabilité de 37 caractères quantitatifs se rapportant à l'appareil végétatif et à l'appareil reproducteur.

Des tests statistiques et diverses analyses multidimensionnelles (2, 3) sont utilisés pour analyser et comprendre la structure de la variation génétique de ces populations. Les variations génétiques et phénotypiques à l'intérieur et entre les populations ont été quantifiées. Des différences significatives entre populations sont mises en évidence pour un nombre de caractères plus important chez la **subsp. *euspinosissimum*** que chez la **subsp. *capitatum***. Pour la majorité des 37 caractères quantitatifs, les différences entre les moyennes des populations ont été plus élevées chez les **autogames** que chez les **allogames**. Des variations génétiques significatives entre les populations ont été trouvées pour pratiquement tous les caractères chez les deux sous-espèces, mais la variabilité à l'intérieur des populations a été plus élevée chez les **allogames**, avec présence d'hétérogénéité parmi les caractères. La comparaison des variabilités des deux sous-espèces telles qu'elles sont présentées par les analyses en composantes principales permet de mettre en évidence une divergence importante entre ***capitatum*** et ***euspinosissimum***, et ceci quelles que soient leurs origines géographiques. La variation des caractères (de l'appareil végétatif et de l'inflorescence) étudiés dans les populations est principalement géographique, car les différents regroupements des po-

Laboratoire d'Histologie, Embryologie et Biologie Cellulaire, Faculté de Médecine, 9 rue Z. Essafi, 1006 Tunis, Tunisie.

* Laboratoire de Génétique, Faculté des Sciences, 1060 Tunis, Tunisie.

pulations obtenus au sein de chaque sous-espèce se sont opérés soit en fonction de leurs rapprochements géographiques, soit en fonction de leurs localisations dans des conditions environnementales optimales (4).

En résumé, nous avons pu ainsi mettre en évidence une importante variabilité génétique des populations en fonction de l'origine géographique et une organisation de ces populations en relation avec les systèmes de reproduction (5), une plus forte variabilité des populations de Tunisie et surtout d'Algérie, et une différenciation plus accentuée des populations de l'autogame *H. euspinosissimum* que celles de l'allogame *H. capitatum*.

Bibliographie

- (1) BAATOUT H., BOUSSAID M., COMBES D., ESPAGNAC H. et FIGIER J., 1976 — Contribution à la connaissance du genre *Hedysarum* en Tunisie. *Bull. Soc. Sci. Nat. Tunisie*, 11: 87-95.
- (2) LEBART L., MORINEAU A. et TABARD N., 1977 — *Techniques de la description statistique. Méthodes et logiciels pour l'analyse des grands tableaux*. Dunod, Paris.
- (3) DIXON W.J., 1981 — *BMDP statistical software*. University of California Press. Berkeley, Los Angeles, London.
- (4) BAATOUT H., 1982 — Analyse du polymorphisme dans le complexe *Hedysarum spinosissimum* L. *Bull. Soc. Bot. Fr.*, 129, 2: 155-165.
- (5) BAATOUT H., COMBES D. et MARRAKCHI M., 1991 — Reproductive system and population structure in two *Hedysarum* subspecies. I. Genetic variation within and between populations. *Genome*, 34: 396-406.

Divergence génétique et polymorphisme enzymatique de 21 populations appartenant à quatre taxons du genre *Hedysarum*

Hedi BAATOUT, Wided-Saloua CHATTI *, Neila TRIFI-FARAH ** et
Mohamed MARRAKCHI ***

Mots-clés: *Hedysarum*, isoenzymes, diversité génétique.

Le développement des techniques d'électrophorèse a permis l'analyse de la variabilité génétique au niveau des enzymes. Pour qualifier le polymorphisme enzymatique, nous avons utilisé plusieurs paramètres de génétique des populations (nombre moyen d'allèles par locus ; taux de locus polymorphes, indice de diversité génétique de Nei, distance génétique...).

Laboratoire d'Histologie, Embryologie et Biologie Cellulaire, Faculté de Médecine, 9 rue Z. Essafi, 1006 Tunis, Tunisie.

* Laboratoire de Génétique, Faculté des Sciences de Bizerte, Tunisie.

** Laboratoire de Biologie, Institut National de Recherche Scientifique et Technique, Borj-Cedria, Tunisie.

*** Laboratoire de Génétique, Faculté des Sciences, 1060 Tunis, Tunisie.

L'étude du polymorphisme des **isoenzymes**, tout particulièrement par l'**électrophorèse** unidimensionnelle, a permis aux généticiens des populations de chercher à rendre opérationnel le concept de « distance génétique » (1). Dans cette étude, nous avons abordé l'étude de la variation génétique de 21 populations naturelles appartenant à 4 taxons du genre *Hedysarum* originaires de Tunisie (2). Cette étude est basée sur l'analyse du polymorphisme enzymatique de 6 systèmes enzymatiques (3) : PGM, PGI, IDH, ADH, MDH et PGD. Les relations phylogénétiques entre *H. coronarium*, *H. carnosum*, *H. spinosissimum* subsp. *capitatum* et *H. spinosissimum* subsp. *euspinosissimum* sont discutées.

Plusieurs paramètres de génétique des populations utilisant les fréquences alléliques des II locus mis en évidence nous ont permis de décrire la variabilité génétique **intra-population** et la structuration d'ensemble des 21 populations étudiées. Concernant la présence **et/ou** l'absence de différenciation génétique entre les divers taxons, les **dendrogrammes** obtenus à partir des matrices des distances génétiques montrent que *H. coronarium*, *H. spinosissimum* subsp. *capitatum* et *H. spinosissimum* subsp. *euspinosissimum* présentent plus d'affinités moléculaires au niveau des **isoenzymes** entre elles qu'avec *H. carnosum*. Par l'utilisation de diverses autres analyses multidimensionnelles telles que l'A.C.P. et l'A.F.D. (4, 5), nous avons pu ainsi mettre en évidence que des locus appartenant aux systèmes enzymatiques IDH et PGD différencient nettement d'un côté *H. carnosum* et d'un autre côté le groupe constitué par *H. coronarium* et les deux sous-espèces d'*H. spinosissimum*.

Bibliographie

- (1) NEI M., 1972 — Genetic distance between populations. *Amer. Nat.*, 106: 283-293.
- (2) BAATOUT H., BOUSSAID M., COMBES D., ESPAGNAC H. et FIGIER J., 1976 — Contribution à la connaissance du genre *Hedysarum* en Tunisie. *Bull. Soc. Sci. Nat. Tunisie*, 11: 87-95.
- (3) TRIGUI N., SANDMEIER M., SALANOUBAT M. et PERNÈS J., 1986 — Utilisation des données enzymatiques et morphologiques pour l'étude des populations et de la domestication des plantes. I : Séparation et identification génétique d'isozymes chez le mil (*Pennisetum typhoides* Bur. Stapf. et Hubb.) *Agronomie*, 6 (9): 779-788.
- (4) BAATOUT H., MARRAKCHI M. et PERNÈS J., 1990 — Electrophoretic studies of genetic variation in natural populations of allogamous *Hedysarum capitatum* and autogamous *Hedysarum euspinosissimum*. *Plant. Sci.*, 69 : 49-64.
- (5) BAATOUT H., MARRAKCHI M. et COMBES D., 1991 — Genetic divergence and allozyme variation within and among populations of *Hedysarum spinosissimum* subsp. *capitatum* and subsp. *spinosissimum* (Papilionaceae). *Taxon*, 40 (2) : 239-252.

Variabilité morphologique et polymorphisme enzymatique chez trois espèces du genre *Lathyrus* L.

Nedia BEN BRAHIM, Mohamed BOUSSAID * et
Mohamed MARRAKCHI **

Mots-clés: *Lathyrus*, variabilité, estérase, phosphatase acide, populations végétales.

Dans de nombreux pays méditerranéens (France, Maroc, Espagne), d'énormes efforts sont déployés pour l'évaluation génétique et la conservation d'espèces alimentaires ou fourragères du genre *Lathyrus* (Kaul *et al.*, 1982 ; Jackson *et al.*, 1984 ; Chaieb *et al.*, 1985).

En Tunisie, ce genre est représenté par 15 espèces spontanées et **subspontanées**, annuelles ou pérennes (Pottier-Alapetite, 1979), diploïdes ($2n = 14$) ou tétraploïdes ($4n = 28$). Seule l'espèce *L. sativus* (domestication locale ou introduction ?) est cultivée traditionnellement et d'une façon sporadique en Tunisie méridionale.

Ce patrimoine **phytogénétique**, soumis à de nombreuses agressions (caprices du climat, surpâturage, herbicides...), est menacé de disparition. La première étape d'une recherche visant sa sauvegarde a consisté en l'analyse de la variabilité génétique de 9 populations appartenant aux espèces *L. cicera*, *L. ochrus* et *L. articulatus* cultivées dans des conditions homogènes. Chaque espèce est représentée par 3 populations d'origines géographiques différentes.

La variabilité morphologique a été appréciée par l'analyse statistique de 14 caractères morphologiques observés à différents stades du développement des plantes. L'analyse canonique discriminante a permis la caractérisation de groupes de populations plus ou moins distincts au sein de chaque espèce. Le regroupement est expliqué en partie par le régime de reproduction de l'espèce considérée et l'origine géographique des populations (Ben Brahim, 1990). L'établissement du **dendrogramme** des indices de proximité (Pernès, 1984) regroupant les 9 populations des 3 espèces révèle une séparation de *L. ochrus* des 2 autres, *L. cicera* et *L. articulatus*. Chez ces dernières, un regroupement préférentiel des populations appartenant aux 2 taxons a été observé.

L'analyse des **électrophorogrammes** des **phosphatases** acides et des estérases effectuée sur des extraits des feuilles de plantules issues des différentes populations a mis en évidence un polymorphisme **intra et interspécifique** important qui corrobore celui observé par les analyses **multivariées**. Des affinités entre espèces de la même section ont été constatées ; *L. ochrus* et *L. articulatus* de la section *Clymenum* ont des **zymogrammes** types comparables.

Institut National de la Recherche Agronomique de Tunis, Tunisie.

* Faculté de Pharmacie de Monastir, Tunisie.

** Faculté des Sciences de Tunis, Tunisie.

Bibliographie

- BEN BRAHIM N., 1990 — *Biologie florale et variabilité morphologique et enzymatique chez trois espèces de Lathyrus : L. cicera, L. articulatus et L. ochrus* D. C. Thèse de 3^e cycle, Faculté des Sciences de Tunis, Tunisie.
- CHAIEB A., DELBOS M., COMBES D., 1985 Preliminary studies on the genetic variability of three perennial species of *Lathyrus* (*L. tuberosus* L., *L. sylvestres* L. and *L. latifolius* L.) : chromosomal and reproductive aspects. *Coll. Lathyrus and Lathyrism*. pp. 98-104. Pau, France.
- JACKSON M.T., YUNUS A.G., 1984 — Variation in the grass pea (*Lathyrus sativus* L.) and wild species. *Euphytica*, 33: 549-559.
- KAUL A.K., ISLAM M.Q., HAMID A., 1985 — Screening of *Lathyrus* germplasm of Bangladesh for BOAA content and some agronomic characters. *Coll. Lathyrus and Lathyrism*. pp. 130-141. Pau, France.
- POTTIER-ALAPETITE G., 1979 — *Flore de la Tunisie. Angiospermes. Dicotylédones. Apétales. Dialypétales*. Imprimerie officielle de Tunisie.

Analyse de la variabilité morphologique chez *Hedysarum flexuosum* L.

Mohamed BOUSSAID *, Najah BEN FADHEL et
Mohamed MARRAKCHI

Hedysarum flexuosum est une légumineuse à vocation fourragère. Elle est diploïde ($2n = 16$), préférentiellement allogame et très proche morphologiquement de *Hedysarum coronarium* ou *sulla*.

Elle pousse spontanément en Algérie et au Maroc. De nombreuses prospections effectuées dans les régions voisines de la frontière algérienne n'ont pas permis de repérer cette espèce en Tunisie.

Des populations issues de semences récoltées dans quatre stations au Maroc (région de Tétouan-Tanger) et dans une en Algérie (région d'Alger) ont été cultivées dans un terrain expérimental à Tunis. L'étude comparative de ces populations à l'aide de l'analyse en composantes principales effectuée sur des caractères biométriques et la construction des ellipses de confiance représentant les différentes populations ont permis de mettre en évidence des groupes de populations phénotypiquement distincts selon leur origine géographique. Les ellipses de confiance des populations d'origine marocaine, plus ou moins chevauchantes entre elles, se distinguent nettement de celles regroupant les individus de la population algérienne.

Faculté des Sciences de Tunis, Tunisie.

* Faculté de Pharmacie de Monastir, Tunisie.

L'analyse du polymorphisme de cinq systèmes enzymatiques (GOT, ADH, ICD, EST, MDH) par électrophorèse sur des graines en germination a affiné les résultats de l'analyse morphologique. La comparaison des zymogrammes (nombre de bandes, calcul des indices de similarité et de polymorphisme) a révélé une variation intra et inter-population importante pour chaque système analysé. L'établissement d'un dendrogramme à partir des calculs des distances génétiques de Nei entre les populations pour l'ensemble des systèmes enzymatiques étudiés met en évidence des groupes de population qui se scindent par des distances variables.

Il existe donc au sein de cette espèce une diversité génétique importante pouvant contribuer à la mise en place des programmes d'amélioration de sa culture et de son exploitation.

Les orges tunisiennes : prospection et évaluation

Farhat CHIBANI et Mohamed MARRAKCHI *

Mots-clés: *Hordeum*, variabilité, hordéines.

Depuis les temps les plus éloignés, la Tunisie est considérée comme un pays à vocation agricole. En effet, dès la période carthaginoise, l'agriculture était très développée et avait atteint son apogée avec l'arrivée des Romains, ce qui a emmené les historiens à la qualifier de « grenier de Rome » (Arnoulet, 1965).

A travers son histoire, la Tunisie a toujours été une terre de transition et ainsi a probablement connu des cultivars traditionnels présentant un niveau de variabilité assez élevé.

Ces cultivars locaux, qui sont mieux adaptés et plus résistants aux différentes agressions mais moins productifs, sont de plus en plus abandonnés et doivent être collectés et préservés car ils constituent un important réservoir de richesse génétique indispensable pour les programmes futurs d'amélioration.

Dans cette optique, des prospections dans différentes régions du territoire tunisien ont été réalisées, au cours desquelles 137 accessions d'orge ont été collectées. Ces collectes sont faites généralement dans les milieux ruraux et accompagnées d'une enquête auprès des paysans concernant l'origine des semences, le mode de culture, le rendement par ha, etc.

Centre de Biologie et des Ressources Génétiques, INRST, BP 95-2050, Hammam-Lif, Tunisie.

* Laboratoire de Génétique, Faculté des Sciences de Tunis, Tunisie.

Au cours de ces prospections, seule l'orge à six rangs (*Hordeum vulgare* subsp. *hexastichum*) a été rencontrée. Elle montre une grande variabilité pour plusieurs caractères morphologiques.

L'évaluation d'une partie de ce matériel collecté a été entreprise. Elle a été faite selon deux approches : biométrique et biochimique.

Les résultats obtenus (Chibani, 1991) montrent que les orges locales manifestent une diversité très importante. Ces orges se répartissent en groupes bien distincts caractérisés par des variables fortement corrélées entre elles, dont les cultivars qui les constituent proviennent de zones géographiques très voisines et possèdent vraisemblablement des génotypes similaires, au moins pour les caractères étudiés.

Par ailleurs, l'étude du polymorphisme des prolamines (hordéines) a permis de montrer une importante variabilité des orges provenant du centre tunisien, région charnière où s'effectue le brassage du matériel génétique. Ceci suggère la nécessité d'une collection plus intensive des orges dans cette région afin de couvrir cette variabilité qui ne cesse de diminuer suite à l'érosion génétique.

Bibliographie

ARNOULET F., 1965 — Note sur l'histoire de l'agriculture en Tunisie. *IBLA* 28/112, 4^e trimestre : 373-400.

CHIBANI F., 1991 — Analyse de la variabilité morphologique et biochimique des cultivars d'orge (*Hordeum vulgare* L.) prospectés en Tunisie. *Thèse, doctorat 3^e cycle, Fac. Sci. Tunis*, 129 p.

Variabilité génétique chez les bryophytes

Marie-Catherine BOISSELIER-DUBAYLE et Hélène BISCHLER

Les mousses, les hépatiques et les anthocérotes sont regroupés dans le phylum des bryophytes par la particularité de leurs cycles sexués : phase gamétophytique (haploïde) prédominante, sporophyte se développant sur le gamétophyte.

Le polymorphisme enzymatique de différentes populations d'hépatiques a été analysé : hépatiques à thalles (Marchantiales : *Plagiochasma rupestre*, *Marchantia polymorpha*, *Marchantia globosa*, *Preissia quadrata*) et hépatiques

à feuilles (*Jungermanniales* : différentes espèces de *Porella*). Les résultats obtenus sont discutés en liaison avec les niveaux de **pléidie**, les systèmes de croisement (**monoécie**, **dioécie**) et la multiplication végétative.

Malgré la prédominance de la phase haploïde, les taux de variabilité génétique relevés pour les populations de mousses correspondent à ceux des plantes vasculaires. Par contre, la variabilité détectée chez les hépatiques à thalles est faible, tandis qu'elle est plus élevée chez les hépatiques à feuilles. Ces trois groupes de plantes ne présentent donc pas des structures de populations identiques, mais aucun élément ne permet actuellement d'expliquer ces différences.

Le polymorphisme enzymatique permet, en outre, de préciser les relations taxonomiques au sein de complexes d'espèces morphologiquement proches.

Bibliographie

- BISCHLER H. et BOISSELIER-DUBAYLE M-C., 1991 — Lectotypification of *Marchantia polymorpha* L. *J. Bryol.*, **16**: 361-365.
- BISCHLER H. et BOISSELIER-DUBAYLE M-C., 1991 — Variation in a *polyploid, dioicous liverwort*, *Marchantia globosa* Brid. ex Web. IAB Conf., Exeter, July 1991.
- BOISSELIER-DUBAYLE M-C. et BISCHLER H., 1989 — Electrophoretic studies in *Marchantia polymorpha* L. *J. Hattori Bot. Lab.*, **67**: 297-311.
- BOISSELIER-DUBAYLE M-C., 1988 — Etude du polymorphisme enzymatique chez *Plagiochasma rupestre* (Fortst.) Steph. et *Mannia androgyna* (L.) Evans. *Cryptogamie, Bryol. Lichénol.*, **9**: 283-296 (Coll H. Bischler).
- WYATT R. STONEBURNER A. et ODRZYKOSKI J., 1989 — Bryophyte *isozymes* : systematic and evolutionary implications. In: *Isozymes in plant biology*, SOLTIS D.E. et P.S., Portland, Oregon, Dioscorides Press : 221-240.

The organization of variation in *Armeria maritima* (Mill.) Willd.

Xavier VEKEMANS, J. LAURENSEN *, Claude LEFEBVRE,
Maurice JAY *

The specific complex *Armeria maritima* appears as a very suitable model to study the organization of genetic variability in relations with interacting factors such as selection pressure, drift and breeding systems. Data from different origins reveal contrasted situations.

Laboratoire de Génétique et d'Ecologie Végétales, Université Libre de Bruxelles, Chaussée de Wavre, 1850 1 160 Bruxelles, Belgique.

* Laboratoire de Phytochimie, Univ. C. Bernard Lyon 1, Bd. 11 Novembre, 69622 Villeurbanne, France.

Metal tolerant (Pb, Zn, Cu) **populations** reduced in size and having been under strong selection pressure (metal toxicity) show for morphological markers and for the **esterases** polymorphism, a variability index (Shannon and Weaver index), as high as these found in maritime populations. On the contrary, the variability of phenolic markers is strongly reduced suggesting a response to selection. Additionally an analysis of **allozyme** variation shows classically that in the maritime **allogamous** populations scored, the number of alleles per locus and the rate of heterozygous are higher than in metal tolerant populations with mixed mating system. In populations from the west coast of North America which are self-compatible, all the loci tested were **allozymatically monomorphs** even in **gynodioecious** populations from mid California. Historical events can be assumed to be responsible for such a drastic genetic impoverishment : extreme **limit** of migration ability of the species for instance.

In the putative hybrid swarm between maritime (*subsp. maritima*) and continental (*subsp. elongata*) populations located in Denmark, the morphological variation is rather erratic and no obvious **ecogeographical** trend can be found.

The complexity of variational trends indicates that a **sufficiently** large array of characters from different origins must be used.

Analyse de la diversité génétique chez *Hevea brasiliensis*

Patricia LEBRUN, Marie-Hélène CHEVALLIER et Marc SEGUIN

L'amélioration génétique de l'*Hevea* a pour objectif l'augmentation de la productivité en caoutchouc (latex) des variétés cultivées (clones de greffe) et cherche, en particulier, à exploiter les ressources génétiques en matière de résistances aux maladies. En Côte d'Ivoire, un programme d'amélioration du matériel issu de prospections en Amazonie a été entamé, suivant un schéma de sélection récurrente. Pour définir les populations et choisir les clones parmi 3 000 génotypes amazoniens disponibles en collection, la variabilité et la structuration génétique des échantillons prospectés ont été étudiées à l'aide des marqueurs **isoenzymatiques**. Sur un échantillon de 66 clones cultivés et 353 clones amazoniens, l'utilisation de 12 systèmes enzymatiques a permis 1) de distinguer les clones les uns des autres, 2) de préciser l'importance de l'élargissement de la base génétique apporté par les prospections, et 3) d'identifier 3 populations de clones sur la base de leur divergence génétique. En l'absence de critères morphologiques, les données **isoenzymatiques** ont permis de définir les populations de clones complémentaires à introduire dans le schéma de sélection récurrente.

Ribosomal RNA nuclear genes change during androgenesis and male gametogenesis in *Nicotiana sylvestris*

Hervé LEVESQUE ^{*,**}, Rosine DE PAEPE ^{*,**}, Françoise LAMY
Anne-Laure MOYNE ^{*}, Jacqueline KNIGHT ^{*}, Chantal MATHIEU ^{*} et
Fernand VEDEL ^{*}

Mots clés: *Nicotiana*, ADN ribosomique, androgénèse, pollen.

In *Nicotiana sylvestris*, pollen culture (androgenesis) led to spontaneous doubled-haploid (DH) plants that were used in successive cycles of androgenesis. All DH plants were more or less different from the pollen source line : they have a slower growth rate and show morphological alterations. The morphological abnormalities of androgenetic plants increased through successive cycles of androgenesis. Genetic studies showed that the DH modifications were nuclearly inherited through sexual generations.

The chromosomal rDNA repeats in *N. sylvestris* are polymorphic. Three different nuclear rDNA classes are observed. They differ both in copy number and unit length : class I has a length of 9,8 kb and about 2 600 copies, class II 10,1 kb and 2 000 copies and class III 10,3 kb and 900 copies. Length heterogeneity between the two major classes was located in the left (5') region of the large intergenic spacer (IGS). No major difference in rDNA organization could be detected after five selfing generations of the control line.

In contrast, androgenetic plants (both haploids and doubled-haploids) shared a specific variation affecting copy number in a single rDNA class. The loss of about 200 to 1 200 copies occurred as early as the first androgenetic cycle, increasing over the following cycles. Genetic studies showed that the DH rDNA change was inherited through sexual generations but could segregate or revert. This rDNA reorganization in DH plants could be related to morphological modifications such as corolla length.

Nuclei at several stages of male gametogenesis were isolated (1) and used to characterize rDNA organization. Loss of copies in a single rDNA class was also found in pollen vegetative nuclei from the original line, microspores and generative nuclei remaining unaffected.

Since androgenetic plants arose from the vegetative cell, their new rDNA organization could be related to changes occurring in pollen DNA during gametophytic maturation.

* Laboratoire de Génétique et Physiologie du Développement des Plantes, C.N.R.S., Gif-sur-Yvette,

** Laboratoire de Génétique Moléculaire des Plantes, Université Paris-Sud, Orsay.

Bibliographie

- (1) DE PAEPE R., KOULOU A., PHAM J.L. and BROWN S.C., 1990 — Nuclear DNA content and separation of *Nicotiana sylvestris* vegetative and generative nuclei at various stages of male gametogenesis. *Plant Science*, 70 : 255-265.
-

Biodiversity in California live oaks

Richard DODD, Zara AFZAL-RAFII * et Ariel POWER

Key words: biodiversity, oak, fatty acids, gas chromatography, genetic differentiation, gene flow.

Mots-clés: biodiversité, chêne, acides gras, chromatographie en phase gazeuse, différenciation génétique, flux de gènes.

Our recent investigations focussing on ecogeographical biodiversity in the mediterranean evergreen oak complex have led us to initiate a broader study of the problems of genetic architecture, in relation to ecological conditions, of evergreen oaks from western North America. In this paper we describe biochemical and biometrical analyses of 23 populations (240 trees) of *Quercus agrifolia* and *Q. wislizenii* and putative hybrids between the two species. Biochemical analyses included fatty acids and inorganic and organic constituents of acorns. Acorn fatty acids were analyzed by gas chromatography, and unknown compounds identified by gas chromatography-mass spectroscopy. Palmitic acid was the principal saturated fatty acid and oleic the principal unsaturated acid. Multivariate analyses of leaf and acorn biometry and acorn chemistry showed differentiation between the two species and a well-defined intermediate group of hybrids. A broader intra and inter-population variation in *Q. agrifolia* in the northern limit of its range compared with the south suggests greater gene flow between the two species in this region. This is in agreement with the observations of Stebbins reported by Vasey (1980).

University of California at Berkeley, Forest Products Laboratory, Richmond, California 94804, USA.

* Institut d'Ecologie et de Paléocécologie, Université d'Aix-Marseille III, Faculté des Sciences St. Jérôme, 13397 Marseille, France

Variabilité morphologique d'*Hedysarum aculeolatum* Munby en relation avec le sol

Ramda KHEFFACHE et Daniel COMBES *

Mots clés: variabilité, morphologie, sol.

L'aire de répartition d'*Hedysarum aculeolatum* Munby est limitée, c'est une espèce endémique de l'ouest algérien. Elle est présente dans les régions littorales entre Tipaza et Ténès, elle se fait assez rare entre Ténès et Mostaganem. *H. aculeolatum* est située dans les zones bioclimatiques semi-arides et sub-humides à variantes chaudes. Elle est commune des terrains à forte pente.

L'échantillonnage a porté sur neuf stations représentatives de l'ensemble des situations climatiques présentes dans l'aire de répartition de l'espèce considérée. Nous comparons donc des populations d'origines géographiques proches soumises à des caractéristiques environnementales différentes.

Nous avons considéré dans notre analyse des populations représentées par l'individu moyen ; celui-ci est calculé à partir des mesures faites sur l'ensemble des individus de chacune des populations.

A la suite d'analyses déjà faites (Kheffache, 1988), nous avons pris les caractères les plus discriminants, nous avons éliminé les caractères présentant une forte corrélation, auxquels nous avons ajouté certaines caractéristiques du sol. L'analyse granulométrique montre que cette espèce se développe en général sur des sols argileux. Néanmoins, les échantillons des populations récoltés dans la zone bioclimatique semi-aride chaude se distinguent nettement de ceux récoltés en zone sub-humide chaude. En effet ces populations sont caractérisées par un diamètre de l'article de gousse et une longueur de la fleur importants et surtout par un taux élevé de sable fin du sol.

L'étude du polymorphisme morphologique montre :

- une variabilité intra-population et inter-annuelle au niveau de chaque population. Néanmoins, cette variabilité est plus importante chez les populations de la zone de transition (entre les deux types de bioclimat),
- une variabilité inter-population pour les caractères relatifs à la fleur et à la graine. Cette variabilité est liée à certaines caractéristiques du sol (taux de sable fin, taux d'argile, taux de matière organique).

Bibliographie

KHEFFACHE R., 1988 — Polymorphisme morphologique et enzymatique d'*Hedysarum aculeolatum* Munby en relation avec le milieu écologique. Thèse de magister ISN USTHB, Alger.

Laboratoire de génétique écologique, ISN USTHB, BP 39 El Alia, Bab Ezzouar, Alger, Algérie.

* IBEAS, Campus universitaire, Avenue de l'Université, 64000 Pau, France.

Les populations de semences dans les écosystèmes steppiques : variabilité morphologique, caryologique et démographique

Nadir HANIFI

Mots-clés: semences, steppe, morphologie, caryologie, démographie.

Notre travail intéresse l'analyse de la variabilité des semences sur les plans morphologique, caryologique et démographique. L'échantillonnage a porté sur des populations végétales d'espèces annuelles et vivaces les plus courantes dans les faciès dominants des hautes plaines steppiques du Sud-Ouest algérien :

- Une steppe à Alfa (*Stipa tenacissima* L.)
- Une steppe à Armoise blanche (*Artemisia herba-alba* Asso.)
- Une steppe à Sparte (*Lygeum spartum* L.).

Ces 3 stations se situent dans les étages bioclimatiques arides et semi-arides (Djellouli et Djebaili, 1984).

L'utilisation des techniques de la microscopie électronique à balayage permet de préciser les critères de détermination des semences de taxons voisins des genres *Alyssum*, *Helianthemum* et *Plantago*, en se basant sur l'ornementation des téguments. Ce qui confirme qu'elle demeure un caractère taxonomique de très grande valeur.

L'inventaire caryologique, par les observations de mitoses somatiques, a permis d'établir des nombres chromosomiques stables pour chaque taxon ; certains sont rapportés pour la première fois en Algérie tels que : *Alyssum linifolium* Steph. $2n = 32$, *Androsace maxima* L. $2n = 20$, *Helianthemum virgatum* (Desf.) Pers. $2n = 20$, *Plantago albicans* L. $2n = 10$; d'autres sont nouveaux tels que : *Malva aegyptiaca* L. $2n = 28$, *Salvia verbenaca* (L.) Briq. $2n = 28$, *Xeranthemum inapertum* (L.) Mill. $2n = 24$. Aussi, la plupart des autres nombres chromosomiques confirment les observations des auteurs (Fedorov, 1974 ; Love and Love, 1975). Enfin, il a été noté des niveaux de ploïdie les plus bas.

L'étude démographique est abordée en analysant les différentes phases du cycle biologique (Harper, 1977) sur plusieurs années : 1978-1980 et 1985-1990. La taille de la population de semences des principales espèces est importante. Le bilan semencier du sol est estimé entre 3 000 à 4 000 par mètre carré environ. Seule une infime partie (1 % à 5 % de plantules) arrive à régénérer et à s'établir. Le potentiel de graines produites, la germination et l'établissement des plantules montrent des fluctuations inter-annuelles considérables.

Bibliographie

- DJELLOULI Y. et DJEBAILI S., 1984 — Synthèse sur les relations flore-climat en zone aride. Cas de la Wilaya de Saida. *Bull. Soc. bot. Fr.*, **131** *Actual. bot.*, 2, 3, 4 : 249-264.
- FEDOROV, 1974 — *Chromosome numbers of flowering plants*. Otto Koeltz, Koenigstein, 928 p.
- HARPER J.L., 1977 — *Population biology of plants*. Academic Press, London, 988 p.
- LOVE A. and LOVE D., 1975 — *Plants chromosomes*, J. Cramer, 184 p.

Etude morphologique et biochimique de deux espèces de *Catharanthus* et de leurs hybrides : caractérisation par analyse du contenu alcaloïdique

Marie SEVESTRE-RIGOUZZO, Claudine NEF-CAMPA *,
Alain GHESQUIERE, Pierre TROUSLOT et Hervé CHRESTIN

Mots-clés : alcaloïdes, *Catharanthus*, HPLC, hybridation, zymogramme.

Parmi les plantes médicinales tropicales, le genre *Catharanthus* (famille des Apocynacées) est recherché pour sa capacité à synthétiser des composés alcaloïdiques tels que l'ajmalicine, aux propriétés anti-hypertensives, ou la vincristine et la vinblastine, utilisées dans la lutte anti-cancéreuse. Ce genre comprend 7 espèces endémiques de Madagascar pour lesquelles peu de cas d'hybridation interspécifique ont été décrits (1). En Côte d'Ivoire, dans nos conditions d'expérimentation, il a été possible d'obtenir des hybrides interspécifiques spontanés ou contrôlés à partir de deux espèces du genre, le *C. roseus* (L.) G. Don et le *C. trichophyllus* (Baker) Pichon. Une étude morphologique et biochimique des deux parents et de leurs hybrides a été réalisée afin de mettre en évidence les caractères permettant de discriminer les individus.

Les parents, *C. roseus* et *C. trichophyllus*, sont aisément identifiables par leurs caractéristiques botaniques (1). Cependant, la comparaison de certains caractères morphologiques tels que le port ou la taille permet également de mettre en évidence des différences significatives entre ces deux espèces. L'étude électrophorétique d'enzymes (2) révèle l'existence de 4 systèmes

Laboratoire de Physiologie et Biotechnologie Végétales, ORSTOM, Adiopodoumé, BP V-51, Abidjan 01, Côte d'Ivoire.

* Adresse actuelle : Laboratoire du Métabolisme, INRA, Route de St-Cyr, 78026 Versailles cedex, France.

enzymatiques présentant un **zymogramme** propre à chaque espèce. Enfin, le dosage par HPLC (3) des alcaloïdes majeurs contenus dans les feuilles et les racines montre que, pour un même stade de croissance, chaque espèce a un spectre **alcaloïdique** caractéristique.

Les hybrides **interspécifiques** présentent une ressemblance morphologique avec un des parents, le *C. trichophyllus*. Les **zymogrammes** obtenus pour les 4 systèmes enzymatiques discriminants chez les parents ne montrent pas systématiquement un profil d'hétérozygote chez ces hybrides, le profil *trichophyllus* étant parfois retrouvé. Par contre, les feuilles et racines de ces hybrides ont un spectre **alcaloïdique** caractéristique. De plus, ce dosage permet de mettre en évidence une vigueur hybride, à la fois par la diversité et la quantité en alcaloïdes produits. Plus particulièrement, les monomères précurseurs des anti-tumoraux (**catharanthiné** et **vindoline**) sont 10 et 7 fois plus produits dans les feuilles d'hybrides que dans les feuilles des parents.

Une étude statistique, par analyse de variance ou analyse **multivariée** en composantes principales normées (logiciel **NDMS**), a été réalisée. Prenant en compte, chez les parents et les hybrides spontanés, les critères morphologiques ou de production **alcaloïdique**, cette étude souligne la supériorité des données biochimiques sur les données morphologiques pour différencier les 3 lots d'individus. Ainsi, les dosages d'alcaloïdes pourraient constituer, associés à l'examen des caractéristiques morphologiques et enzymatiques, un outil supplémentaire pour identifier et classifier des individus appartenant au genre *Catharanthus*.

Bibliographie

- (1) MARKGRAF F., 1976 — *In* : *Flore de Madagascar et des Comores*, J-L. Leroy Ed., Muséum National d'Histoire Naturelle.
- (2) SECOND G. et TROUSLOT P., 1980 — *In*: *Travaux et documents de l'ORS-TOM*, n° 120.
- (3) NEF C., RIO B. et CHERESTIN H., 1991 — Induction of **catharanthine** synthesis and stimulation of major **indole** alkaloids production by *Catharanthus roseus* cells under non-growth-altering treatment with *Pythium vexans* extracts. *Plant Cell Reports*, 10: 26-29.

Ecosystème et biodiversité

Relations mutualistes pollen/pollinisateurs : le cas des *Malpighiaceae*

Danielle LOBREAU-CALLEN et Maria SUAREZ-CERVERA *

Mots-clés: *Malpighiaceae*, pollen, pollinisation, ultrastructure exinique, diversification des taxons.

La plupart des *Malpighiaceae* sont néotropicales (55 genres) alors que 13 seulement sont paléotropicales. Elles comprennent 3 sous-familles : les *Byrsynomoideae* avec les taxons les plus primitifs, les *Malpighioideae* du Nouveau Monde, et les *Gaudichaudioideae* pantropicales.

La plupart des espèces néotropicales (plus une ouest-africaine) présentent des élaïophores calicinaux, bien que les plus primitives en soient dépourvues (Lobreau-Callen, 1989). Le pollen varie de colporé à poré avec de larges sillons vestigiaux disposés selon les arêtes de formes relevant du système cubique en rapport avec une augmentation du degré de symétrie. Simultanément l'ultrastructure exinique se modifie avec continuité parfaite du tectum en corrélation avec le passage de la structure infratectale de columellaire à grenue, et épaissement de l'endexine au détriment de la sole et de l'intine. Les pollens colporés des *Malpighiaceae* varient de réticulé à tectés, les columelles sont simples ou ramifiées (p. ex. *Echinopterys*) et le pollen-coat, substance attractive pour les pollinisateurs (Dobson 1991) est abondant ; la pollinisation est d'ailleurs assurée par toutes sortes d'abeilles. Chez les taxons dérivés (30 genres environ) le pollen ne présente que très peu de pollen-coat ; en revanche les élaïophores constituent un caractère spécialement attractif pour les pollinisateurs spécialisés (*Anthophoridae* néo-tropicales). Il y a d'ailleurs parallélisme entre les variations de la structure des pattes collectrices de l'huile des élaïophores (Neff et Simpson, 1981) et du pollen ; adaptation morphologique des élaïophores associée à une réduction des quantités de pollen-coat et augmentation de celles des réserves d'amidon dans la cellule (Lobreau-Callen, 1.c.). Cependant là où les insectes spécialisés sont absents, il y a autopolinisation.

Dans l'Ancien Monde, seules quelques rares espèces ont 2 (3) nectaires calicinaux. Lorsque le pollen est colporé, l'infratectum est formé de hautes

CNRS et EPHE, Phanérogamie, Muséum National d'Histoire Naturelle, 16, rue Buffon, 75005 Paris, France.

* Facultad de Farmacia, Catedra de Botanica, Universidad de Barcelona, 08028 Barcelona, Espagne.

columelles, la sole est présente ainsi que l'endexine (p. ex. *Acridocarpus*); chez les pollens porés (10 genres), le tectum généralement discontinu repose sur de très courtes et nombreuses columelles qui ne laissent pratiquement pas de cavités entre elles. Un seul taxon possède un tectum continu et un infratectum grenu (*Hiptage*). L'endexine et la sole varient comme chez les espèces néotropicales. Bien qu'il n'y ait pas de véritables sillons vestigiaux, la diversification de la forme du pollen se fait selon les symétries rencontrées dans le système cubique. La pollinisation comme chez les taxons néotropicaux primitifs dépourvus d'élaïophores est assurée par toutes sortes d'abeilles solitaires ou sociales pour les *Malpighiaceae* les plus primitives, et par quelques abeilles solitaires pour les plus évoluées. Dans l'ensemble des espèces paléotropicales le pollen-coat relativement épais déposé sur le tectum, parfois entre les columelles est donc attractif. Il n'y a, en outre, pas de modifications particulières des quantités d'amidon dans la cellule pollinique.

Les variations structurales de l'exine et morphologique du pollen sont identiques sur l'ensemble des continents et donc indépendantes du mode de pollinisation. Par les affinités des structures ectexiniques des pollens des espèces paléotropicales avec ceux des *Malpighioideae* et des *Byrsonymoideae*, il est évident qu'elles dérivent des taxons dépourvus de glandes calicinales de ces deux tribus. Le passage des premières *Malpighiaceae* aura pu se faire dans tout le monde tropical antérieurement au début du Tertiaire, l'Amérique et l'Afrique étant relativement proche. C'est sur le continent africain tropical qu'auront évolué la plupart des taxons tropicaux gagnant plus tard l'Asie et l'Océanie. Par ailleurs, les variations des types polliniques sous l'action des pollinisateurs spécialisés aura contribué à une transformation du pollen qui n'est plus un caractère attractif en tant que tel, des structures spécialement adaptées à cet effet (élaïophores) étant mises en place. En outre, la comparaison entre le nombre de taxons et celui des variations des types polliniques dans l'Ancien monde (13 genres, 3 grands types polliniques) et le Nouveau Monde sous la pression des pollinisateurs spécialisés (40 genres, de nombreux types polliniques avec toutes les formes de passage) met en évidence une forte disproportion dans la diversité entre ces deux continents. La grande diversification des *Malpighiaceae* néotropicales pourrait ainsi s'expliquer par un processus de spéciation et d'accélération des phénomènes évolutifs sous l'action de pollinisateurs spécialisés.

Bibliographie

- DOBSON H.E.M., 1991 — Pollen and flower fragrances in pollination. *Acta Horticulturae*, 288 : 313-320.
- LOBREAU-CALLEN D., 1989 — Les *Malpighiaceae* et leurs pollinisateurs. Co-adaptation ou coévolution. *Bull. Mus. Nat. Hist. Nat.*, Paris 4 sér., 11, sect. B *Adansonia*, 1 : 79-94
- SIMPSON B.B. et NEFF J.L., 1981 — Oil — collecting structures in the *Anthophoridae* (Hymenoptera) : Morphologie, fonction and use in systematic. *J. Kansas Entomol. Soc.*, 54: 195-123.

Distribution et caractéristiques des types biomorphologiques des groupements herbacés soudaniens du Nord-Bénin

Brice SINSIN

Mots-clés: savane, variabilité, Bénin.

Dans les savanes soudaniennes du Nord-Bénin, les principaux facteurs de différenciation des groupements végétaux sont la géomorphologie (plateau et dépression) et les activités agricoles qui définissent des groupements postculturels particuliers.

A l'aide de relevés linéaires, les types biomorphologiques (TBM) de quatre groupements herbacés de savanes et de jachères sur plateaux et des dépressions ont été étudiés par la méthode des points-quadrats. Ce sont : les graminées hémicryptophytes (Hé) composées des cespiteux basiphylles et des cespiteux cauliphylles, les graminées thérophytes cauliphylles (Th) et les phorbes qui désignent l'ensemble des autres TBM de la strate herbacée.

Dans l'ensemble des groupements, les phorbes représentent en moyenne 67 % du nombre total des espèces recensées. Les Th représentent 23 % dans les jachères contre 17 % dans les savanes. Le rapport des Hé de jachères et de savanes est de 1 :4.

La structure des groupements est définie à partir des biovolumes relatifs de leurs TBM. Les différentes valeurs sont respectivement pour les Hé, les Th et les phorbes : — dans les savanes de dépression, 94,06 % ; 2,05 % et 3,89 % — dans les savanes sur plateau, 68,77 % ; 17,82 % et 13,41 % — dans les jachères de dépression, 9,11 % ; 90,29 % et 0,60 % — dans les jachères sur plateau, 0,36 % ; 54,29 % et 45,29 %.

Les contributions spécifiques calculées à partir des fréquences linéaires relatives sont respectivement pour les Hé, les Th et les phorbes : — dans les savanes de dépression, 53,67 % ; 15,30 % et 31,03 % — dans les savanes sur plateau, 64,79 % ; 8,14 % et 27,07 % — dans les jachères de dépression, 29,31 % ; 46,52 % et 28,73 % — dans les jachères sur plateau, 0,38 % ; 35,75 % et 63,87 %.

Les contributions pondérales calculées à partir des biomasses spécifiques sont respectivement pour les Hé, les Th et les phorbes : dans les savanes de dépression, 92,29 % ; 2,83 % et 4,88 % — dans les savanes sur plateau, 83,27 % ; 5,53 % et 11,20 % — dans les jachères de dépression, 13,44 % ; 81,74 % et 4,82 % — dans les jachères sur plateau, 0,08 % ; 66,03 % et 33,89 %.

Bibliographie

BOUDET G., 1975 - Manuel sur les pâturages tropicaux et les cultures fourragères. Paris, Ministère de la Coopération. Coll. *Manuels et Précis d'élevage*, n° 4, 254 p.

DAGET P-H. et POISSONET J., 1971 — Principes d'une technique d'analyse quantitative de la végétation des formations herbacées. In : *Document CNRS* n° 56 : 85-100.

DESCOINGS B-M., 1976 — *Approches des formations herbeuses tropicales par la structure de la végétation*. Thèse Univ. Sc. Tech. Languedoc, 221 p.

Les ressources génétiques des plantes spontanées du Sahara : organisation des programmes de recherche en Algérie

Nicole BOUNAGA et Robert-Ali BRAC DE LA PERRIERE

Mots-clés: ressources génétiques, plantes spontanées, Sahara, Algérie.

En Algérie, les zones arides couvrent plus de deux millions de kilomètres carrés. Les régions hyperarides sahariennes se démarquent de la steppe par la raréfaction progressive du couvert végétal, distribué dans l'espace de manière hétérogène, se concentrant dans les dépressions, très rare sur les grands plateaux (Tadmaït, Tanezrouft).

Si la steppe en tant que formation végétale joue un rôle et présente des intérêts multiples (parcours, barrage vert, exploitation de l'alfa), les végétaux du Sahara apparaissent souvent bien secondaires, la notion même de désert faisant référence à des espaces sans vie. Pourtant, cette végétation est une composante très typée de la **biodiversité**. On y dénombre près de 100 espèces endémiques de plantes vasculaires sur les 500 identifiées, et le taux d'**endémisme** spécifique peut s'élever à plus de 50 % comme dans les hautes montagnes du Sahara central. Dans les conditions d'aridité les plus extrêmes de la planète, on retrouve chez ces plantes un certain nombre de mécanismes adaptatifs très particuliers qui constituent à l'ère de la biologie moléculaire une ressource à ne plus négliger.

La végétation déjà bien **connue** à travers quelques flores qui demeurent des ouvrages de référence fait l'objet d'un programme intégré de valorisation des ressources **phytogénétiques**.

Les études sont organisées autour de trois stations de recherches représentatives d'ensembles régionaux sahariens distincts :

- **Béni-Abbès (URZA)** : Vallée de la Saoura, monts d'Ougarta, hamada du Guir, Erg occidental.
- **El Meniaa/El Goléa (URZA)** : Plateau du Tadmaït, oued Mya, Erg occidental.
- **Tamanrasset (INRF)** : Massif du Hoggar.

Les travaux concernent différents niveaux de la connaissance de la végétation et visent plusieurs **types** d'applications :

- utiliser l'évolution de la composition végétale comme marqueur de désertification.
- développer rationnellement les utilisations directes des plantes par les populations sahariennes.
- orienter les exploitations pharmaceutiques et industrielles par les biotechnologies.

L'approche actuelle des recherches sur les ressources génétiques des plantes spontanées du Sahara doit être replacée dans le contexte global du processus d'**aridification** planétaire. L'exploitation de toutes les sources d'adaptation à la sécheresse connaîtra un développement dans les prochaines années. Au Sahara, il y a de très faibles chances pour que des introductions végétales exogènes puissent un jour se substituer à la flore actuelle étant donné le degré de spécialisation que nécessite l'adaptation aux conditions d'aridité exceptionnelle du milieu. La conservation dans des parcelles protégées ou la réimplantation d'espèces adaptées demandent souvent des infrastructures démesurées par rapport aux ressources hydriques locales. La conservation *in situ* des écosystèmes sahariens essayée dans les parcs de l'**Ahaggar** et du Tassili est confrontée à la concurrence des activités humaines prédatrices (nomade, touristes...) difficiles à contrôler dans les conditions désertiques.

Pour parvenir à une efficacité et avoir une répercussion pratique pour la région (l'Algérie saharienne compte deux millions d'habitants), les travaux d'évaluation des ressources **phytogénétiques** du Sahara demandent une mobilisation scientifique et financière soutenue.

Bibliographie

BENHOUHOU S., 1992 — *Evolution de la végétation de Béni-Abbés (Sahara Algérien) au cours des quarante dernières années*. Complexes d'espèces, flux de gènes et ressources génétiques des plantes, **BRG/MRT**, Paris.

GRIM F., **BOUNAGA N.**, **LEBRETON P.**, 1992 — *Chimiotaxonomie du genre Zygophyllum : les espèces du Sahara septentrional algérien*. Complexes d'espèces, flux de gènes et ressources génétiques des plantes, **BRG/MRT**, Paris.

MAIRE R., 1952-1968 — *Flore de l'Afrique du Nord*, vol. 1 à 14, Paris.

MAIZA K., **HAMMICHE V.**, **BRAC DE LA PERRIERE R.-A.**, 1992 — *Comparaison de l'utilisation de plantes spontanées récoltées localement entrant dans la pharmacopée de trois régions sahariennes d'Algérie : Béni-Abbés, El Goléa, Tamanrasset*. Complexes d'espèces, flux de gènes et ressources génétiques des plantes, **BRG/MRT**, Paris.

OZENDA P., 1983 — *Flore du Sahara*. CNRS, Paris, 622 p.

QUEZEL P., 1978 — Analysis of **mediterranean** and **saharian** flora. *Annales of the Missouri Botanical Garden*, 65, 2 : 479-535.

QUEZEL P., et **SANTA C.**, 1963 — *Nouvelle flore de l'Algérie et des régions désertiques méridionales*. CNRS, Paris, 2 vol.

Evolution de la végétation au cours des 40 dernières années dans la région de Béni-Abbès

Salima BENHOUHOU

Mots clés: végétation, environnement, désertification, Sahara.

Il est actuellement reconnu que le Sahara subit une désertification qui s'accroît d'année en année et que les maigres ressources végétales sont ainsi érodées (Grainger, 1990). Pour la région de Béni-Abbès, la comparaison avec la carte de la végétation dressée par Guinet en 1954 a permis de constater l'évolution subie par la végétation au cours des 40 dernières années.

Au cours des printemps 1986, 88, 89 et 90, de nombreux relevés floristiques et des échantillons de sol ont été prélevés dans les différents habitats, complétés par des enquêtes auprès des nomades. L'échantillonnage a été basé sur le choix des carrés floristiquement uniformes et homogènes. Les espèces notées sont accompagnées d'indices exprimant leur couvert et/ou leur abondance (Poore, 1956). Ces techniques établies pour des régions tempérées ont subi quelques modifications telles que la prise en considération d'unités topographiques uniformes et différentes échelles du couvert.

Les unités phytosociologiques ont été définies par la méthode de Braun-Blanquet (1951). Ces résultats ont été comparés aux groupements obtenus par classification numérique (programme TWINSPAN). Les associations végétales établies, les relations végétation-environnement ont été étudiées par des méthodes d'analyses indirectes (DECORANA) et directes (CANOCO).

La plupart des associations définies au cours de ce travail peuvent être comparées avec celles établies par Guinet (1954) : Oued des monts d'Ougarta : *Acacia raddiana*, *Panicum turgidum*. Monts d'Ougarta : *Withania adpressa*, *Limoniastrum feei*. Dayas : *Zilla macroptera*. Erg : *Aristida pungens*. Oued salé (Saoura) : *Tamarix gallica*, *Cistanche tinctoria* et *Traganum nudatum*, *Suaeda mollis*.

Des différences importantes concernent la dégradation de plusieurs « pseudo-steppes » et la disparition de certaines espèces ont été constatées : Dans les oueds des monts d'Ougarta, déboisement de *Acacia raddiana*. Dans les monts d'Ougarta, l'association de *Withania adpressa* accuse un net recul vers des régions plus escarpées ; diminution en nombre de *Withania* importante, et disparition de plusieurs espèces dont *Maerua crassifolia* et *Cocculus pendulus*. Dans les dayas, l'association *Pistacia-Ziziphus lotus* semble avoir totalement régressé. Dans l'oued Saoura, l'absence de changement notable peut être expliquée par la faible valeur nutritive des plantes qui sont pour la plupart des halophytes. Dans l'erg, il existait il y a 40 ans une importante population de *Calligonum azel* ; nous avons relevé cinq individus

seulement dans notre zone d'étude. La pseudo-steppe à *Fredolia aretioides* particulièrement bien développée il y a 50 ans est probablement éteinte.

L'analyse des données climatiques ne montre pas de diminution particulière de la pluviométrie. La moyenne annuelle est de 32 mm entre 1926 et 1950 et de 35 mm entre 1967 et 1990. Cependant, on note ces dernières années la prédominance des pluies automnales par rapport aux pluies printanières, ce qui pourrait éventuellement expliquer la diminution du couvert végétal et la disparition de certaines espèces. Par ailleurs le phénomène de surpâturage qui s'est accru ces dernières années est certainement un facteur déterminant dans la réduction et la dégradation de la végétation.

Bibliographie

- BENHOUBOU S., 1991 — *Vegetation studies in the Algerian Sahara*. Ph D Sheffield University.
- BRAUN-BLANQUET J., 1951 — *Pflanzensoziologie*. Springer, Wien.
- GRAINGER A., 1990 — *The threatening desert, controlling desertification*. Earthscan Publication, London.
- GUINET P.-H., 1954 — Carte de la végétation de l'Algérie. Feuille de Béni-Abbès au 1/200 000.
- POORE M.E.D., 1956 — The use of sociological methods in ecological investigation. IV General discussion of sociological problems. *J. Ecol.*, 44 : 28-50.

Variabilité des populations naturelles du genre *Lupinus* en Algérie

Abdelkader AINOUCHE, Jean CITHAREL *, Lucienne CITHAREL **,
André HUON **

Mots clés : *Lupinus*, populations végétales, variabilité.

Six espèces de lupins méditerranéens, toutes annuelles et à prédominance autogame, se rencontrent à l'état spontané ou subspontané en Algérie : *Lupinus pilosus*, *L. tassilicus*, *L. micranthus*, *L. albus*, *L. angustifolius* et *L. luteus*. Ces trois dernières espèces ont déjà le statut de plantes cultivées dans d'autres régions du monde.

Laboratoire de Génétique Ecologique, ISN, USTHB, Alger, Algérie.

* Laboratoire de Physiologie Végétale, Univ. de Beaulieu, Rennes, France.

** Laboratoire de Botanique, Plasticité et Microévolution, Univ. de Beaulieu, Rennes, France.

Dans la perspective de l'inventaire et de l'évaluation des ressources génétiques du genre *Lupinus* en Algérie, une première approche de la diversité des populations naturelles, basée sur l'étude des graines, a été réalisée.

Les graines de populations se rapportant à six espèces de diverses origines **écogéographiques** ont fait l'objet d'analyses de la variation aux plans **macro-morphologique**, **micromorphologique** (observation au MEB des téguments séminaux) et biochimique (protéines et alcaloïdes).

Les résultats obtenus permettent de bien identifier les unités biologiques et éclairent par certains aspects leurs relations au sein du genre.

Chaque espèce se présente comme une unité bien différenciée. Macro et micro-morphologie mettent en évidence des **affinités** entre *L. angustifolius*, *L. micranthus* et *L. luteus*.

La microstructure des téguments séminaux confirme la différenciation des espèces en deux groupes:

—espèces à « graines-lisses » : *L. albus*, *L. angustifolius*, *L. micranthus*, *L. luteus* ;

—espèces à « graines-rugueuses » : *L. pilosus* et *L. tassilius*.

Au niveau **infraspécifique**, il existe une variation **interpopulation** selon les espèces:

— *L. luteus*, écologiquement restrictive, est peu polymorphe.

—A l'inverse, *L. angustifolius*, à plus large répartition géographique et écologique, se présente comme l'espèce la plus polymorphe. L'échantillon originaire de l'ouest du pays (plus aride) se distingue de tous les autres (de régions plus humides) par des graines de petite taille, un modèle **micromorphologique** tégumentaire spécial, sa pauvreté en alcaloïdes.

—Chez *L. micranthus*, l'hétérogénéité de certaines populations, récoltées dans des zones de transition **biogéographiques**, suggère l'existence de processus de différenciation génétiques.

La diversité des populations, la richesse en protéines et la pauvreté en alcaloïdes trouvées chez certains échantillons sont des exemples des riches potentialités génétiques que recèlent les populations naturelles utilisables dans des programmes de sélection et d'amélioration des lupins.

Ressources génétiques et société

Une politique nationale de conservation des ressources génétiques forestières

Michel ARBEZ, Georges STEINMETZ,* , Daniel TERRASSON *

La diversité génétique constitue la meilleure assurance d'adaptabilité, de santé et de pérennité des forêts. En 1991, le Ministère de l'Agriculture et de la Forêt (DERF) a donc défini et promu une politique nationale de conservation des ressources génétiques forestières. Cette politique privilégie la conservation *in situ* et les forêts publiques pour des raisons d'efficacité. Elle concerne dans un premier temps les espèces les plus importantes et certaines espèces menacées.

A titre pilote, une espèce résineuse sociale, le sapin pectiné (*Abies alba* Mill.) et une espèce feuillue, le hêtre (*Fagus sylvatica* L.) font l'objet de mesures de conservation *in situ*. Chaque placette de conservation représente une centaine d'hectares avec sa zone d'isolement. Les contraintes de gestion sylvicole restent faibles. On compte une trentaine de populations à conserver pour chacune de ces deux espèces en France (entre 0,5 et 1 % de la surface des forêts correspondantes).

Des mesures de conservation *ex situ* sont mises en oeuvre, à titre complémentaire et chaque fois que c'est opportun (maladie ou dépérissement généralisé, pollution atmosphérique, contamination pollinique par des races ou des espèces voisines, espèce présente par individus isolés ou par bouquets...).

A titre pilote également, l'orme champêtre (*Ulmus campestris* L.) et le merisier (*Prunus avium* L.) font aujourd'hui l'objet de mesures de conservation *ex situ*.

Une démarche plus globale, concernant la conservation de la diversité écosystémique des forêts est à l'étude. Elle permettrait de résoudre le problème de la conservation de la diversité génétique des espèces forestières mineures.

Au plan international, un Bureau européen de conservation des ressources génétiques forestières se met progressivement en place dans la ligne des recommandations de la Conférence Ministérielle Paneuropéenne pour la Protection des Forêts (Strasbourg, 1990).

Deux exemples de conservation *in situ* d'espèces forestières sociales: le sapin pectiné (*Abies alba* Mill.) et le hêtre (*Fagus sylvatica* L.)

Patrick PASTUSZKA, Eric TEISSIER DU CROS,
René FERNANDEZ *

L'extrême variabilité des conditions écologiques de notre pays et l'action prolongée de la sélection naturelle sur les espèces autochtones ont différencié de très nombreuses races locales, généralement bien adaptées à leurs conditions de milieu. Lorsqu'elle s'avère encore possible, la conservation *in situ* permet de garantir l'adaptation continue des ressources génétiques aux modifications de l'environnement local.

Le sapin pectiné et le hêtre sont deux espèces économiquement très importantes et génétiquement bien connues au plan national ; elles font aujourd'hui l'objet de mesures pilotes de conservation systématique, pour mieux évaluer les difficultés pratiques et le coût des mesures de conservation *in situ*.

Echantillons représentatifs de la variabilité génétique et écologique inter population (variabilité des caractères morphologiques et adaptatifs dans les plantations comparatives de provenances, polymorphisme des marqueurs génétiques) :

Le sapin pectiné <i>Abies alba</i> Mill.	Le hêtre <i>Fagus sylvatica</i> L.
— Surface des forêts de l'espèce en France : 530 000 ha	— Surface des forêts de l'espèce en France : 1,5 millions d'ha.
— Surface du réseau conservatoire : environ 780 ha (noyau dur exclusivement , environ 1 % o de la surface des forêts)	— Surface du réseau conservatoire : environ 500 ha (noyau dur exclusivement , environ 0,5 % o de la surface des forêts)
— Nombre de populations autochtones conservées : 22	— Nombre de populations autochtones conservées : 31

Surface approximative d'une unité de conservation : environ 180 ha (noyau dur : 15 ha, zone d'isolement : 90 ha à 170 ha, soit environ 5 à 15 000 **semenciers** par population conservée *in situ*)

Contraintes sylvicoles imposées :

– Vocation conservatoire du peuplement inscrite dans les documents d'aménagement.

- Contrôle de la pression de gibier et du risque d'incendie.
- Régénération naturelle (au moins 60 **semenciers** par hectare) ou artificielle à partir de récoltes de semences dans le peuplement à conserver lui-même.
- Régénération du noyau dur antérieure à celle de la zone d'isolement.
- Cela signifie que pour l'essentiel la conduite des éclaircies et le choix des **semenciers** continuent de se faire selon des critères découlant de l'objectif sylvicole initialement assigné à la parcelle.
- Chaque réseau conservatoire fera l'objet d'un inventaire informatique (mise à jour permanente) des peuplements conservés (**CEMAGREF**).
- Des récoltes de semences seront réalisées au moment de la mise en régénération naturelle des peuplements du noyau dur, à titre de sécurité et pour la conservation *ex situ*.
- Pour chaque espèce, la structure et la gestion du réseau *in situ* feront l'objet d'une coordination européenne par l'intermédiaire du Bureau Européen de Conservation des Ressources Génétiques Forestières.

Conservation *ex situ* des arbres forestiers : le cas de l'orme champêtre

Isabelle **BILGER** et Daniel **TERRASSON**

Mots-clés: *Ulmus*, ressources génétiques.

Le contexte

L'orme champêtre (*Ulmus campestris* L.) est une essence précieuse,
—qui présente initialement en forêt à l'état disséminé et dont l'aire a été étendue hors forêt par plantations linéaires,
—possédant une importante variabilité morphologique dont on ignore la structure,
—pour laquelle il n'existe aucune collection permettant une étude préalable de la diversité.

Elle est soumise à une agression pathologique grave : la graphiose ou maladie hollandaise de l'orme. Tous les arbres de grande taille disparaissent rapidement les uns après les autres. Après ce tri drastique, quelques individus de « haut-jet » encore sains subsistent néanmoins çà et là mais :

- aucun facteur de résistance génétique n'a pu être mis en évidence,
- ces individus sont trop rares pour être repérés dans le cadre des enquêtes statistiques existantes (Inventaire Forestier National...).

Méthodologie

Devant l'urgence du problème et compte tenu de ces contraintes, une méthode pragmatique de conservation *ex situ* a été retenue :

- inventaire des ormes adultes survivants, sur quelques régions-tests ;
- création d'une collection d'environ 500 clones représentatifs de la diversité géographique et stationnelle :
 - prélèvement de boutures herbacées sur des arbres sélectionnés,
 - multiplication sous serre,
 - conservation en parc à pieds-mères avec recépage périodique limitant les risques de contamination (solution rustique et peu coûteuse). La collection complète est rassemblée dans un conservatoire national, et une copie dans chaque région inventoriée ;
- évaluation de la variabilité génétique de cette collection (polymorphisme enzymatique et biométrie foliaire),
- poursuite et inflexion éventuelle des prospections en fonction des résultats.

Conservation des ressources génétiques de *Populus nigra*

François LEFEVRE, Patricia FAIVRE RAMPANT *, Marc VILLAR

Mots clés: *Populus*, conservation, introgression.

L'aire naturelle du peuplier noir eurasiatique *Populus nigra* L. couvre l'Europe occidentale et méridionale, le bassin méditerranéen, le proche et le moyen Orient, jusqu'en Chine. En Europe de l'Ouest, et sans doute ailleurs, cette espèce *ripicole* est fortement menacée pour trois raisons : perturbation des peuplements due à l'aménagement des fonds de vallées, *introgression* spontanée à partir des espèces allochtones et de leurs hybrides cultivés, pollution génétique par le cultivar fastigié *P. nigra* cv 'Italica' (Teissier du Cros, *in prep.*). Un programme national de conservation des ressources génétiques a été mis en place, impliquant l'INRA, le CEMAGREF et le BRG. Des actions similaires sont entreprises chez nos voisins européens (Bisoffi *et al.*, 1987).

De 1971 à 1974, 234 stations ont été identifiées par l'INRA, principalement dans les Alpes du Nord et du Sud, le Massif Central et les Pyrénées orientales. Actuellement la conservation se fait par des collections *ex situ* (65 peuplements représentés sous forme de clones ou de descendance ma-

ternelles). Une étude de la conservation des graines a également été réalisée (Muller et Teissier du Cros, 1982). D'autres collectes ont été réalisées par l'AFOCEL, principalement dans les basses vallées de la Loire et de la Garonne : ce matériel est conservé aux Pays-Bas. De nouvelles prospections sont entreprises depuis 1991. L'évaluation de ce matériel porte sur des caractères morphologiques, les résistances aux maladies, la qualité du bois.

On distingue différents types de populations : depuis les petits peuplements équiennes isolés dans les vallées étroites (Ardèche), jusqu'aux grands peuplements irréguliers de certaines vallées larges (Durance). La structuration de la variabilité dépend des caractères étudiés : discrimination de certaines origines par la morphologie foliaire, gradient altitudinal de caractères phénologiques (arrêt de croissance). La variabilité intra-origine est toujours importante. Une étude de la variabilité isozymique est amorcée. D'autre part, les relations de « compatibilité » entre chaque génotype de peuplier et différentes races de rouille foliaire (*Melampsora*) peuvent également être utilisées comme marqueurs.

Certains mécanismes intervenant dans les barrières reproductives entre espèces du genre *Populus* commencent à être connus (Villar *et al.*, *in press*). L'étude des risques d'introgression à partir des hybrides interspécifiques cultivés est en cours. Jusqu'à présent nous ne disposons que de marqueurs morphologiques de la pureté spécifique, aussi la collecte de matériel à conserver se limitait aux zones à risque réduit (hautes vallées) et sur des arbres âgés à morphologie marquée. Le développement récent des marqueurs moléculaires (Faivre Rampant *et al.*, *in press*), plus fiables, nous permet d'envisager un tri précoce dans les jeunes descendances collectées dans des zones à risques (vallées populicoles). Des marqueurs plus puissants (type fingerprints) seraient nécessaire pour suivre les contaminations intraspécifiques.

Un des objectifs prioritaires est de coordonner les programmes de conservation des ressources génétiques au niveau européen : la première étape sera vraisemblablement la mise en commun des différentes bases de données existantes ou en cours de constitution.

Bibliographie

- BISOFFI S. *et al.*, 1987 — Establishment of *Populus nigra* genetic reserves in Italy. *Genet. Agr.*, **41** : 105-114.
- FAIVRE RAMPANT P. *et al.* — Ribosomal DNA studies in poplars : *P. deltoides* Bartr. and Marsh., *P. nigra* L., *P. trichocarpa* Torr. and Gray, *P. maximowiczii* Henry, *P. alba* L. *Genome (in press)*.
- MULLER C., Teissier du Cros E., 1982 — Conservation pendant cinq ans de graines de peupliers noirs (*Populus nigra* L.). *Ann. Sci. For.* 39 (2) : 179-185
- TEISSIER DU CROS E. — *Populus nigra*, Peuplier noir. In: *Les Ressources Génétiques Forestières en France. Tome 2: les feuillus*. Ouvrage collectif sous la direction de M. Arbez (*in prep*).
- VILLAR M. *et al.* — Pollen-pistil interactions in *Populus* : B-galactosidase activity associated with pollen tube growth during the crosses *Populus nigra* x *P. nigra* and *P. nigra* x *P. alba*. *Sex. Plant. Reprod. (in press)*.

Complexe d'espèces et définition du risque lié aux essais en champs de plantes transgéniques

Philippe et Yolande JACOT

La production d'organismes transgéniques par des manipulations génétiques nous oblige à **réapprécier** les liens de parenté existant entre plantes sauvages et plantes cultivées, dans le but d'étudier la transmission éventuelle de gènes pouvant introduire des modifications biologiques des espèces sauvages : création de nouvelles pestes, introduction de gènes de résistance à des herbicides dans des espèces adventices des cultures par exemple.

Le seul mode de flux de gènes d'une plante vers une autre est celui qui résulte de la dissémination du pollen lié à la dissémination des graines. Le transfert horizontal d'une information génétique d'une plante vers une autre plante via un microorganisme n'a pas pu être mis en évidence.

Un certain nombre de caractères biologiques des plantes cultivées nous donne une première idée des risques potentiels qu'elles peuvent représenter pour les espèces sauvages de la région considérée. Certains sont liés à l'origine de la plante cultivée comme l'éloignement géographique entre le centre d'origine et la région considérée, d'autres aux paramètres qui influent sur le flux de gènes tels que la durée de la floraison, le type de pollinisation, le système de reproduction, la persistance dans et hors du champ après la récolte, la dispersion du pollen ou la dispersion des graines.

La connaissance des espèces européennes appartenant à tel ou tel complexe d'espèces est une première phase dans la prise de décision des organismes compétents. Elle ne doit cependant pas éluder le problème de la circulation des matériaux biologiques et des risques de transfert dans les centres d'origine des espèces cultivées.

Quelques exemples seront présentés qui montrent l'importance de l'analyse des parentés entre flore sauvage et flore cultivée.

Ce projet est soutenu financièrement par l'Office Fédéral Suisse de l'Environnement, de la Forêt et Paysage.

Ressources génétiques du genre *Mangifera* à Bornéo et en Malaisie péninsulaire

Jean-Claude BOMPARD

L'aire de distribution du genre *Mangifera* (69 espèces) s'étend de l'Inde à la Mélanésie. La région indo-malaise représente un centre de diversité majeur pour le genre *Mangifera* comme pour de nombreuses autres espèces fruitières. Dans un contexte de perte des ressources forestières, la nécessité de conserver les ressources génétiques du genre *Mangifera* est largement ressentie, compte tenu de leur intérêt potentiel dans les programmes d'amélioration de la mangue d'Inde, *M. indica*. Toutefois, contrastant avec l'importance de la mangue dans la production fruitière mondiale, bien maigres étaient les informations disponibles sur la nature de ces ressources.

Organisées conjointement par l'IBPGR et WWF-International, des missions de prospection ont été effectuées en 1986-88 en Malaisie péninsulaire et à Bornéo, régions connues (ou suspectées) pour leur richesse spécifique en manguiers sauvages. Il s'agissait d'obtenir une connaissance préliminaire de ces ressources nécessaire à l'élaboration de stratégies de conservation (principalement *in situ*) et à l'identification des priorités.

Les prospections ont permis la réalisation d'inventaires (par région et par réserve naturelle) des espèces de *Mangifera* apportant des données sur les caractéristiques, la variabilité infra-spécifique observable, la distribution, l'habitat, les menaces d'érosion génétique, et le statut de conservation de chaque espèce.

Sur les 30 espèces actuellement signalées à Bornéo et en Malaisie Péninsulaire, 26 ont pu être collectées durant les prospections. A Bornéo, une douzaine d'espèces sont cultivées mais 16 espèces peuvent être trouvées sur les marchés locaux, y compris quelques-unes des 7 nouvelles espèces qui ont été découvertes au cours des prospections.

Plusieurs espèces présentent des caractères désirables potentiellement intéressants pour le développement de la culture du manguier d'Inde, ou dans l'amélioration, par exemple l'adaptation à des climats hyper-humides, à des habitats inondés, ou d'altitude (1000 -2000 m), la tolérance à l'antracnose, l'absence totale de fibres, etc...

Des prospections ont aussi été menées dans les systèmes de culture traditionnels qui abritent une grande variété de formes cultivées à des degrés divers, certaines domestiquées, d'autres en voie de domestication, d'autres encore très proches de leur état sauvage. Dans certains cas, la présence d'hybrides interspécifiques cultivé/sauvage particulièrement aisés à mettre en évidence (p. ex. *M. laurina* × *M. gedebé*) atteste l'existence d'échanges génétiques entres formes cultivées et spontanées.

Les agroforêts de Bornéo, véritables banques de gènes d'espèces semi-sauvages, illustrent le rôle actif joué par les paysans dans la conservation.

Toutefois, ce patrimoine unique est menacé et des mesures appropriées à sa sauvegarde doivent être mises en place.

La collecte de matériel d'herbier et de notes de terrain qui faisaient défaut, ont permis une révision de la taxinomie du genre *Mangifera* (Kostermans et Bompard, sous presse).

L'ensemble des données maintenant disponibles permet de mieux orienter et de rendre plus efficaces les prospections destinées à collecter du matériel végétal pour répondre aux besoins des utilisateurs.

Introgression au départ de formes sauvages et apparentées chez quelques espèces américaines. Implications pour la conservation

Daniel DEBOUCK

Key words: weed-crop complex, landraces, *Phaseolus*, *Zea*, *Solanum*, *Cucurbita*.

Mots-clés : complexe plantes cultivées - plantes sauvages, cultivars, *Phaseolus*, *Zea*, *Solanum*, *Cucurbita*.

Le croisement de formes cultivées avec des formes sauvages conspécifiques et sympatriques est un phénomène qui a été observé chez plusieurs espèces comme le maïs, les riz (*Oryza sativa* et *O. glaberrima*), les pommes de terre (*Solanum* spp.), les piments (*Capsicum annuum* et *C. baccatum*), et les courges (*Cucurbita argyrosperma* et *C. maxima*). Il en résulte souvent aux zones de contact une variabilité accrue englobée par les termes « complexes d'espèces » ou « domesticated-weed-wild complex ». Cette variabilité accrue est-elle finalement incorporée aux pools géniques des espèces cultivées ? Pernès et Lourd (1984) ont avancé l'hypothèse d'un « couplage entre formes sauvages et formes cultivées » dont les agriculteurs auraient continué de tirer profit pour maintenir la rusticité de leurs variétés traditionnelles. Ce travail examine plus avant cette hypothèse pour quelques espèces américaines, et suggère quelques orientations pour la conservation de ces « complexes d'espèces ».

Au cours de nos prospections de 1977 à 1990, nous avons trouvé de tels complexes pour trois des cinq espèces cultivées de *Phaseolus* (l'espèce allogame *P. coccineus* mise à part) dans l'aire de distribution des formes sauvages ancestrales seulement en 7 endroits (du Mexique à la Bolivie) pour *P.*

vulgaris, en 3 endroits (Yucatan, Imbabura, Cajamarca) pour *P. lunatus*, et en 2 endroits au centre du Guatemala pour *P. polyanthus*. Les observations faites dans les champs et en bordure de ceux-ci révèlent à côté des formes cultivées des populations variables pour les caractéristiques telles que la coloration des graines et la déhiscence des gousses. La comparaison de ces populations avec des croisements expérimentaux laisse supposer l'existence de croisements naturels entre les formes cultivées et les formes sauvages conspécifiques et sympatriques. Cette comparaison permet aussi de penser que de tels croisements se font préférentiellement du parent sauvage (donneur de pollen) vers le cultivé (comme cela a aussi été montré chez *Zea*, *Solanum*, *Cucurbita*), produisant des populations « sauvageoïdes » en mélange aux différents stades F1, F2, etc. Pour l'espèce *P. vulgaris*, ces formes sauvageoïdes sont abondantes et font l'objet de récoltes systématiques seulement dans les départements de l'Apurimac et du Cuzco, Pérou, lorsque l'accès au marché est faible ou nul et/ou les récoltes sont mauvaises. Pour l'espèce *P. lunatus*, la réaction observée est celle du rejet aux 3 sites visités (une semblable réaction est observée pour trois espèces de *Cucurbita* en Mésos-amérique). Pour l'espèce *P. polyanthus*, les formes sauvageoïdes n'étaient apparemment pas utilisées de façon particulière.

Sur la base des observations faites jusqu'à présent dans les aires d'origine pour ces trois espèces, il semblerait que les « complexes d'espèces » soient devenus rares et/ou localisés, comme c'est déjà le cas du maïs et de la pomme de terre. Le continuum biologique sauvage-cultivé s'est réduit de même que les pratiques de domestication. De tels complexes chez les plantes cultivées devraient être étudiés davantage et sans retard pour en mesurer la portée exacte (notamment vis-à-vis de la variabilité plus importante générée entre formes cultivées), spécialement pour l'évolution ultérieure de ces plantes. A cette fin, la conservation *in situ* qui maintiendrait à la fois les trois groupes de matériels et les pressions sélectives originales serait la plus appropriée. Cette approche nous semble toutefois pour les complexes plus idéale que pratique, au moins à long terme, notamment à cause de l'introduction de nouvelles techniques culturales (par exemple, l'emploi d'herbicides) ou de nouvelles variétés à biologie florale différente, de la pression commerciale et de la disparition des connaissances populaires agricoles (y compris nutritionnelles).

Bibliographie

PERNÈS J. et LOURD M., 1984 — *Organisation des complexes d'espèces. In Gestion des ressources génétiques des plantes. Tome 2. Manuel. Édité par J. Pernès, Agence de Coopération Culturelle et Technique, Paris, pp. 5-106.*

Escape of engineered genes from rapeseed to wild *Brassicaceae*

Eric LEFOL, Valérie DANIELOU, Henry DARMENCY,
Camille KERLAN *, Anne-Marie CHEVRE *, Michel RENARD *,
Xavier REBOUD **

Genetic engineering in plants is a valuable method to develop crop resistance to insects, viruses and herbicides, induction of male sterility for hybridization programs and modification of seed storage proteins. No **transgenic** plants have yet been registered as new crop varieties but there are numerous research programs in progress in this area. Some of the genes encoding for such characteristics could probably confer some adaptive advantage if they were introduced accidentally into weeds. This could lead to more invasive, aggressive and competitive weeds in cultivated fields, and cause a shift in the ecological balance in natural habitats. So, it is important to study possible interaction between the newly engineered crop and the closely related weed species.

Within an European program using P.G.S. herbicide resistant material, INRA has led the question of estimating the risk of **interspecific** crossing between oilseed rape and wild *Brassicaceae* relatives (Kerlan *et al.*, 1991). We report here on the **intergeneric** cross between rapeseed (*B. napus*, $2n = 38$) and hoary mustard (*B. adpressa* Boiss., also called *Hirschfeldia incana* (L.) Lagrèze-Fossal, $2n = 14$) the flowering period of which overlaps with spring rape and partially with winter rape.

Different approaches were used to estimate the possibility of such a cross (Lefol *et al.*, 1991). Artificial hybridization has been achieved between **transgenic** rapeseed and *B. adpressa*, which produced *in vitro* hybrids at a low rate (2-3 %). All hybrids inherited the resistance gene, but not all were resistant. In the field, the use of a male sterile rapeseed grown in alternate row with the wild species led to the production of 600 seeds per m² of the suspected hybrid, i. e. 2 % of potential seed production. Hybrid seeds germinated as quickly as rapeseed, without dormancy. Some of these plants had half the sum of the chromosome number of the parent species. Subsequent growth of the hybrid plants showed a wide morphological and developmental variability. Most but not all hybrids were sterile, what allows **backcrosses** and transfer of the gene to the wild gene pool.

Knowing these facts, and using simulation models to predict the combined role of the different biological parameters, it will be possible to understand how the spread of a recombinant gene in a weed population may evolve, and to estimate on a case by case basis the risk of gene dispersal from **transgenic** crops.

INRA, Laboratoire de Malherbiologie, BV 1540, 21034 Dijon cedex, France.

* INRA, Station d'Amélioration des Plantes, Domaine de la Motte, BP 29, 35650 Le Rheu, France.

** Université de Paris XI, Laboratoire de Biologie et Systématique des Végétaux, Bât. 362, 91505 Orsay cedex, France.

Bibliographie

KERLAN M.C. *et al.*, 1991 — *Risk assessment of gene transfer from transgenic rapeseed to wild species in optimal conditions*. Proc. Eight international Congress of the GCIRC, Saskatoon.

LEFOL E. *et al.*, 1991 — *Escape of engineered genes from rapeseed to wild Brassicaceae*. Proc. British Crop Protection Conference, Brighton.

Une contribution à la conservation des ressources génétiques : la revalorisation des légumes oubliés

Jean-Yves PERON et Daniel DUBOST *

L'évolution des techniques de production et de commercialisation, la puissance croissante de la sélection **variétale** et l'internationalisation des habitudes alimentaires tendent à multiplier un certain nombre de grandes espèces légumières (tomate, pomme de terre...) de grand impact économique au détriment d'espèces secondaires dont certaines finissent par être oubliées.

Depuis plusieurs années, l'un d'entre nous (Peron) consacre tous ses efforts à la réhabilitation de légumes anciennement cultivés : cerfeuil tubéreux (*Chaerophyllum bulbosum* L.), crosne du Japon (*Stachys sieboldii* Miq.), crambé maritime (*Crambe maritima* L.). Ces espèces font l'objet d'un programme de recherches génétiques et **phytotechniques** aboutissant progressivement à leur réinsertion dans une filière de production et de commercialisation.

Ce travail mené au sein d'un groupement européen de recherche sur les légumes nouveaux dénommé **Hortiplan** est associé à d'autres opérations de sélection concernant des légumes rares ou peu connus (**hélianthi**, chou portugais, **pépino**, coqueret du Pérou) visant à constituer une gamme de produits de diversification.

L'objet du poster est de retracer les étapes successives de ce programme, établi en 1987 sous l'autorité de Jean **Pernès**, à une époque où il avait formé le projet de s'établir en Anjou, projet qu'à notre grand regret, sa maladie a interrompu.

Une gestion informatisée des ressources génétiques du genre *Musa* : The Central Germplasm Information System (CGIS)

Hugues TEZENAS DU MONTCEL

In order to develop a computerized management system for *Musa* germplasm, the International Network for the Improvement of Banana and Plantain (INIBAP) is setting up a non bibliographic Information System in collaboration with IBPGR.

This system will include several files linked together and will allow all information on any accession, or group of accessions to be retrieved on a multicriterial basis.

This system will consist in a Central Node at INIBAP Headquarters, linked with INIBAP Transit Center based at Leuven (Belgium). Connections with the four INIBAP regional bases (Costa-Rica, Nigeria, Burundi, Philippines) is envisaged and specific links with specialized institutes could also be envisaged.

INIBAP Headquarters will be the «Administrator» of the *Musa* database.

The regional collections and other interested collections will manage their own information using standardized software and will also have the possibility of consulting the central database through INIBAP regional bases but will not interact directly with it.

The curators/taxonomists in charge of the regional collections and any existing banana collections in the world interested in participating in the banana genetic resources network, will be the sources of informations.

Elaboration d'une base de données pour la conservation et l'utilisation des ressources génétiques du palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.)

Abderrahmane BENKHALIFA ⁽¹⁾ et Elizabeth NGUYEN-VAN *

Mots clés: palmier, base de données, ressources génétiques.

Depuis plus de 10 ans, des travaux de recherches pluridisciplinaires sont menés sur les ressources génétiques du palmier dattier en Algérie. Les données cumulées concernent une centaine de zones prospectées où plus de 700 cultivars de dattier ont été recensés, les collections existantes et les résultats des programmes d'amélioration et de sélection. L'évaluation de l'individu ou de la population est menée à travers les caractéristiques *ethnobotaniques*, agronomiques, morphologiques et biochimiques.

Le projet en cours d'élaboration a pour objectif de rassembler ces informations au sein d'une base de données qui permettra d'analyser la diversité, de gérer les collections et d'orienter le choix du matériel génétique à utiliser dans les programmes de conservation et d'amélioration.

Le principe d'installation d'une base de données a été accepté par les équipes maghrébines lors de l'atelier d'El-Goléa (Collectif, 1990). Les discussions au sein de notre laboratoire nous ont permis de définir un plan de réalisation sur trois années. A la suite d'un inventaire de plusieurs bases de données, nous avons choisi le modèle relationnel pour présenter un premier schéma de la base « dattier ». L'organisation des données tient compte de leur spécificité et des différentes applications. Les tables ont été regroupées en cinq ensembles.

Plan de réalisation

1991 — Inventaire des données, consultations, analyse et conception.

1992 — Réalisation, programmation et saisie des données.

1993 — Mise au point et utilisation.

La programmation se fera sur un micro-ordinateur **IPC 386** (IBM compatible) à l'aide du logiciel **Dbase IV**. Les applications s'adresseront aux experts, chercheurs, techniciens, formateurs et agents de développement.

Au cours de l'année 1992, deux implantations de la base sont prévues ; une à l'Unité de Recherches sur les Zones Arides (**URZA**) à Alger, et l'autre au Commissariat au Développement de l'Agriculture en Régions Sahariennes (**CDARS**) à Ouargla.

Unité de Recherches sur les Zones Arides, BP 119, Alger Gare, 16 000 Algérie.

* BRG, 57 rue Cuvier, 75231 Paris cedex 05, France.

Ce travail a été soutenu par une bourse de l'IFS/ Suède : D 1665-1.

Bibliographie

Collectif, 1990 — Le palmier dattier : méthodologie de prospection. Compte rendu de l'atelier **magrébin**. El Goléa, 6-10 mai 1990. *Bull. Amél. Prod. Vég. Milieu Aride*, 5 : 79-92

NGUYEN-VAN E., 1990 — *Rapport sur la typologie de bases de données en ressources génétiques en France*. BRG, Paris.

Ressources génétiques du palmier dattier : Prospection, inventaire et structure des palmeraies algériennes

Abderrahmane BENKHALIFA ⁽¹⁾, Samir BENMALEK,
Robert-Ali BRAC DE LA PERRIERE, Slimane HANNACHI * et
Djalali KHITRI *

Mots-clés: palmier, ressources génétiques, inventaire.

L'évaluation des ressources génétiques du palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.) passe par une bonne connaissance de la composition **variétale** et de la structure des palmeraies. Dans le but d'identifier proprement les cultivars et de décrire l'organisation dynamique de la population **dattière** dans les palmeraies algériennes, une série de prospections a été menée depuis le début des années 1980 (**Brac de la Perrière** et **Benkhalifa**, 1989) et devrait couvrir en 1993 la totalité des palmeraies avec l'élaboration d'un répertoire de cultivars.

La méthodologie adoptée a fait l'objet d'une concertation magrébine pour utiliser des fiches d'enquête homogènes et des descripteurs standardisés (Collectif, 1990). L'inventaire **variétal** par échantillonnage permet à une seule équipe d'accéder rapidement à une grande part de l'information sur les ressources génétiques régionales.

Sur l'ensemble des régions **phoenicicoles** algériennes, 65 zones ont été prospectées. Plus de 700 cultivars ont été recensés. Quelques cas **d'homonymies** ou de synonymies ont été observés. Un grand nombre de cultivars est endémique à une seule zone. Une trentaine seulement ont une distribution géographique large. Le nombre de cultivars par zone varie de 9 à 115.

Unité de Recherches sur les Zones Arides, BP 119, Alger Gare, 16 000 Algérie.

* CDARS, BP 163, Ouargla, 30000 Algérie.

⁽¹⁾ Ce travail a été soutenu par une bourse de l'IFS/ Suède : D/1665-1.

L'analyse des correspondances sur les caractéristiques des palmeraies (localisation géographique, proximité des centres urbains, accessibilité, type d'irrigation, salinité, plantation, densité, culture intercalaire, état de la **phoeniciculture**, et richesse en nombre de cultivars) montre que les palmeraies se structurent indépendamment de leur appartenance régionale mais en fonction de leur localisation et des sources d'irrigation.

La culture du dattier est toujours dynamique dans les palmeraies de l'erg à accès difficile. Le déclin ne concerne que les palmeraies d'oued ou à **foggara** ayant une quantité d'eau d'irrigation insuffisante.

Le nombre de cultivars recensés n'est pas conditionné par un type d'oasis précis, mais dans les palmeraies en déclin, il est souvent faible.

La richesse en diversité existe dans toutes les palmeraies traditionnelles, mais chacune possède une composition **dattière** qui lui est propre. Le polymorphisme observé doit être relativisé à cause du nombre important des cultivars rares en particulier dans les palmeraies de l'Est.

Bibliographie

BRAC DE LA PERRIÈRE R-A. et **BENKHALIFA** A., 1989 — Identification des cultivars de dattier (*Phoenix dactylifera* L.) du Sud-Ouest Algérien. *Plant Genetic Resources Newsletter*. 78/79: 13-20.

Collectif, 1990 — Le palmier dattier : Méthodologie de prospection. Compte rendu de l'atelier maghrébin. El-Goléa, 6-10 Mai 1990. *Bull. Amél. Prod. Vég. Milieu Aride*. 5 : 79-92.

The Seed Bank of the Royal Botanic Gardens, Kew

Hew **PRENDERGAST**

The Seed Bank at **Wakehurst** Place, part of Kew's Physiology Section, was founded in 1974 with two main aims : to conserve wild species of plants and to promote their use and investigation.

Without endangering populations, seed collections are made throughout the world but especially where the flora is under threat. As well as on the UK flora, collecting is being increasingly focussed on plants of arid and semi-arid regions, in collaboration with the Survey of Economic Plants for Arid and Semi-Arid Lands (**SEPASAL**), also based at Kew. By the end of 1991 the Seed Bank contained some 8 300 collections of 3 500 species.

Royal Botanic Gardens, Kew, **Wakehurst** Place, **Ardingly**, Haywards Heath, West Sussex RH 17 6TN, Royaume Uni.

After collection, seeds are subjected to tests to determine the necessary conditions for their germination ; their identity is checked ; and they are stored (at -20 °C) in conditions ideal for long term preservation.

Seeds are fully and freely available to recognised scientists and institutes. Each year the Kew Seed List, produced from a computerized database and containing the identity, origin and **germinability** of seed collections, is distributed worldwide. In response, requests for seeds have so far come from more than 30 countries.

The Seed Bank also assists genetic resources activities by providing training and by acting as a seed transfer station for crop **germplasm** on behalf of the International Board for Plant Genetic Resources (based in Rome).

There are currently two full-time seed collectors : Dr. Hew Prendergast who, since appointment in 1989, has collected for the Seed Bank in Australia, Central African Republic, Morocco, Namibia, Oman and Swaziland ; and Dr. Mark Newman appointed in 1990, who has collected in Angola, Mexico and the United States. Local collaboration is always sought.

Associated with the Seed Bank are research laboratories specialising in seed storage behaviour and problems. The main projects involve the storage physiology of desiccation tolerant « orthodox » seeds, mainly of wild species ; the storage physiology of desiccation intolerant « recalcitrant » species ; and the dormancy and germination behaviour of seed populations from wild species.

Caractérisation de la dureté des graines chez quelques espèces spontanées de trois genres de légumineuses en Algérie

Mahfoud M'HAMMEDI BOUZINA et Aïssa ABDELGUERFI *

Mots-clés: Medicago, Trifolium, Scorpiurus, dureté, germination.

Le système céréaliculture-élevage nécessite la création de pâturages d'espèces annuelles de légumineuses en remplacement de la jachère. L'échec des cultivars australiens a amené les chercheurs à examiner les potentialités des espèces spontanées locales. Des prospections ont permis de réunir une importante collection de populations de différents genres notamment *Medicago*, *Trifolium* et *Scorpiurus*.

Des études préliminaires ont démontré que plusieurs espèces avaient un potentiel de production assez intéressant. Cependant la réussite de leur installation dépend des niveaux de dureté des graines de ces espèces.

L'étude de cette dureté s'est faite en laboratoire et a été reliée aux conditions (pluviométrie, altitude, sols) du milieu d'origine des différentes populations et la variabilité des graines et des gousses. Ceci a porté sur plusieurs populations des espèces des trois genres.

Les trois genres se caractérisent par un taux de graines dures élevé corrélé à la pluviométrie du milieu d'origine des populations. La vitesse de germination semble inversement proportionnelle au poids des graines de *Medicago* et de *Scorpiurus*. Le genre *Trifolium* se distingue par une certaine homogénéité.

Cette étude a permis de mieux apprécier les espèces pouvant entrer dans un schéma de sélection.

Bibliographie

- ABDELGUERFI A., 1988 — Les ressources **phytogénétiques** d'intérêt fourrager : état de la recherche à l'Institut National Agronomique. *Ann. Inst. Nat. Agro. El-Harrach*, **12** (1) : 95-111.
- M'HAMMEDI BOUZINA M., ABDELGUERFI A., BERREKIA R. et GUITTONNEAU G-G., 1989 Contribution à l'étude des espèces spontanées du genre *Scorpiurus* L. en Algérie : III. Dureté et germination des graines de 17 populations de *S. vermiculatus* ; relation avec les conditions du milieu d'origine. *Ann. Inst. Nat. Agro. El-Harrach*, **13** (1) : 330-334.
- M'HAMMEDI BOUZINA M., ABDELGUERFI A., BERREKIA R. et GUITTONNEAU G-G., 1989 Contribution à l'étude des espèces spontanées du genre *Scorpiurus* L. en Algérie : IV. Dureté et germination des graines de 35 populations de deux sous-espèces de *S. muricatus* ; relation avec les conditions du milieu d'origine. *Ann. Inst. Nat. Agro. El-Harrach*, **13** (1) : 335-342.
- M'HAMMEDI BOUZINA M. et ABDELGUERFI A., 1990 *Study on hardness and germination of Scorpiurus seeds in relation to conditions of the native area*. In 6th Meeting of the F.A.O. European Sub-Network on Mediterranean Pastures and Fodder Crops, Bari (Italy), 17-19 oct1990, pp. 83-86.

Pollen storage for corn (*Zea mays* L.). A tool for hybridization

Cordelia PREMKUMAR et W. NITZSCHE

The long term artificial maintenance of pollen viability is important for both theory and practice. In « Plant Banks » it would be possible to preserve the genetic resources of the plant kingdom in an unaltered state, as already

done for Human and animal sperms. By using preserved pollen it would be possible to cross parents which flower at various times and on various geographical sites and these unusual combinations could lead to an **heterosis** effect in the hybrids. Rapid exchange and use of **germplasm** is facilitated by pollen storage nationally and internationally and makes possible maintenance of **germplasm** from specific genotypes for future crossing.

The present research aims to develop a method suitable for long term storage of maize pollen using colloidal substances under different temperatures and to investigate the response of stored pollen under *in vitro* and *in vivo* conditions.

Hybrid genotypes of *Zea mays L.* grown in green house were used as material for the experiments. Tassels were detached at **anthesis** and stored in water before making a collection of fresh pollen. Immediately after collection the pollen was treated to stabilise its water content by mixing with one of the following substances :

Dry powder of egg albumin,

Dry powder of cellulose,

Dry powder skim milk,

Dry powder of talcum.

Pollen and colloidal powders were mixed in different ratios varying from 2:1 to 1:2.

The pollen colloidal mixtures were then stored in gelatin capsules for varying periods of time up to one and a half years at 4 °C, — 20 °C, — 80 °C and room temperature. Samples when removed from storage were allowed to reach room temperature and then tested for E. M. study.

Freshly collected pollen and stored pollen were subjected to E. M. study according to standard procedure.

In vitro and *in vivo* tests on pollen viability were made.

No remarkable changes in the **ultrastructure** of stored pollen in comparison to fresh pollen, thereby indicating maintenance of viability through cold storage and colloidal substances with the exception of talcum. Pollen stored with talcum exhibited degeneration indicating loss of viability.

Storage of pollen at — 80° with albumin yielded maximum seed setting and responded well to *in vitro* germination.

Echantillonnage d'une « collection-noyau » de populations françaises de ray grass anglais (*Lolium perenne* L.)

Gilles CHARMET et François BALFOURIER

Mots-clés: ressources génétiques, *Lolium*, écotype, écogéographie, « core » collection.

On dispose de 550 populations prospectées en 1983 et 1984 sur l'ensemble du territoire français dans le cadre d'une coopération entre les sélectionneurs privés et l'IN RA, avec le soutien du Ministère de l'Agriculture.

Cette collection a été évaluée pour des caractéristiques agronomiques dans un réseau **multilocal**. Toutefois une évaluation plus complète, ainsi que la mise à disposition de semences dans une banque de gènes nécessite le recours à une phase de multiplication de chaque population en isolement. Des contraintes de coût et de travail rendent impossible la multiplication de l'ensemble de la collection. Le concept de « core collection » (Brown, 1989) s'avère donc particulièrement utile : il s'agit de constituer une sous-collection, d'environ 20 % des populations, qui soit aussi représentative que possible de l'ensemble de la variabilité.

Le choix de la collection noyau est basé sur 3 critères :

—Les similarités entre populations pour les caractères agronomiques, incluant les interactions **génotype/milieu**, par une classification multivariable.

—La répartition géographique, par l'introduction d'une contrainte de contiguïté qui permet d'obtenir des classes plus compactes. Une partition en 25 classes contiguës a été choisie, la variance inter-classes représentant ainsi la moitié de la variance totale.

—Les caractéristiques écologiques du site : habitat, mode d'exploitation. A l'intérieur de chaque classe, on a pris le soin de représenter les différents types d'habitat chaque fois que cela était possible. Le nombre de populations retenues par classe varie de 2 à 14 selon l'effectif de chacune.

Une sous-collection de 110 populations a ainsi été identifiée, dont la multiplication sera achevée en 1992. Une évaluation en profondeur est prévue dans le cadre d'un programme européen **ECP/GR** : essais agronomiques dans un réseau multinational, étude de la variation **isoenzymatique**, biologie moléculaire...

On espère ainsi développer notre connaissance de cette espèce comme modèle d'une graminée sauvage, et promouvoir l'utilisation des ressources génétiques en rendant plus accessible et plus attractive la collection noyau.

Bibliographie

BROWN A.D.H., 1989 — The case for core collection. In : *The use of plant genetic resources*. Brown, Frankel, Marshall, Williams (eds.), Cambridge.

Une banque de gènes pour les céréales à paille

Annick LE BLANC et Jean KOENIG *

Mots-clés: blé, orge, ressources génétiques, conservation, évaluation, réseaux, base de données.

L'inventaire des ressources génétiques de céréales à paille disponibles en France, engagé en 1988, vient de déboucher sur la création d'une Unité de Coordination, embryon d'un Centre de Ressources Génétiques pour les Céréales à Paille. Ce centre, coordonné par le **GEVES**, est accueilli par la Station d'Amélioration des Plantes INRA de Clermont-Ferrand. Sa mission est de constituer, gérer et évaluer une collection nationale associant l'ensemble des détenteurs de France de ressources génétiques de céréales à paille, qu'ils soient de sociétés privées ou d'instituts publics.

Le but d'une telle opération n'est pas de constituer d'énormes collections musées, ingérables, peu ou pas décrites et inexploitable à long terme, mais de mettre à la disposition des sélectionneurs de céréales un matériel génétique diversifié, original et correctement décrit. Outre cet aspect quelque peu pragmatique de la constitution de collections, le **rôle** de ce centre de ressources génétiques est évidemment de sauvegarder le patrimoine français et d'être reconnu pour cela au niveau international, ainsi que l'ensemble des géniteurs stratégiques pour la sélection française surtout ceux qu'il est difficile de se **reprocurer**.

L'originalité de la démarche tient au fait que les détenteurs et utilisateurs de ressources génétiques sont associés à la constitution, au maintien et au stockage des collections et surtout participent à l'évaluation des génotypes introduits.

En effet, les réseaux Orge et Blé sont constitués respectivement de 25 et 26 observateurs qui évaluent chaque année une centaine de génotypes issus pour la plupart d'introductions, de prospections ou des programmes de sélection INRA et qu'ils peuvent utiliser directement dans leurs propres programmes de sélection.

L'INRA assure les **préévaluations** et multiplications des ressources génétiques susceptibles d'être intégrées dans les réseaux. Les descriptions recueillies sont ensuite diffusées à l'ensemble des partenaires et enrichissent une base de données actuellement en cours de développement.

De plus, un certain nombre d'évaluations complémentaires peuvent être envisagées pour améliorer la connaissance du matériel disponible en collection ou à introduire : caractérisation de gènes de résistance à certains parasites (oïdium, virus...), tests de valeur d'utilisation, **électrophorégrammes** des protéines de réserve du grain... La description du matériel ancien français ou étranger, plus ou moins adapté, peut mettre en évidence des caractères

GEVES INRA, Domaine de **Crouelle**, Station d'Amélioration des Plantes, 63039 Clermont-Ferrand cedex, France.

* INRA, Domaine de **Crouelle**, Station d'Amélioration des Plantes, 63039 Clermont-Ferrand cedex, France.

intéressants à introduire dans du matériel adapté par le biais de croisements primaires dont les descendances pourraient être considérées comme ressources génétiques et géniteurs potentiels. Ces investigations sont sous la responsabilité de l'INRA en collaboration avec le Centre de Ressources Génétiques.

ERGE : un programme de gestion des ressources génétiques sur microordinateur

Annick LE BLANC et Jacques **GUILLO** *

Mots clés: base de données, céréales, ressources génétiques.

ERGE est un programme conçu pour la micro-informatique qui permet de gérer localement des collections de ressources génétiques selon une politique de gestion harmonisée entre les différents utilisateurs. Il est écrit en langage **SGBD-KMAN** (Système de Gestion de Base de Données — **Knowledgeman**). Il est fourni avec une notice d'utilisation et son condensé ainsi qu'un manuel d'autoformation. Son utilisation en elle-même est facilitée par la convivialité des menus et écrans et accessible à quiconque pourvu que l'on connaisse les grands principes de gestion des ressources génétiques définis par le cahier des charges et décrits dans le manuel d'accompagnement du logiciel.

La gestion des collections se fait à deux niveaux :

- un niveau local qui concerne les observations faites sur un site,
- un niveau national qui regroupe les observations de tous les sites intégrés dans la base de données.

La base de données est organisée en sous-bases liées entre elles par des transferts contrôlés eux-mêmes par des modalités **prédéfinies** :

- La **Sous-Base Collection Annuelle** est constituée d'une partie des ressources génétiques de la collection locale, qui est multipliée une année donnée et pour laquelle un certain nombre d'observations sont faites.
- La **Sous-Base Collection Générale** est constituée des ressources génétiques de la collection locale ; elle est alimentée par des introductions testées ou non au préalable (entrée directe ou passage par la Base-Test) ; elle est mise à jour annuellement par addition des observations de la Sous-Base Collection Annuelle.

GEVES INRA, Domaine de **Crouelle**, Station d'Amélioration des Plantes, 63039 Clermont-Ferrand cedex, France.

* INRA, Amélioration des Plantes, BV 1540, 17, rue de Sully, 21034 Dijon cedex, France.

- La **Sous-Base Test Annuelle** est constituée des variétés acquises sur le site que l'on observe pour la première ou la **nième** année (limitée à 5) sur ce site afin de juger de l'opportunité de leur introduction en collection de ressources génétiques.
- La **Sous-Base Test Générale** fusionne pour chaque année de test les observations concernant les introductions que l'on souhaite transférer en collection ou **réobserver**. On transfère en Sous-Base Collection Générale les informations concernant les numéros considérés comme des ressources génétiques (soit x lignes correspondant à x années de test) qui suivent ensuite le circuit, Sous-Base Collection-Générale <—> Sous-Base Collection Annuelle, décrit ci-dessus.

La **Base Nationale Collection** regroupe l'ensemble des bases locales (Sous-Base Collection Générale) des différents sites. Une même ressource génétique peut donc y être représentée par plusieurs lignes par année, correspondant aux différents sites qui l'ont observée.

La **Base Nationale Test** est temporaire ; elle peut être archivée mais elle est remise à zéro tous les ans pour recevoir l'ensemble des Bases Test des différents sites et confronter ainsi les souhaits de transfert en collection, de prolongation de l'observation ou d'élimination d'introductions communes à plusieurs sites.

Prospection et inventaire des espèces spontanées du genre *Medicago* L. en Tunisie

Abbes ABDELKEFI, Mohamed BOUSSAID et Mohamed MARRAKCHI

Les effets conjugués de l'action de l'homme (urbanisation, défrichement, surpâturage...) entraînent une dégradation et un rétrécissement des surfaces des pâturages naturels. Toute stratégie d'amélioration des parcours doit tendre vers la sauvegarde de la diversité du patrimoine **phytogénétique**, en plus des objectifs immédiats de production.

Dans ce cadre, un programme de prospection et de collecte des espèces spontanées du genre *Medicago* a été initié dès l'année 1984 et s'est poursuivi jusqu'en 1988. Les prospections ont été réalisées à différentes époques de l'année afin de permettre le suivi des différents stades **phénologiques** des plantes et de déterminer ainsi correctement les espèces. Enfin, pour mieux cerner la plus large gamme de la variabilité, des zones très variées et remarquables par leur végétation, leur type de sol et leur climat, ont été explorées. Les collectes ont été accompagnées d'une description codifiée des différentes caractéristiques des milieux.

Près de 180 échantillons appartenant à 17 espèces annuelles ont été récoltés sous forme de gousses. Ces accessions sont traitées et conservées dans des conditions de température et d'humidité convenables. Onze populations de *Medicago tunetana*, espèce pérenne, ont été répertoriées dans une « zone refuge ». Une collection vivante a été installée dans la région de Tunis à partir de boutures provenant des différentes populations de cette espèce.

L'étude de la répartition des *Medicago* annuelles en fonction des types de sol ne fait pas apparaître, en première analyse, ce facteur comme élément discriminant cette répartition. Par contre, le pH, la salinité, la qualité du drainage du sol ainsi que l'altitude sont des facteurs qui agissent sur la répartition de ces espèces. L'établissement d'une carte de la répartition en fonction des étages bioclimatiques et de la pluviosité a révélé une association préférentielle d'espèces au niveau de chaque étage. Cependant le semi-aride apparaît comme un carrefour où se retrouve l'ensemble des espèces répertoriées. Malgré le régime préférentiellement autogame des espèces annuelles de *Medicago*, des échanges géniques peuvent avoir lieu entre individus appartenant à un même compartiment spécifique (allogamie résiduelle). Par ailleurs, les habitats voisins rapprochent les « distances d'interpollinisation », favorisent les hybridations introgressives et expliquent l'existence de formes intermédiaires.

« Centre de diversité » des espèces annuelles du genre *Medicago*, le pourtour méditerranéen en général et la Tunisie en particulier renferment une extrême richesse de formes dans les différents biotopes. La sauvegarde et l'évaluation de ce patrimoine phytogénétique est un préalable indispensable à tout programme de valorisation des parcours en zone aride.

Les cultivars de niébé (*Vigna unguiculata*) du Cameroun

Rémy PASQUET

Le niébé, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., présente une remarquable diversité morphologique au Cameroun : plus de deux cents cultivars sont identifiables d'après les caractéristiques de leurs gousses (nombre de locules, dimensions, coloration et degré de déhiscence) et de leurs graines (dimensions, texture et coloration du tégument, en particulier de l'oeil).

Chacun de ces cultivars peut être caractérisé par un usage, un type d'insertion dans l'agrosystème, et surtout une distribution géographique précise, qui obéit à des contraintes d'ordre écologique, mais qui est le plus souvent déterminée par des facteurs humains. Ainsi, chaque composante ethnique peut être caractérisée par un ensemble de cultivars.

Les cultivars peuvent être regroupés en **cultigroupes** (cg.), entités qui possèdent alors une signification évolutive. On peut distinguer, en recombinaison les classifications d'Auguste Chevalier et de Westphal, six **cultigroupes**. Soit, par ordre d'ancienneté supposée : cg. *textillis*, cg. *campestris*, cg. *melanophthalmus* et cg. *oleraceus*. Les **cultigroupes** *biflorus* et *sesquipedalis*, d'origine asiatique, sont anecdotiques au Cameroun.

Le **cultigroupe** *textilis* est caractérisé par ses longs pédoncules floraux (caractère **monogénique**), atteignant le mètre, dont, rouis, on tire des fibres textiles utilisées pour la confection de cordelettes. Un premier cultivar, montagnard, reste proche des formes sauvages, mais les deux autres, plus évolués, caractérisent des ethnies de pêcheurs des zones inondables du Logone, où cg. *textilis* prenait une grande importance économique.

Le **cultigroupe** *campestris* rassemble des cultivars plutôt primitifs, photosensibles, à port plutôt rampant, à graines à tégument lisse et le plus souvent coloré. On le rencontrait, d'après Chevalier, dans toute la zone **soudano-sahélienne** du Nord de l'Afrique ainsi que dans les oasis, mais il tend visiblement à disparaître au profit du cg. *melanophthalmus*. On ne le rencontre plus au Cameroun que sur les monts **Mandara**, et dans une certaine mesure, aux marges sud de la zone d'extension des cultivars photosensibles.

Le **cultigroupe** *melanophthalmus* rassemble des cultivars photosensibles, à graines à tégument fripé. On peut distinguer un premier ensemble de cultivars assez localisés, plus ou moins liés à des groupes ethniques peu ou non islamisés, et un second groupe de cultivars couvrant des vastes espaces de plaines sous influence Foulbé. Ces vastes distributions (en bandes plus ou moins étendues en latitude) permettent de constater un remarquable phénomène d'adaptation et de synchronisation des floraisons avec la fin de la saison des pluies en un lieu donné.

Le **cultigroupe** *oleraceus* est au contraire constitué de cultivars **photoindépendants**, à port souvent très volubile, à gousses à nombre de **locules** élevées, à graines à tégument lisse. Il caractérise la partie sud du continent africain et secondairement des zones guinéennes d'Afrique de l'Ouest. Excepté le cas très particulier des « **niébés** sexuels », son introduction au Cameroun est très récente, et son aire d'extension se limite aux régions au Sud de l'**Adamaoua**, où deux cycles de culture annuels sont possibles, et où les cultivars photosensibles n'autorisent qu'un seul cycle de culture.

Inventaire des plantes médicinales de trois régions d'Algérie

Khadra MAIZA, Victoria HAMMICHE, Nicole BOUNAGA * et
Robert-Ali BRAC DE LA PERRIERE *

Mots clés: plantes médicinales, Sahara, **ethnobotanique**.

La pharmacopée saharienne, à base de plantes spontanées, est surtout le fait d'un savoir des communautés nomades. Le Sahara a connu durant ces deux dernières décennies une période de sécheresse, la plus importante du siècle, qui a accéléré la sédentarisation de nomades. Ces « **néo-citadins** » continuent leurs activités pastorales et de cueillette à la périphérie des villes dans un périmètre qui s'élargit considérablement depuis l'utilisation générale de moyens de transport motorisés (Bounaga et Brac de la Perrière, 1989). La raréfaction des espèces médicinales les plus utiles accuse l'urgence d'une évaluation. Des études pharmacologiques indiquent des teneurs élevées en principes actifs chez certaines espèces, et confirment l'intérêt de ces ressources **phytogénétiques** pour l'industrie pharmaceutique.

Pour identifier les plantes cibles d'un savoir **ethnopharmacologique** qui peu à peu s'éteint, des enquêtes ont été conduites dans plusieurs régions du Sahara algérien. Les zones d'enquêtes distinctes et homogènes ont été définies en fonction à la fois de la composition **floristique** et de la communauté nomade utilisatrice. La comparaison des noms vernaculaires et des indications thérapeutiques pour les espèces qui sont communes aux **droguiers** des différentes régions permet de distinguer les utilisations essentielles des usages mineurs, et permet ainsi d'orienter les recherches **phytochimiques** ultérieures.

Les trois stations qui ont été retenues pour les enquêtes sont caractéristiques de trois ensembles **phytogéographiques** distincts (Quezel, 1978) : El Goléa/El Meniaa, Béni Abbas, Tamanrasset.

Les enquêtes concernent les villes et un périmètre de 30 à 100 km alentour. Les informateurs sont des **tradipraticiens** locaux reconnus comme tels par la population (nomades sédentarisés depuis plus d'une génération). Les données sont relevés selon un **cannevas** standardisé : fiches **PHARMEL**.

La connaissance du nom vernaculaire est un élément essentiel dans la réalisation des enquêtes. Nous avons noté qu'il existait pour certaines drogues un nom vernaculaire arabe propre aux stations septentrionales et un nom **tamachekh** propre à la région de Tamanrasset. Pour des drogues à utilisation plus large, il existe toujours un nom arabe commun aux trois stations en plus des noms locaux.

Les noms vernaculaires sans une détermination systématique de la drogue peuvent conduire à des confusions dans le cas où une dénomination désigne deux espèces distinctes : cas de « **Guertoufa** » : *Matricaria* à El Goléa, *Cotula* à Béni-Abbés et Tamanrasset.

Six plantes sur dix présentent une indication thérapeutique majeure commune aux trois stations : *Ammodaucus*, *Artemisia*, *Capparis*, *Cotula*, *Colocynthis* et *Ruta*. Cette généralisation d'un usage dans un rayon de plus de 1 000 km vérifie son efficacité. Il existe malgré de petites « astuces » propre à chaque praticien, une uniformité dans les modes de préparation et d'administration des drogues concernant les indications majeures.

Bibliographie

- ADJNANOHOUN E., CUSSET G., ISSA L., LIBRA E., LEJOLY J., WAECHTER P., 1989 — *Notice pour la récolte et l'entrée des données*. A.C.C.T.
- BISSON J., CALLOT J., 1990 — Les hommes et la sécheresse autour du grand Erg occidental (Nord-Ouest du Sahara algérien). *Rev. Sécheresse*, no 2, pp. 124-133
- BOUNAGA N., BRAC DE LA PERRIÈRE R-A., 1989 — Connaissance des nomades et utilisation du milieu désertique dans l'oasis, plantes spontanées saharienne entrant dans l'alimentation à El Goléa (Sahara algérien). *URBAMA*, no 20, pp. 207-211.
- OZENDA P., 1983 — *Flore du Sahara*. CNRS.

Les ressources génétiques du palmier dattier. Organisation des programmes de recherche en Algérie

Nicole BOUNAGA et Robert-Ali BRAC DE LA PERRIERE

Mots-clés: palmier, ressources génétiques, Algérie.

Le palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.) est la seule espèce cultivée rattachée au genre *Phoenix*. Les palmeraies du Sud algérien sont composées exclusivement de cette espèce. Des individus de cette plante dioïque se recombinent naturellement par voie sexuée pour donner une descendance hétérogène : les francs. La voie végétative est utilisée par l'agriculteur pour multiplier les génotypes présentant les caractéristiques agronomiques les plus intéressantes. L'ancienneté de la culture (signalée par les peintures rupestres du Tassili vieilles de 3000 ans) expliquerait une très grande diversification des clones dans toutes les palmeraies traditionnelles. Aujourd'hui le secteur agricole moderne de l'Est du pays privilégie seulement deux à trois clones.

Les cultivars des palmeraies ont fait l'objet de plusieurs essais d'identification depuis un siècle. Pourtant très peu d'éléments scientifiques sur l'inventaire **variétal** et l'organisation du verger dattier étaient disponibles au début des années 1980. Notre laboratoire qui était engagé sur des études fondamentales a progressivement orienté les programmes de recherche sur l'inventaire de terrain en liaison avec la **fusariose** qui demeure le principal danger pour la palmeraie algérienne.

En Algérie, le réseau de recherche sur le palmier dattier concerne 7 stations expérimentales. Trois d'entre elles développent des programmes approchant les ressources génétiques :

—Adrar (**INRAA**) : collection des cultivars de l'Ouest (plantation 1972). Programme de croisements dirigés pour la sélection de palmiers résistants à la **fusariose**.

—El Arfiâne (**ITDAS**) : collection des cultivars de l'Est (plantation 1940). Programme de croisements dirigés pour la sélection de mâles par back-cross.

—El Meniaa (**URZA**) : collection des cultivars du Centre (plantation 1991-92). Programme d'évaluation des ressources génétiques et lutte contre la **fusariose**.

L'Institut de formation supérieure en agriculture saharienne (p. ex. **ITAS**) de Ouargla participe à travers la formation d'ingénieurs au programme des ressources génétiques du palmier dattier (4 thèses en 1990, 6 thèses en 1991).

Les travaux du laboratoire de **phytogénétique** de l'Unité de Recherche sur les Zones Arides s'articulent sur l'inventaire et la caractérisation à différents niveaux des cultivars et des mâles : organisation spatiale, évaluation agronomique et résistance à la **fusariose**, évaluation génétique. Quelques résultats récents sont présentés :

1. Identification **variétale** : Les huit millions de palmiers dattiers d'Algérie sont dispersés sur près d'un million de kilomètres carrés. Les prospections des dix dernières années ont permis d'inventorier la majeure partie du verger, d'identifier plus de 700 cultivars, et de décrire l'organisation géographique des ressources génétiques du palmier (**Benkhalifa et al.**, 1992).

2. **Fusariose** : L'analyse comparative de plusieurs palmeraies contaminées par la **fusariose** montre que la diversité génétique entretenue localement a permis d'empêcher l'extension de la maladie par la multiplication de clones tolérants. En prenant modèle sur cette forme de lutte empirique, il est proposé une stratégie de lutte adaptée aux caractéristiques de chaque palmeraie (**Bounaga et al.**, 1992).

3. Evaluation agronomique : Parallèlement aux cultivars, une première analyse des palmiers mâles dans des conditions de culture homogène et sur des descripteurs standardisés nous permet d'approcher le polymorphisme d'une population rare, dispersée et hétérogène (**Babahani et al.**, 1992).

4. Evaluation génétique et marqueurs protéiques : La variabilité **intra-cultivar** du palmier dattier décelée par électrophorèse enzymatique concerne quatre cultivars sur 28 analysés. Ces variations sont discutées en fonction des paramètres **ethnobotaniques** et génétiques (**Bennaceur et al.**, 1992)

5. Evaluation génétique et composés **flavoniques** : Les teneurs relatives des glycosides **flavoniques** permettent de bien caractériser les cultivars et de déceler une variabilité **intra** plus forte chez **Taqerbucht**, regroupant plusieurs clones (**Ouafi et al.**, 1992)

6. Base de données : La base de données du palmier dattier est en cours d'élaboration pour être l'outil de liaison entre laboratoires, terrains expérimentaux et palmeraies pour une conservation dynamique des ressources génétiques de l'espèce (**Benkhalifa** et Nguyen-Van, 1992).

Lutte contre la **fusariose** du dattier par l'utilisation d'une diversité génétique entretenue

Nicole **BOUNAGA**, Abderrahmane **BENKHALIFA** et
Robert-Ali **BRAC DE LA PERRIERE**

Mots-clés : **fusariose**, diversité génétique, palmier, Algérie.

Le *Fusarium oxysporum* f. subsp. *albedinis*, agent de la maladie du bayoud, est responsable de la mort de plusieurs millions de palmiers dattiers au Maroc. En Algérie où la mortalité n'est pas précisément quantifiée, la **fusariose** concerne exclusivement les oasis du sud-ouest et du centre du Sahara et touche la moitié des communes **phoenicicoles** (**Brac de la Perrière** et **Benkhalifa**, 1991). Sur une superficie de 500 000 km², les palmeraies contaminées offrent une large gamme de situations, en particulier par rapport à l'ancienneté de l'introduction du pathogène, la composition **variétale**, le mode d'irrigation, la vitalité de l'agriculture et le degré d'intégration dans l'économie de marché. L'analyse de six palmeraies cherche à rendre compte de la diversité des situations et de la dynamique de lutte empirique ou assistée qui se fonde sur l'utilisation d'une diversité génétique entretenue.

La diversité **variétale** de chaque palmeraie qui est le fruit de sélections autonomes et d'échanges entre les agriculteurs traditionnels a servi dans la plupart des cas à lutter directement contre la **fusariose** par la multiplication empirique des clones les plus tolérants (**Brac de la Perrière** et **Bounaga**, 1990). Malgré leur sensibilité, certains cultivars majeurs sont toujours multipliés. L'abondance du cultivar tolérant **Timjuhart** à El-Goléa est probablement une des causes qui empêche la diffusion de la maladie dans cette palmeraie. Certains cultivars comme **Taqerbucht**, présentant une résistance remarquable, ont été introduits dans plusieurs palmeraies contaminées, alors que d'autres (**Mcharret**, **Aghares**, **Adam Bullah**, **Adam Er-Rob**) n'ont qu'une distribution restreinte. Les palmiers **Taqerbucht**, qui ont une bonne qualité fruitière, regroupent sous la même appellation plusieurs clones aux caractéristiques proches, identifiés sur le terrain par la couleur de la datté. Cependant ce cultivar mûrit très tardivement ses fruits dans les régions les plus chaudes (Touat, Tidikelt) et ne peut convenir dans les palmeraies

septentrionales. L'oasis enclavée de **Tabelbala** montre le cas d'une palmeraie, anciennement atteinte, ne bénéficiant d'aucun cultivar tolérant. Malgré une composition **variétale** polymorphe, l'extension de la **fusariose** y est préoccupante. Sa canalisation nécessite l'importation urgente de cultivars tolérants à partir de régions écologiques similaires.

De nombreuses contraintes freinent l'application des programmes classiques de sélection de dattiers résistants à la **fusariose** (soutenus par le projet régional **PNUD/FAO** de lutte contre le **bayoud**, Djerbi, 1988). Les contraintes agronomiques, **technico-administratives** (difficultés de la permanence des activités de recherches) et biologiques dues à la plante, la méconnaissance de la génétique et des mécanismes de transmission des caractères d'adaptation, de production et de résistance et l'apparition possible de pathogènes mutants plus virulents limitent les résultats d'une amélioration **génétique** appliquée généralement sur des espèces de plantes à cycle court (**Bounaga**, 1991). La lutte chimique, très coûteuse, ne peut concerner que les foyers primaires lors de leur apparition. On se propose d'adapter les stratégies de défense aux caractéristiques spécifiques de chaque palmeraie en ayant recours aux ressources génétiques entretenues, favorisant la multiplicité des clones dont la résistance a pu être empiriquement vérifiée.

Bibliographie

- DJERBI M.**, 1988 — *Le projet régional PNUD/FAO de lutte contre le bayoud*. Table ronde sur le bayoud, Alger 12-20 septembre 1988, 17-22
- BRAC DE LA PERRIÈRE R-A.** et **BOUNAGA N.**, 1990 — *Etude du verger phoenicole d'une palmeraie traditionnelle (Béni-Abbés, Sud-Ouest algérien)*.
- BRAC DE LA PERRIÈRE R-A** et **BENKHALIFA A.**, 1991 — Progression de la **fusariose** du palmier dattier en Algérie. *Sécheresse*. 2 : 119-128.
- BOUNAGA N.**, 1991 — *Les palmiers dattiers : Rappels biologiques et problèmes physiologiques. Physiologie des arbres et arbustes en zones arides et semi-arides*. Groupe d'étude de l'arbre. Paris, France, 323-336.

Le polymorphisme des palmiers mâles (*Phoenix dactylifera* L)

Souad **BABAHANI**, Yamina **DIB** et
Robert-Ali **BRAC DE LA PER RI ERE** *

Mots-clés : *Phoenix*, palmier, Algérie.

Le palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.) est une espèce dioïque. Le dattier mâle, appelé **dokkar** dans les pays arabes, est un élément rare mais obligatoire des palmeraies cultivées. Sa proportion par rapport aux femelles

n'excède jamais de beaucoup un pour cent. Ce sex-ratio entretenu oblige une pollinisation **anthropophile**. En Algérie, comme dans la majeure partie des régions **phoenicicoles**, les mâles ne sont pas sélectionnés. Issus de la germination de graines, quelques **dokkars** sont retenus dans chaque palmeraie pour la fécondation.

Population dispersée et hétérogène, les mâles constituent une composante peu étudiée des ressources génétiques du palmier-dattier. Les cultivateurs leur reconnaissent des qualités **pollinisatrices** variables, mais généralement ils ne les distinguent pas nommément. Parfois dans les palmeraies orientales, les mâles sont identifiés par le nom du cultivar femelle le plus ressemblant **phénotypiquement** ; on parle de mâle de type **Deglet Nour**.

Dans les conditions **pédo-climatiques** homogènes des stations d'**Hassi-Ben Abdallah** près de **Ouargla** et d'**El Arfiane** près de **Djamaa**, nous avons réalisé une première caractérisation phénotypique et une évaluation agromonomique de palmiers mâles en collection. Trois cultivars femelles les plus courants dans la région ont été pris en individus supplémentaires (**Deglet Nour**, **Ghars**, **Degla Beida**). Les données sont consignées à partir de fiches standardisées de descripteurs des caractères végétatifs (20 variables discriminantes retenues après plusieurs applications, traitées par analyse en composantes principales) et de production de pollen (4 variables qualitatives correspondant à 14 modalités traitées par analyse factorielle des correspondances).

Les populations de mâles analysées offrent le même spectre de variation. L'identification ne correspond pas à un phénotype bien établi sur des descripteurs précis, qu'elle émane d'un **typage** par les cultivateurs (**Hassi Ben Abdallah**), ou qu'elle provienne d'un croisement dirigé (**El Arfiane**).

Parmi ces populations il est possible de sélectionner des individus pour un ensemble de bons caractères de production de pollen : nombre de spathes élevé, poids des spathes élevé, bonne fertilité du pollen, précocité.

La comparaison du taux de nouaison à partir de croisements dirigés entre neuf mâles et trois cultivars ne révèle aucun effet **métaxénique** significatif.

Les mâles de type « **Deglet Nour** », génétiquement proches du clone d'élite sont en grande majorité de mauvais **pollinisateurs**. Il paraît nécessaire d'élargir la base génétique par l'introduction de mâles d'autres régions **phoenicicoles**.

Bibliographie

- BABAHANI S., 1991 — *Caractérisation et évaluation des palmiers dattiers mâles (dokkars) de la collection de Hassi Ben Abdallah (Wilaya de Ouargla)*. Thèse d'ingénieur, ITAS, Ouargla.
- BROCHARD P., 1974 — La sélection génétique du palmier dattier. *Bull. Agr. Sah.* 2 : 1-20.
- Collectif atelier d'El **Goléa**, 1990 — Le palmier dattier, méthodologie de prospection. *Bull. Amél. Prod. Agr. Milieu Aride*, 5 : 79-92.
- DIB Y., 1991 — *Caractérisation et évaluation des palmiers dattiers mâles (dokkars) de la collection de la station ITDAS d'El Arfiane (Wilaya d'El Oued)*. Thèse d'ingénieur, ITAS, Ouargla.

Premières études sur un « haricot » saharien, le tadelaght (*Vigna unguiculata* subsp. *unguiculata* cg. *biflora*)

Claudine RA ABA, Ahmed Tahar SAID, Nadia ANOUN,
Ahmed CHAABENA *, Nadedja ECHIKH, Rabah FILALI,
Houria HADJ-ARAB

Le tadelaght est un « haricot » saharien à culture estivale, tolérant au sel. Les premiers résultats sur sa résistance au -stress hydrique (1991) sont très intéressants.

Il s'agit d'une *Vigna unguiculata* subsp. *unguiculata* cg. *biflora* (identification 1990). Il est cultivé comme fourrage d'été et peut subir plusieurs coupes avant la floraison. Dans les oasis on le consomme comme haricot vert et haricot sec.

L'étude de la biologie de sa reproduction montre l'existence de rythmes biologiques très fins limitant à quelques heures seulement le temps de réceptivité du pistil (1991). Sa stabilité génétique est importante, c'est une plante **cléistogame** mais qui se prête à l'hybridation ; son **allocalcompatibilité** a été testée (1991).

L'étude de cette plante extrêmement intéressante en climat méditerranéen aride et saharien doit être menée rapidement : seules quelques populations nettement différenciées et proches de l'érosion génétique (1990-1991) restent isolées dans de rares oasis.

Index des mots-clés

- acides gras, 261, 589
adaptation, 413
ADN chloroplastique, 155
ADN mitochondrial, 495
ADN ribosomique, 560, 588
adventices, 397
Afrique, 37
Agrobacterium, 253
agrochimie, 541
alcaloïdes, 592
Alcool déshydrogénase, 59
Algérie, 125, 563, 600, 632, 634, 635
Allium, 193
allocation de ressources, 301
allozyme, 572
Amazonie, 385
amélioration des plantes, 291, 413
AMP cyclique, 203
Ananas, 560
androgénèse, 588
annualité, 576
anthracologie, 351
apomixie, 15, 135, 291
aposporie, 15
aridité, 507
atmosphères contrôlées, 435
atrazine, 575
autofécondation, 165
barrières reproductives interspécifiques, 269
base de données, 619, 626, 627
Bénin, 599
Beta, 455, 576
biodiversité, 589
biotechnologie, 541
bisannualité, 576
blé, 626
Brassica, 455
brevet, 517
Bromus, 572
calmoduline, 203
caractères quantitatifs, 337
cartes génétiques, 109, 215, 550, 553
cartes physiques, 215
caryologie, 591
Catharanthus, 592
CEE, 425
céréales, 413, 627
changement climatique, 371
chêne, 589
chimiométrie, 549
chimiotaxonomie, 563, 567
Chine, 447
chromatographie en phase gazeuse, 589
chromosome B, 245
chromosomes, 554
circulation, 517
Citrus, 135
clone, 185
coévolution, 397
colza, 261
compatibilité sexuelle, 281
complexe agamique, 291
complexe d'espèces, 15, 87, 193, 245, 301
complexe plantes cultivées-plantes sauvages, 614
congélateur ménager, 435
consanguinité, 165
conservation, 125, 175, 413, 425, 435, 455, 610, 626
« core » collection, 625
Cucurbita, 614
cultivars, 185, 565, 614
culture *in vitro*, 435
cytogénétique, 245
cytométrie en flux, 135
Dactylis, 554
déforestation, 371

- démographie, 329, 591
 désertification, 602
 dessiccation, 435
 développement, 413, 576
 différenciation génétique, 313, 337, 589
 dispersion, 329
 diversification des taxons, 597
 diversité cytoplasmique, 559
 diversité génétique, 19, 37, 135, 507, 550, 552, 560, 580, 634
 domestication, 5, 19, 87, 175, 385, 495
 droit d'obtention végétale, 517
 dureté, 622
- écogéographie**, 625
 écologie, 576
 écotype, 625
 effet de fondation, 495
 électrophorèse, 99
 empreintes génétiques, 550
 encapsulation, 435
 entérobactérie, 203
 environnement, 541, 602
Epidinocarsis, 185
 érosion génétique, 507
 estérase, 582
ethnobotanique, 447, 631
 évaluation, 73, 626
 évolution, 5, 135, 175, 203, 225
 extinction d'espèces, 329, 371
- fin du libre accès, 517
 flavonoïdes, 549, 563, 567
 flux de gènes, 5, 19, 155, 165, 575, 589
 fonctionnement de l'écosystème, 371
 fourrage, 291
 France, 425
 fusariose, 125, 634
- gènes neutres, 351
 gènes ribosomiques, 225
 génétique reverse, 215
 génétique, 329
 germination, 622
 gestion dynamique, 337
 GMP cyclique, 203
 groupes hétérotiques, 477
- Hedysarum*, 579, 580
 herbicide, 261, 575
 hétérochromatine, 245
- hétérosis, 495
 hordéines, 99, 584
Hordeum, 584
 HPLC, 592
 hybridation, 87, 109, 155, 193, 269, 561, 592
- IBPGR**, 425
 igname, 175
 images synthétiques, 554
 industrie de transformation, 541
 industrie semencière, 541
 information, 541
 introduction d'espèces, 165
introgression, 155, 269, 301, 561, 610
 inventaire, 620
 isoenzymes, 135, 155, 351, 495, 565, 580
 isolement des gamètes *in vitro*, 281
- Lathyrus*, 582
 libre accès gratuit aux ressources génétiques, 517
Lolium, 625
Lupinus, 603
 lutte biologique, 397
- maïs, 477
Malpighiaceae, 597
Manihot, 185
 marqueurs moléculaires, 109
Medicago, 622
métapopulation, 329
 mil, 19, 245
 milieux naturels, 385
 millet, 447
 mode de reproduction, 5, 165, 193, 301
 moléculture, 541
 morphologie, 590, 591
Musa, 553
- Nicotiana*, 588
- organisation reproductive, 19
 orge, 99, 626
Oryza, 225, 549, 561
- palmier, 125, 565, 567, 619, 620, 632, 634, 635
 palynologie, 351
Panicum maximum, 15
Pennisetum, 59, 73, 233
 pérennité, 576

- phaseoline*, 495
Phaseolus, 495, 614
Phoenix, 635
phosphatase acide, 582
Pinus, 351
pin maritime, 351
plantes médicinales, 631
plantes spontanées, 600
pollen, 281, 588, 597
pollinisation, 165, 597
polymorphisme, 99, 225, 313, 477
polypléidie, 572
pool génique, 87
populations humaines, 413
populations végétales 313, 337, 579, 582, 603
Populus, 610
privatisation des ressources génétiques, 517
propriété intellectuelle, 541
prospection, 73
protéines totales, 351
protoplastes, 269
Pseudotsuga, 165
public, 541
Quercus, 155
RAPD, 215, 558
relation phylogénique, 135
réseaux, 337, 626
résistances, 73, 397, 495, 575
ressources génétiques, 5, 37, 73, 87, 109, 125, 175, 185, 193, 245, 301, 337, 385, 413, 425, 477, 507, 517, 600, 609, 619, 620, 625, 626, 627, 632
RFLP, 59, 215, 233, 477, 550, 552, 553, 559, 560, 561
richesse spécifique, 371, 385
riz, 37, 109, 561
Sahara, 600, 602, 631
savane, 599
Scorpiurus, 622
sélection, 233, 351, 477
sélections gamétophytiques, 19
semences, 413, 591
séquences répétées d'ADN, 225
Setaria, 87, 575
sexualité, 291
sol, 590
Solanum, 614
sonde froide et fluorescente, 193
Sorghum, 73, 552
steppe, 591
stratégie conservatoire, 455
structure génétique, 165
synthèse d'ATP, 203
systèmes d'information géographique, 413
terpènes, 351
Theobroma, 558, 559
transfert direct de gènes, 253
transformation génétique, 253, 261
Trifolium, 622
Ulmus, 609
ultrastructure exinique, 597
unité germinale mâle, 281
utilisation, 73
variabilité, 5, 59, 165, 269, 337, 477, 495, 565, 579, 582, 584, 590, 599, 603
végétation, 602
verger à graines, 165
vitrification, 435
Xanthomonas, 185
Zea, 614
Zygophyllum, 563
zymogramme, 592

Index des auteurs

- ABDELGUERFI Aïssa, 622
ABDELKEFI Abbas, 507, 628
AFZAL-RAFII Zara, 589
AINOUCHE Abdelkader, 603
AINOUCHE Malika, 572
ANOUN Nadia, 637
ARBEZ Michel, 607
BAATOUT Hedi, 579, 580
BABAHANI Souad, 635
BACILIERI Roberto, 155
BAHRMAN Nasser, 351
BALFOURIER François, 625
BAMA V., 185
BANNEROT Hubert, 495
BARADAT Philippe, 351
BARGHI Nasrine, 556
BEACHY Roger, 562
BECHTOLD Nicole, 261
BEN BRAHIM Nedja, 582
BEN FADHEL Najah, 583
BENDAOUZ Latifa, 19
BENHOUBOU Salima, 602
BENINGA Marboua, 73
BENKHALIFA Abderrahmane,
619, 620, 634
BENMALEK Samir, 620
BENNACEUR Malika, 565
BESSE Pascale, 550
BILGER Isabelle, 609
BIROUK Ahmed, 577, 578
BISCHLER Hélène, 585
BOISSELIER-DUBAYLE Marie-
Catherine, 585
BOMPARD Jean-Claude, 613
BOUDRY Pierre, 576
BOUNAGA Nicole, 563, 565, 567,
600, 631, 632, 634
BOUSSAID Mohamed, 507, 582,
583, 628
BOYET Chantal, 549
BRAC DE LA PERRIERE Ro-
bert-Ali, 125, 565, 567, 600, 620,
631, 632, 634, 635,
BUNTING Arthur-Hugues, 413
CABOCHE Michel, 467
CARBONNIER Jacques, 578
CAUDERON André, XXIX
CAUSSE Mathilde, 109, 551
CHAABENA Ahmed, 637
CHANTEREAU Jacques, 552
CHARCOSSET Alain, 477
CHARMET Gilles, 625
CHARRIER André, 37, 425
CHATTI Wided-Saloua, 580
CHAUVET Michel, 455
CHERKAOUI Mohamed, 19
CHEVALLIER Marie-Hélène, 587
CHEVRE Anne-Marie, 616
CHIBANI Farhat, 99, 584
CHRESTIN Hervé, 592
CITHAREL Jean, 603
CITHAREL Lucienne, 603
COMBES Daniel, 15, 590
CORDESSE F., 225
DANCHIN Antoine, 203
DANIELOU Valérie, 616
DARMENCY Henry, 616
DARMENCY Mona, 555
DAVID Alain, 253
DAVID Hélène, 253
DAVID Jacques L., 337
PAEPE (DE) Rosine, 588
DEBOUCK Daniel, 495, 614
DEGREMONT Isabelle, 552
DELSENY Michel, 225
DESPREZ Bruno, 467
DEU Monique, 552
DIB Yamina, 635
DODD Richard, 589

- DUBOST Daniel, 617
 DUCOUSSO Alexis, 155
 DUMAS Christian, 281
 DUMONT R., 175
 DUPERRAY C., 573
 DUVAL Henri, 477
 ECHIKH Nadedja, 637
 EL MOUSADIK A., 577
 ENGELMANN Florent, 435
 FAIVRE RAMPANT Patricia, 610
 FAKIR Said, 578
 FARCY Eliane, 555
 FAURE Sabine, 553
 FAURE Xavier, 135
 FERNANDEZ René, 608
 FILALI Rabah, 637
 FRALEIGH Bradley, 123
 FYAD-LAMECHE Zohra, 571
 GALE Mike, 557
 GALE Mike D., 233
 GALLAIS André, 477
 GARNIER Pauline, 477
 GASQUEZ Jacques, 397
 GHESQUIERE Alain, 109, 561, 592
 GLASZMANN Jean-Christophe, 552
 GONZALEZ DE LEON Diego, 552, 553
 GOUYON Pierre-Henri, 329
 GRIM Fatma, 563
 GUERCHE Philippe, 261
 GUIGNARD Gaetan, 554
 GUILLAUMET Jean-Louis, 385
 GUILLON Jacques, 627
 HADJ-ARAB Houria, 637
 HAMMICHE Victoria, 631
 HAMON Perla, 175, 573
 HAMON Serge, 301, 573
 HANIFI Nadir, 591
 HANNACHI Slimane, 620
 HARLAN Jack R., XXV
 HASH C.T., 233
 HERMITTE Marie-Angèle, 517
 HEUGAS Madeleine, 19
 HORRY Jean-Pierre, 553
 HUON André, 572, 603
 JACOT Philippe, 612
 JACOT Yolande, 612
 JAY Maurice, 549, 586
 JOLY Hélène, 153
 JOLY Pierre-Benoît, 527
 KERLAN Camille, 616
 KHALFALLAH Nadia, 19
 KHALFALLAH Nadra, 245, 556
 KHEFFACHE Ramda, 590
 KHITRI Djialali, 620
 KIEFER-MEYER M.C., 225
 KNIGHT Jacqueline, 588
 KOCHKO (DE) Alexandre, 225, 562
 KOENIG Jean, 626
 KREMER Antoine, 155
 LAMY Françoise, 19, 49, 59, 588
 LANAUD Claire, 550, 553, 558, 559, 560
 LAURENSEN J., 586
 LAURENT Valérie, 559
 LAVIGNE Claire, 575
 LE BLANC Annick, 626, 627
 LE THI Kinh, 19, 245, 556
 LEBLANC Olivier, 561
 LEBRETON Philippe, 563, 567
 LEBRUN Patricia, 550, 587
 LEFEBVRE Claude, 586
 LEFEBVRE François, 610
 LEFOL Eric, 616
 LESPINASSE Robert, 19, 245, 556
 LEVESQUE Hervé, 588
 LI Liangcai, 562
 LIU Chunji, 233, 557
 LOBREAU-CALLEN Danièle, 597
 LOURD Maurice, 385
 M'HAMMEDI BOUZINA Mahfoud, 622
 MABANZA J., 185
 MAIZA Khadra, 631
 MARMAY Philippe, 561
 MARRAKCHI Mohamed, 99, 507, 579, 580, 582, 583, 584, 628,
 MATHIEU Chantal, 588
 M ÉTAILIÉ Georges, 447
 MINGUI Jean-Marcel, 185
 MOUNOLOU Jean Claude, XVII
 MOYNE Anne-Laure, 588
 N'GORAN KOHI Jeanne, 558
 NASH C.T., 557
 NASH M., 233
 NEF-CAMPA Claudine, 592
 NGUYEN-VAN Elizabeth, 87, 619
 NITZSCHE W., 623
 NOIROT Michel, 301

- NOUAILLE** Christine, 541
NOYER Jean-Louis, 560
OLIVIER Louis, 455
OLIVIERI Isabelle, 329
OLLITRAULT Patrick, 135
OUAFI Saida, 567
PANAUD Olivier, 109
PASQUET Rémy, 629
PASTUSZKA Patrick, 608
PEIGNE Marie-Thérèse, 19, 245, 556
PELLETIER Georges, 261
PERON Jean-Yves, 617
PETIT Rémy, 155, 351
PICHON Maurice, 337
Pilate-André Sophie, 19, 59
PITTAWAY T.S., 233
PLAGES Jean-Noël, 491
POWER Ariel, 589
PRAT Daniel, 165
PREMKUMAR Cordelia, 623
PRENDERGAST Hew, 621
PRIMARD Catherine, 261
QU Rongda, 562
RAABA Claudine, 637
RAIES Aly, 99
REBOUD Xavier, 575, 616
REDDY S.A., 225
RENARD Michel, 616
RHERISSI Bouchra, 87
RICROCH Agnès, 19, 193
RISTERUCCI Ange-Marie, 558, 559
ROBERT Thierry, 19, 49
SAID Ahmed Tahar, 637
SANDMEIER Michel, 5, 19
SARR Aboubakry, XVII, 19, 49, 59, 245, 556
SAUGIER Bernard, 371
SAVIDAN Yves, 291
SAVY Yvan, 337
SECOND Gérard, 37, 109, 225, 549, 551
SEGUIN Marc, 550, 587
SEVESTRE-RIGOUZZO Marie, 592
SILJAK-YAKOVLEV Sonja, 245, 556
SINSIN Brice, 599
SOUNIGO Olivier, 558, 559
STEINMETZ Georges, 607
SUAREZ-CERVERA Maria, 597
TANKSLEY Steve, 551
TAZI Lina, 19
TEISSIER DU CROS Eric, 608
TEOULÉ Evelyne, 269
TERRASSON Daniel, 607, 609
TEZENAS DU MONTCEL Hugues, 618
TILL-BOTTRAUD Irène, 87, 575
TIO TOURE Bakary, 175, 573
TRIFI-FARAH Neila, 580
TRIGUI Nejib, 99
TROMMETTER Michel, 527
TROTTE Maxime, 337
TROUSLOT Pierre, 592
VAN DIJK Henk, 576
VEDEL Fernand, 215, 575, 588
VEKEMANS Xavier, 586
VERNET Philippe, 313
VIENNE (DE), 243
VILLAR Marc, 610
WITCOMBE John, 233, 557
YAKOVLEV Sonja, 19
ZANETTO Anne, 155
ZANGRÉ Roger, 87
ZICKLER Denise, 555
ZOUNDJIHEKPON Jeanne, 175, 573

ACHEVÉ D'IMPRIMER
SUR LES PRESSES DE
L'IMPRIMERIE CHIRAT
42540 ST-JUST-LA-PENDUE
EN SEPTEMBRE 1992
DÉPÔT LÉGAL 1992 N° 6731

"De nombreux propos tendent à faire croire qu'il faut ramasser et stocker de toute urgence le plus possible d'échantillons car il y a sûrement un trésor caché dedans. Si nous sommes bien persuadés que "trésor il y a", ce n'est justement pas pour s'asseoir sur un tas d'or, mais bien au contraire pour travailler et prendre la peine de montrer comment **biologiquement** sont constituées ces ressources (faites de la diversité et de l'action continue de l'homme depuis des millénaires), comment leur étude peut suggérer des utilisations nouvelles, une gestion dynamique et créatrice".

Ces réflexions prémonitoires de Jean **Pernès** datent de 1982. Avec le Sommet de la Terre de Rio de Janeiro en 1992, les ressources génétiques et la **biodiversité** sont devenus un enjeu de société, et l'on débat âprement pour savoir comment valoriser ce "trésor" pour qu'il profite de manière équitable à l'ensemble de l'humanité et aux générations futures. Mais les biologistes savent bien que la tâche essentielle réside dans leur travail patient d'étude de la diversité génétique la plus large, associant de nombreuses disciplines (biologie moléculaire, génétique, **biosystématique**, écologie...). Qu'ils travaillent dans des pays du Nord ou du Sud, ils n'oublient pas non plus l'importance du rôle des paysans depuis des millénaires dans l'évolution de nos plantes domestiques. Cette approche intégrative a été celle de Jean **Pernès**, l'un des principaux artisans de ce que l'on peut appeler "l'école française" des ressources génétiques.

Cet ouvrage rassemble les contributions de scientifiques réunis en son hommage, parmi lesquels nombre de ses anciens élèves et amis. Il fait le point des approches les plus modernes d'analyse du génome et d'étude des complexes d'espèces, et contribue ainsi à l'élaboration de stratégies rationnelles de conservation et de valorisation des ressources génétiques. "Gérer les ressources génétiques est un défi pour les scientifiques du monde entier. C'est aussi un devoir pour assurer un avenir à l'**humanité** .

2f11 / 1