



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique Et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère De L'enseignement Supérieur Et De La Recherche Scientifique



Université Constantine 1 Frères Mentouri
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

جامعة قسنطينة 1 الإخوة منتوري
كلية علوم الطبيعة والحياة

قسم : بيولوجيا النبات **Département : Biologie Végétale**

Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Master

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Biotechnologies

Spécialité : Biotechnologie et Génomique Végétale

N° d'ordre :

N° de série :

Intitulé :

Diversité génétique interspécifique chez les fabacées fourragères : Etude de quelques populations du genre *Lathyrus*

Présenté par : NECER Zineb

Le : 24/06/2025

ZOUAK Maram

Jury d'évaluation :

Présidente: Dr. LOUALI Yamouna (MCB- U Constantine 1-Frères Mentouri).

Encadrant : Dr. BOUCHEMAL Karima (MCB- U Constantine 1-Frères Mentouri).

Examinatrice: Dr. KECHID Maya (MCA- INATAA- U Constantine 1-Frères Mentouri).

**Année universitaire
2024 - 2025**

Dédicace

Je dédie ce travail :

À celui qui a ouvert pour moi l'océan du savoir et de l'apprentissage, pilier de ma vie, de ma fierté et de ma dignité : **mon cher papa.**

À celle auprès de qui j'ai étanché ma soif. À celle dont la langue aspire à parler. À celle qui a souhaité me voir atteindre ce succès, et dont Dieu a voulu que ce jour arrive, **ma chère maman.**

À mon soutien et à ma force, mes frères : **Mounir, Moncef**, et mon modèle, ma belle-sœur **Marwa.**

À mes compagnes de route et mes amis proches : **Ikram, Aya, Nouhad.**

À ma camarade et sœur de vie: **Zineb**, que Dieu t'accorde le succès dans ta vie et te facilite le chemin qui t'attend.

À la meilleure chose que j'ai acquise au cours de mon parcours universitaire : l'amitié de **Djihane et Rahma.** Merci pour chaque beau moment passé avec vous.

À tous ceux qui sont présents dans mon cœur et qui ont toujours été là pour moi.

-Maram-

Dédicace

Je dédie ce travail :

À **ma famille**, source inépuisable de tendresse et de force, je dédie ces pages empreintes de persévérance et d'espoir.

À **ma mère**, lumière de mes jours et refuge de mes silences, dont l'amour inconditionnel et la foi en moi ont apaisé mes doutes et porté mes rêves.

À **mon père** défunt, dont l'absence physique n'a jamais effacé la force de la présence dans mon cœur. Ses paroles, ses valeurs et ses prières continuent de m'accompagner silencieusement. Ce travail lui est humblement dédié, avec tout mon amour.

À mes deux frères, soutiens discrets mais constants, dont la présence a toujours été une force tranquille.

À ma précieuse **Renad**, étoile douce et radieuse de mon univers, qui a su m'offrir, par sa pureté et sa joie, une bouffée d'air dans les moments d'épuisement.

À **Maram**, mon binôme irremplaçable et amie de cœur, dont le soutien constant, l'intelligence fine et la loyauté ont été mes repères les plus sûrs. Ton rôle dans ce parcours dépasse les mots.

À **Djihane** et **Rahma**, amies sincères et lumineuses, qui ont su parsemer mon chemin de bienveillance, d'écoute et d'élans d'amitié véritables.

À toutes mes amies, proches ou éloignées, vous avez été des présences précieuses.

Ce mémoire porte en lui l'empreinte de chacun de vos gestes, de chacun de vos mots. À vous toutes, ce travail est dédié

-Zineb-

Remerciements

Tout d'abord, toutes les louanges reviennent à Allah, le Tout Miséricordieux, qui nous a guidé et nous a donné le courage et la volonté de poursuivre nos études.

Ce travail a été réalisé sous la supervision étroite de **Mlle BOUCHEMAL Karima**, Maître de conférences de rang "B" à l'Université Constantine 1-Frères Mentouri. Nous lui sommes profondément reconnaissantes de nous avoir permis de bénéficier de son soutien tout au long de ce processus. Sa présence et son expertise, ainsi que ses commentaires constructifs et ses conseils avisés, ont été essentiels à la réussite de ce travail.

Nous adressons également nos sincères remerciements aux membres du jury : **Mme LOUALI Yamouna**, Maître de conférences de rang "B" à l'Université Constantine 1-Frères Mentouri, qui nous a fait l'honneur de présider ce jury, ainsi qu'à **Mme KECHID Maya**, Maître de conférences de rang "A" à l'INAATA, Université Constantine 1-Frères Mentouri, pour le temps précieux consacré à examiner ce modeste travail.

Nous tenons à exprimer notre profonde gratitude à **Mme MESBAH Kahina** pour l'octroi des graines ainsi que pour ses conseils avisés.

Nous tenons également à exprimer notre profonde reconnaissance à l'ensemble du personnel du laboratoire de Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales (GBBV) pour leur accueil et leur soutien. Nos remerciements les plus sincères vont tout particulièrement à **Mme BOULDJEDJ Ryma**, ingénieure de laboratoire, pour son aide précieuse et sa disponibilité tout au long de la réalisation de ce travail.

Nous adressons nos remerciements à toutes les personnes qui, de près ou de loin, ont apporté leur contribution à la réalisation de ce travail.

Enfin, nous exprimons notre gratitude à l'ensemble des enseignants de la spécialité « BTGV » pour l'engagement dont ils ont fait preuve tout au long de notre formation. Leur disponibilité, la qualité de leur enseignement et le partage de leur expertise ont grandement enrichi notre parcours académique.

Diversité génétique interspécifique chez les fabacées fourragères : Etude de quelques populations du genre *Lathyrus*.

Résumé

Les espèces du genre *Lathyrus* sont idéalement positionnées pour répondre à la demande alimentaire mondiale croissante, tant pour l'homme que pour l'alimentation animale, dans un contexte de changement climatique. La conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques des *Lathyrus* revêtent une importance cruciale pour favoriser le regain d'intérêt mondial pour ces espèces. Dans cette étude, la diversité génétique de six espèces de *Lathyrus* L. collectées dans différentes régions du Nord-Est algérien a été évaluée par des traits morphologiques et biochimiques (protéines de réserve), afin d'estimer la similarité entre les accessions et clarifier les relations taxonomiques et phylogénétiques au sein des espèces étudiées. La méthode UPGMA a été utilisée pour les regroupements et la construction de du dendrogramme. Les caractères floraux, foliaires, grainiers et ceux du port ont permis de différencier clairement les espèces, validant leur utilité taxonomique. Le dendrogramme morphologique a confirmé la classification de Kupicha (1983) pour la section 1 et non pour la section 4. L'analyse SDS-PAGE a identifié 72 bandes protéiques, avec des profils spécifiques à chaque espèce. Les groupements issus du dendrogramme protéique ne recoupent pas totalement ceux de la morphologie, soulignant l'intérêt de combiner plusieurs approches complémentaires (morphologique, biochimique, moléculaire) pour une caractérisation fiable de la diversité génétique.

Mots clés : *Lathyrus sativus* L., Diversité génétique, caractères morphologiques, Protéines de réserves , SDS-PAGE

Interspecific genetic diversity within forage Fabaceae: A case study of selected *Lathyrus* populations

Abstract

Species of the *Lathyrus* genus have great potential to meet the increasing global demand for food, both for humans and livestock, especially in the context of climate change. Conserving and sustainably using *Lathyrus* genetic resources is crucial to support renewed interest in these species. In this study, the genetic diversity of six *Lathyrus* species collected from different areas in northeastern Algeria was assessed using both morphological traits and biochemical markers (seed storage proteins). The aim was to estimate the similarity between accessions and to clarify taxonomic and phylogenetic relationships. The UPGMA method was used to group accessions and build a dendrogram. Floral, leaf, seed, and plant habit traits allowed clear distinction between species, confirming their taxonomic importance. The morphological dendrogram supported Kupicha's (1983) classification for the section 1 but not for the section 4. SDS-PAGE analysis revealed 72 protein bands with species-specific patterns. However, the protein-based grouping did not completely match the morphological one, underlining the importance of combining several complementary approaches (morphological, biochemical, molecular) for reliable genetic diversity characterization.

Keywords : *Lathyrus.*; genetic diversity ; morphological characters; storage proteins ; SDS PAGE.

التنوع الجيني بين الأنواع داخل عائلة البقوليات العلفية: دراسة حالة لمجموعات مختارة من جنس *Lathyrus*

ملخص

تتمتع أنواع جنس *Lathyrus* بإمكانيات كبيرة لتلبية الطلب العالمي المتزايد على الغذاء، سواء للبشر أو الماشية، وخاصة في سياق تغير المناخ. إن الحفاظ على الموارد الوراثية لـ *Lathyrus* واستخدامها بشكل مستدام أمر بالغ الأهمية لدعم الاهتمام المتجدد بهذه الأنواع. في هذه الدراسة، تم تقييم التنوع الجيني لستة أنواع من *Lathyrus* جُمعت من مناطق مختلفة في شمال شرق الجزائر باستخدام كل من السمات المورفولوجية والعلامات الكيميائية الحيوية (بروتينات تخزين البذور). وكان الهدف هو تقدير التشابه بين العينات وتوضيح العلاقات التصنيفية والتطورية. تم استخدام طريقة UPGMA لتجميع العينات وبناء مخطط شجري. سمحت سمات عادات الأزهار والأوراق والبذور والنبات بالتمييز الواضح بين الأنواع، مما يؤكد أهميتها التصنيفية. دعم المخطط الشجري المورفولوجي تصنيف Kupicha (1983) لقسم 1 ولكن ليس لقسم 4. كشف تحليل SDS-PAGE عن 72 نطاقاً بروتينياً بأنماط خاصة بالأنواع. ومع ذلك، فإن التجميع القائم على البروتين لم يتطابق تماماً مع التجميع المورفولوجي، مما يؤكد أهمية الجمع بين العديد من الأساليب التكميلية (المورفولوجية، والكيميائية الحيوية، والجزيئية) لتوصيف التنوع الجيني بشكل موثوق.

الكلمات المفتاحية: *Lathyrus*؛ التنوع الجيني؛ الصفات المورفولوجية؛ بروتينات التخزين؛ SDS-PAGE

Table des matières

Résumé

Abstract

ملخص

Liste des figures

Liste des tableaux

Liste des abréviations

Chapitre I. Synthèse bibliographique

Introduction	1
1. Généralités sur le genre <i>Lathyrus</i>	3
1.1. Origine et répartition du genre <i>Lathyrus</i>	3
1.2. Classification taxonomique et pool génique.....	4
1.3. Description botanique.....	4
1.4. Espèces cultivées et espèces sauvages apparentées.....	7
1.5. Potentiel agronomique, écologique et économique des espèces de <i>Lathyrus</i>	7
1.5.1. <i>Lathyrus sativus</i> : Une espèce alimentaire ancienne et prometteuse.....	8
1.5.2. Autres espèces à intérêt économique.....	8
2. Ressources génétiques de <i>Lathyrus</i> : diversité pour une agriculture durable	8
2.1. L'Algérie : un réservoir de diversité génétique	8
2.2. Méthodes d'analyse de la diversité génétique	9
2.2.1. Traits morphologiques.....	9
2.2.2. Marqueurs biochimiques : les protéines de réserve	10
2.3. Erosion génétique du genre <i>Lathyrus</i>	10
2.4. Statut de conservation du germoplasme de <i>Lathyrus</i>	11
2.4.1. Conservation <i>ex situ</i> à l'échelle mondiale et nationale.	11
2.4.2. Conservation <i>In situ</i>	13

Chapitre II. Matériel et méthodes

1. Matériel végétal	14
2. Méthodes expérimentales	14
2.1. Germination et croissance	14
2.2. Analyses morphologiques.....	15
2.3. Electrophorèse monodimensionnelle en conditions dénaturantes (SDS-PAGE)	20
2.3.1. Extraction des protéines	20
2.3.2. Séparation des protéines sur gel d'électrophorèse	20
2.4. Traitement et analyse des données	20

Chapitre III. Résultats et discussion

1. Résultats et analyse de l'étude morphologique	21
2. Résultats et analyse de la SDS-PAGE	27
Conclusion et perspectives	31
Annexes	33
Références bibliographiques	37

Liste des figures

Figure 1 : Richesse spécifique du genre <i>Lathyrus</i> et sa répartition dans le monde	3
Figure 2 : Variation des feuilles, fleurs et graines chez différentes espèces du genre <i>Lathyrus</i>	6
Figure 3 : Evolution des superficies en (ha) et de la production (q) en gesse cultivée durant la période 2000-2009.....	11
Figure 4 : Dispositif de culture sous serre	15
Figure 5 : Photos des fleurs des six espèces de <i>Lathyrus</i> étudiées.....	21
Figure 6 : Photo des graines des six espèces de <i>Lathyrus</i> étudiées.....	22
Figure 7 : Photos des formes de l'apex et de la base des folioles des six espèces de <i>Lathyrus</i> étudiées.....	23
Figure 8 : Photo des formes foliaires des six espèces étudiées	24
Figure 9 : Photos illustrant les formes de la section transversale de la tige des six espèces de <i>Lathyrus</i> étudiées.....	25
Figure 10 : Dendrogramme généré à l'aide d'une analyse de cluster UPGMA basée sur la diversité morphologique de six espèces de <i>Lathyrus</i> étudiées.....	26
Figure 11 : Profile électrophorétiques généré par SDS-PAGE des protéines de réserve des graines de 6 populations locales du genre <i>Lathyrus</i>	28
Figure 12 : Dendrogramme basé sur la méthode UPGMA montrant les relations entre populations de <i>Lathyrus</i> étudiées révéle avec des marqueurs protéiques.	29

Liste des tableaux

Tableau 1 : Classification et répartition du genre <i>Lathyrus</i>	5
Tableau 2 : Les collections de <i>Lathyrus</i> dans les principales banques de gènes mondiales ...	12
Tableau 3 : Noms et origines des populations étudiées	14
Tableau 4 : Caractères morphologiques utilisés pour l'analyse cladistique	16
Tableau 5 : Matrice de similarité des caractères morphologiques (distance euclidienne)	27
Tableau 6 : Matrice de similarité entre les populations de <i>Lathyrus</i> étudiées, révélée avec des marqueurs protéiques et calculée selon le coefficient de Jaccard	29

Liste des abréviations

d : distance

ENSA : Ecole Nationale Supérieure Agronomique-El Harrach-Alger

GBBV : Laboratoire de Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales

ICARDA : International Center for Agricultural Research in the Dry Areas

INA : Institut National Agronomique (École Nationale Supérieure Agronomique – ENSA).

IPGRI : International Plant Genetic Resources Institute

ITGC : Institut Technique des Grandes Cultures

kDa : Kilodalton

M : Marqueur de taille

PM : Poids Moléculaire

PRFU : Projet de recherche formation universitaire

Rf: Rapport Frontale

SDS-PAGE: Sodium Dodecyl Sulfate- PolyAcrylamid Gel Electrophoresis

SSRs : Simple sequence repeats

UPGMA: Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages

β -ODAP : β -N-Oxalyl-L- α,β -diaminopropionique

Introduction

Introduction

Introduction

Dans un contexte de changements climatiques rapides, d'érosion génétique et d'intensification agricole, la préservation de la diversité génétique des plantes devient un enjeu stratégique pour garantir la résilience et la durabilité des systèmes agroécologiques (FAO, 2025).

Les plantes fourragères, en particulier celles appartenant à la famille des Fabacées, revêtent une importance particulière dans les systèmes d'élevage durables. Elles assurent une alimentation équilibrée au bétail, améliorent la fertilité des sols grâce à la fixation biologique de l'azote, et contribuent à la lutte contre la désertification.

Cependant, la majorité des efforts de sélection et de conservation se sont longtemps focalisés sur un nombre restreint d'espèces à haute valeur commerciale, négligeant une grande partie des espèces fourragères locales ou sauvages qui possèdent pourtant un potentiel adaptatif élevé et des traits agronomiques intéressants (Li *et al.*, 2020).

Le genre *Lathyrus*, avec ses 187 espèces réparties principalement dans les régions tempérées, constitue un exemple emblématique de ces ressources phylogénétiques sous-exploitées. Certaines espèces telles que *Lathyrus sativus* (gesse commune) ou *Lathyrus cicera* sont connues pour leur tolérance aux stress abiotiques, notamment à la sécheresse, aux sols pauvres et à la salinité, ce qui en fait des candidates intéressantes pour les zones arides et semi-arides (Vaz Patto *et al.*, 2006). En outre, plusieurs espèces de *Lathyrus* présentent une forte variabilité morphologique, biochimique et moléculaire, indiquant une richesse génétique significative au sein du genre (Kenicer *et al.*, 2005).

Malgré cet intérêt, la diversité génétique interspécifique au sein du genre *Lathyrus* reste encore peu explorée, notamment en Algérie qui héberge une diversité significative du genre *Lathyrus*, incluant espèces sauvages (*L. hirsutus*, *L. tingitanus*, etc.), sous-espèces endémiques (*L. latifolius* subsp. *algericus*) et types cultivés (*L. sativus*) Quezel et Santa (1962). Leur répartition, principalement concentrée dans le nord, reflète des habitats variés (zones humides, prairies, terres cultivées). L'exploitation traditionnelle de certaines espèces, combinée à des études récentes sur la diversité morpho-génétique (Announ Boukecha, 2019)

Introduction

et la tolérance au stress (Announ Boukecha *et al.*, 2017), témoigne de l'intérêt agroécologique croissant porté à ces légumineuses.

L'objectif principal de ce travail est d'apporter une contribution à la connaissance de la diversité intraspécifique de *Lathyrus* L. via une méthodologie combinant analyse morphologique et protéique. Ces informations serviront tant à approfondir la compréhension de la flore algérienne qu'à établir des bases solides pour des initiatives de conservation ou de mise en valeur des ressources phytogénétiques locales.

Trois chapitres composent ce mémoire. Le premier chapitre présente une synthèse bibliographique où des généralités sur le genre *Lathyrus* L. seront présentées. Il abordera aussi les approches phénotypiques via des descripteurs morphologiques et les approches biochimiques notamment les protéines de réserves dans l'analyse de la diversité génétique, ainsi que les méthodes de conservation *in situ* et *ex situ* du genre *Lathyrus*. Une présentation du matériel végétal et des techniques utilisées pour répondre à notre objectif est effectuée dans le second chapitre. Le troisième chapitre regroupe l'ensemble des résultats obtenus et leur discussion. La dernière partie du manuscrit, se termine par une conclusion et quelques perspectives suggérées.

Chapitre I
Synthèse
Bibliographique

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

1. Généralités sur le genre *Lathyrus*

1.1. Origine et répartition du genre *Lathyrus*

Le nom *Lathyrus* provient du grec ancien *lathuros*, signifiant « excitant », en référence aux propriétés aphrodisiaques attribuées au pois (Loudon, 1855). Cette plante est connue sous une grande variété de noms vernaculaires selon les régions. On la retrouve sous les appellations de vesce chiche ou pois à dents de chien en Amérique et en Grande-Bretagne ; *khesari* au Bangladesh ; *San Lee Do* en Chine ; *fovetta* à Chypre ; *sabberri* en Éthiopie ; ainsi que sous plusieurs noms régionaux en Inde comme *khesari dal*, *lang*, *chural*, *latri*, *lakhori*, *batura* ou *tiwra* (Campbell, 1997). En Europe, on parle de *pisellobrettone* en Italie, *almorta* en Espagne, *gilban* au Soudan, *murdumuk* en Turquie et *pharetta* ou *garbanzo* au Venezuela. En Algérie, les noms populaires les plus courants sont *Aldjilbane*, *Akcrou* et *Guerfallas* (Trabut, 1935).

Le genre *Lathyrus* comprend environ 187 espèces (Allkin *et al.*, 1986) principalement réparties dans les zones tempérées de l'hémisphère nord, avec une extension jusqu'en Afrique de l'Est tropicale et en Amérique du Sud. Son principal centre de diversité se situe dans les régions méditerranéennes et irano-touranienne (Kupicha, 1983). Il regroupe des espèces alimentaires, fourragères, ornementales, et des plantes utilisées comme modèles en recherche (Kenicer *et al.*, 2005). La plupart sont des mésophytes des milieux ouverts, mais certaines s'adaptent à des conditions plus extrêmes. On y trouve des espèces annuelles ou vivaces, souvent grimpantes. *Lathyrus sativus* (la gesse) est l'espèce cultivée la plus importante, utilisée depuis l'Antiquité, et pourrait être l'une des premières plantes domestiquées en Europe (Kislev, 1989).

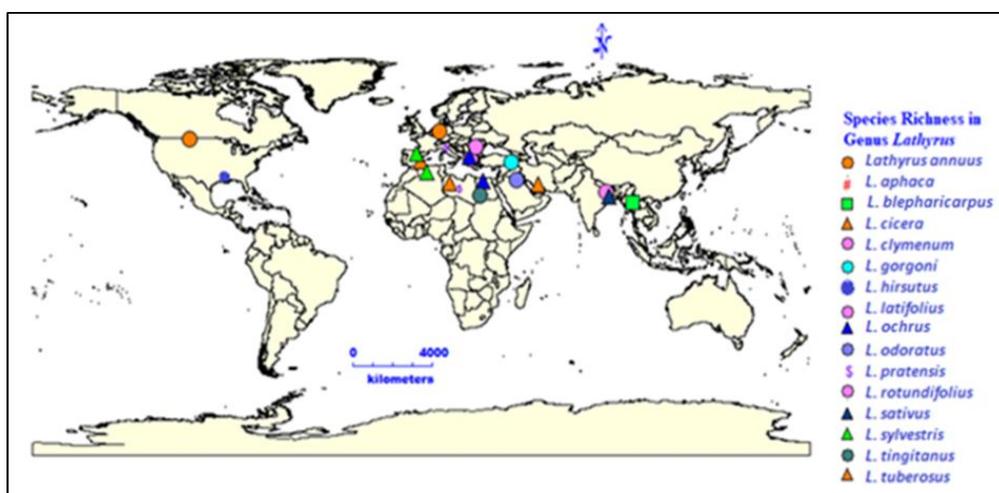


Figure 1 : Richesse spécifique du genre *Lathyrus* et sa répartition dans le monde (Ramya *et al.*, 2022)

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

1.2. Classification taxonomique et pool génique

Le genre *Lathyrus* appartient à la tribu des Vicieae de la sous-famille des Papilionoideae, aux côtés d'autres genres tels que *Vicia*, *Lens*, *Pisum* et *Vavilovia*. Les différences exactes entre *Lathyrus* et *Vicia* sont mal définies ; cependant, certaines espèces oroboïdes servent de pont entre les deux genres. Kupicha (1983) a divisé le genre *Lathyrus* en 13 sections et 5 groupes, dont un seul regroupe des espèces vivaces (*Lathyrus*), les autres étant annuels (Tableau 1).

Lathyrus a également été classé en pools géniques primaires, secondaires et tertiaires en fonction de la capacité de croisement (Yunus *et al.*, 1991):

- Pool primaire : comprend les cultivars et formes locales de *L. sativus*
- Pool secondaire : comprend les espèces proches comme *L. cicera*, *L. pseudocicera*, *L. marmoratus*, compatibles avec *L. sativus* mais souvent limitées à la production d'ovules
- Pool tertiaire : espèces plus éloignées, pouvant être exploitées par des techniques de culture *in vitro* pour l'amélioration de la gesse.

1.3. Description botanique

Le genre *Lathyrus*, aussi connu sous le nom de gesse, comprend des plantes herbacées annuelles ou vivaces de la famille des Fabacées. Elles se caractérisent par leurs tiges volubiles, leurs feuilles composées et leurs fleurs papilionacées, souvent regroupées en grappes Kupicha (1983).

- Les tiges : plantes herbacées, grimpantes ou étalées, parfois érigées, souvent ailées.
- Les feuilles : alternes, pennées avec 2 à plusieurs paires de folioles. L'extrémité des feuilles est souvent transformée en vrilles ramifiées, permettant à la plante de grimper. Certaines espèces ont des stipules développées qui ressemblent à des feuilles.
- Fleurs: papilionacées, c'est-à-dire qu'elles ont la forme d'un papillon, avec un pétale supérieur (l'étendard), deux pétales latéraux (les ailes) et deux pétales inférieurs soudés (la carène). Les couleurs des fleurs sont variées selon les espèces, incluant le rose, le pourpre, le blanc, le jaune et le bleu (Figure 2).
- Fruits : gousse linéaire, déhiscente, contenant plusieurs graines sphériques ou anguleuses.

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

- Graines: généralement ronde à anguleuse, de taille variable, à tégument dur et imperméable, souvent colorée (blanc, brun, noir ou marbré), avec un hile bien visible.

Tableau 1 : Classification et répartition du genre *Lathyrus* (Kupicha, 1983)

Section	Espèce	Importantes espèces	Distribution géographique
Orobus	54		Europe, Asie de l'Ouest et de l'Est, Afrique du Nord-Ouest, Amérique du Nord et centrale
Lathyrostylis	20		Europe centrale et méridionale, Asie occidentale, Afrique du Nord-Ouest
Orobon	1		Anatolie, Caucase, Crimée, Iran
Lathyrus	33	<i>L. annuus</i> , <i>L. cicera</i> , <i>L. sativus</i> , <i>L. sylvestris</i> , <i>L. tingitanus</i> , <i>L. tuberosus</i> , <i>L. gorgoni</i> , <i>L. hirsutus</i> , <i>L. latifolius</i> , <i>L. odoratus</i> , <i>L. rotundifolius</i> , <i>L. blepharicarpus</i>	Europe, Canaries, Asie occidentale et centrale, Afrique du Nord
Pratensis	6	<i>L. pratensis</i>	Europe, Asie occidentale et centrale, Afrique du Nord
Aphaca	2	<i>L. aphaca</i>	Europe, Asie occidentale et centrale, Afrique du Nord
Clymenum	3	<i>L. clymenum</i> , <i>L. ochrus</i>	Méditerranée
Orobastrum	1		Méditerranée, Crimée, Caucase
Viciopsis	1		Europe du Sud, Anatolie orientale, Afrique du Nord
Linearicarpus	7		Europe, Asie occidentale et centrale, Afrique du Nord et de l'Est
Nissolia	1		Europe, Asie occidentale et centrale, Afrique du Nord-Ouest
Neurolobus	1		Crête occidentale
Notolathyrus	23		Amérique du Sud tempérée, sud-est des États-Unis

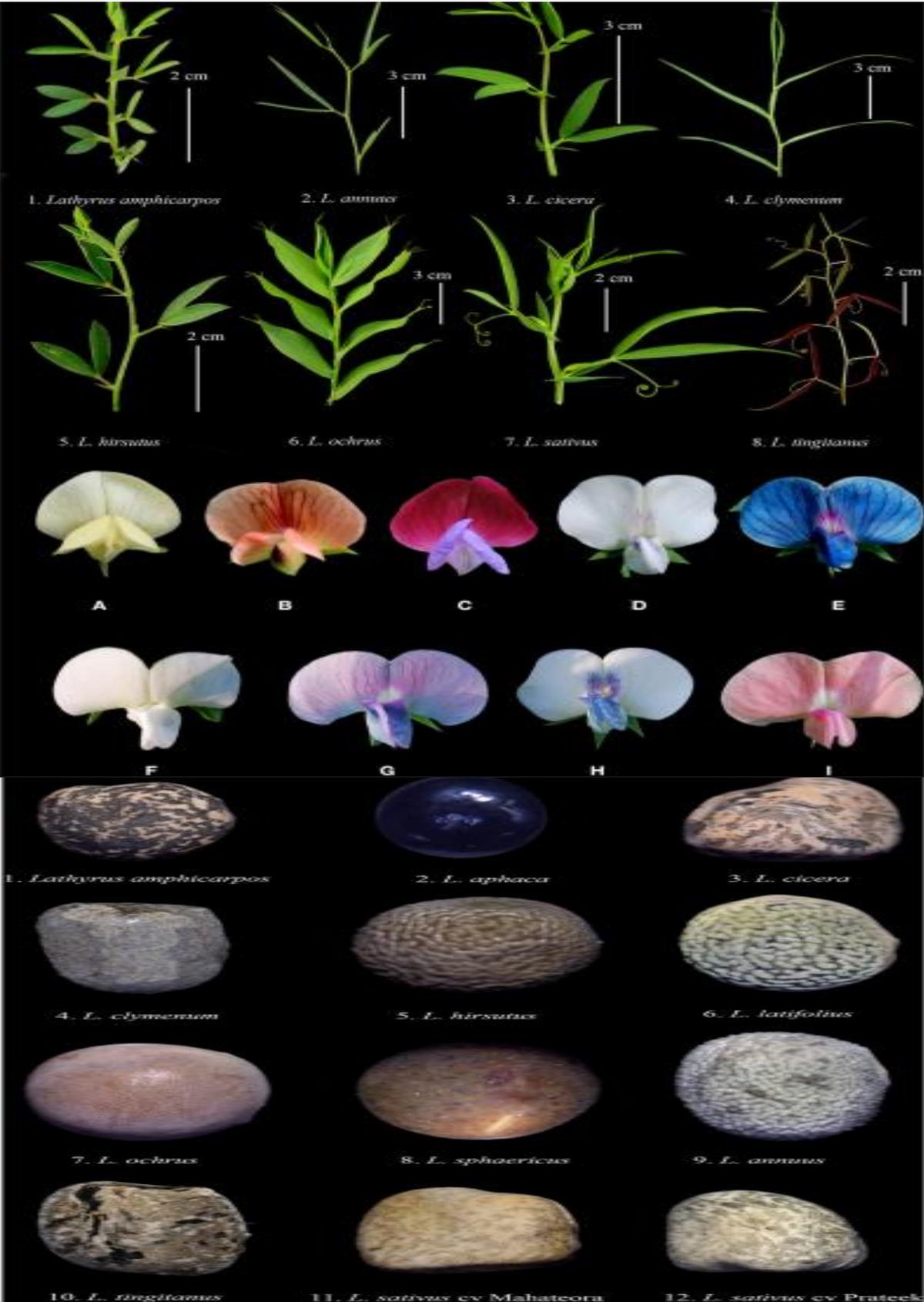


Figure 2 : Variation des feuilles, fleurs et graines chez différentes espèces du genre *Lathyrus* (Ramya et al., 2022).

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

1.4. Espèces cultivées et espèces sauvages apparentées

Trois principales espèces de *Lathyrus* sont cultivées et utilisées pour la consommation humaine : *L. sativus*, *L. cicera*, *L. ochrus* et, dans une moindre mesure, *L. clymenum*. Une autre espèce, *L. tuberosus*, est également cultivée occasionnellement pour la consommation humaine, mais pour ses tubercules comestibles plutôt que pour ses graines et est connue sous le nom de pois tubéreux ou pois vivace (Shehadeh, 2011). *Lathyrus odoratus* est une espèce ornementale, très appréciée pour ses fleurs colorées et parfumée.

Les espèces sauvages apparentées jouent un rôle crucial comme réservoirs de gènes pour l'amélioration des espèces cultivées (résistance aux maladies, tolérance au stress, amélioration de la qualité des graines). Des espèces comme *L. cicera*, *L. ochrus*, *L. amphicarpos*, *L. annuus*, *L. gorgoni*, *L. hirsutus*, *L. setifolius*, *L. articulatus*, poussent naturellement dans des habitats variés : prairies, bords de routes, zones littorales, milieux marécageux, montagnes...etc.

La β -ODAP, qui est une neurotoxine connue pour être la cause du lathyrisme et présente dans *L. sativus*, a constitué l'un des principaux obstacles à son utilisation généralisée comme source alimentaire, notamment en période de famine, où elle devient un aliment de base dans certaines régions (Kumar *et al.*, 2011). Néanmoins, l'utilisation d'espèces sauvages apparentées a été essentielle pour la domestication et la culture ultérieures de *L. sativus* à des fins de subsistance, en particulier pour développer des cultivars à faible ODAP avec un rendement biologique élevé (Kumar *et al.*, 2013). Certaines espèces sauvages apparentées, comme *L. cicera*, *L. amphicarpos* et *L. ochrus*, dont la teneur en β -ODAP est quasi nulle ($\leq 0,01$ %), peuvent être utilisées pour le développement de variétés de gesse exemptes de toxines.

1.5. Potentiel agronomique, écologique et économique des espèces de *Lathyrus*

Les membres du genre *Lathyrus* comprennent des cultures alimentaires et fourragères, des plantes ornementales, des fixateurs d'azote dans le sol, des stabilisateurs de dunes, des mauvaises herbes agricoles importantes, ainsi que des organismes modèles pour la recherche génétique et écologique (Kenicer *et al.*, 2005).

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

1.5.1. *Lathyrus sativus* : Une espèce alimentaire ancienne et prometteuse

Lathyrus sativus (le pois carré ou gesse) est l'espèce la plus importante en tant que culture alimentaire et est utilisée comme aliment pour le bétail ou comme fourrage depuis l'Antiquité. La culture de la gesse aurait débuté vers 6000 av. J.-C. et pourrait avoir été la première culture domestiquée en Europe (Kislev, 1989). Bien que sa culture soit en déclin, elle est encore cultivée sur environ 1,5 million d'hectares, principalement en Asie du Sud et en Afrique subsaharienne (Kumar *et al.*, 2011). La gesse est considérée comme la source la plus prometteuse, mais encore sous-utilisée, de calories et de protéines pour les populations vivant dans des zones arides ou marginales d'Asie et d'Afrique (Hillocks et Maruthi, 2012).

1.5.2. Autres espèces à intérêt économique

D'autres espèces du genre *Lathyrus*, économiquement importantes, sont cultivées commercialement, notamment : *Lathyrus cicera* (gesse chiche), utilisée comme plante fourragère, et *Lathyrus odoratus* (pois de senteur), une plante ornementale.

L. cicera est cultivée depuis l'Antiquité et aurait été domestiquée dans le sud de la France et la péninsule Ibérique peu après l'introduction de l'agriculture dans cette région (Kislev, 1989). Elle est utilisée pour l'alimentation animale (White *et al.*, 2002).

Lathyrus odoratus, originaire du sud de l'Italie, est devenue une plante ornementale importante, cultivée pour ses fleurs coupées et l'ornementation des jardins.

D'autres espèces comme *L. belinensis*, *L. chloranthus*, *L. vernus*, *L. tingitanus*, *L. grandiflorus*, *L. latifolius*, *L. rotundifolius* ou même *L. sativus* présentent également un intérêt ornemental (Parsons, 2009). Certaines espèces sont consommées par l'homme seulement dans certains pays, comme *L. clymenum* ou *L. ochrus* en Grèce, à Chypre, en Italie ou en Turquie (Jones, 1992).

2. Ressources génétiques de *Lathyrus* : diversité pour une agriculture durable

2.1. L'Algérie : un réservoir de diversité génétique

L'Algérie présente une très riche diversité génétique du genre *Lathyrus*. Une première présentation de la flore algérienne a été publiée par Quezel et Santa en 1962 qui ont mentionné la présence de 23 taxons de *Lathyrus* : *L. aphaca*, *L. ochrus*, *L. annuus*, *L. Allardi*, *L. odoratus*, *L. tingitanus*, *L. Nissolia*, *L. hirsutus*, *L. sphaericus*, *L. angulatus*, *L. inconspicuus*, *L. numidicus*, *L. setifolius*, *L. latifolius*, *L. Cicera*, *L. quadrimarginatus*, *L.*

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

sativus, *L. articulatus*, (ssp *Clymenum*, ssp *typicus*), *L. saxatilis*, *L. niger*, *L. filiformis* et *L. montanus*.

Ces espèces occupent une grande variété d'habitats, allant des zones tempérées humides aux régions arides, en passant par des environnements montagneux ou des sols pauvres et calcaires. Cette diversité écologique a favorisé l'accumulation d'adaptations génétiques spécifiques à différents types de stress abiotiques (sécheresse, froid, salinité) et biotiques (maladies, insectes).

Des études ont montré que certaines de ces espèces comme *L. Cicera* et *L. ochrus* possèdent des caractéristiques agronomiques intéressantes telles qu'une floraison précoce, une croissance rapide, une capacité de fixation de l'azote efficace et une meilleure résistance aux agents pathogènes du sol (Vaz Patto *et al.*, 2006). Ces traits représentent un potentiel important pour l'amélioration des variétés cultivées, surtout dans un contexte de changements climatiques et de dégradation des ressources naturelles.

2.2. Méthodes d'analyse de la diversité génétique

Les questions telles que la perte ou non de la variation génétique avec la domestication progressive ou la manière dont la variation est répartie entre les populations peuvent être abordées par une étude de la diversité génétique.

Plusieurs méthodes ont été utilisées pour étudier les relations phylogéniques entre différentes espèces de *Lathyrus*, notamment les traits morphologiques (Shehadeh, 2011), la croisabilité (Yunus, 1990), l'analyse du caryotype (Murray *et al.*, 1992 ; Battistin et Fernandez, 1994), les bandes chromosomiques et l'hybridation *in situ* (Murray *et al.*, 1992 ; Ünal *et al.*, 1995) et les marqueurs moléculaires (Kumari *et al.*, 2019 ; Aci *et al.*, 2020).

2.2.1. Traits morphologiques

Les traits morphologiques sont des caractéristiques physiques et observables des organismes, telles que la taille, la forme, la couleur et d'autres traits phénotypiques. Ces marqueurs ont été largement utilisés dans les études de diversité génétique en raison de leur simplicité et de leur accessibilité (Sammour, 2014). Les traits morphologiques communs les plus utilisés sont :

- Taille et forme des feuilles : Longueur, largeur, forme (ovale, lancéolée, etc.).
- Couleur et forme des fleurs : Variation des teintes, structure des pétales.
- Caractéristiques des tiges : Hauteur, épaisseur, ramification.
- Structure des graines : Taille, forme, couleur, texture

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

2.2.2. Marqueurs biochimiques : les protéines de réserve

Les protéines de réserve sont des protéines stockées dans les graines des plantes. Elles servent de source d'azote et de carbone pour le jeune plant lors de la germination et du développement initial. Les principales catégories de protéines de réserve incluent les albumines, les globulines, les prolamines et les glutélines, dont la concentration varie selon les espèces de plantes (Shewry *et al.*, 1995).

L'analyse des protéines de stockage est considérée comme l'une des méthodes les plus puissantes pour décrire les espèces et les lignées végétales (Liang *et al.*, 2006). Elles sont utilisées comme marqueurs biochimiques pour évaluer la diversité génétique au sein et entre les populations de plantes.

2.3. Erosion génétique du genre *Lathyrus*

La diversité génétique du genre *Lathyrus* est aujourd'hui fortement menacée par plusieurs facteurs, notamment l'intensification agricole, le surpâturage, la dégradation des pâturages permanents, ainsi que la disparition de certains écosystèmes méditerranéens comme le maquis et la garrigue. Cette érosion génétique concerne aussi bien les espèces cultivées que les espèces sauvages apparentées, qui constituent pourtant un réservoir précieux de gènes adaptatifs.

En Algérie, les espèces négligées et sous-utilisées de *Lathyrus*, qu'elles soient cultivées ou spontanées, ne sont pas conservées. L'érosion génétique qui affecte certaines espèces cultivées (*L. sativus*), en particulier les variétés locales et les cultivars spécifiques à certaines régions, est assez considérable. Les superficies emblavées sont instables d'une année à l'autre voire même inexistantes certaines années (figure 3). Pour les espèces spontanées, les problématiques sont différentes. Chez certaines espèces présentant un intérêt pastoral ou fourrager, l'érosion génétique est très étendue et demeure importante, notamment en ce qui concerne la perte des savoirs populaires liés à l'utilisation et à la valorisation de ces espèces (Abdelguerfi et Laouar, 1999). De nombreuses espèces annuelles de *Lathyrus* sont des espèces adventices des terres perturbées, ce qui les rend très vulnérables aux changements des pratiques humaines, tels que les modifications des pratiques agricoles, l'augmentation ou la diminution de la charge en bétail, et l'utilisation d'herbicides.

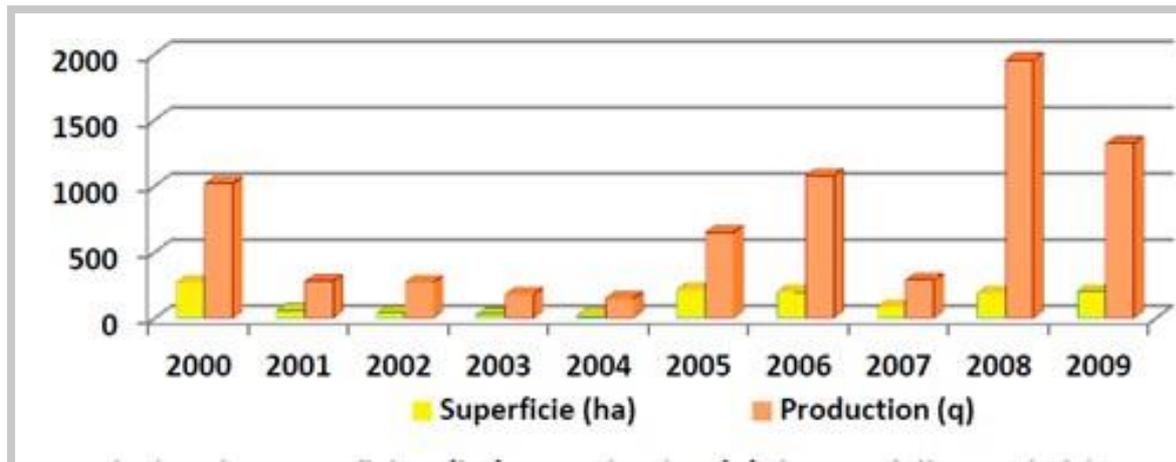


Figure 3: Evolution des superficies en (ha) et de la production (q) en gesse cultivée durant la période 2000-2009 (MADR, 2013) In [Announ Boukecha, 2019]

2.4. Statut de conservation du germoplasme de *Lathyrus*

Face à l'aggravation des effets du changement climatique, à la perte progressive de diversité génétique et à la hausse continue des besoins mondiaux en denrées alimentaires, la gestion des ressources génétiques du genre *Lathyrus* devient de plus en plus complexe. Il est essentiel de préserver, d'étudier et de valoriser ces ressources dans divers contextes géographiques (Singh *et al.*, 2024).

2.4.1. Conservation *ex situ* à l'échelle mondiale et nationale.

D'importantes collections de matériel génétique, couvrant à la fois des espèces cultivées et sauvages, ont été réunies et sont actuellement conservées *ex situ* au sein de plusieurs institutions de recherche (Tableau 2). Les plus grandes collections de *Lathyrus* sont détenues par le Conservatoire botanique national des Midi-Pyrénées, France (4477), l'ICARDA, Liban (4468), le Bureau national des ressources phytogénétiques du Conseil indien de la recherche agricole, Inde (2622), et l'Institut de recherche agricole du Bangladesh, Bangladesh (2422).

Dans le cadre d'une stratégie mondiale de sauvegarde, le Svalbard Global Seed Vault conserve 4510 accessions provenant de 18 déposants. Ces accessions proviennent de régions diverses et appartiennent à 45 espèces différentes de *Lathyrus* (<https://seedvault.nordgen.org/>) (Singh *et al.*, 2024).

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

Tableau 2: Les collections de *Lathyrus* dans les principales banques de gènes mondiales (Singh *et al.*, 2014)

N°	Principales banques de gènes	Nombre total d'accessions (avec les trois principales espèces)
1	Conservatoire botanique national Midi-Pyrénées (CBNPMP), France	4477
2	Centre international de recherche agricole dans les zones arides (ICARDA), Liban	4468 (<i>L. sativus</i> — 2577, <i>L. aphaca</i> — 346, <i>L. cicera</i> — 216)
3	Bureau national des ressources phytogénétiques (ICAR-NBPGR), Inde	2767
4	Institut de recherche agricole du Bangladesh (BARI-PGRC)	2422 (<i>L. sativus</i>)
5	Institut national de recherche agricole (INIA), Chili	1824
6	Banque de gènes australienne des céréales, Australie	1477 (<i>L. sativus</i> — 896, <i>L. cicera</i> — 201, <i>L. ochrus</i> — 122)
7	Banque de semences du Millénaire (MSB), Kew, Angleterre	1103 (<i>L. aphaca</i> — 196, <i>L. sativus</i> — 155, <i>L. hierosolymitanus</i> — 86)
8	Station expérimentale de production végétale d'Ustymivka, Ukraine	1215 (<i>L. sativus</i> — 782, <i>L. cicera</i> — 73, <i>L. hirsutus</i> — 70)
9	Institut de recherche scientifique N.I. Vavilov, Russie	1207 (<i>L. sativus</i> — 824, <i>L. cicera</i> — 86, <i>L. hirsutus</i> — 45)
10	Système national de ressources phytogénétiques de l'USDA, États-Unis	864 (<i>L. sativus</i> — 294, <i>Lathyrus sp.</i> — 120, <i>L. odoratus</i> — 52)

Au cours des dernières années, la création du Réseau des ressources génétiques de *Lathyrus* (Mathur *et al.*, 1999) et du Global Crop Diversity Trust a jeté les bases d'un effort organisé de conservation, de collecte et de travaux de pré-amélioration à l'échelle internationale sur le genre *Lathyrus*. De grandes collections, comprenant plus de 800 accessions de *L. cicera* et *L. odoratus*, et des collections plus réduites d'autres espèces de *Lathyrus*, sont conservées dans plusieurs pays (Shehadeh *et al.*, 2013).

L'Institut international des ressources phytogénétiques (IPGRI) a rassemblé du matériel génétique de *Lathyrus* provenant de différents pays afin de stimuler l'intérêt pour leur conservation et leur utilisation, ouvrant ainsi la voie à la recherche et au développement sur ce genre encore peu exploité (Mathur *et al.*, 1999).

Chapitre I. Synthèse Bibliographique

Le portail mondial en ligne Genesys (www.genesys-pgr.org) recense plus de 15 208 accessions de *Lathyrus*, conservées dans diverses banques de gènes à travers le monde. La majorité de ces accessions appartiennent à *L. sativus* (8005), *L. cicera* (1242), *L. aphaca* (783), *L. ochrus* (616), *L. inconspicuus* (373), *L. hirsutus* (356), *Lathyrus sp.* (327), *L. clymenum* (280), *L. hierosolymitanus* (262), et *L. annuus* (241) (Singh *et al.*, 2024).

En Algérie, une campagne de prospection et de collecte d'espèces herbacées, incluant des *Lathyrus* sauvages, a été organisée dans le nord de l'Algérie par l'ICARDA et l'ITGC en 1991 (Announ Boukecha, 2019). Des évaluations agronomiques ont ensuite été conduites à Guelma et El Khroub, testant à la fois des populations locales et introduites, principalement *L. sativus* et *L. cicera*. Complémentairement, l'INA a effectué en 1992 une exploration plus restreinte géographiquement et temporellement dans le nord Constantinois, recueillant quelques peuplements cultivés de *Lathyrus sativus*.

2.4.2. Conservation *In situ*

La conservation *in situ* des espèces de *Lathyrus* a reçu relativement peu d'attention, et les populations locales sont vulnérables à une dégradation génétique voire à l'extinction.

La base de données mondiale sur *Lathyrus* a été utilisée pour réaliser une analyse des lacunes visant à orienter les futures missions de collecte et les efforts de conservation *in situ* pour 37 espèces prioritaires. Les résultats ont révélé la plus forte concentration d'espèces prioritaires dans les pays du Croissant Fertile, ainsi qu'en France, en Italie et en Grèce. La région s'étendant du centre-sud de la Turquie, jusqu'à la vallée nord de la Bekaa au Liban a été identifiée comme point chaud pour l'établissement de réserves génétiques (Kumar *et al.*, 2013).

La plus forte diversité génétique de la gesse (*L. sativus*) a été identifiée au Proche-Orient et en Afrique du Nord, faisant de ces régions des zones essentielles pour des investigations approfondies. Cependant, la nature souvent allogame de la gesse a des implications significatives pour la collecte et la multiplication des ressources génétiques destinées à la conservation et à la sélection future (Sarker *et al.*, 2011).

Chapitre II

Matériel et méthodes

Chapitre II. Matériel et méthodes

1. Matériel végétal

Le genre *Lathyrus* L. appartenant à la famille des Fabacées a été choisi en raison de son utilisation au laboratoire faisant l'objet d'un projet de recherche formation universitaire (PRFU) portant sur la caractérisation et préservation de la biodiversité : cas des espèces légumineuses (cultivées et sauvages) d'intérêts agro-économiques et médicinales.

Six populations de différentes espèces du genre *Lathyrus* d'origine locale ont été utilisées dans cette étude (voir Tableau 3). Les travaux ont été menés au niveau du laboratoire de Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales (GBBV), Université Constantine 1- Frères Mentouri.

Tableau 3 : Noms et origines des populations étudiées

Numéro	Nom	Origine
1	L. 1	Skikda (Université Skikda)
2	L. 2	Constantine (Université Constantine 1)
3	L. 3	Constantine (Université Constantine 1)
4	L. 4	Constantine (Didouche Mourad)
5	L. 5	Skikda (Stora)
6	L. 6	Constantine (Didouche Mourad)

2. Méthodes expérimentales

2.1. Germination et croissance

Les graines sèches de chaque population ont été scarifiées puis imbibées pendant une nuit dans de l'eau distillée. Elles ont germé dans l'obscurité à 25°C sur papier Wattman dans des boîtes de Pétri jusqu'à l'apparition de la radicule. Les graines ont été considérées comme ayant germé lorsque la longueur de la radicule était égale au diamètre de la graine (Bechkri et Khelifi, 2017). Cinq graines germées de chaque accession ont été plantées dans un mélange humide de terre et de sable dans des pots en plastique d'une capacité de 10 L. Les plantes sont mises à germer sous serre (Figure 4) sous des conditions semi-contrôlées.



Figure 4 : Dispositif de culture sous serre

2.2. Analyses morphologiques

Pour cette étude, seuls 39 caractères qualitatifs et quantitatifs, représentant un total de 176 états de caractères, ont été utilisés pour la classification morphologique des taxons étudiés (Tableau 4). Ces caractères regroupés en caractéristiques de la tige, des folioles, des stipules, des vrilles, des fleurs et des graines ont été examinés à l'aide d'une loupe binoculaire et d'un pied à coulisse.

Les observations sur la forme de croissance ont été effectuées sur cinq plantes individuelles par population. Au total, 30 plantes ont été examinées. Les caractères morphologiques ont été sélectionnés en utilisant le descripteur international de l'IPGRI (2000) et le livre de botanique systématique de Judd *et al.*, (1999). Les caractères des feuilles et des tiges ont été mesurés au premier nœud productif. Les folioles ont également été mesurées à la partie inférieure des tiges.

Chapitre II. Matériel et méthodes

Tableau 4 : Caractères morphologiques utilisés pour l'analyse cladistique

	Symbole	Nom du caractère	Etat du caractère				
Tige	R.T	Ramification de la tige	0-non ramifié	1-dans la partie supérieure	2-de la base		
	H.T	Hauteur de la tige	0-petite (jusqu'à 60 cm)	1-haute (plus de 60 cm)			
	F.T	Forme de la section de la tige	0-ronde	1-carré	2-profondément fasciée	3-autres	
	C.T	Couleur des bords de la tige	0-vert clair	1-vert	2-vert violet	3-violet	4-autres
	P.T	Pubescence de la tige	0-glabre (lisse)	1-clairsemée	2-dense		
	E.P.T	Élévation des poils de la tige	0-ascendante	1-abaisée	2-recourbée		
	L.P.T	Longueur des poils de la tige	0-courts	1-longs			
	C.N.T	Couleur du nœud de la tige	0-vert clair	1-vert	2-vert violet	3-violet	4-autres
	N.T	Nœuds par tige (sur la branche principale)	0-peu	1-moyen	2-nombreux		
	L.E.N	Longueur de l'entre-nœud (Enregistré sur la branche principale)	0-petit	1-moyen	2-grand		
	N.N.V.G	Nombre de nœuds vers la première gousse (le nombre total de nœuds jusqu'à la première position de la gousse sur la branche principale)	0- grand (>7)	1- moyen (= 7)	2-petit (< 7)		
	L.L.T	Largeur de l'aile de la tige	0-sans ailes	1-réduits	2-moyen	3-large	
L.E.N	Longueur de l'entre-nœud	0- petit (< 5cm)	1- moyen (= 5cm)	2- grand (> 5cm)			

Chapitre II. Matériel et méthodes

	Symbole	Nom du caractère	Etat du caractère				
Foliole	P.F.F	Paires de folioles par feuille	0- 1 paire	1- 2 paires	2- > 2 paires		
	F.R.F	Forme relative des folioles	0-toutes de la même forme	1-formes différentes			
	T.R.F	Taille relative des folioles	0-toutes de la même taille	1- plus grande à la base des feuilles			
	C.F	Consistance de la foliole	0-maigre	1-normale	2-charnue		
	C.R.F	Couleur relative des folioles	0-vert clair	1-vert	2-vert foncé	3-autres	
	C.S.A.F	Couleur de la surface abaxiale de la foliole	0-pâle	1-pareille que la surface apicale			
	P.I.F	Position inférieure des folioles	0-à la base du rachis	1-plus haute			
	F.F	Forme des folioles	0-linéaire	1-Lancéolée	2-Ovale-lancéolée	3-ovale	4-autres
	P.L.F	Point le plus large de la foliole	0-au niveau de l'apex	1-au milieu	2-à la base		
	F.A.F	Forme de l'apex de la foliole	0-aiguë	1- atténué	2- caudé	3-émarginée	
	P.A.F	Pigmentation anthocyanique sur les folioles	0-présente	1-absente			
	P.N.F	Proéminence des nervures des folioles	0-oui	1-non			
	Pi.N.F	Pigmentation des nervures des folioles	0-oui	1-non			
	T.F	Taille des feuilles (Enregistré à partir de la zone médiane de la branche principale)	0-petite	1-moyenne	2-grande		

Chapitre II. Matériel et méthodes

	Symbole	Nom du caractère	Etat du caractère					
Foliole	L.R.F	Largeur de la foliole (cm) (Largeur maximale du limbe foliaire enregistrée à partir de la zone médiane de la branche principale)	0 - petite (< 8cm)	1 -grande (>8 cm)				
	L.P.F	Longueur du pétiole des folioles (Mesuré de la base jusqu'au point où la feuille croise le pétiole)	0 -petit (< 25mm)	1 -moyen (= 25mm)	2 -grand (>25 mm)			
	C.P	Couleur du pétiole	0 -vert	1 -vert violacé	2 -autres			
	V.F	Vrille des folioles	0 -absente	1 - 50-60 mm	2 - 60-80 mm	3 - > 80 mm	4 -autres	
	F.S-E.P	Feuilles supérieures – extrémité du pétiole	0 - unique simple	1 - unique simple subulée	2 - composé	3 - composé subulée		
	F.S-E.P	Feuilles inférieures – extrémité du pétiole	0 - unique simple	1 - unique simple subulée	2 - composé	3 - composé subulée		
	P.F	Persistance des folioles (Enregistré lorsque 80% des gousses ont atteint leur maturité)	0 -faible	1 - modérée	2 -élevée			
	S.F	Sénescence des feuilles (Enregistré lorsque 80% des gousses ont atteint leur maturité)	0 -Pas de sénescence visuelle	1 -légère sénescence visuelle	2 -Sénescence modérée	3 -sénescence concomitante visible		
	Pu.F	Pubescence des folioles	0 - absente	1 -présente				
	P.P	Présence de pubescence	0 -Face supérieure de la foliole	1 - Face inférieure de la foliole	2 - face supérieure et inférieure de la foliole	3 -Uniquement sur le bord des folioles	4 -autres	

Chapitre II. Matériel et méthodes

Fleur	Symbole	Nom du caractère	Etat du caractère			
	T.E	Taille de la fleur	0- petit (< 23mm)	1- moyen (= 23 mm)	2- grand (> 23 mm)	
C.N	Couleur de nervure	0- violet	1- jaune	2- autre		
C.V.C	Couleur de calice	0- vert clair	1- vert	2- vert violet	3- autres	
T.D.C	Taille de dents de calice	0- petite (< 5mm)	1- moyenne (= 5 mm)	2- grande (> 5 mm)		

Graine	Symbole	Nom du caractère	Etat du caractère				
	F.G	Forme des graines	0- aplati	1-triangulaire	2-rhomboide	3- carré	4-obtriangulaire
C.G	Couleur des graines	0- crème	1-vert crème	2- jaune blanche	3- marron	4- gris foncée	
T.G	La taille des graines	0- petite (3 et 5 mm)	1- moyenne (5-7mm)	2-grande (>7 mm)			
C.C	Couleur des cotylédons	0- jaune	1- orange	2- autre			

Caractère Végétatif	Symbole	Nom du caractère	Etat du caractère				
	C.EP	Couleur de l'épicotyle (après 10 jours)	1-vert clair	2-vert	3-vert violet	4-violet	5-autre
C.HY	Couleur de l'hypocotyle (après 10 jours)	1-vert clair	2-vert	3-vert violet	4-violet	5-autre	
V.G	Vigueur des plantules (après 20 jours)	0-faible	1-intermédiaire	2-Vigoureux			

Chapitre II. Matériel et méthodes

2.3. Electrophorèse monodimensionnelle en conditions dénaturantes (SDS-PAGE)

Les protéines de stockage extraites de graines et broyées en poudre fine, ont été soumises à une SDS-PAGE selon le protocole de Laemmli (1970), modifiée par Singh *et al.*, (1991).

2.3.1. Extraction des protéines

20 mg de poudre de gesse sèche ont été mélangés à 100 µl de solution d'extraction fraîche (Annexe 1), le mélange a été incubé à 65 ° C pendant 30 min puis centrifugé 1 min à 10 000 g.

2.3.2. Séparation des protéines sur gel d'électrophorèse

Les Extraits protéiques sont analysés sur un gel de polyacrylamide dénaturant de 7 % (Voir Annexe 2)

2.4. Traitement et analyse des données

Le traitement de chaque caractère morphologique est scoré à l'aide d'un logiciel tableur Excel, et la matrice binaire est analysée par le logiciel XLSTAT 2014-Windows, en se basant sur le coefficient de similarité de Jaccard. Le dendrogramme de similarité a été construit en utilisant la méthode UPGMA (Unweighted Pair group Method using arithmetic Averages).

Pour le profil électrophorétique des protéines de réserve, la mobilité et le rapport frontal de chaque bande ont été calculés. La courbe d'étalonnage de marqueur de taille a été tracée. L'équation graphique et le coefficient de détermination ont permis de calculer le poids moléculaire de chaque bande. Les bandes présentes ont été notées 1 et les bandes absentes 0. Pour chaque fraction, une matrice binaire a été construite. Un dendrogramme a été produit par l'UPGMA basé sur l'indice de Jaccard. Les analyses ont été réalisées avec XLSTAT 2014-Windows.

Chapitre III

Résultats et discussion

Chapitre III. Résultats et discussion

1. Résultats et analyse de l'étude morphologique

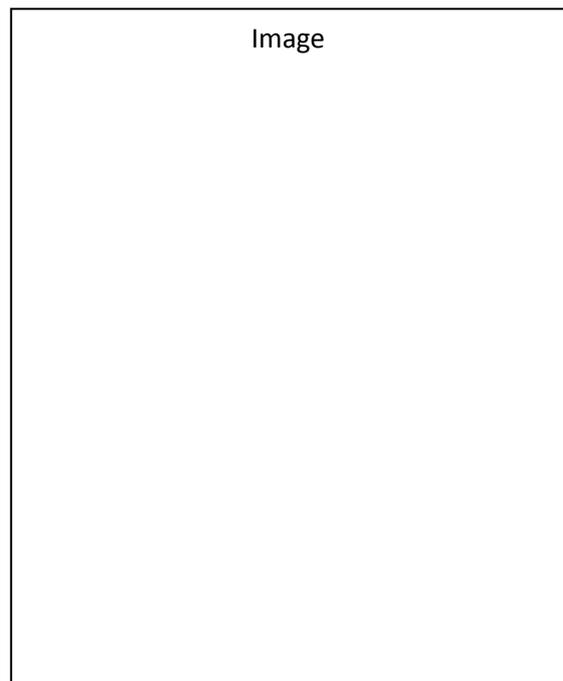
L'analyse morphologique constitue une approche fondamentale dans l'étude de la diversité au sein des espèces. Dans le cadre de ce travail, un ensemble de caractères morphologiques a été évalué afin de mieux cerner la variabilité interspécifique des accessions étudiées.

Ces caractères, choisis pour leur pertinence taxonomique, couvrent plusieurs parties de la plante, notamment les feuilles (forme, taille, présence de vrilles...), les fleurs (couleur, taille...), les graines (forme, couleur, surface...) et la tige (section, pilosité, port...).

Caractère de la fleur

Un caractère qualitatif important observé chez les espèces étudiées est la couleur des fleurs. La couleur de l'étendard varie selon les espèces : L.1 présente un étendard jaune, tandis que L.2, L.4 et L.5 montrent une couleur rose. Chez L.3 et L.6, l'étendard est blanc, sans motifs apparents. La couleur des ailes complète cette diversité. Elle est jaune chez L.1, blanche chez L.3, bleue chez L.6, rose chez L.5, et violette chez L.2 et L.4. Concernant les nervures, nous avons observé différentes teintes : orange chez L. 1, rouge chez L.2 et L.5, jaune chez L.3, et violet chez L.4 et L.6. Cette diversité dans la coloration florale met en évidence des différences nettes entre les espèces, et constitue un critère utile pour leur identification morphologique.

Figure 5 : Photos des fleurs des six espèces de *Lathyrus* étudiées.



Chapitre III. Résultats et discussion

Caractère de la graine

Un caractère morphologique distinctif est celui de la graine, présentant une grande variabilité entre les espèces de *Lathyrus* étudiées (Figure 6). Les différences concernent principalement la taille (petite chez L.1 et L. 4, moyenne chez L.2 et L.3, grande chez L.5 et L.6, la couleur du tégument (majoritairement marron, noire pour L.3, jaune clair pour L.6), la forme (sphérique, carrée ou rhomboïde) et la surface (lisse sauf chez L.6 qui présente une surface tubéreuse).

Les motifs du tégument varient également (absents, marbrés ou striés) avec des teintes crème ou noire, tandis que l'ornementation est présente chez trois espèces seulement. Tous les taxons observés possèdent des cotylédons jaunes.

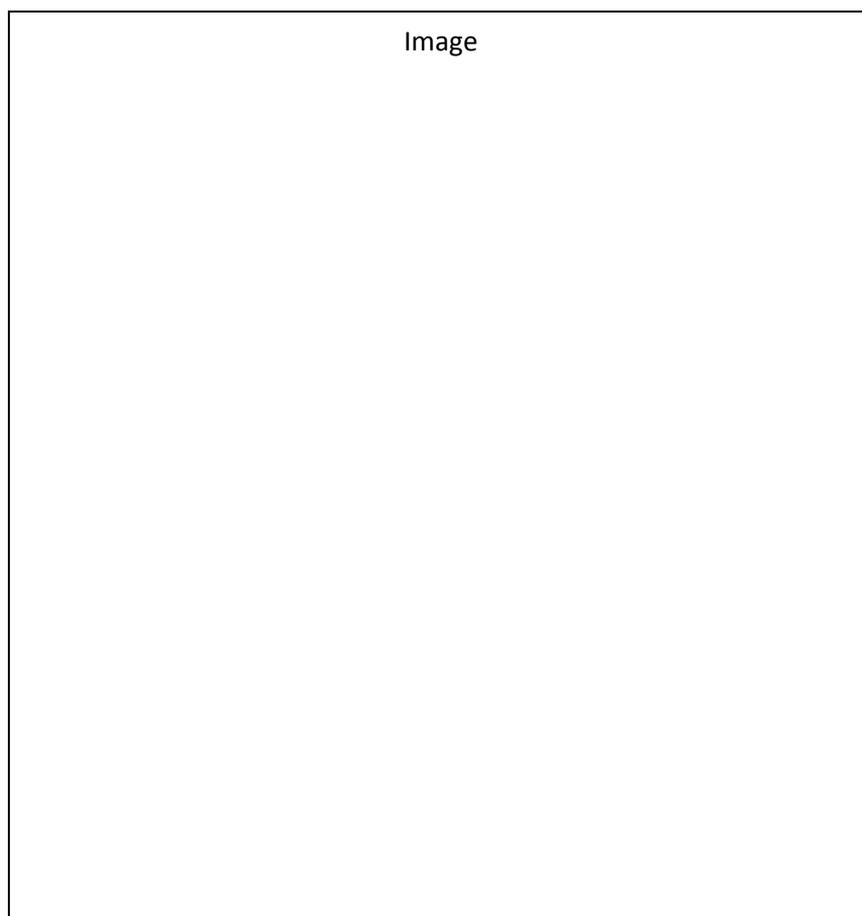


Figure 6 : Photo des graines des six espèces de *Lathyrus* étudiées.

Chapitre III. Résultats et discussion

Caractère de la feuille

La morphologie des feuilles constitue un critère taxonomique essentiel pour différencier les plantes. L'observation de la forme de l'apex, de la base et des bordures des folioles révèle une diversité marquée entre les espèces étudiées (Figure 7).

La forme de l'apex varie : elle est acuminée chez *Lathyrus* 1 et L. 6, cuspidée chez L. 2 et L.5, émarginée chez L.3, et mucronée chez L. 4. Cette diversité traduit une différenciation morphologique importante, pouvant refléter des adaptations écologiques ou des divergences génétiques. Concernant la forme **de la base des folioles**, la majorité des espèces (L.1, L.2, L.4, L.5) présentent une base arrondie, tandis que L.3 affiche une base engainante, et L.6 se distingue par une base aiguë.

La forme des bordures est globalement constante : elles sont entières chez toutes les espèces, sauf chez L.4, qui se singularise par des bordures crénelées. Ces différences morphologiques au niveau des folioles confirment l'importance de ces critères pour l'identification des espèces de *Lathyrus*, et mettent en évidence la richesse de leur diversité foliaire.

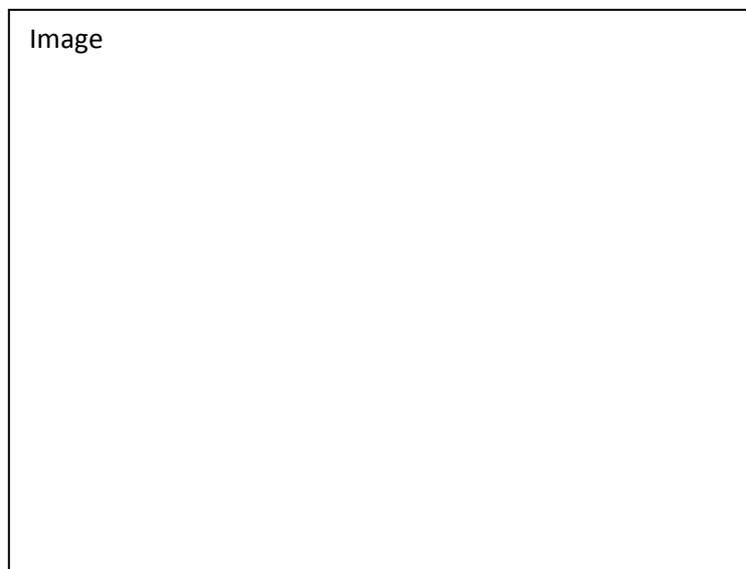


Figure 7: Photos des formes de l'apex (A) et de la base (B) des folioles des six espèces de *Lathyrus* étudiées

Chapitre III. Résultats et discussion

Une grande variabilité a été observée entre les espèces étudiées, notamment au niveau de la forme (linéaire, ovale, lancéolée), de la couleur, des dimensions des folioles, ainsi que de la présence du pétiole (Figure 8).

Les feuilles présentent également des différences entre les parties supérieures et inférieures : certaines espèces ont des feuilles inférieures simples (L. 2, L. 3), d'autres composées avec des vrilles (L. 1, L. 4, L. 6, L. 5). La structure des feuilles supérieures est majoritairement composée de vrilles. Ces éléments illustrent la richesse morphologique des feuilles et leur utilité pour la discrimination des espèces dans les études taxonomiques et phylogénétiques.

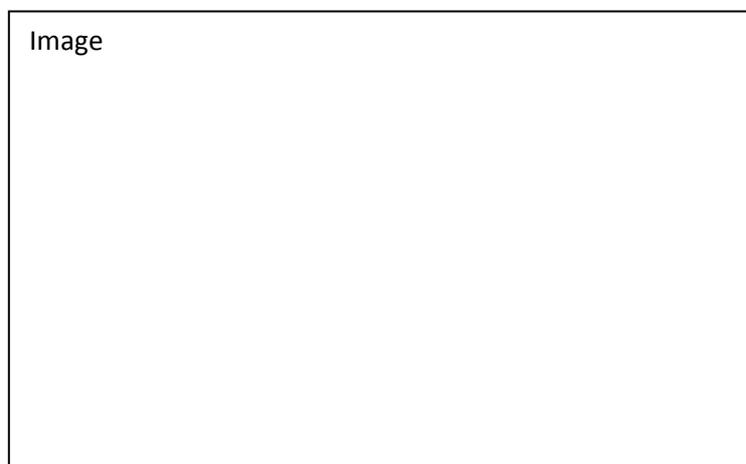


Figure 8 : Photo des formes foliaires des six espèces étudiées

Caractère de la tige

La forme de la section de la tige varie selon les espèces de *Lathyrus* étudiées (Figure 9), offrant des indications possibles sur leurs relations phylogénétiques ou leurs adaptations évolutives. Certaines espèces (L. 1, L. 3, L. 4, L. 6) présentent une section carrée, tandis que d'autres (L. 2, L. 5) montrent une section carrée concave.

De plus, le nombre de nœuds par tige varie selon l'espèce: il est moyen chez L.1, L.2, L.4 et L.5, mais plus élevé chez L.3 et L.6, indiquant une croissance plus développée. Ces différences morphologiques pourraient refléter des divergences évolutives contribuant à la différenciation des espèces au sein du genre.

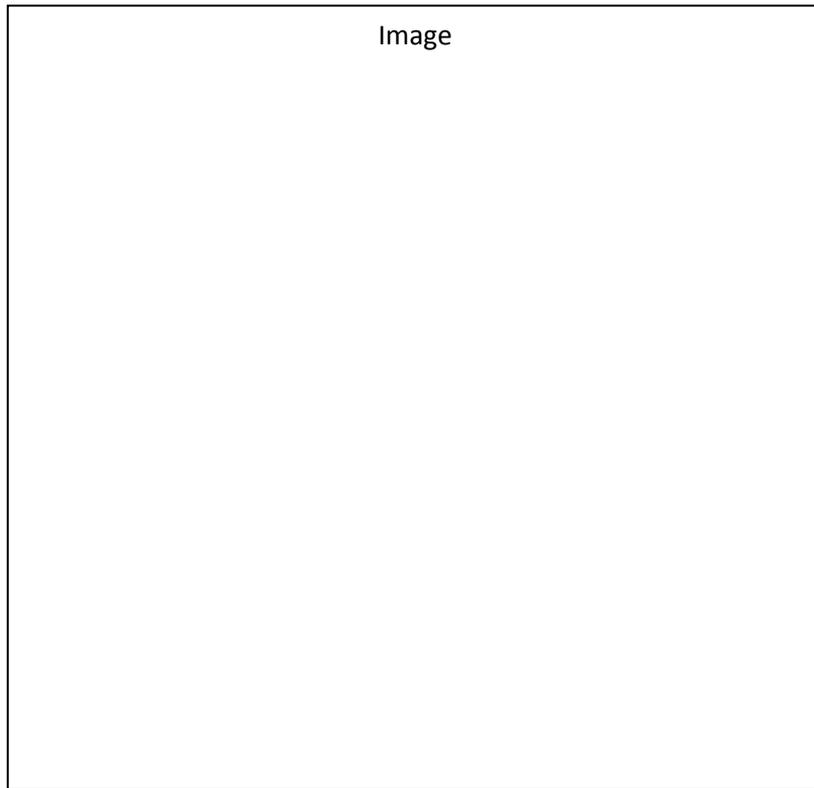


Figure 9 : Photos illustrant les formes de la section transversale de la tige des six espèces de *Lathyrus* étudiées

Les relations entre les différentes espèces étudiées, basées sur la variation des caractères morphologiques, sont représentées par le dendrogramme illustré sur la figure 10. Plusieurs caractères morphologiques ont été écartés de notre étude en raison de la croissance tardive de deux espèces (L.1 et L.5), ce qui a limité l'observation complète de ces caractères.

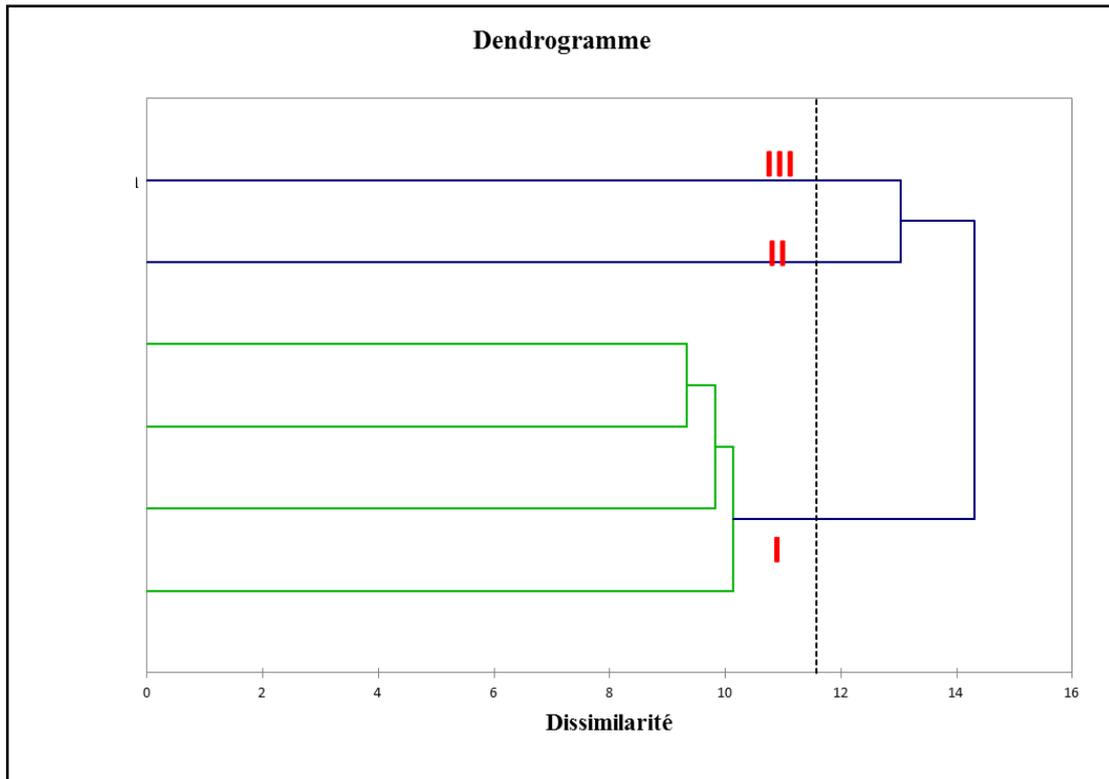


Figure 10 : Dendrogramme généré à l'aide d'une analyse de cluster UPGMA basée sur la diversité morphologique de six espèces de *Lathyrus* étudiées

L'analyse des clusters des espèces testées montre trois principaux groupes à une distance de 11,58. La faible valeur de distance indique un niveau élevé d'homologie (Tableau 5).

La méthode de classification fondée sur la distance a permis d'assigner clairement les espèces étudiées à leurs sections respectives proposées dans la classification de Kupicha (1983), à l'exception des espèces de la section 4, qui ont été séparées en deux groupes : l'un composé de L.2 et l'autre formé de L.3. Cependant ces deux espèces ont été tout de même groupées à une distance $d=13,03$ (Figure 6).

Les quatre espèces L.6, L.4, L.1 et L.5 ont été groupées ensemble à une distance ($d=10,13$) avec L.4 et L.1 proches l'une de l'autre ($d=9,32$).

Chapitre III. Résultats et discussion

Tableau 5 : Matrice de similarité des caractères morphologiques (distance euclidienne)

0	10.0000	12.9615	9.3274	10.1489	13.0384
10.0000	0	15.3623	9.6437	9.8489	14.1067
12.9615	15.3623	0	15.1987	14.3178	15.3623
9.3274	9.6437	15.1987	0	10.3923	13.5647
10.1489	9.8489	14.3178	10.3923	0	13.6015
13.0384	14.1067	15.3623	13.5647	13.6015	0

Ces caractères morphologiques faisaient partie des 75 caractères utilisés par différents taxonomistes ayant travaillé sur le genre *Lathyrus* (Davis, 1970 ; Kupicha, 1983 ; Kenicer, 2005), et la prise en compte de l'ensemble de ces caractères, ou l'utilisation d'un sous-ensemble ciblé adapté à la différenciation au niveau des sections, pourrait améliorer la distinction entre les taxons à ce niveau.

Des recherches supplémentaires sont nécessaires pour attribuer un poids à ces caractères, comme cela a été fait dans le cadre du programme "Lucid" utilisé par les auteurs pour développer un outil convivial d'aide à l'identification taxonomique des espèces de *Lathyrus*.

2. Résultats et analyse de la SDS-PAGE

L'objectif de la présente étude était de réaliser une classification qui témoigne des affinités évolutives entre les différentes espèces étudiées en fonction de la variabilité des protéines de stockage des graines, observée sur le profil électrophorétique.

En effet, en raison de leur stabilité et de leur abondance, les protéines de réserve servent de marqueurs efficaces pour détecter des polymorphismes au sein des populations végétales. Ces marqueurs sont utilisés pour étudier la diversité génétique et les relations phylogénétiques (Ghafoor et Ahmad, 2005).

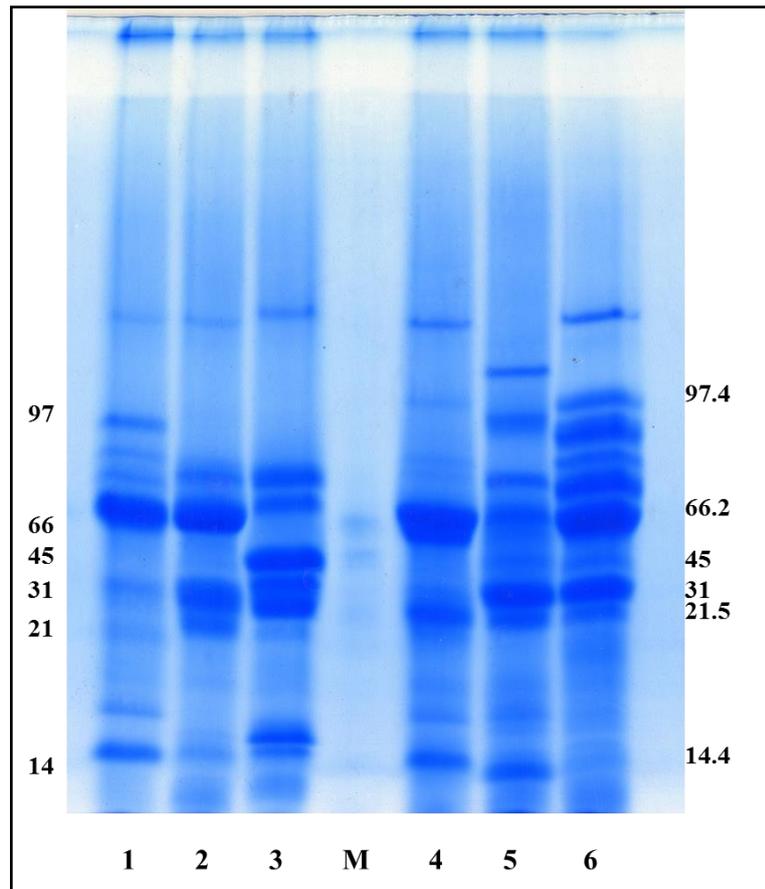


Figure 11 : Profil électrophorétiques générés par SDS-PAGE des protéines de réserve des graines de 6 populations locales du genre *Lathyrus*. (M : marqueur de taille)

Le profil des protéines de réserve a révélé 72 bandes (Figure 11), avec un poids moléculaire allant de 97,4 à 14 kDa, indiquant une grande richesse de protéines de réserve des graines au sein de ces espèces. Chaque bande représente une protéine distincte ou un groupe de protéines ayant des poids moléculaires proches ou similaires. Un maximum de 16 bandes a été détecté chez L. 1, tandis que le minimum était de 10 bandes chez L. 2.

Des bandes fortement marquées sont visibles autour de 66, 45, 31 et 21 kDa, typiques des protéines globulaires comme les vicilines et légumines.

Certaines bandes (~66 kDa et ~45 kDa) sont communes à presque toutes les espèces, suggérant des protéines de réserve conservées.

D'autres bandes (ex : vers 31 kDa ou 14 kDa) typiques des petites protéines ou sous-unités sont présentes dans certains profils uniquement, révélant une spécificité inter-espèces exploitable pour la discrimination.

Chapitre III. Résultats et discussion

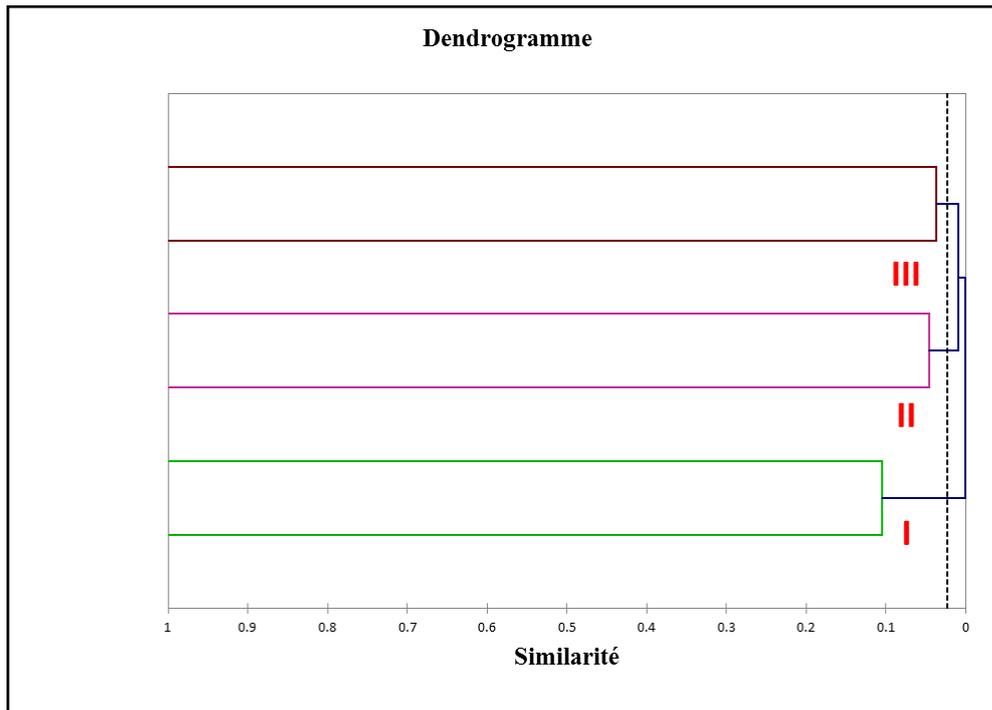


Figure 12 : Dendrogramme basé sur la méthode UPGMA montrant les relations entre populations de *Lathyrus* étudiées révélées avec des marqueurs protéiques.

L'analyse en clusters des accessions a permis de les diviser en trois groupes principaux à une distance de 0,99 (Figure 12) : le groupe 1 comprend les deux populations de L.1 et L. 2, le groupe II comprend les deux populations de L. 4 et L. 5 et le groupe III comprend L. 3 et L. 6.

Tableau 6 : Matrice de similarité entre les populations de *Lathyrus* étudiées, révélée avec des marqueurs protéiques et calculée selon le coefficient de Jaccard

	1	0.1053	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	0.1053	1	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
	0.0000	0.0000	1	0.0000	0.0000	0.0370
	0.0000	0.0000	0.0000	1	0.0455	0.0000
	0.0000	0.0000	0.0000	0.0455	1	0.0370
	0.0000	0.0000	0.0370	0.0000	0.0370	1

Chapitre III. Résultats et discussion

Le dendrogramme généré à partir de la matrice de similarité construite sur la base des profils protéiques a permis de révéler des relations de proximité entre les populations étudiées. Toutefois, les groupements observés dans ce dendrogramme ne sont pas en totale concordance avec ceux obtenus à partir des caractères morphologiques.

Cette discordance met en évidence l'intérêt de combiner plusieurs approches complémentaires (morphologique, biochimique, moléculaire) pour une caractérisation fiable de la diversité génétique.

Conclusion et perspectives

Conclusion et perspectives

Conclusion et perspectives

Le genre *Lathyrus*, riche en diversité morphologique et génétique, représente un patrimoine phytogénétique sous-exploité mais prometteur, particulièrement adapté aux exigences de l'agriculture durable dans les régions soumises à des stress abiotiques. Dans ce contexte, notre étude s'est attachée à évaluer la diversité interspécifique de six espèces de *Lathyrus* collectées dans le Nord-Est algérien, en combinant des descripteurs morphologiques et des marqueurs biochimiques.

L'approche morphologique a permis de mettre en évidence une variabilité significative entre les espèces étudiées, notamment au niveau des feuilles, fleurs, graines et port général des plantes. Le dendrogramme basé sur ces caractères a confirmé, en grande partie, la classification taxonomique de Kupicha (1983), notamment pour la section 1, mais a montré quelques divergences au sein de la section 4.

Parallèlement, l'analyse des protéines de réserve a révélé 72 bandes protéiques, témoignant d'une importante diversité biochimique. Cependant, les regroupements issus de l'analyse des protéines ne recourent pas totalement ceux déduits des caractères morphologiques. Cette divergence met en évidence l'importance d'adopter une approche intégrative pour une caractérisation fiable de la diversité génétique.

A la nécessité de récolter de nouvelles espèces et d'identifier le matériel sauvage sur le terrain, ces caractères morphologiques et biochimiques sont très utiles et importants dans le programme de sélection et d'identification du genre *Lathyrus*. Ainsi, ce travail apporte une contribution à la connaissance de la biodiversité du genre *Lathyrus* en Algérie et constitue une base utile pour de futures actions de conservation, de sélection et de valorisation de ces espèces, notamment dans un contexte de changement climatique et de développement d'une agriculture plus résiliente.

Les résultats obtenus ouvrent la voie à plusieurs pistes de recherche et d'actions futures :

- Intégration de marqueurs moléculaires : Pour compléter l'évaluation de la diversité génétique, l'utilisation de marqueurs moléculaires comme les SSRs, permettrait

Conclusion et perspectives

d'obtenir une résolution plus fine des relations phylogénétiques, notamment entre espèces proches comme L. 3et L.2, ou au sein des populations locales de *L. sativus*.

- Élargissement de l'échantillonnage : Étendre l'analyse à un plus grand nombre de populations, couvrant différentes zones géographiques et écologiques d'Algérie, permettrait de mieux cerner la structuration de la diversité et d'identifier des génotypes d'intérêt.
- Évaluation agronomique et adaptative : Les espèces étudiées pourraient faire l'objet d'essais agronomiques pour tester leur comportement en conditions de stress (sécheresse, salinité...), afin d'identifier des génotypes tolérants à valoriser dans des programmes de sélection ou de culture en zones marginales.
- Valorisation locale et sensibilisation : La mise en valeur de ces espèces pourrait passer par des projets de vulgarisation et de sensibilisation auprès des agriculteurs, en mettant l'accent sur leur potentiel fourrager, alimentaire et écologique.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

- Abdelguerfi, A., & Laouar, M. (1998). *Neglected and underutilized species in Algeria*. (p. 72-85).
- Aci, M. M., Lupini, A., Badagliacca, G., Mauceri, A., Lo Presti, E., & Preiti, G. (2020). Genetic Diversity among *Lathyrus* ssp. Based on Agronomic Traits and Molecular Markers. *Agronomy*, 10(8), Article 8. <https://doi.org/10.3390/agronomy10081182>
- Allkin, R., Goyder, D. J., Bisby, F. A., & White, R. J. (1986). Names and Synonyms of Species and Subspecies in the Viciae. *Viciae Database Project*, 7, 1-75.
- Ambika, Aski, M. S., Gayacharan, Hamwieh, A., Talukdar, A., Kumar Gupta, S., Sharma, B. B., Joshi, R., Upadhyaya, H. D., Singh, K., & Kumar, R. (2022). Unraveling Origin, History, Genetics, and Strategies for Accelerated Domestication and Diversification of Food Legumes. *Frontiers in Genetics*, 13, 932430. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.932430>
- Announ Boukecha, D. (2019). *Diversité agro-morphologique, physiologique et alimentaire de quelques espèces du genre lathyrus*. Ecole Nationale Supérieure Agronomique (ENSA).
- Announ Boukecha, D., Laouar, M., Mekliche-Hanifi, L., & Harek, D. (2017). Drought tolerance in some populations of grass pea (*Lathyrus sativus* L.). *Legume Research*. <https://arccjournals.com/journal/legume-research-an-international-journal/LR-346>
- Battistin, A., & Fernández, A. (1994). Karyotypes of four species of South America natives and one cultivated species of *Lathyrus* L. *Caryologia*, 47(3-4), 325-330. <https://doi.org/10.1080/00087114.1994.10797311>
- Bechkri, S., & Khelifi, D. (2017). Variation in *Vicia sativa* s.l. From Algeria based on morphological characters and ecogeographic parameters. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 64(4), 815-832. <https://doi.org/10.1007/s10722-016-0404-1>
- Campbell, C. G. (1997). *Grass Pea, Lathyrus Sativus L.* (Vol. 18). Bioversity International.
- FAO. (2025). *The Third Report on the State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture*. FAO ; <https://openknowledge.fao.org/handle/20.500.14283/cd4711en>
- Ghafoor, A., & Ahmad, Z. (2005). Use of SDS-PAGE markers for determining Quantitative Traits Loci in Blackgram [*Vigna mungo* (L.) Hepper] germplasm. *Pakistan Journal of Botany*, 37, 263-269.
- Hillocks, R. J., & Maruthi, M. N. (2012). Grass pea (*Lathyrus sativus*): Is there a case for further crop improvement? *Euphytica*, 186(3), 647-654. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0702-4>
- Jones, G. (1992). Ancient and Modern Cultivation of *Lathyrus ochrus* (L.) DC. in the Greek Islands. *The Annual of the British School at Athens*, 87, 211-217.
- Judd, W.-S., Campbell, C.-S., Kellogg, E.-A., & Stevens, P. (s. d.). *Botanique Systematique. Une Perspective Phylogenetique*. De Boeck.

Références bibliographiques

- Kenicer, G. J., Kajita, T., Pennington, R. T., & Murata, J. (2005). Systematics and biogeography of *Lathyrus* (Leguminosae) based on internal transcribed spacer and cpDNA sequence data. *American Journal of Botany*, 92(7), 1199-1209. <https://doi.org/10.3732/ajb.92.7.1199>
- Kislev, M. E. (1989). Origins of the cultivation of *Lathyrus sativus* and *L. cicera* (Fabaceae). *Economic Botany*, 43(2), 262-270. <https://doi.org/10.1007/BF02859868>
- Kumar, S., Bejiga, G., Ahmed, S., Nakkoul, H., & Sarker, A. (2011). Genetic improvement of grass pea for low neurotoxin (β -ODAP) content. *Food and Chemical Toxicology: An International Journal Published for the British Industrial Biological Research Association*, 49(3), 589-600. <https://doi.org/10.1016/j.fct.2010.06.051>
- Kumar, S., Gupta, P., & Barpete, S. (2013). Grass Pea. In M. Singh, H. D. Upadhyaya, & I. S. Bisht (Éds.), *Genetic and Genomic Resources of Grain Legume Improvement* (p. 269-292). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-397935-3.00001-3>
- Kumari, S., Kumar, J., Kumar, R. R., Kumar, A., Nimmy, M. S., Ranjan, T., & Kumar, V. (2019). Genetic Diversity Analysis in Grasspea (*Lathyrus sativus* L.) Using SSR Molecular Markers. *Current Journal of Applied Science and Technology*, 1-6. <https://doi.org/10.9734/cjast/2019/v33i330070>
- Kupicha, F. K. (1983). The infrageneric structure of *Lathyrus*. *Notes RBG Edinburgh*, 41, 209-244.
- Laemmli, U. K. (1970). Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*, 227(5259), 680-685. <https://doi.org/10.1038/227680a0>
- Li, X., Yadav, R., & Siddique, K. H. M. (2020). Neglected and Underutilized Crop Species : The Key to Improving Dietary Diversity and Fighting Hunger and Malnutrition in Asia and the Pacific. *Frontiers in Nutrition*, 7. <https://doi.org/10.3389/fnut.2020.593711>
- Liang, X., Luo, M., Holbrook, C., & Guo, B. (2006). Storage protein profiles in Spanish and runner market type peanuts and potential markers. *BMC plant biology*, 6, 24. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-6-24>
- Loudon, J. C. (1855). *Loudon's encyclopaedia of plants : Comprising the specific character, description, culture, history, application in the arts, and every other desirable particular respecting all the plants indigenous to, cultivated in, or introduced into Britain.* (New impression.). Longmans, Green, and co.
- Murray, B. G., Bennett, M. D., & Hammetti, K. R. W. (s. d.). *Secondary constrictions and NORs of Lathyrus investigated by silver staining and in-situ hybridization.*
- Parsons, R. (2009). Ornamental *Lathyrus* species. *Grain Legumes*, 54, 6-7.
- Quézel, P., & Santa, S. (1962). *Nouvelle flore de l'Algérie et des régions désertiques méridionales.* Editions du Centre National de la recherche scientifique.
-

Références bibliographiques

- Ramya, K. R., Tripathi, K., Pandey, A., Barpete, S., Gore, P. G., Raina, A. P., Khawar, K. M., Swain, N., & Sarker, A. (2022). Rediscovering the Potential of Multifaceted Orphan Legume Grasspea- a Sustainable Resource With High Nutritional Values. *Frontiers in Nutrition*, 8. <https://doi.org/10.3389/fnut.2021.826208>
- Sammour, R. (2014). Genetic diversity in *Lathyrus sativus* L. germplasm. *Research & Reviews in BioSciences*, 8(9). <https://www.tsijournals.com/abstract/genetic-diversity-in-lathyrus-sativus-l-germplasm-6553.html>
- Sarker, A., El Moneim, A. A., & Maxted, N. (2001). Grasspea and Chicklings (*Lathyrus* L.). In N. Maxted & S. J. Bennett (Éds.), *Plant Genetic Resources of Legumes in the Mediterranean* (p. 159-180). Springer Netherlands. https://doi.org/10.1007/978-94-015-9823-1_9
- Shehadeh, A. A. (2011). *Ecogeographic, genetic and taxonomic studies of the genus Lathyrus L.* [D_ph, University of Birmingham]. <https://theses.bham.ac.uk/id/eprint/3061/>
- Shehadeh, A., Amri, A., & Maxted, N. (2013). Ecogeographic survey and gap analysis of *Lathyrus* L. species. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60(7), 2101-2113. <https://doi.org/10.1007/s10722-013-9977-0>
- Shewry, P., Napier, J., & Tatham, A. (1995). Seed Storage Proteins : Structures and Biosynthesis. *The Plant cell*, 7, 945-956. <https://doi.org/10.1105/tpc.7.7.945>
- Singh, A., Balech, R., Barpete, S., Gupta, P., Bouhlal, O., Tawkaz, S., Kaul, S., Tripathi, K., Amri, A., Maalouf, F., Gupta, S., & Kumar, S. (2024). Wild *Lathyrus*—A Treasure of Novel Diversity. *Plants*, 13(21), Article 21. <https://doi.org/10.3390/plants13213028>
- Singh, N. K., Shepherd, K. W., & Cornish, G. B. (1991). A simplified SDS—PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin. *Journal of Cereal Science*, 14(3), 203-208. [https://doi.org/10.1016/S0733-5210\(09\)80039-8](https://doi.org/10.1016/S0733-5210(09)80039-8)
- Trabut Louis. (1935). *Flore du nord de l'Afrique : Répertoire des noms indigènes des plantes spontanées, cultivées et utilisées dans le nord de l'Afrique / par le dr. L. Trabut, ...* Imprimeries « La typo-litho » et J. Carbonel réunies.
- Ünal, F., Wallace ,A.J., & Callow, R. S. (1995). Diverse heterochromatin in *Lathyrus*. *Caryologia*, 48(1), 47-63. <https://doi.org/10.1080/00087114.1995.10797317>
- Vaz Patto, M. C. V., Skiba, B., Pang, E. C. K., Ochatt, S. J., Lambein, F., & Rubiales, D. (2006). *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses : From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica*, 147(1), 133-147. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-3607-2>
- White, C. L., Hanbury, C. D., Young, P., Phillips, N., Wiese, S. C., Milton, J. B., Davidson, R. H., Siddique, K. H. M., & Harris, D. (2002). The nutritional value of *Lathyrus cicera* and *Lupinus*

Références bibliographiques

angustifolius grain for sheep. *Animal Feed Science and Technology*, 99(1), 45-64.

[https://doi.org/10.1016/S0377-8401\(02\)00035-4](https://doi.org/10.1016/S0377-8401(02)00035-4)

Yunus, A. G. (1990). *Biosystematics of Lathyrus section Lathyrus with special reference to the grasspea, L. sativus L* [Ph.D. Thesis].

Yunus, A. G., & Jackson, M. T. (1991). The Gene Pools of the Grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Plant Breeding*, 106(4), 319-328. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1991.tb00517.x>

Annexes

ANNEXE 1

Solution d'extraction des protéines

A préparer le jour même.

- **Solution stock d'extraction :**

Glycérol	20 ml
Tris-HCl 1M pH=6.8	12.5 ml
Eau permutée	24.1 ml
SDS	4 g
Pyronine Y	20 mg

Stocker à température ambiante.

- **Solution stock d'extraction des gluténines :**

Solution d'extraction	2.125 ml
β -mercaptoéthanol	0.05 g
Eau ultra-pure	qsp 5 ml

ANNEXE 2

À préparer le jour même

1. Solutions pour la préparation des gels

- **Tampon Tris-HCL pH: 8.8 (BOA) :**

Calibrer le pH mètre si cela n'a pas été fait récemment.

Tris (hydroxyméthyl aminomethane)	60.57g
Eau	qsp - 400 ml
Ajuster à pH 8.8 avec du HCl fumant	~ 8 à 10ml
Eau	qsp 500 ml

Conserver à 4°C.

Remarque : Il faut que le volume de HCL fumant utilisé soit proche des volumes donnés (Entre 8 et 11 mll) si non on aura des problèmes de séparation des bandes

- **Tampon Tris-HCL pH : 6.8 (BOA).**

Calibrer le PH mètre si cela n'a pas été fait récemment.

Tris (hydroxyméthyl aminomethane)	30.285 g
Eau	qsp ~ 200 ml
Ajuster à pH 8.8 avec du HCl fumant	~ 19.5 ml
Eau	qsp 250 ml

Conserver à 4°C.

- **Solution stock de SDS à 10% (GANTS, MASQUE pour la pesée)**

Sodium Dodecyl Sulfate (SDS)	1 g
Eau	qsp 10ml

Stocker à températures ambiantes.

1. Couler le gel

Pendant le dégazage du gel, préparer le matériel pour le couler : bécher, seringue, eau.

Introduire les catalyseurs dans la fiole à vide, bien homogénéiser et verser le gel dans un bécher,

Annexes

- Le couler entre les plaques à l'aide de la seringue (Attention aux projections) jusqu'à la première marque faite sur les plaques (+2 mm au-dessus du trait).

Conserver l'excédent de préparation dans la seringue

- Recouvrir la surface du gel avec environ 180 μ L d'eau ultra pure (ou d'un mélange eau + alcool)
- Indiquer sur les plaques de verre le type de gel (10% ou ...)

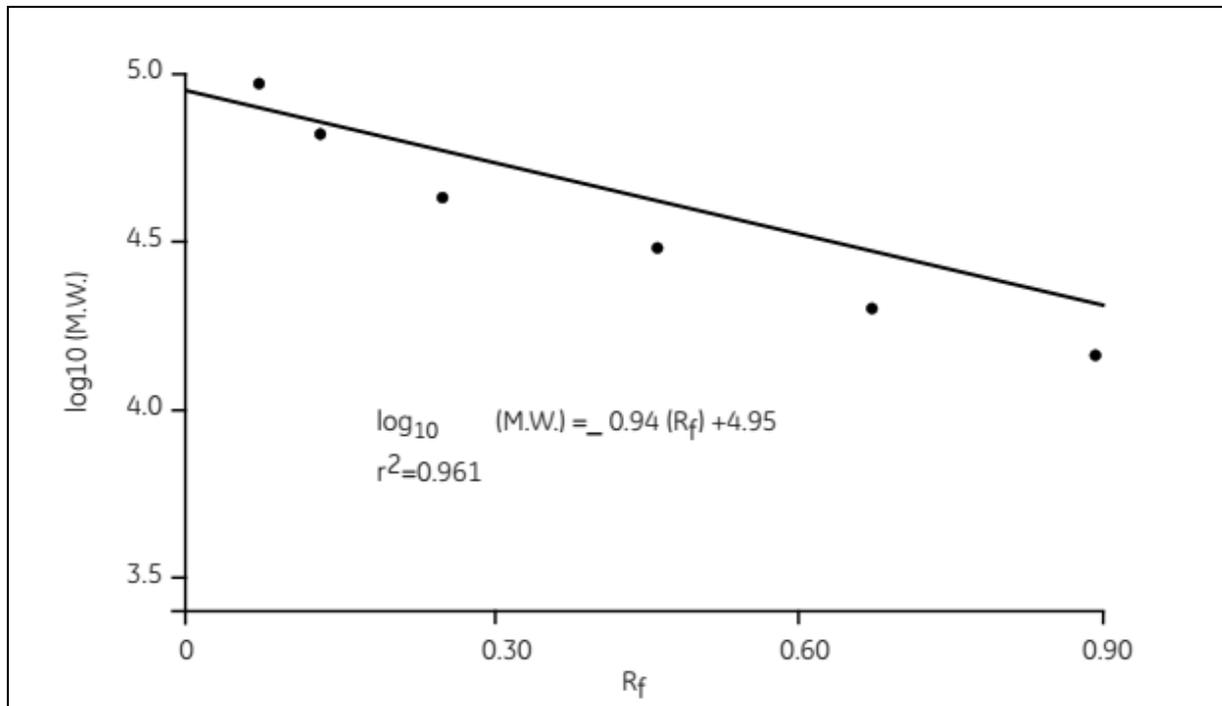
Laisser polymériser le gel : la polymérisation est terminée quand on voit une ligne horizontale entre le gel polymérisé et ce qui est resté liquide, vérifier avec le contenu de la

- **Préparer le Stacking gel :**

En ml	Gel de séparation 12%	GEL DE CONCENTRATION 2%
Acrylamide 40%	12.4	1.0
Bisacrylamide 2%	2.4	0.3
Eau permutée	8.6	10.2
Tampon Tris-HCL pH 6.8	15.2	1.7
Dégazage (5 minutes minimum à la pompe vide)		
SDS 10%	0.40	0.14
APS 1%	1.00	0.70
TEMED	0.020	0.014
TOTALE	40	14

- Avant de couler le stacking gel, enlever l'eau.
- Couler le gel de stacking jusqu'à 0.5 cm du haut des plaques (+2 mm au-dessus du trait).
- Mettre les peignes (15 ou 20 puits selon besoin) en évitant la formation de bulles.
- Laisser polymériser environ 45 minutes.
- Retirer les peignes et mettre du tampon d'électrophorèse dans les puits.
- A ce stade, les gels peuvent attendre jusqu'à le lendemain à condition de fixer le bac supérieur sur le montage et d'y verser un peu de tampon d'électrophorèse.

ANNEXE 3



Courbe d'étalonnage du poids moléculaire des protéines du marqueur de taille

Année universitaire : 2024-2025

Présenté par : NECER Zineb
ZOUAK Maram

Diversité génétique interspécifique chez les fabacées fourragères : Etude de quelques populations du genre *Lathyrus*

Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en Biotechnologie et Génomique Végétale

Les espèces du genre *Lathyrus* sont idéalement positionnées pour répondre à la demande alimentaire mondiale croissante, tant pour l'homme que pour l'alimentation animale, dans un contexte de changement climatique. La conservation et l'utilisation durable des ressources génétiques des *Lathyrus* revêtent une importance cruciale pour favoriser le regain d'intérêt mondial pour ces espèces. Dans cette étude, la diversité génétique de six espèces de *Lathyrus* L. collectées dans différentes régions du Nord-Est algérien a été évaluée par des traits morphologiques et biochimiques (protéines de réserve), afin d'estimer la similarité entre les accessions et clarifier les relations taxonomiques et phylogénétiques au sein des espèces étudiées. La méthode UPGMA a été utilisée pour les regroupements et la construction de du dendrogramme. Les caractères floraux, foliaires, grainiers et ceux du port ont permis de différencier clairement les espèces, validant leur utilité taxonomique. Le dendrogramme morphologique a confirmé la classification de Kupicha (1983) pour la section 1 et non pour la section 4. L'analyse SDS-PAGE a identifié 72 bandes protéiques, avec des profils spécifiques à chaque espèce. Les groupements issus du dendrogramme protéique ne recoupent pas totalement ceux de la morphologie, soulignant l'intérêt de combiner plusieurs approches complémentaires (morphologique, biochimique, moléculaire) pour une caractérisation fiable de la diversité génétique.

Mots-clefs : *Lathyrus*, Diversité génétique, Caractères morphologiques, Protéines de réserves, SDS-PAGE

Laboratoires de recherche : Laboratoire de Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales (GBBV)
(Université Constantine 1-Frères Mentouri).

Présidente du jury : Dr. LOUALI Yamouna (MCB - U Constantine 1 Frères Mentouri).

Encadrant: Dr. BOUCHEMAL Karima (MCB - U Constantine 1 Frères Mentouri).

Examinatrice : Dr. KECHID Maya (MCA - INATAA- U Constantine 1 Frères Mentouri).