



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

جامعة قسنطينة 1 الإخوة منتوري

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

كلية علوم الطبيعة والحياة

Département : Biologie et écologie végétale

قسم: بيولوجيا وعلم البيئة

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

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Sciences Biologiques

Spécialité : Biologie et physiologie de la reproduction

N° d'ordre :

N° de série :

Intitulé :

Différentiation structurale des chromosomes de deux variétés chez l'espèce *Pisum sativum* L.

Présenté par :Kachekouche maissoune et BenKesmia aya loudjeine

Le :25/06/2025

Jury d'évaluation :

Président : Mme. CHAIB Ghania (Professeur - U Constantine 1 Frères Mentouri).

Encadrant :Mme. HAMMOUDA-BOUSBIA Dounia (Professeur -UM Constantine1).

Examinateur(s) : Mme. BOUZID Salha (MCA - U Constantine 1 Frères Mentouri).

Année universitaire

2024 – 2025

REMERCIEMENT

Malgré une année se soit échappée de notre parcours universitaire

L'espoir continue de fleurir dans nos cœurs, comme si rien ne s'était égaré.

*Avant toute chose, nous remercions **Allah** le tout puissant, de nous avoir guidé jusqu'à l'achèvement de ce mémoire, et de nous avoir donné la force, le courage et la patience.*

*Nous adressons nos remerciements les plus sincères à notre encadrant, Madame **Hammouda-boussbiaa Dounia**, pour son accompagnement attentif, sa bienveillance, et la richesse de ses conseils tout au long de cette aventure scientifique. Sa rigueur, sa disponibilité et son soutien constant, elle a été la meilleur guide ,nous tenons de vous remercier pour votre patience ,ainsi que la gentillesse ,et l'âme douce ,sa confiance et son engagement à nos côtés.*

*Nos remerciements s'étendent également à Madame **Chaib ghania**, présidente du jury, et à Madame **Bouzid salha**, examinatrice, pour avoir accepté de consacrer de leur temps à l'évaluation de notre travail. Leurs observations pertinentes et éclairée sont été d'une grande valeur et ont permis d'enrichir notre réflexion.*

*Nous souhaitons mentionner Monsieur **oussama Benmehidi** pour ses motivations et d'encouragement , ses remarques pertinents et sa disponibilité tout au long de notre travail.*

Un grand merci à tous les enseignants qui ont été présents à chaque étapes de notre parcours , et aux responsables.

*Enfin, nous remercions **nos parents, nos collègues et amis** pour les moments conviviaux passés ensemble, et toutes les personnes qui ont contribué d'une façon ou d'une autre à l'aboutissement de ce travail.*

Merci à nous ,pour avoir continué malgré tout pour ne pas avoir abandonné, même quand le chemin était sombre et les pas lourds.

Dédicace

﴿ وَأَنْ لَيْسَ لِلإِنْسَانِ إِلَّا مَا سَعَىٰ وَأَنَّ سَعْيَهُ سَوْفَ يُرَىٰ ﴾

(سورة النجم . الآيات 39-40)

À mon Dieu tout puissant ,merci de m'avoir accordé la force ,la patience et la détermination pour atteindre ce qui je suis aujourd'hui

À celui qui a vu en moi les plus grandes réussites ,à l'hommes qui a fait de moi ce qui je suis aujourd'hui ,celui dans les yeux je vois la fierté de moi ,mon model de respect ,Mon père « ELHADI »

À celle dont ses paroles m'accompagnent depuis j'étais petite ,la première femme forte, courageuse ,celle qui m'a appris à être une fille forte ,celle qui m'a encouragé à poursuivre mes rêves .Mon ange gardien ton amour et ta présence dans ma vie continuèrent d'éclaire mon chemin .Ma légende, Ma mère « CHAFIA ».

À ma première amie ma première source de soutien ,celle qui a contribué à forger ma personnalité ,celle qui a été mon pilier et ma force ,merci d'avoir été mon refuge et pour être la sœur idéal, Mon trésor « HADJER ».

À mes frères « WALID et SLIMAN » Merci d'avoir été ce soutien infaillible .je vous adresse tout mon respect et ma profond gratitude .

À mon binôme « MAISSOUNE » merci à ta patience ,ton soutien silencieux et la douceur de ta compagnie ce travail porte fièrement ton touche.

À mon encadrant « Mm HAMOUDA DOUNIA » et monsieur « OUSSAMA BENMHIDI » merci a vous deux d'avoir été les meilleurs guides tout au long de cette aventure c'est avec gratitude que j'ai collaboré avec vous.

À mes amies et mes étoiles parmi les cadeaux de dieu celles qui ont tissé avec moi les jours sombres et dans les tempêtes chemin
« ISRAA,NORHANE,FEYFEY,FERIEL,MALAK,LYNA,AYA ».

À toute personne formidable que je connaissent à ceux qui m'ont soutenue dans l'ombre ,ceux qui étaient présents par l'esprit tout au long de ce travail.

Et maintenant ,à moi même ,pour n'avoir jamais abondonné.

AYA LOUDJEINE

Dédicace

« وَمَا تَوْفِيقِي إِلَّا بِاللَّهِ، عَلَيْهِ تَوْكِيدُهُ وَإِلَيْهِ أُنِيبُ »

À toute ma famille,

Votre amour a été mon ancre, votre soutien ma force, et votre présence ma plus grande bénédiction.

À mes chers parents,

Pour votre amour inconditionnel, vos sacrifices silencieux et votre patience infinie. Tout ce que j'ai accompli, je vous le dois.

À mes frères « anis, chakib, zimou », et à ma belle-sœur « bouthaina »

Merci d'avoir été là, discrets mais toujours fidèles.

À ma précieuse Djoumana,

Ton sourire a été une lumière dans mes journées les plus sombres.

À mes merveilleuses amies « Nina, Hadjer-BGT, Nounou, Assoumti »

qui ont été comme des sœurs,

Merci pour votre amour, votre écoute, vos rires et ces nuits blanches à tout partager.

À ma collègue et amie « Aya »,

Merci pour ton soutien constant, ton énergie positive et ta présence motivante à chaque étape.

À Madame la Professeure « Hammouda Bousbia Dounia »,

Je vous remercie sincèrement pour votre encadrement rigoureux, votre bienveillance et votre disponibilité tout au long de ce travail. Votre accompagnement a été précieux et a fortement contribué à l'aboutissement de ce mémoire. Ce travail porte aussi votre empreinte, et je vous en remercie du fond du cœur.

À Monsieur le Docteur « Oussama Benmhidi »,

Merci pour votre soutien sincère, votre encadrement généreux et votre gentillesse. Vous avez laissé une empreinte précieuse sur ce travail, et sur moi.

Last but not least,

I wanna thank me , I wanna thank me for believing in me , I wanna thank me for doing all this hard work, I wanna thank me for having no days off, I wanna thank me for never quitting , I wanna thank me for always being a giver and tryna give more than I receive , I wanna thank me for tryna do more right than wrong , I wanna thank me for just being me at all times .

Avec tout mon cœur... merci.

Maissoune

Résumé :

Notre étude porte sur l'architecture chromosomique des variétés Kelvedon et Dorian de *Pisum sativum* L. à l'aide de la technique de C-banding (technique de marquage), permettant la visualisation des régions d'hétérochromatine correspondant à des séquences d'ADN hautement répétées (riches en bases CG non codantes).

Les résultats montrent que Kelvedon possède un caryotype symétrique avec une forte accumulation d'hétérochromatine aux niveaux centromérique et télomérique, ce qui suggère une stabilité génomique et une forte résistance aux contraintes défavorable de l'environnement.

En revanche, Dorian présente un caryotype asymétrique avec une hétérochromatine plus dispersée, reflétant une plasticité génétique favorable à l'adaptation.

L'analyse structurale de *pisum sativum* L. variété kelvedon ($2N=2X=2M + 5sm$) et la variété dorian ($2N=2X=1M + 3sm + 3A$) a montré des régions satellites (NORs) ont été observées, sans détection de chromosomes B.

Ces observations confirment le rôle fonctionnel de l'hétérochromatine dans la stabilité et l'adaptation, et positionnent ces variétés comme modèles pertinents dans les stratégies d'amélioration génétique.

Mots clés : bandes C, chromosomes marqueurs, hétérochromatine, *Pisum sativum* L., satellite, polymorphisme

Abstract :

Our study focuses on the chromosomal architecture of the Kelvedon and Dorian varieties of *Pisumsativum* L., using the C-banding technique (a chromatin marking method), which allows the visualization of heterochromatic regions corresponding to highly repeated DNA sequences (rich in CG bases and non-coding).

The results show that Kelvedon has a symmetric karyotype with a strong accumulation of heterochromatin at the centromeric and telomeric regions, suggesting genomic stability and strong resistance to unfavorable environmental conditions.

In contrast, Dorian exhibits an asymmetric karyotype with more dispersed heterochromatin, reflecting a genetic plasticity that is favorable for adaptation.

Structural analysis of *Pisumsativum* L. revealed that the Kelvedon variety ($2N = 2X = 2M + 5sm$) and the Dorian variety ($2N = 2X = 1M + 3sm + 3A$) contain satellite regions (NOR), with no B chromosomes detected.

These observations confirm the functional role of heterochromatin in genomic stability and adaptability, positioning these varieties as relevant models for genetic improvement strategies.

Keywords: C-banding, marker chromosomes, heterochromatin, *Pisumsativum* L., satellite.polymorphism

ملخص :

تتمحور دراستنا حول البنية الصبغية (الكروموسومية) للصنفين Dorian و Kelvedon من *Pisumsativum L*.، باستخدام تقنية C-banding (تقنية التمييز الصبغي)، والتي تتيح رؤية مناطق الهيبروكروماتين المطابقة لسلسلات DNA عالية التكرار (غنية بالقواعد CG وغير مشفرة).

تُظهر النتائج أن Kelvedon يمتلك نمطاً نوبي (كاريوتيب) متناظراً مع تراكم كبير للهيبروكروماتين على مستوى السنترومير والتيلومير، مما يشير إلى ثبات جينومي ومقاومة قوية للظروف البيئية غير الملائمة.

في المقابل، يُظهر Dorian كاريوتيب غير متناظر مع هيبروكروماتين أكثر تشتتاً، مما يعكس مرونة جينية تُعد ملائمة للتكيف.

وقد أظهرت الدراسة البنوية لـ *Pisumsativum L*. أن الصنف Kelvedon (2N = 2X = 2M +)، والصنف Dorian (5sm، 2N = 2X = 1M + 3sm + 3A)، يحتويان على مناطق ساتليت (NOR)، دون رصد أي كروموزومات B.

تؤكد هذه الملاحظات الدور الوظيفي للهيبروكروماتين في الاستقرار الجينومي والتكيف، مما يجعل هذين الصنفين نماذج مهمة في استراتيجيات التحسين الوراثي.

الكلمات المفتاحية: تقنية C-banding، الكروموزومات المميزة، الهيبروكروماتين، *Pisumsativum L*، الساتليت.

Table des matières

CHAPITRE I : REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

1. Description générale de petit pois :	3
2. La classification systématique :.....	4
3. Représentation des parties de la plante :.....	5
3.1. Morphologie :.....	9
3.2 . Tégumenté :.....	9
4. L'importance historique :	12
4.1. Choix de l'espèce :	12
4.2. Facilité de culture :.....	12
4.3. Expériences et lois de Mendel :	12
4.4. Héritage scientifique :	13
5. La Production de Petit Pois en Algérie :	13
6. L'intérêt agronomique et scientifique actuel	13
6.1. Rôle dans l'agriculture durable :	14

6.2. Propriétés nutritionnelles :	14
6.3. Amélioration génétique des cultures:	15
6.4.Réponses au changement climatique :.....	15
6.5.Écologie et gestion des ressources naturelles :.....	15
7.Principales maladies et ravageurs.....	16
8.Les caractéristiques cytogénétiques :	17
8.1.Les chromosomes :	18
8.2.Caryotype :.....	23
8.3.Gé nome :	24
8.4.La chromatine.....	24
8.5.Le marquage des chromosomes (banding) :	26
8.5.1.Te quiniques de marquages	26

CHAPITRE II: MATERIEL ET METHODE

1.Matériel végétal :	27
2 .Méthode utilisée :.....	27
2.1. Etapes préliminaires :	28
2.2 .Technique de marquage C-banding :.....	30

CHAPITR E III: RESULTATS ET DISCUSSION

1.Résultats :.....	32
2. Discussion :.....	37
3. Conclusion.....	39
Références bibliografi ques	40

Liste des figures

FIGURE 1: MORPHOLOGIE DE LA PLANTE DE POIS.(KÖHLER'S MEDIZINAL-PFLANZEN (1887))	3
FIGURE 2: LA STIPULE DU PETIT POIS (MORI, 2018).....	5
FIGURE 3: DIFFERENTS TYPES DE FEUILLES DE POIS (SRARFI BEN AYAD, 2017)	6
FIGURE 4: REPRESENTATION DE FLEUR DE POIS (FORME PAPILLON).(BOUSSRIEF, A. & ZEKRI, M. (2021)).	7
FIGURE 5: LADEHISCENCE DE PETIT POIS PAR LA NERVURE MEDIANE.	8
FIGURE 6: REPRESENTATION DE LA DEHISCENCE DE PETIT POIS AU NIVEAU DE LA SUTURE PLACENTAIRE	8
FIGURE 7: MORPHOLOGIE EXTERNE DE LA GRAINE.	9
FIGURE 8: DISSECTION. DU TEGUMENT QUI A ETE DECHIRE (A GAUCHE) MONTRANT L'EMBRYON AVEC SA RADICULE (A DROITE).	10
FIGURE 9: LES DEUX COTYLEDONS ECARTES REUNIS PAR LA RADICULE (GRAINE EXALBUMINEE).	10
FIGURE 10: ORGANISATION D'UNE PLANTE DE POIS. (D'APRES MUNIER – JOLAIN ET AL. (2005),V. CHEVALIER (2011)).	11
FIGURE 11: ZONES D'APTITUDE DE LA CULTURE DU PETIT POIS EN ALGERIE(BENABDELI, K. & BOUAZZA, M. (2006)).....	14
FIGURE 12: STRUCTURE D'UN CHROMOSOME METAPHASIQUE.	18
FIGURE 13: CHROMOSOMES METACENTRIQUES :P (BRAS COURT), Q(BRAS LONG).....	19
FIGURE 14: CHROMOSOMES SUBMETACENTRIQUES.	20
FIGURE 15: CHROMOSOMES ACROCENTRIQUES.	20
FIGURE 16: LES ZONES VITALES DES CHROMOSOMES.....	22
FIGURE 17 : ORGANISATION CHROMOSOMIQUE DU PETIT POIS EN METAPHASE.(ZEKRI, M. & BOUSSRIEF, A. (2021)).....	25

FIGURE 18 : MORPHOLOGIE DES GRAINES DE PETIT POIS DES VARIETES UTILISE,	27
FIGURE 19: LA GERMINATION DES GRAINES DES VARIETES KELVEDON ET DORIAN.....	28
FIGURE 20: LES ETAPES DE LA GERMINATION DE LA GRAINE DE PETIT POIS.	28
FIGURE 21: LA LONGUEUR DES RADICULES ATTEINT.	29
FIGURE 22: LA COLORATION DES LAMES PAR LE MELANGE DE (KH_2PO_4) ET (Na_2HPO_4) + GIEMSA.....	31
FIGURE 23: CARYOTYPE EN (C-BANDING) D L'ESPECE PISUM SATIVUM L.(VAR KELVEDON).....	33
FIGURE 24 : CARYOTYPE EN (C-BANDING) DE L'ESPECE PISUM SATIVUM L. (DORIAN).	35

Liste des tableaux

TABLEAU 1: LES PRINCIPALES MALADIES ET LEURS EFFETS SUR L'ESPECE <i>PISUM SATIVUM</i>	16
TABLEAU 2: LISTE DES VARIETES DE PETIT POIS (<i>PISUM SATIVUM</i>).	27
TABLEAU 3: PRESENCE DES BANDES HETEROCHROMATINE SUR LES CHROMOSOMES DES VARIETES KELVEDON ET DORIAN.	38
TABLEAU 4: ANALYSE COMPARATIVE DES CARACTERES ETUDES CHEZ LES DEUX VARIETES DE <i>PISUM SATIVUM L.</i>	40

Liste des abregés

2×SSC : 0.3M de chlorure de sodium et 0.03M de citrate de soduim.

ADN : Acide désoxyribonucléique.

ARN :Acide Ribonucléique

CGH :hybridation génomique comparative.

BC :un bras court .

BL : un bras long .

N.O.R : Régions organisateurs nucléolaires.

A-T : adénine-thymine.

G-C : guanine-cytosine.

GB : giga bases .

CS : Construction secondaire.

S :Satellite

BC: Bande centromérique.

BI: Bande intercalaire.

BT: Bande télomérique

Introduction

Introduction Générale

La cytogénétique, branche de la génétique qui étudie les chromosomes sous leurs aspects structuraux et fonctionnels, constitue un outil fondamental pour la compréhension de l'organisation génomique des organismes vivants. Chez les plantes, elle permet non seulement l'identification des chromosomes et la détection des anomalies chromosomiques, mais aussi la mise en évidence de marqueurs spécifiques utiles pour la sélection variétale et l'amélioration génétique.

Plusieurs techniques de marquage ont été développées, allant des colorations classiques à l'hybridation *in situ* fluorescente (**FISH**), qui permet la localisation précise de séquences d'ADN sur les chromosomes. Cependant, la complexité de certaines séquences répétées et la difficulté d'identifier individuellement les chromosomes justifient encore aujourd'hui la nécessité de recherches approfondies sur son caryotype

Le pois du jardin (*Pisum sativum L.*) est l'une des légumineuses importantes. Taxonomiquement, le pois fait partie de la famille des légumineuses étroitement lié à *Vicia* (**Ellis and Poyser, 2002**). Cette légumineuse (alimentaire et fouragère), fut choisie par (**Gregor Mendel, 1866**) pour ses célèbres expériences fondatrices de la génétique fondamentale.

Aujourd'hui encore, *Pisum sativum* reste un modèle privilégié pour les études cytogénétiques et génomiques, en raison de la simplicité relative de son génome ($2n = 14$ chromosomes) et de son intérêt agronomique. Mais, il existe encore des incertitudes concernant l'identification sans ambiguïté de ses sept paires de chromosomes et l'attribution des groupes de liaison génétique aux types de chromosomes individuels (**Fuchs et al. 1998, Russ. J. Genet. 2005**) De manière surprenante, ce n'est que relativement récemment qu'une image cohérente de la structure globale du génome a été émergé (**Akad.andNauk 2002**).

Ce travail s'inscrit dans un cadre d'étude portant sur l'analyse des chromosomes de *Pisum sativum*. L, dévoilée par la technique de marquage « C-banding ».

Il s'agit de mettre en évidence les objectifs suivants :

-identification individuelle des chromosomes par un marqueur spécifique (l'hétérochromatine correspondant à des séquences ADN non codantes riches en bases CG)

-caractérisation de la structure des caryotypes des variétés étudiées, qui permet de mieux comprendre la structure du génome de *Pisum sativum* et détermination des séquences spécifiques pouvant servir de marqueurs cytogénétiques.

Ce mémoire est structuré en quatre chapitres : une revue bibliographique sur *Pisum sativum* L, la cytogénétique végétale et les techniques de marquage ; une partie consacrée au matériel et aux méthodes utilisées ; une présentation des résultats obtenus ; et enfin, une discussion comparant ces résultats aux données de la recherche scientifique.

Chapitre I :

Revue bibliographique

1. Description générale de petit pois :

Le petit pois (*Pisum sativum L.*), appartenant à la famille des Fabacées, est une plante légumineuse cultivée depuis des millénaires et largement répandue à travers le monde (Muehlbauer & Tullu, 1997). Les graines comestibles, communément appelées petits pois, se développent à l'intérieur de gousses vertes contenant plusieurs graines sphériques, généralement de couleur verte. Cette espèce est appréciée tant pour ses qualités gustatives une saveur douce et légèrement sucrée que pour sa texture tendre, ce qui en fait un ingrédient populaire dans une grande diversité de préparations culinaires, allant des soupes aux salades, en passant par les purées et les accompagnements (FAO, 2016).

Sur le plan nutritionnel, le petit pois constitue une excellente source de protéines végétales, de fibres alimentaires, ainsi que de vitamines (notamment C et K) et de minéraux essentiels comme le fer et le potassium (USDA, 2022). En outre, en tant que légumineuse, *Pisum sativum* possède la capacité de fixer l'azote atmosphérique grâce à une symbiose avec des bactéries rhizobiennes, ce qui en fait une culture bénéfique pour la fertilité des sols et un élément important dans les systèmes d'agriculture durable (Muehlbauer & Tullu, 1997) (figure 1).



Figure 1: Morphologie de la plante de pois.(Köhler'sMedizinal-Pflanzen (1887))

2. La classification systématique :

La classification systématique du petit pois (*Pisum sativum*) est la suivante (**APG IV, 2016**) :

Domaine	Eukaryota
Règne	Plantae
Sous-règne	Viridiplantae
Infra-règne	Streptophyta
Phylum	Tracheophyta
Clade	Angiospermes
Clade	Eudicotylédones
Clade	Rosidées
Ordre	Fabales
Famille	Fabaceae (Légumineuses)
Sous-famille	Papilioideae
Tribu	Fabeae
Genre	<i>Pisum</i>
Espèce	<i>Pisum sativum L.</i>

Cette espèce se divise en plusieurs sous-espèces et variétés, notamment :

➤ ***Pisum sativum* L. subsp. *sativum*** :

- Var. *sativum* : petit pois ou pois potager.
- Var. *macrocarpon* : pois mangetout.

➤ ***Pisum sativum* L. subsp. *elatius*** (formule sauvage).

➤ ***Pisum sativum* L. subsp. *sativum* var. *arvense*** : pois fourrager ou pois des champs.

Le pois cultivé appartient au genre *Pisum*, de la famille des légumineuses (papilionacées), tribu des Viciées, au même titre que les genres : *Lathyrus*, *Lens*, et *Vicia*. La particularité morphologique du genre *Pisum*, qui va nous permettre de le distinguer des autres genres de la même tribu (*Lathyrus*, *Vicia*, *Lens*) c'est la taille des stipules. Ces dernières sont au moins aussi grandes que les folioles (**Figure 2**).



Figure 2:la stipule du petit pois (**Mori, 2018**).

3. Représentation des parties de la plante :

➤ Types de feuille de petit pois :

Chez *PisumsativumL.*, les feuilles varient selon les variétés et peuvent être regroupées en deux principaux types morphologiques :

- **Type normal** : Les feuilles sont composées d'une à quatre paires de folioles sessiles et opposées, se terminant par une vrille. Les folioles sont ovales, entières, et mesurent entre 1,5 et 6 cm de long. Ce type est typique des variétés potagères classiques.(**figure 3**).
- **Type afila** : Dans ce cas, toutes les folioles sont remplacées par des vrilles. Ce sont alors les stipules, largement développées, qui assurent la majeure partie de la photosynthèse. Ce type de feuillage est recherché dans certaines variétés modernes,

en raison de leur meilleure aération du couvert végétal et de leur adaptation à la culture en densité élevée.(**figure 3**).

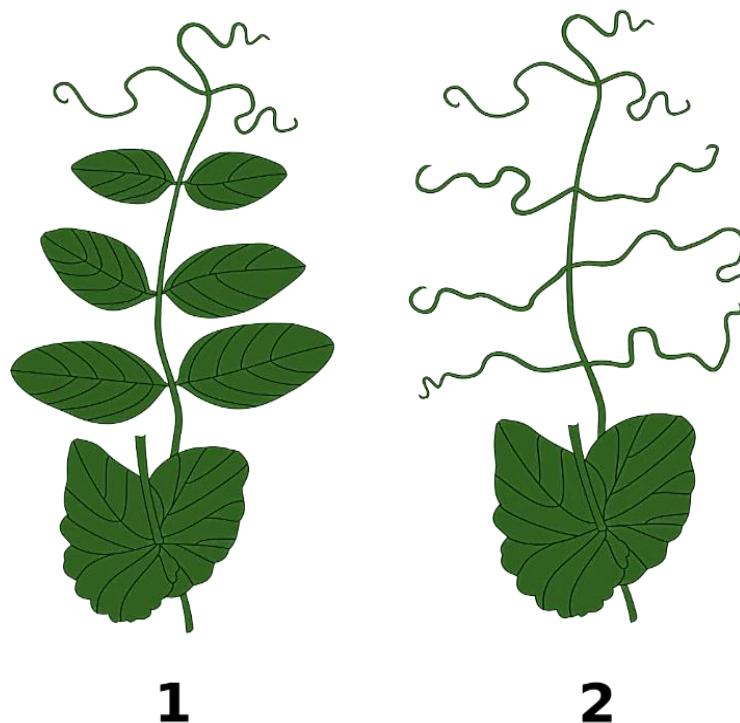


Figure 3: Différents types de feuilles de pois (**Srarfi Ben Ayad, 2017**)

(1) : Feuille avec folioles (normale), (2) : Feuille sans folioles (afila).

➤ Les fleurs de petit pois :

Les fleurs de cette espèce sont typiques et particulières chez les légumineuses :

- ✓ Elles sont généralement de couleur blanche, mais peuvent aussi être roses ou pourpres. Elles ont une structure zygomorphe, ce qui signifie qu'elles possèdent un plan de symétrie bilatérale. Les fleurs sont souvent décrites comme ayant l'apparence d'un papillon, avec deux grands pétales

supérieurs (l'étandard) et deux pétales latéraux (les ailes) qui enveloppent les deux pétales inférieurs (la carène).(**figure 4**).

➤ **Caractéristiques :**

- **Couleur :** Principalement blanche, parfois rose ou pourpre.
- **Structure :** Zygomorphe avec étandard, ailes, carène.
- **Fécondation :** Les fleurs sont cléistogames, ce qui signifie qu'elles s'autoféendent sans s'ouvrir

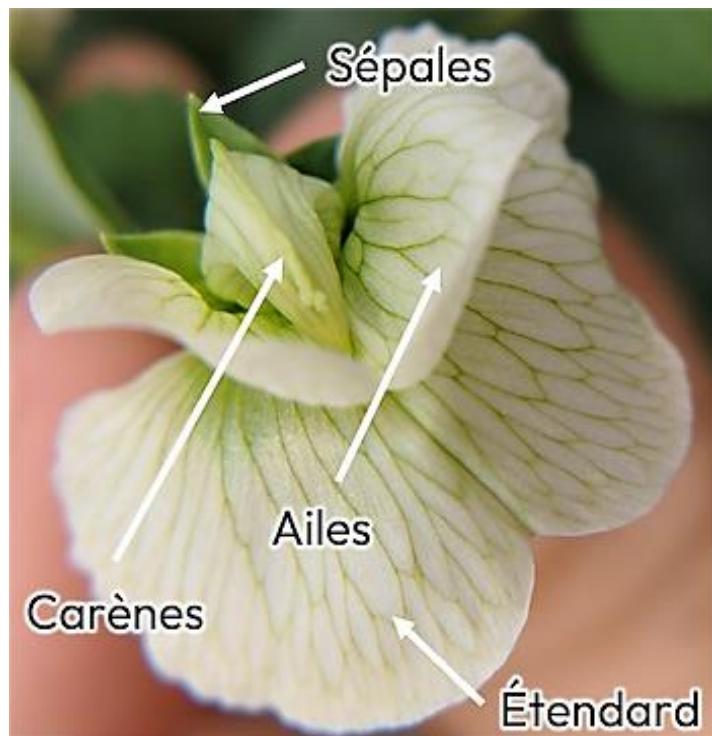


Figure 4: Représentation de fleur de pois (forme papillon).(**Boussrief, A. & Zekri, M. (2021).**)

➤ **la déhiscence de petit pois :**

La déhiscence se fait par deux fentes. Lorsque l'on écosse les petits pois (le fruit n'est pas en complète maturité et ne s'ouvre pas tout seul), on peut l'ouvrir de deux façons.(**figure 5**) (**figure 6**).

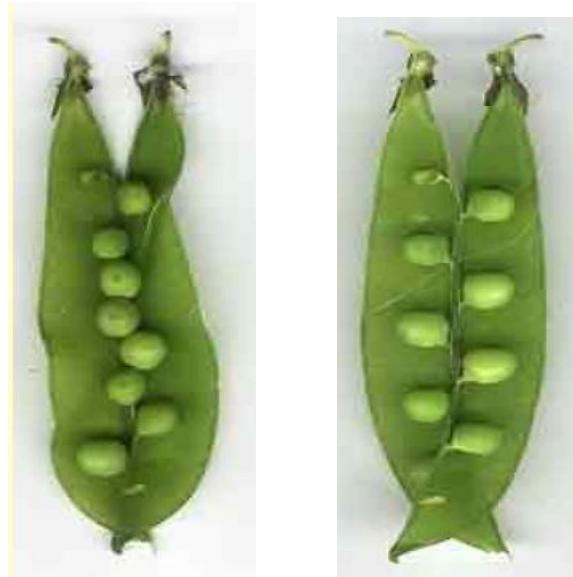


Figure 5: La déhiscence de petit pois par la nervure médiane.

Déhiscence par la nervure médiane : les graines restent attachées au centre par les placentas.

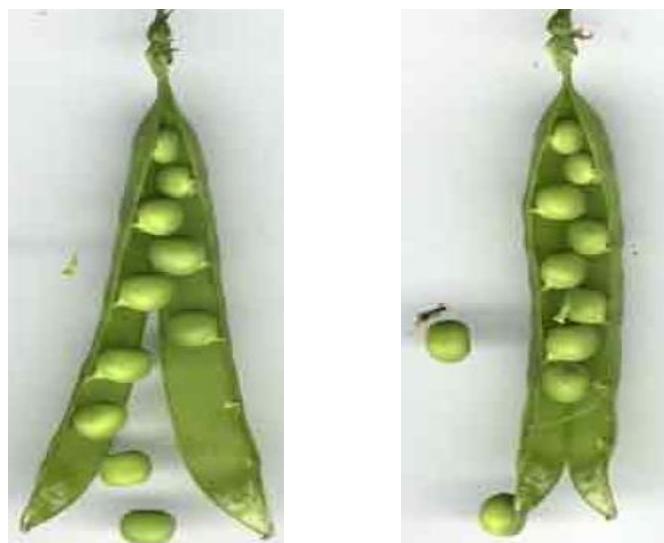


Figure 6: représentation de la déhiscence de petit pois au niveau de la suture placentaire .

Déhiscence au niveau de la suture placentaire : les graines restent attachées à l'extérieur par les placentas.

➤ **Graine de petit pois :**

La représentation d'une graine de pois petit pois (*Pisum sativum*) est décrite comme suivant :

3.1 Morphologie : La graine de petit pois est généralement arrondie ou un peu allongée anguleuse, de 5 à 8 mm en diamètre. Exalbuminée elle est le signe qu'il Elle est peu en albumine et les réserves d'alimentation sont conservées dans les cotylédons. La couleur des graines sont différentes selon des variétés : graines des variétés avec des fleurs blanches sont plus souvent vertes ou jaunes crème, et ceux des variétés fleurs de rose ou de rouge peuvent présenter des taches de brun.(**figure 8**)



Figure 7: Morphologie externe de la graine.

3.2 Tégumenté : Le tégument de la graine est translucide ou coloré, dans ce cas laisse des traces de coloration après sa remise au-dessus de la feuille, cachant la couleur de cotylédons et bien souvent des tanins.(**figure 9**) (**figure 10**) .



Figure 8: Dissection du tégument qui a été déchiré (à gauche) montrant l'embryon avec sa radicule (à droite).



Figure 9: Les deux cotylédons écartés réunis par la radicule (graine Exalbuminée).

3.3. Morphologie du système racinaire

Le système racinaire du petit pois (*Pisum sativum*) est de type pivotant, avec une racine principale verticale pouvant atteindre environ un mètre de profondeur en conditions idéales. Toutefois, cette racine maîtresse est généralement peu ramifiée et ne développe qu'un réseau modeste de racines secondaires et tertiaires. L'essentiel de l'architecture

racinaire se concentre dans les 30 premiers centimètres du sol, où se forment de nombreuses radicelles et nodosités caractéristiques.

Ces nodosités sont le siège de la symbiose avec des bactéries du genre *Rhizobium*, qui permettent à la plante de fixer l'azote atmosphérique. Cette fixation biologique de l'azote est essentielle pour couvrir les besoins nutritionnels de la plante, en particulier pendant la phase de floraison. Ainsi, le système racinaire du petit pois joue un double rôle : il assure l'ancrage et l'absorption des nutriments, tout en contribuant activement à la fertilité du sol.(**Chaudhary & Sharma, 2008**) (**figure 10**).

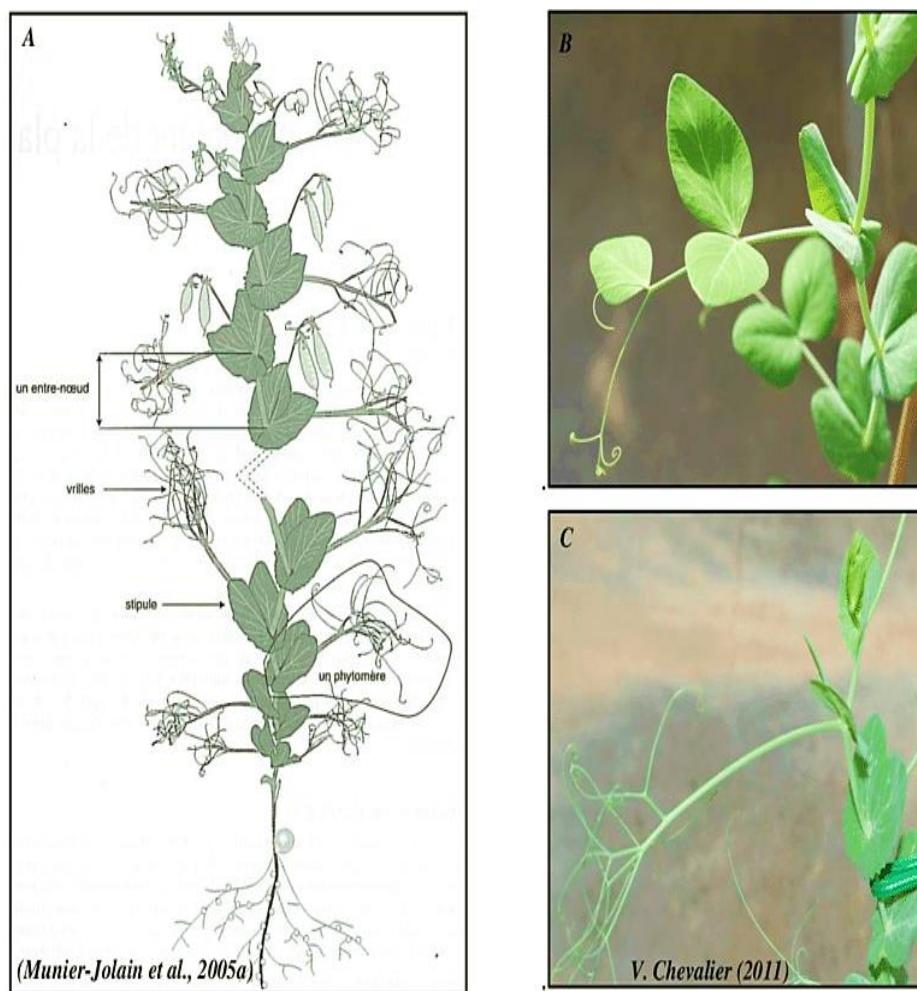


Figure 10:Organisation d'une plante de pois. (D'après Munier – jolain et al. (2005),V. Chevalier (2011)).

4. L'importance historique :

*Pisum sativum*L. ou pois commun, occupe une place centrale dans l'histoire de la génétique en tant qu'organisme modèle choisi par **Gregor Mendel** pour ses célèbres expériences entre **1856** et **1863**. À travers une série d'expérimentations rigoureuses, Mendel a étudié la transmission des caractères héréditaires chez le pois, posant ainsi les bases des lois de la génétique moderne.

4.1. Choix de l'espèce :

Mendel a sélectionné *Pisumsativum*L. pour plusieurs raisons scientifiques. D'abord, cette espèce présente des caractères distincts, faciles à observer, tels que la couleur des graines (jaune ou verte), la forme des graines (lisse ou ridée), la couleur des fleurs (violette ou blanche), et la position des fleurs (axiale ou terminale). Ces traits sont gouvernés par des gènes à transmission mendélienne simple, ce qui a permis une interprétation claire des résultats.

4.2. Facilité de culture :

Le pois est une plante à cycle de culture court, facilement cultivable en conditions contrôlées, ce qui a permis à Mendel de suivre plusieurs générations en peu de temps. Sa reproduction autogame, mais également manipulable pour des croisements contrôlés, était idéale pour l'analyse de la ségrégation des caractères.

4.3. Expériences et lois de Mendel :

En croisant différentes lignées pures, Mendel a observé la réapparition de certains caractères au fil des générations. Ces observations l'ont conduit à formuler deux lois fondamentales :

- **Loi de la ségrégation** : chaque individu possède deux allèles pour chaque caractère, mais ne transmet qu'un seul allèle à sa descendance.
- **Loi de l'assortiment indépendant** : les paires d'allèles se répartissent indépendamment les unes des autres au moment de la formation des gamètes.

4.4. Héritage scientifique :

Les travaux de Mendel sont restés méconnus jusqu'à leur redécouverte en **1900** par **Hugo de Vries, Carl Correns et Erich von Tschermak**. Ces résultats ont été le point de départ du développement de la génétique mendélienne puis du Morganisme, avec la notion de gènes, allèles, chromosomes, etc. Aujourd'hui, *Pisum sativum* L. reste un modèle important pour la génétique végétale, utilisé dans des études de ségrégation génétique, de cartographie génomique et d'analyse cytogénétique.

5. La Production de Petit Pois en Algérie :

Le petit pois en Algérie est une culture légumière d'importance modérée, occupant une superficie moyenne annuelle d'environ 5000 hectares, avec des variations selon la disponibilité des semences importées. Il est cultivé principalement pour son grain riche en protéines, récolté avant sa maturité complète (de novembre à mai), et largement utilisé dans la préparation de plats traditionnels comme le mesfouf et les ragoûts. Les principales zones de production se situent à Biskra (en irrigué), ainsi qu'à Tipaza, Boumerdès, Mostaganem et Tlemcen (en sec). La culture est menée manuellement, avec une prédominance de la variété Merveille de Calvedon. Cependant, cette culture reste confrontée à plusieurs contraintes phytosanitaires, notamment les attaques de pucerons, la tordeuse, l'oïdium et l'anthracnose (**Agrichem Algérie, s.d.**) (figure 11).

6. L'intérêt agronomique et scientifique actuel

L'intérêt agronomique et scientifique actuel de *Pisum sativum* est toujours de grande importance, tant dans le domaine de l'amélioration des cultures que dans la recherche fondamentale en génétique. Voici quelques éléments que tu pourrais inclure dans cette section :

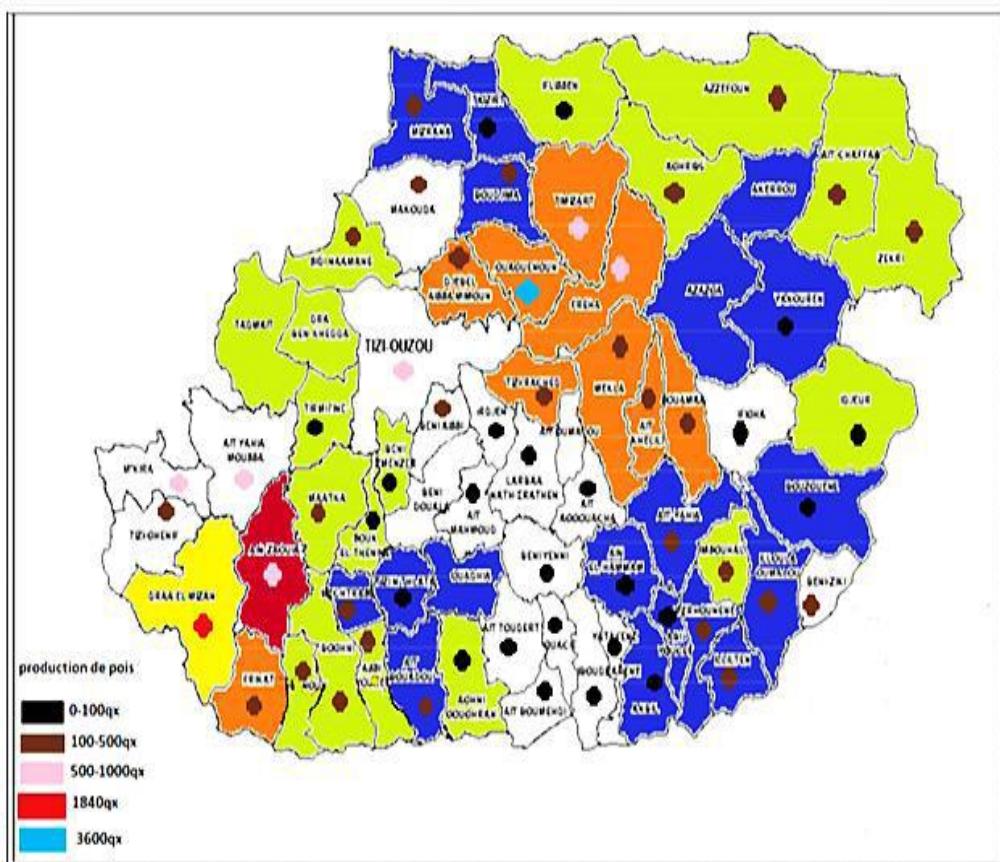


Figure 11:Zones d'aptitude de la culture du petit pois en Algérie(Benabdeli, K. & Bouazza, M. (2006))

6.1. Rôle dans l'agriculture durable :

*PisumsativumL.*est une légumineuse, qui est essentielle de nos systèmes agricoles durables. Elle sert pour la fixation d'azote dans un sol, cela augmenté la fertilisation des morasses sans devoir en causer à la chimie avec des engrains azotés. Cela contribue à l'agriculture plus compatible de l'environnement. Le pois est aussi culture de rotation primordiale pour combattre les dégâts du sol. Les risques de sol maladie et à augmenter la biodiversité dans les systèmes agricoles.

6.2.Propriétés nutritionnelles :

Le pois est une excellente "bosse protéique ", c'est afin de le classer de préserves aliment – améliorant du muscle, de la performance, et de l'énergie pour les antioxydants

végétariens et végans. Il est également très riche en fibres, en vitamines et minéraux, ce qui représente un apport alimentaire équilibré. Les pois sont des cultures principalement à intérêt alimentaire (graines de pois sec) et animale (fourrage). Ils ont la possibilité d'être reconvertis en protéines végane et des autres. Le sous-produit en est de plus en plus recherché dans l'industrie agroalimentaire.

6.3. Amélioration génétique des cultures:

L'actuel intérêt scientifique pour *Pisum sativum* repose sur la position de son rôle dans la faisance de la tige du poids. Génétique des légumineuses. Des recherches sont entreprises afin de créer des variétés de pois plus résistantes aux maladies, plus productives, généralement plus adaptées à de mauvaises conditions climatiques. L'étude de la génétique du pois a pour objectif aussi l'amélioration de caractéristiques nutritionnelles telles que protéine et résistance au stress abiotique, tels les sécheresses et salinité qui sont de plus en plus critiques, ces jours-ci avec les changements climatiques.

6.4. Réponses au changement climatique :

En raison des préoccupations croissantes liées au changement climatique, les scientifiques s'intéressent également à la manière dont *Pisum sativum* pourrait être utilisé pour répondre à des défis futurs. Par exemple, l'étude des traits liés à la tolérance à la sécheresse et à des températures élevées est cruciale pour le développement de cultures résilientes face aux conditions climatiques extrêmes.

6.5. Écologie et gestion des ressources naturelles :

Le pois étant une culture à faible enrayage carbone il tend à être valorisé dans les filières agricoles. Comme une culture de base pour la pollution des gaz à effet de serre. Sa capacité à bien faire de la terre qualité, diminuer la volatile à commerce chimique (fertilisants et pesticides) est en eux-mêmes un facteur essentiel de l'agriculture régénératrice.

7. Principales maladies et ravageurs

Les cultures de pois sont exposées à divers agents pathogènes et ravageurs, dont les effets varient en fonction des conditions climatiques et des régions. Certaines maladies, qui étaient secondaires dans certaines zones, peuvent devenir épidémiques si les conditions sont favorables. L'impact économique dépend de plusieurs facteurs, tels que l'année, la région, les pathogènes présents et la sensibilité des variétés cultivées.(tableau 1).

Tableau 1:les principales maladies et leurs effets sur l'espece *Pisum sativum*.

Catégorie	Nom	Effet principal
Maladies fongiques	-Ascochytose (Anthracnose)	-Taches brunes, nécroses , affaiblissement des tiges
	-Fusariose vasculaire	-Flétrissement, mort des plants
	-Mildiou	-Taches jaunes, feutrage blanc au nerves des feuilles
Maladies bactériennes	-Peu fréquente, non Dominante	
Maladies virales	-Peur rapportée localement	
Ravageurs	-Bruche du pois(<i>Bruchus pisorum</i>) -Sitone du pois(<i>sitona lineatus</i>)	-Détériorations des graines dans les gousses -Dégât sur feuilles et racines

8. Les caractéristiques cytogénétiques :

La cytogénétique est l'étude des phénomènes de la génétique au niveau cellulaire, en particulier ceux menant aux chromosomes. Elle permet de déterminer la constitution chromosomique d'un individu ou bien aussi la composition en chromosomes des cellules d'un individu.

➤ Types de Cytogénétique

✓ Cytogénétique traditionnelle :

Elle est basée sur la réalisation d'un caryotype à partir de cultures cellulaires à la recherche des anomalies gonochromiques : variations en nombre ou en structure dont dans le nombre de chromosomes.

✓ Cytogénétique moléculaire :

Cette méthode emploie des méthodes telles que l'hybridation in situ en fluorescence (**FISH**) pour rechercher des défauts particuliers du chromosome dans la double hélice de l'ADN. Elle est souvent appliquée pour faciliter le diagnostic plus vraisemblable.

✓ Cytogénomique :

Šker concentrée sur le nombre quantitatif du Génome entier via des techniques comme hybridation génomique comparative (CGH)

➤ Applications :

La cytogénétique est une discipline importante, impliquée dans la recherche des mutations chromosomiques :

- de type nombre (euploidie, polyploidie, aneuploidie)
- de type structure (duplication, deletion, translocation , inversion et insertion)

➤ Techniques Utilisées

- ✓ Caryotypage : Consiste à la culture d'origine cellulaire pour visualiser les chromosomes à l'état métabase et confirmer les anomalies.
- ✓ Techniques de bandes : Permettre pour teindre et voir les chromosomes afin de détecter des désordres particuliers
- ✓ ToFISH : Permet d'étudier des seuls lieux spécifiques des chromosomes avec plus de précision

8.1. Les chromosomes :

Les chromosomes sont des structures complexes formées d'ADN et de protéines, présentes dans le noyau des cellules eucaryotes. Ils sont essentiels pour le stockage, la transmission et l'expression de l'information génétique.(figure 12).

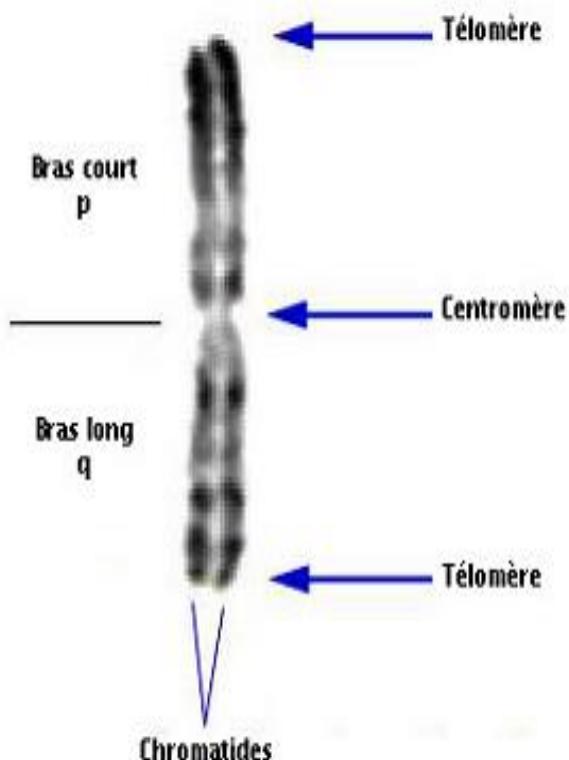


Figure 12: Structure d'un chromosome métaphasique.

Les premières observations des chromosomes remontent à la fin du XIXe siècle, mais il a fallu attendre les années 60 pour que les techniques de préparation permettent de les analyser en détail individuellement.

Le chromosome métaphasique est constitué de deux chromatides, chaque chromatide représentant une des deux molécules d'ADN identiques issues de la réPLICATION en phase S. Ces deux chromatides sont étroitement associées au niveau du centromère, qui constitue la constriction primaire du chromosome et correspond à la zone de fixation sur les fibres du fuseau de division

La constriction centromérique est un repère qui permet de séparer le chromosome en deux régions principales : un bras court (par convention situé au-dessus du centromère) et un bras long (en-dessous du centromère). Les extrémités des bras chromosomiques sont des régions possédant une architecture particulière sur le plan moléculaire et sont appelées télomère. Il y a un télomère pour le bras court et un télomère pour le bras long.

En fonction de la taille respective des bras courts et longs, on reconnaît trois groupes morphologiques de chromosomes :

- Les **chromosomes métacentriques**, dont les bras courts et longs sont de taille semblable. L'index centromérique (rapport de la taille du bras court sur la taille du bras court + la taille du bras long) est autour de 0,5. (**figure 13**)

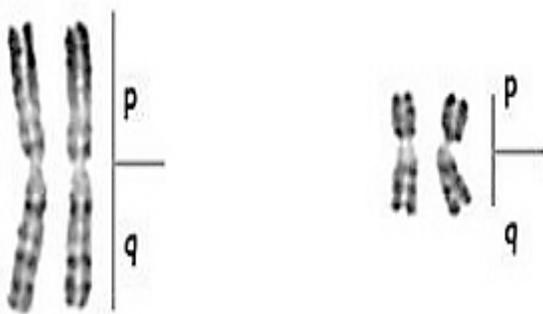


Figure 13:chromosomes métacentriques :p (bras court), q(bras long).

- Les **chromosomes submétacentriques**, dont les bras courts sont franchement plus courts que les bras longs. L'index centromérique est très inférieur à 0,5. (**figure 14**).

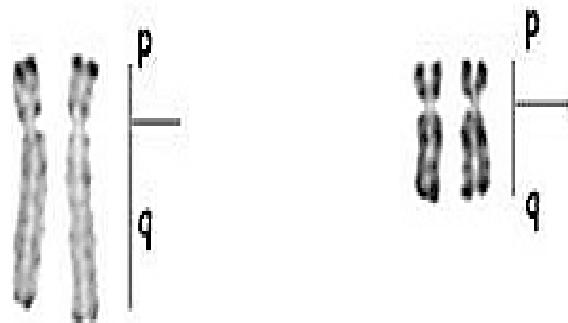


Figure 14:chromosomes submétacentriques.

- Les **chromosomes acrocentriques**, dont le bras court est peu ou pas visible. L'index centromérique est proche de 0. La particularité essentielle de ce groupe de chromosomes est qu'ils hébergent les mêmes gènes sur leur bras courts, qui ont tous une structure identique. Il s'agit des gènes responsables de la synthèse des ARN ribosomiques, présents à plusieurs centaines d'exemplaires dans la cellule. (**figure 15**).

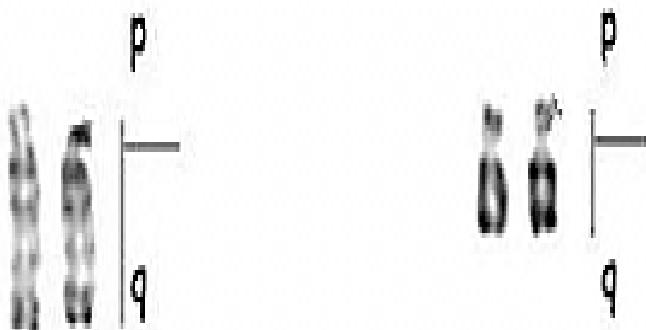


Figure 15:chromosomes acrocentriques.

8.1.1. Zones vitales des chromosomes :

➤ Construction primaire (centromère) :

Constriction primaire appelé aussi centromère ou région kinétochorienne, sont les sites où se fixe le fuseau durant la division cellulaire. La constriction centromérique est un repère qui permet de séparer le chromosome en deux régions principales : un bras court (BC) et un bras long (BL).

➤ Construction secondaire :

Les constrictions secondaires sont des rétrécissements autres que celui du centromère. Elles affectent les deux chromatides à la même position. Quand ils sont en position presque terminale. Elles sont utiles pour l'identification des chromosomes particuliers (marqueurs) dans une garniture ($2n$).

➤ Satellites :

Le satellite du chromosome est un segment chromosomique séparé de la partie principale du chromosome par la construction nucléolaires secondaire. L'ensemble du satellite et de la construction nucléolaires secondaire est appelé la région satellite. L'existence de l'ADN satellifère est considérée comme marqueur génétique qui peut jouer un rôle dans l'appariement chromosomique au cours de la méiose et protéger les gènes terminaux contre les processus de gains et de pertes chromosomiques (**Handerson et Kipling ,1995**).

Jones (2004) a défini l'ADN satellifère comme étant un ADN répétitif accumulé par la transposition et la rétrotransposition de certains éléments ou par les erreurs parvenues au moment de la réplication.(**figure 16**).

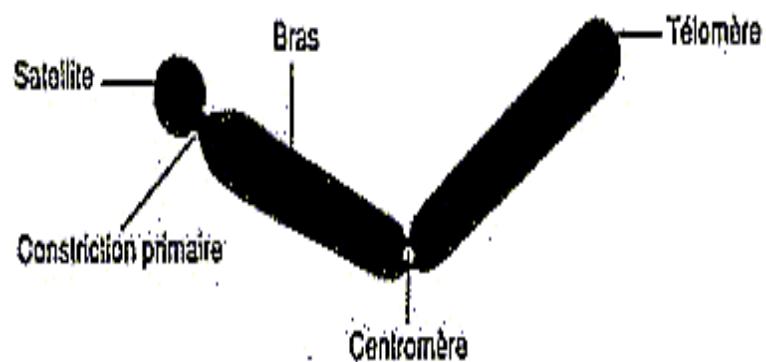


Figure 16: les zones vitales des chromosomes.

➤ **Régions organisatrices nucléolaires (N.O.R) :**

Ce sont des régions chromosomiques associées au nucléole. Chaque organisateur nucléolaire correspond à un groupe de gènes d'ARNr répétés en tandem sur un chromosome.

Les Régions organisatrices nucléolaires ont été décrites pour la première fois par **Mc Clintock (1934)** comme étant des régions de chromatine très faiblement marquées, et autour desquels se forment les noyaux en fin de télophase après qu'ils aient disparues durant la phase mitotique de la cellule (**Derenzini. 2000**). Sur les chromosomes métaphasiques des eucaryotes, ces régions apparaissent sous forme de constrictions secondaires associées aux satellites et leurs nombre varient d'un organisme à un autre (**Hayes**).

En cytogénétique classique, les Régions Organisatrices Nucléolaires sont mises en évidence par la coloration au Giemsa (N-banding) ou avec la coloration aux Nitrates d'argent (AgNORs) (**Jiménez et al, 1988, Hammouda et al. 2008, 2021**). La précipitation d'argent sur le site Nucleolar Organizer Régions (NORs) est liée à l'activité transcriptionnelle (**Hubel, 1985**).

8.2. Caryotype :

Le caryotype est la représentation ordonnée de l'ensemble des chromosomes d'une cellule en métaphase, qu'elle soit d'origine mitotique ou méiotique. Cette représentation tient compte du nombre, de la taille, de la forme, de la position du centromère et d'autres caractères morphologiques des chromosomes. Le caryotype permet d'obtenir une vue d'ensemble du génome chromosomique d'un individu, d'un tissu ou d'une espèce donnée (**Levan et al, 1964**). Il comprend généralement deux éléments :

- Le caryogramme, qui montre les chromosomes réels photographiés et classés,
- L'idiogramme, une version schématique représentant leur structure et proportion.

➤ Types de caryotypes :

On distingue généralement deux grandes catégories de caryotypes selon le degré de symétrie morphologique des chromosomes :

➤ Caryotype symétrique :

Ce type est caractérisé par la présence de chromosomes de taille relativement homogène, majoritairement métacentriques ou submétacentriques, c'est-à-dire avec des bras courts et longs de longueur similaire.

Il est souvent associé à des espèces dites primitives, à évolution lente ou conservée, notamment chez de nombreuses dicotylédones et légumineuses, telles que *Pisum sativum* (le pois cultivé). Ces caryotypes sont généralement stables, et faciles à analyser en cytogénétique classique.

➤ Caryotype asymétrique :

Ce caryotype se caractérise par une hétérogénéité marquée dans la taille des chromosomes et par la prédominance de chromosomes acrocentriques ou télocentriques, présentant des bras courts très réduits, voire absents.

Il est typique des espèces à évolution rapide, présentant souvent une spécialisation génétique ou adaptative poussée. Ce type de caryotype est fréquemment observé chez certaines monocotylédones ou chez les plantes à forte diversification génétique (**Stace, 2000 ; Levin, 2002**).

8.3. Génome :

Le génome est défini comme l'ensemble du matériel génétique contenu dans un lot haploïde de chromosomes d'une espèce. Chez les espèces diploïdes, ce lot constitue l'unité de base de l'hérédité, généralement désignée par une lettre majuscule (**Cauderon, 1989**).

8.4. La chromatine

La chromatine est une structure compliquée composée d'ADN, d'histones et de d'autres protéines, présente dans le noyau des cellules eucaryotes. Essence : L'ADN, c'est la forme dans laquelle le gène est structuré, compacté et régi au sein de la cellule. Cette organisation est essentiel dans le contrôle de l'expression génique, la réPLICATION de l'ADN et la division de la cellule (**Alberts et al. 2014**).

Il existe deux formes de chromatine qui se distinguent principalement : l'euchromatine et l'hétérochromatine.

- ✓ **L'euchromatine** est peu condensée, très transcrit municipale et génétiquement riche. Elle est en dehors de la cellule de transcription et permet une expression temporelle du génome. Elle se trouve situations les plus couramment intéressent des régions internes du noyau (**Kouzarides, 2007**).

- ✓ **L'hétérochromatine**, en revanche est très condensée, inactivée transcriptionnellement ou silencieuse, et peu sévise généré. Elle est plus particulièrement située à la périphérie nucléaire ou à proximité du noyau nucléole. On classe en deux sous-types l'hétérochromatine : l'hétérochromatine constitutive et l'hétérochromatine facultative (**Grewal & Elgin, 2007**).

➤ L'hétérochromatine : description et rôles :

L'hétérochromatine de constituante est établie stablement dans toutes les cellules à partir d'un organisme. Elle possède des séquences d'ADN répétitives notamment aux centromères et aux télomères. Cette forme de chromatine contribue à la charpente structurelle des chromosomes et à l'empêcher de se réarranger négativement (**Maison & Almouzni, 2004, Hammouda et al ;,2008**).

Le type facultatif de l'hétérochromatine, lui-ci peut examiner selon par le type des cellules or l'état de développement. Elle est généralement liée à la répression génique comme cela est la chose du chromosome X dans la femelle des mammifères. Le biais d'hétérochromatine de ce type est réversible et influencé par des modifications épigénétiques comme la méthylation de l'ADN ou la tri-méthylation de l'histone H3 sur la lysine 27 (H3K27me3) (**Margueron & Reinberg, 2011**).

L'hétérochromatine est également impliquée dans l'organisation tridimensionnelle du génome, la protection des extrémités chromosomiques (via les télomères), et contrôle des éléments transposables et donc dans la stabilité génomique (**Allshire & Madhani 2018**).**(figure 17).**

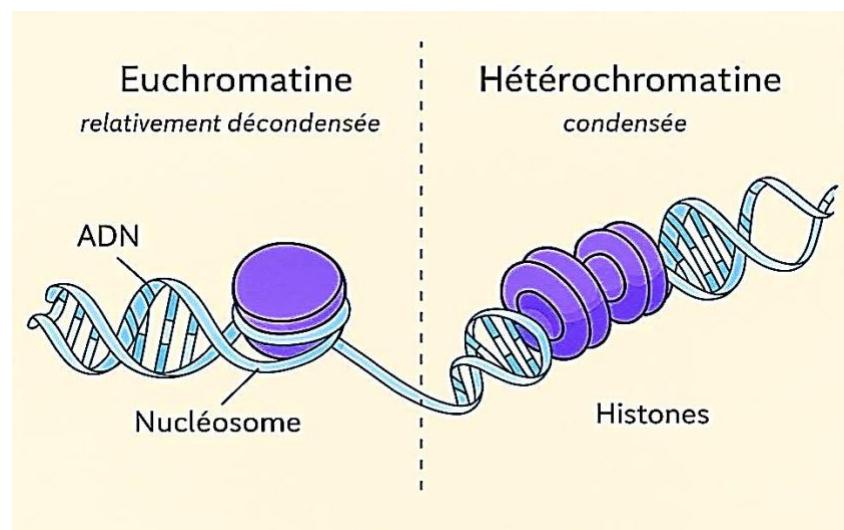


Figure 17 :organisation chromosomique du petit pois en métaphase.(Zekri, M. & Boussrief, A. (2021)

8.5. Le marquage des chromosomes (banding) :

Le marquage des chromosomes, également connu sous le nom de **banding**, est une technique essentielle en cytogénétique qui permet de visualiser et d'identifier les chromosomes en révélant un motif caractéristique de bandes. Voici un aperçu détaillé des principales techniques de marquage, leurs méthodes et applications.

8.5.1. Techniques de Marquage des Chromosomes

8.5.1.1. Bandes G (G-banding) :

- **Méthode** : Les chromosomes sont traités avec de la trypsine, une enzyme protéolytique, suivie d'une coloration avec le colorant Giemsa. Ce traitement permet de dénaturer certaines parties du chromosome.
- **Résultat** : Les régions riches en bases A-T (adénine-thymine) apparaissent sombres, tandis que les régions riches en G-C (guanine-cytosine) restent claires. Cette méthode est largement utilisée pour établir des caryotypes et identifier des anomalies chromosomiques.

8.5.1.2. Bandes Q (Q-banding) :

- **Méthode** : Les chromosomes sont colorés avec de la moutarde de quinacrine, puis observés sous lumière ultraviolette. Cette technique met en évidence les régions riches en A-T.
- **Résultat** : Les bandes fluorescentes permettent une identification précise des chromosomes. Les bandes Q sont particulièrement utiles pour détecter des anomalies sur le chromosome .

8.5.1.3. Bandes R (R-banding) :

- **Méthode** : Les chromosomes sont prétraités par chauffage à 87 °C dans une solution tampon avant d'être colorés avec le Giemsa.

- **Résultat :** Cette technique produit un motif inverse par rapport aux bandes G, où les régions riches en G-C apparaissent sombres et celles riches en A-T claires. Elle est utile pour détecter des réarrangements chromosomiques subtils.

8.5.1.4. Bandes NOR (Nucleolar Organizer Régions) :

- **Méthode :** Un traitement au nitrate d'argent est appliqué pour visualiser les organisateurs nucléolaires.
- **Résultat :** Cette technique met en évidence les satellites des chromosomes acrocentriques.

8.5.1.5. Bandes C (C-banding) :

Le **banding C** repose sur le traitement des préparations chromosomiques avec des agents chimiques (chauffage ou alcalinisation), suivi d'une coloration au **Giemsa**.

Ce procédé dénature l'ADN dans certaines régions du chromosome, tandis que d'autres (l'hétérochromatine) résistent à cette dénaturation, permettant leur mise en évidence.

La coloration Giemsa révèle alors des bandes sombres aux niveaux des centromères.

➤ Utilisation et Intérêt du C-Banding :

Le C-banding est largement utilisé en cytogénétique pour plusieurs applications et présente plusieurs intérêts significatifs:

- ✓ **Identification des Chromosomes :** Il permet de distinguer les chromosomes en mettant en évidence les centromères et les régions hétérochromatiques, facilitant ainsi le Caryotypage.
- ✓ **Diagnostic des Anomalies Chromosomiques :** Cette technique aide à détecter des anomalies telles que des translocations ou des inversions chromosomiques en visualisant les variations dans le motif de bande.

- ✓ **Études Évolutives :** Le C-banding est utilisé pour analyser la diversité chromosomique entre différentes espèces ou variétés, contribuant à la compréhension de l'évolution chromosomique.
- ✓ **rendre la cartographie chromosomique** plus précise, ainsi que d'évaluer la proximité taxonomique de différentes espèces et de déterminer leurs relations phylogénétiques (**Badaeva, E.D et al 2002**).

En résumé, le C-banding est une technique essentielle en cytogénétique qui permet non seulement d'identifier et de caractériser les chromosomes, mais aussi d'apporter des informations précieuses pour la recherche médicale et biologique.

Chapitre II

Matériel et Méthode

1.Matériel végétal :

Les variétés de *Pisum sativum* utilisées dans cette étude ont étaient fourni par le centre national de contrôle et de certification des semences de Constantine et un agriculteur da la région de Jijel comme il est démontré dans le tableau (**tableau2**)(**figure 18**).

Tableau 2:liste des variétés de petit pois (*Pisum sativum*).

Variétés	Origine	Source	Génération
Dorian	Turquie	El oued	F6
Kelvedon	Angleterre	CNCC Constantine	F6



Figure 18 :Morphologie des graines de petit pois des variétés utilisé,

(A) : Dorian, (B) : Kelvedon. Echelle : 1 cm.

2 .Méthode utilisée :

2.1. Etapes préliminaires :

➤ Préparation des lames :

Dans le but de dénombrer les chromosomes, étudier leur morphologie pour l'établissement des caryotypes ou pour la mise en évidence de modifications chromosomique surgis lors des manips. Elles mettent en jeu l'application d'agents chimiques pour le prétraitement, la fixation et la coloration des cellules en divisions.

➤ Germination :

Les graines du *Pisum sativum L.* sont scarifiées et ensemencées, après leur désinfection dans l'eau de javel diluée à 50% pendant 5-7 minutes. Par la suite, les graines sont imbibées Pendant 24h pour activé la germination. Par la suite, les graines sont mises à germées dans des boites de pétri, tapissées de papier filtre imbibée d'eau distillée à la lumière et à température ambiante. (**figure 19**)**(figure20)**.



Figure 19:la germination des graines des variétés Kelvedon et Dorian.



Figure 20: les étapes de la germination de la graine de petit pois.

➤ **Prélèvement :**

Nous avons déterminés la période durant laquelle le coefficient mitotique été le plus élevé, il est situé entre 24h et 48h pour notre matériel ou les radicules atteignent une longueur de 0,5 à 1cm. (**figure 21**).



Figure 21: la longueur des radicules atteint.

➤ **Prétraitement :**

Il se fait par trempage des tissus en division dans un agent mitoclassique qui à pour effets principaux :

- ✓ Bloquer les divisions mitotiques au stade métaphase.
- ✓ Contracter les chromosomes.

L'agent mitoclassique utilisé dans notre travail est : la 8-hydroxyquinoléine. La durée de ce prétraitement est 17h à 18h.

➤ **Fixation :**

La fixation s'effectue dans une solution éthanol acide acétique (3V-1V) pendant 48 h au réfrigérateur. Ce fixateur permet de détruire toute vie cellulaire, en préservant le noyau et son contenu.

➤ **Stockage :**

Les pointes racinaires sont conservées au réfrigérateur à -96-C.

2.2 .Technique de marquage C-banding :

Nous avons suivi la méthode de **Gaffarzadeh-Namazi et al. (2007)**avec des modifications introduites dans les étapes de dénaturation et de renaturation de l'ADN, selon les indications de **Hammouda (2013)**.

➤ **Étapes du protocole :**

- ✓ **Décollement des lamelles** : Réalisé par immersion rapide dans l'azote liquide à -196 °C.
- ✓ **Dénaturation de l'ADN**: Effectuée dans une solution de baryte ($\text{Ba}(\text{OH})_2 \cdot 8\text{H}_2\text{O}$) à 5 % pendant 10 minutes.
- ✓ **Rinçage** : À l'eau du robinet pendant 1 heure.
- ✓ **Renaturation de l'ADN**: Réalisée dans une solution 2×SSC dont le pH est ajusté à 7, pendant 50 minutes à 60 °C.
- ✓ **Coloration** : Par immersion dans une solution de Giemsa préparée dans un tampon phosphate Sorensen (pH 7).(**figure22**).
- ✓ **Rinçage** : À l'eau distillée pendant 15 minutes.
- ✓ **Séchage et montage** des lames pour l'observation microscopique.
- ✓ **Observation et photographie** : l'observation et la prise des photos de meilleures plaques métaphasiques s'effectuent sous l'objectif 63 d'une photo microscope de type LEICA DM 400.



Figure 22: La coloration des lames par le mélange de (KH_2PO_4) et $(\text{Na}_2\text{HPO}_4)$ + Giemsa.

Chapiter III

Resultats et Descusions

1.Résultats :

Dans cette étude, nous avons pu identifier individuellement, la structure de chaque chromosome de deux variétés de *Pisum sativum L.*, dévoilée par la technique du marquage **C-banding**, mettant en évidence l' hétérochromatine (correspondant aux séquences d'ADN non codantes, riches en base CG) .

L'analyse cytogénétique a permis de mettre en évidence la présence de nombreuses bandes d'hétérochromatiques, réparties en trois types : **télomériques, intercalaires (péricentriques), et centromériques**. L'intensité, le nombre et la localisation de ces bandes varient d'une paire chromosomique à une autre, au sein de la même variété,

Les résultats montrent des variations importantes dans la taille des chromosomes, leurs structures , la localisation et le nombre de constrictions secondaires sur les deux variétés (**Kelvedon et Dorian**) de *Pisum sativum L.* :(figures 23, 24).

Rappelons que, Chaque caryotype est constitué de :

- une **plaqué mitotique métaphasique**, montrant l'ensemble des chromosomes après marquage,
- un caryogramme, avec les chromosomes classés par paires homologues selon leur taille, la position du centromère et le profil des bandes(nombre, intensité)
- un'**idiogramme**, représentant de manière schématique la position et l'intensité des bandes C sur chaque chromosome,ainsi que **de distribution des bandes hétérochromatiques** (centromériques, intercalaires, et télomériques) spécifiques à chaque variété.

L'homologie des chromosomes est réalisée en fonction de :

- Position du centromère,
- Profils des bandes (emplacement, nombre et intensité)
- localisations des zones vitales.

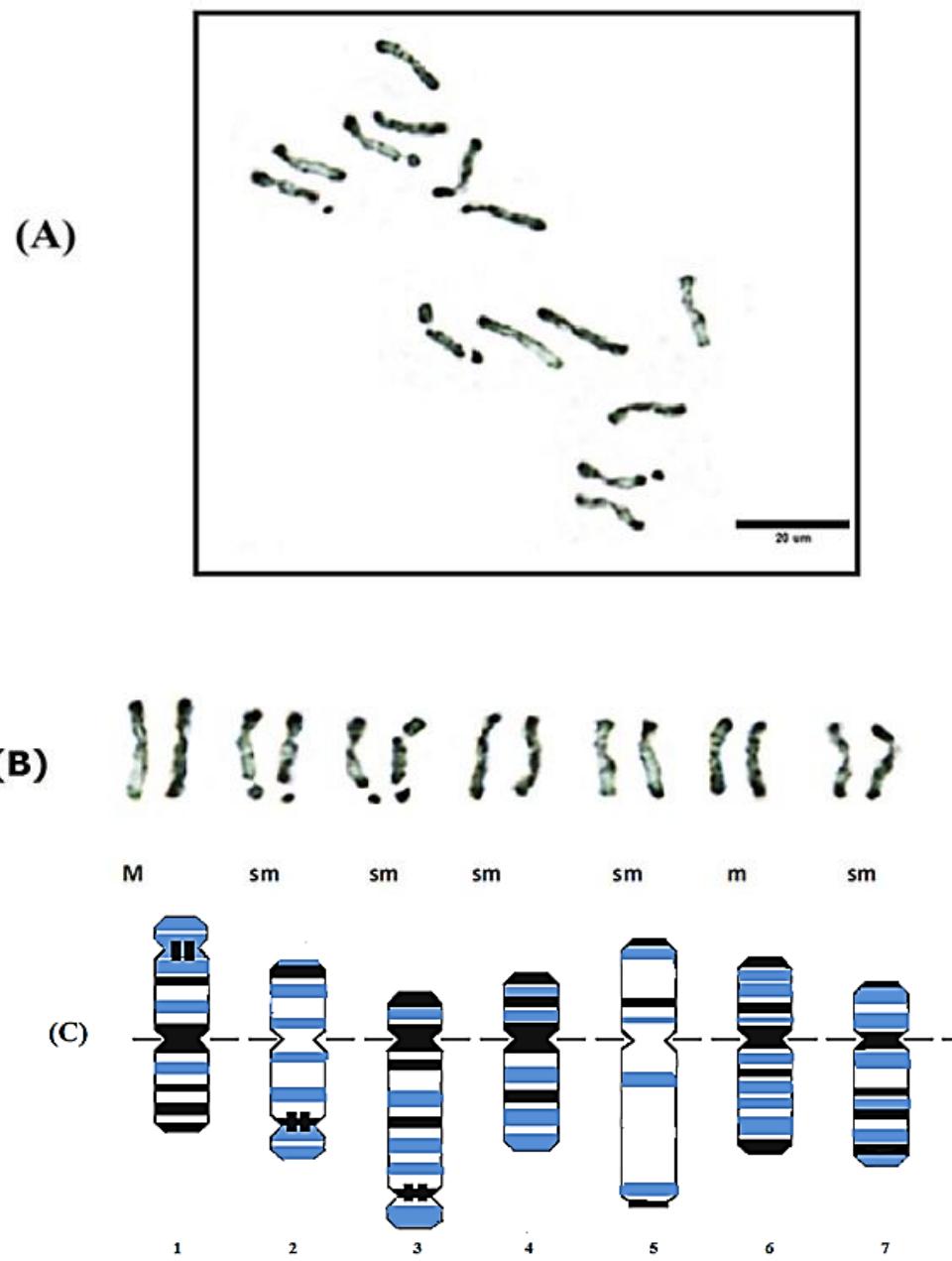


Figure 23:Caryotype en (C-banding) d l'espèce *Pisum sativum*L.(varkelvedon).

a-plaque métaphasique.

b-Caryogramme.

c-Idiogramme.Toutes les bandes C correspondant à l'hétérochromatine. Celles colorées en bleu sont des bandes spécifiques à la variété ; La présence de trois constrictions secondaires associées aux satellites, marqués sur le chromosome 1 (bras court), les

chromosomes 2 et 3 (bras long), ces régions sont des zones de localisation des gènes ribosomiques.

Distribution de l'hétérochromatine :

L'organisation, la distribution, ainsi que, la caractérisation de l'hétérochromatine chez deux variétés de *Pisum sativum* sont analysées et comparées par les bandes C (**Figure 23, 24**).

1.2 Analyse des chromosomes (var Kelvedon)

- **Chromosome 1** : Ce chromosome présente d'épaisses et sombre bandes intercalaires et télomériques sur le bras court et ainsi que des bandes intercalaires et télomériques épaisses et sombre sur le bras long. On note également la présence d'une paire de satellites sur le bras court
- **Chromosome 2** : Ce chromosome montre sombres bandes intercalaires et télomériques sur les bras court et long. On note également la présence d'une paire de satellites sur le bras long.
- **Chromosome 3** : Ce chromosome présente d'épaisses et sombres bandes centromériques, intercalaires et télomériques sur le bras court, ainsi que d'épaisses bandes centromériques et intercalaires sur le bras long. On note également la présence d'une paire de satellites sur le bras long.
- **Chromosome 4** : Ce chromosome présente d'épaisses et sombres bandes centromériques, intercalaires et télomériques sur le bras court, ainsi que d'épaisses bandes centromériques, intercalaires et télomériques sur le bras long.
- **Chromosome 5** : Ce chromosome présente des fines bandes intercalaires sur le bras court et le bras long, ainsi que des bandes télomériques fines sur le bras court et le bras long.
- **Chromosome 6** : Ce chromosome montre d'épaisses et sombres bandes centromériques, intercalaires et télomériques sur le bras court, ainsi que d'épaisses et sombres bandes centromériques, intercalaires et télomériques sur le bras long.

Chapitre III : Résultats et discussion

- chromosome 7 :** Ce chromosome présente des sombres bandes centromériques, intercalaires et télomériques sur le bras court, ainsi que d'épaisses bandes centromériques et intercalaires sur le bras long.

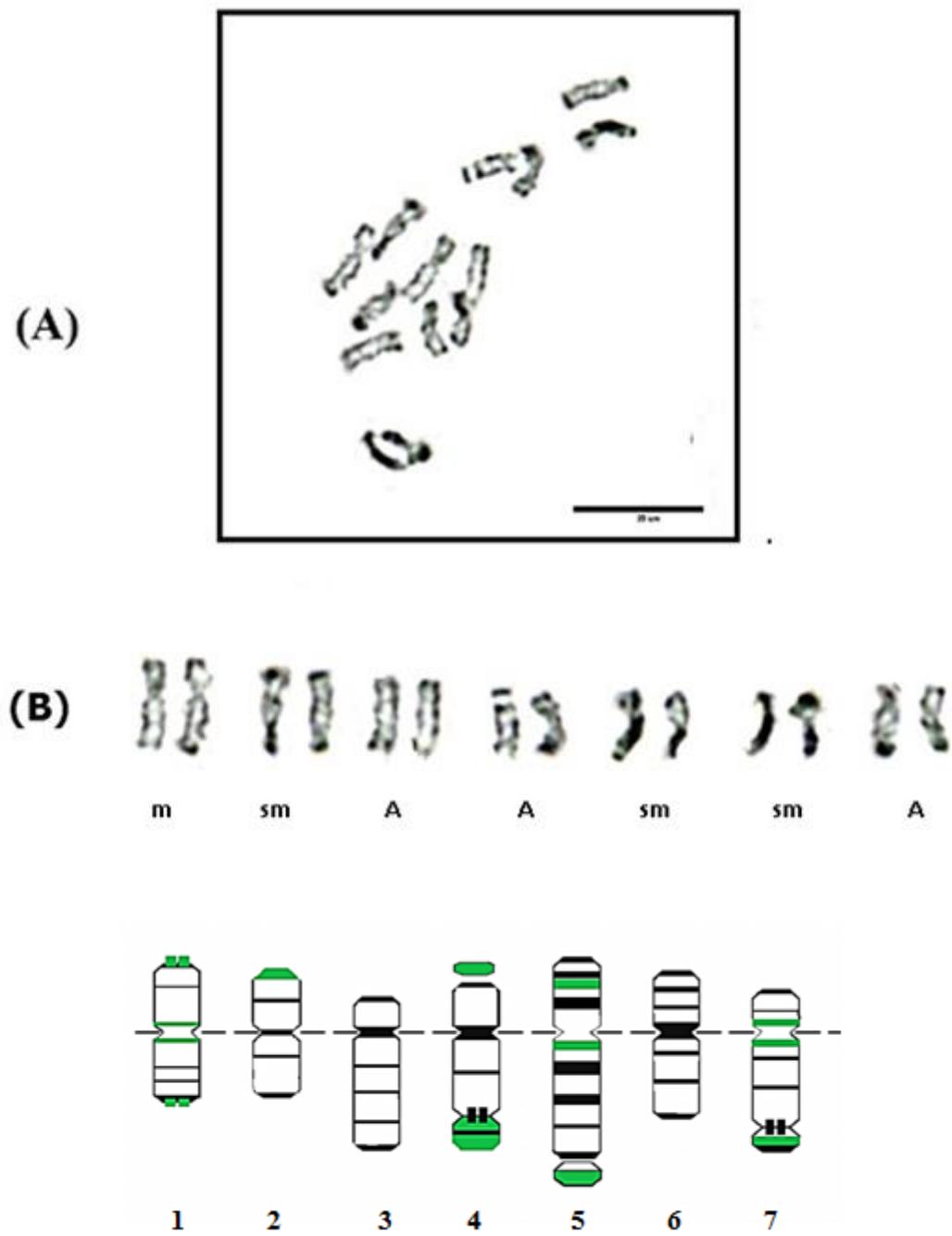


Figure 24 : Caryotype en (C-banding) de l'espèce *Pisum sativum* L. (Dorian).

a-Plaque métaphasique.

b-Caryogramme.

c- Idiogramme. Les bandes C colorées en vert sont spécifique à la Variété

1. 3 Analyse des chromosomes (var Dorian)

- **Chromosome 1 :** Ce chromosome présente des bandes télomériques fines sur les deux extrémités (bras court et bras long), ainsi qu'une paire de petits satellites visibles.
- **Chromosome 2 :** Il montre deux bandes centromérique peu marquée. des bandes télomériques fines sur les deux extrémités (bras court et bras long), ainsi que des bandes intercalaires peu marquées sur le bras long.
- **Chromosome 3 :** Ce chromosome montre une seule bande centromérique peu marquée et caractérisé par des bandes intercalaires légères sur le bras long, et des bandes télomériques fines sur les deux extrémités (bras court et bras long)
- **Chromosome 4 :** Ce chromosome présent une bande centromérique sombre, accompagnée d'une bande télomérique sur le bras court, et une bande intercalaire peu marquée sur le bras long. On note également la présence d'une paire de satellites sur le bras long et une construction secondaire sur le bras court.
- **Chromosome 5 :** Il montre plusieurs bandes intercalaires bien marquées sur les deux bras. Ainsi deux bandes télomériques sur les bras. On note également la présence d'une construction secondaire sur le bras long.
- **Chromosome 6 :** Ce chromosome présente un fort marquage centromérique, des bandes intercalaires sombres, et des bandes télomériques marquée sur les deux bras.
- **Chromosome 7 :** Ce chromosome montre des bandes intercalaires et télomériques sur le bras court, et des bandes intercalaires sur le bras long. Des satellites sont visibles sur le bras long.

2. Discussion :

Les génomes de nombreuses espèces végétales sont étudiés en utilisant le C- banding. En se basant sur la répartition des régions hétérochromatiques tout au long des chromosomes, il est possible de permet :

- 'identification structurale des chromosomes,
- détecter des mutations (ou réarrangements) chromosomiques
- rendre la cartographie chromosomique plus précise,
- 'Evaluation de la proximité taxonomique de différentes espèces et de déterminer leurs relations phylogénétiques (**Badaeva, E.D et al 2002**), (**Samatadze et al**)

2.1 Comparaison entre les idiogrammes des deux variétés

Variabilité intra et inter chromosomique

- Chez la variété Kelvedon, la comparaison de tous les chromosomes montre une heterogénéité structurale sur leurs zonages. Les chromosomes 1, 3, 4, 6 et 7 montrent une richesse notable en hétérochromatine, notamment au niveau des régions centromériques et intercalaires, ainsi que des bandes épaisses télomérique. Ce profil est en accord avec les observations de **Samatadze et al. (2002)**, qui ont également noté une forte intensité d'hétérochromatine sur certains chromosomes du genre *Pisum*.

Tous Les chromosomes sont marqués par des épaisse bandes télomériques sur les deux extrémités, ce qui est caractéristique des chromosomes porteurs de régions organisatrices nucléolaires (NOR). Cette caractéristique le rapproche des **chromosomes marqueurs** identifiés dans d'autres travaux comme ceux de **Volkov et al. (2004)**, qui montrent l'importance des satellites dans la cartographie des NOR (régions organisatrices nucléolaires).

Chapitre III : Résultats et discussion

Les chromosomes 2, 4 et 5 montrent des bandes intercalaires de différentes intensités. Le chromosome 5 en particulier est caractérisé par plusieurs bandes marquées.

La présence **de satellites** sur les chromosomes 1, 2 et 3 suggère également une activité transcriptionnelle potentielle liée aux gènes ribosomiques, ces structures étant souvent associées aux régions NOR actives. Cette observation est soutenue par **les travaux de Hammouda (2021)**, qui mentionne que les satellites visibles sont des marqueurs fiables des NOR actifs.

Tableau 3: présence des bandes hétérochromatine sur les chromosomes des variétés Kelvedon et Dorian.

variété	Paire chromosomique	Bande centromériques	Bande intercalaires	Bande télomériques	% de polymorphisme
Kelvedon	1	2	12	2+ (6CS)	74.24%
	2	2	11	2+ (5CS)	
	3	2	13	2+ (3CS)	
	4	2	12	4	
	5	0	8	2	
	6	2	17	2	
	7	2	18	3	
Dorian	1	0	7	4	45 %
	2	1	2	1+(3)	
	3	2	3	2	
	4	2	1	1+ (9CS)	
	5	0	13	2+ (3CS)	
	6	2	4	2	
	7	0	7	1+ (4CS)	

Formule de calcul du polymorphisme :

$$\% = \frac{\text{nombre des bandes polymorphe}}{\text{nombre totale des bandes}} * 100$$

-Par contre, les chromosomes de la variété Dorian, Les bandes centromériques sombres sont bien visibles sur les chromosomes 4 et 6, tandis que les chromosomes 2 et 3 montrent des fines bandes centromériques. En revanche, les chromosomes 1, 5 et 7 ne présentent aucun marquage centromérique apparent. Cette distribution reflète une

Chapitre III : Résultats et discussion

accumulation localisée d'hétérochromatine centromérique, susceptible de correspondre à des différences structurales entre les chromosomes (**Sumer, 2003 ; Greilhuber & Loidl, 1982**).

Les bandes intercalaires sont présentes sur la majorité des chromosomes (des deux bras), notamment sur les chromosomes 4, 5, 6 et 7, avec des intensités variables. Leur présence sur les deux bras de certains chromosomes suggère la dispersion d'éléments répétitifs ou d'ADN non codant dans les régions euchromatiques (zones riches en genes) (**Houben et al, 2003**).

Par opposition à celles de la variété Kelvedon, les bandes télomériques sont généralement, fines et peu marquées. Des bandes plus visibles apparaissent sur les extrémités des chromosomes 1, 2 et 4, notamment sur le bras long du chromosome 6. Cette répartition témoigne d'une hétérogénéité dans la structure terminale des chromosomes, liée à la stabilité et à la protection de l'ADN chromosomique (**Blackburn, 2001**).

La présence de satellites est nettement observée sur les chromosomes 1, 4 et 7. Ces structures, associées aux régions organisatrices nucléolaires (NOR), sont impliquées dans la synthèse des ARN ribosomiques. Leur détection suggère une activité fonctionnelle potentielle dans l'organisation nucléaire de ces chromosomes (**Roa & Guerra, 2012**).

Ces résultats confirment que l'hétérochromatine chez *Pisum sativum*, dans les variétés Kelvedon et Dorian, est distribuée de manière non homogène, avec des différences notables entre les deux variétés.

Chez la variété Kelvedon, on observe une surcharge d'hétérochromatine notamment au niveau des régions centromériques et intercalaires, et télomériques en particulier sur les chromosomes 1, 3, 4, 6 et 7.—Par contre, chez la variété Dorian, EST peu hétérochromatique

Si nous confrontons nos résultats à ceux des auteurs (**Samatadze et al, 2002 M.m Parça-fontes et al, 2014**) nous remarquons des variations dans la forme et la structure des chromosomes. D'après ces auteurs, les types de chromosomes observés sont de

Chapitre III : Résultats et discussion

types, métacentriques, sub-métacentriques, et acrocentrique. Ce qui est notre cas (la variété Dorian) et n'est pas le cas de la variété Kelkedon.

Du point de vue structure chromosomique, nos résultats sont presque similaires à ceux des auteurs (**Samatadze et al, 2002 M.m Parça-fontes et al ,2014**), montrant une richesse moyenne en hétérochromatine, pour la variété Dorian, mais, le cas inverse pour la variété Kelvedon (un surcharge en hétérochromatine).

Dans les deux variétés, la présence de satellites (notamment sur les chromosomes 1, 4, 6 et 7) suggère une activité transcriptionnelle potentielle au niveau des régions organisatrices nucléolaires (NOR), impliquées dans la synthèse des ARN ribosomiques. (**Tableau 4**).

Tableau 4: Analyse comparative des caractères étudiés chez les deux variétés de *pisum sativum L.*

Caractère Variétés \	Type de caryotype	Taux d'hétérochromatine	Les zones vitales	Adaptation
kelvedon	2n=2x=14 Ch Symétrique (métacentrique- submétacentrique)	74.24%	2 CII : Chromosome 1- 2-3 5(BC) S : Chromosomes 1- 2-3	Stabilité Adaptation aux conditions défavorables de milieu
Dorian	2n=2x=14 Ch. Asymétrique (submétacentrique -acrocentrique - métacentrique)	45 %	CII : Chromosomes 4- 7(BL) S : Chromosomes 1-4-7	Instabilité

✓Conclusion générale

L'étude cytogénétique menée sur *Pisum sativum*, à travers l'analyse comparative des variétés Kelvedon et Dorian, a permis de caractériser la structure chromosomique de cette espèce à l'aide de la technique du C-banding, une méthode efficace pour révéler la distribution de l'hétérochromatine constitutive.

Les résultats obtenus confirment que le nombre chromosomique chez les deux variétés reste constant ($2n = 14$) et que leur caryotype présente des différences structurelles notables :

La variété Kelvedon présente un caryotype symétrique, riche en hétérochromatine (74,24 %), notamment dans les régions centromériques et intercalaires. Cette organisation structurale régulière reflète une stabilité génomique typique des génotypes conservés et bien adaptés aux conditions environnementales classiques. La forte densité d'hétérochromatine, ainsi que la clarté des bandes C, confèrent à cette variété une grande valeur en tant que référence cytogénétique pour l'identification des chromosomes.

En revanche, la variété Dorian se distingue par un caryotype asymétrique et une concentration globale modérée d'hétérochromatine (45 %), avec une répartition inégale entre les différents chromosomes. Bien que des bandes intercalaires soient présentes sur tous les chromosomes, les marquages centromériques et télomériques sont peu marqués ou absents. Ce profil traduit un niveau de dérivation plus avancé, pouvant résulter de rearrangements chromosomiques. Ce type de caryotype est souvent associé à une meilleure plasticité génétique, ce qui pourrait favoriser l'adaptation à des conditions climatiques défavorables.

Par ailleurs, la présence de satellites chez les deux variétés confirme l'activité potentielle des régions organisatrices nucléolaires (NOR), impliquées dans la synthèse des ARN ribosomiques, et marque un élément fonctionnel important dans l'organisation nucléaire.

Références bibliographiques

Chapitre III : Résultats et discussion

1. Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Walter, P. (2014). *Molecular Biology of the Cell* (6th ed.). Garland Science.
2. Allshire, R. C., & Madhani, H. D. (2018). Ten principles of heterochromatin formation and function. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 19(4), 229–244. <https://doi.org/10.1038/nrm.2017.119>
3. Barch, M. J., Knutsen, T., & Spurbeck, J. L. (1997). *The AGT Cytogenetics Laboratory Manual* (3rd ed.). Lippincott-Raven.
4. Badaeva, E. D., Amosova, A. V., Samatadze, T. E., & Zelenin, A. V. (2002). Comparative analysis of heterochromatin in chromosomes of wild and cultivated peas (*Pisum sativum* L.). *Cytology and Genetics*, 36(3), 152–159.
5. Berg, R. L., & Dove, W. F. (2000). *Genetics*. W. H. Freeman.
6. Blackburn, E. H. (2001). Switching and signaling at the telomere. *Cell*, 106(6), 661–673.
7. Cavallini, A., Natali, L., & Cionini, G. (1993). Nuclear DNA variability within *Pisum sativum* (Leguminosae): Nucleotypic effects on plant growth. *Heredity*, 70(6), 561–565. <https://doi.org/10.1038/hdy.1993.79>
8. Duke, J. A. (1981). *Handbook of legumes of world economic importance*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4684-8151-8>
9. Ellis, T. H. N., & Poyser, S. J. (2002). Genetics of *Pisum*. In *The Pisum Genome* (pp. 1–12). Springer.
10. Ellis, T. H. N., Durand, S., Muñoz-Amatriáin, M., Gao, D., Matthews, P., & Macas, J. (2002). An integrated and comparative view of pea (*Pisum sativum*) genetic and cytogenetic maps. *New Phytologist*, 154(1), 29–41. <https://doi.org/10.1046/j.1469-8137.2002.00302.x>
11. FAO. (2016). *FAOSTAT: Crops – Peas, green*. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>
12. FAO & ITGC (Algérie). (n.d.). *Statistiques agricoles locales*. Consulté sur <https://www.fao.org>
13. Garcia, P., Ratet, P., Aubert, G., Di Lucca, A., et al. (2021). SNP marker discovery, linkage map construction and QTL identification for salinity tolerance in field pea (*Pisum sativum* L.). *BMC Plant Biology*, 13, 161. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-161>
14. Goodpasture, C., & Bloom, S. E. (1975). Visualization of nucleolar organizer regions in mammalian chromosomes using silver staining. *Chromosoma*, 53(1), 37–50. <https://doi.org/10.1007/BF00276642>
15. Greilhuber, J., & Loidl, J. (1982). The significance of heterochromatin for the karyotype structure and evolution in plants. *Plant Systematics and Evolution*, 140(1), 1–24.
16. Grewal, S. I. S., & Elgin, S. C. R. (2007). Transcription and RNA interference in the formation of heterochromatin. *Nature*, 447(7143), 399–406. <https://doi.org/10.1038/nature05914>

Chapitre III : Résultats et discussion

17. Hammouda, M. (2021). Étude cytogénétique de *Pisum sativum* L. par la technique de banding chromosomique C. *Mémoire de Master*, Université de Blida 1.
18. Houben, A., et al. (2003). Epigenetic control of plant centromeres. *Trends in Plant Science*, 8(12), 564–569.
19. Jiang, J., & Gill, B. S. (2006). Current status and the future of fluorescence in situ hybridization (FISH) in plant genome research. *Genome*, 49(9), 1057–1068. <https://doi.org/10.1139/g06-076>
20. Kouzarides, T. (2007). Chromatin modifications and their function. *Cell*, 128(4), 693–705. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2007.02.005>
21. Levan, A., Fredga, K., & Sandberg, A. A. (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2), 201–220.
22. Levin, D. A. (2002). *The role of chromosomal change in plant evolution*. Oxford University Press.
23. Macas, J., Neumann, P., Navratilova, A., Koblížková, A., & Vyskot, B. (2007). Repetitive DNA in the pea (*Pisum sativum* L.) genome: A comprehensive characterization using 454 sequencing. *BMC Genomics*, 8, 127. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-8-127>
24. Madoui, M.-A., et al. (2015). Expression sequencing of the pea (*Pisum sativum*) genome reveals genetic markers and unique transcript isoforms. *BMC Genomics*, 16, 824. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-2079-6>
25. Maison, C., & Almouzni, G. (2004). HP1 and the dynamics of heterochromatin maintenance. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 5(4), 296–304. <https://doi.org/10.1038/nrm1355>
26. Margueron, R., & Reinberg, D. (2011). The Polycomb complex PRC2 and its mark in life. *Nature*, 469(7330), 343–349. <https://doi.org/10.1038/nature09784>
27. Muehlbauer, F. J., & Tullu, A. (1997). *Pisum sativum* L. In J. A. Duke (Ed.), *Field Crops of the World* (pp. 125–135). Springer.
28. Neumann, P., Nouzová, M., & Macas, J. (2001). Molecular and cytogenetic analysis of repetitive DNA in pea (*Pisum sativum* L.). *Genome*, 44(4), 716–728. <https://doi.org/10.1139/g01-056>
29. Orel, V. (1996). *Gregor Mendel: The First Geneticist*. Oxford University Press.
30. Roa, F., & Guerra, M. (2012). Distribution of 45S rDNA sites in chromosomes of plants: Structural and evolutionary implications. *BMC Evolutionary Biology*, 12, 225.
31. Samadadze, T. E., et al. (2002). Karyotyping in pea (*Pisum sativum* L.) using multicolor C-banding. *Russian Journal of Genetics*, 38(9), 1014–1019.
32. Schweizer, D. (1980). Classical and molecular cytogenetics of plant chromosomes. *Plant Systematics and Evolution*, 134(1–2), 127–143. <https://doi.org/10.1007/BF00983305>

Chapitre III : Résultats et discussion

33. Smartt, J., & Simmonds, N. W. (1995). *Evolution of Crop Plants*. Longman Group Limited.
34. Smýkal, P., et al. (2012). Pea (*Pisum sativum* L.) in the genomic era. *Agronomy*, 2(2), 74–115. <https://doi.org/10.3390/agronomy2020074>
35. Smýkal, P., et al. (2015). Legume crops phylogeny and genetic diversity for science and breeding. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 34(1–3), 43–104. <https://doi.org/10.1080/07352689.2014.897904>
36. Sorbonne Université. (n.d.). Petits pois. <https://www.snv.jussieu.fr/bmedia/Fruits/pois.htm>
37. Stace, C. A. (2000). Cytology and cytogenetics as a fundamental taxonomic resource for the 20th and 21st centuries. *Taxon*, 49(3), 451–477.
38. Sudheesh, S., Bayer, P. E., Golicz, A. A., Scheben, A., Edwards, D., & Batley, J. (2024). Transcriptome profiling across 11 different tissues in *Pisum sativum*. *BMC Genomic Data*, 25, Article 15. <https://doi.org/10.1186/s12863-024-01187-2>
39. Sudheesh, S., Bayer, P. E., & Batley, J. (2024). Transcriptome profiling across pea tissues: Insights into development and stress response. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1037. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.01037>
40. Sumner, A. T. (2003). *Chromosomes: Organization and Function*. Wiley-Blackwell.
41. Tivoli, B., et al. (2006). Screening techniques and sources of resistance to foliar diseases in grain legumes. *Euphytica*, 147(1), 223–253. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-3131-4>
42. USDA. (2022). FoodData Central: Peas, green, raw. <https://fdc.nal.usda.gov/fdc-app.html#/food-details/1102634/nutrients>
43. Volkov, R. A., et al. (2004). Molecular cytogenetic analysis of pea (*Pisum sativum* L.) chromosomes. *Genome*, 47(5), 872–879.
44. Weeden, N. F. (2007). Genetics and genomics of *Pisum sativum*. In *Plant Genetics and Genomics: Crops and Models* (pp. 1–23). Springer.
45. Yunis, J. J. (1976). High resolution of human chromosomes. *Science*, 191(4233), 1268–1270. <https://doi.org/10.1126/science.1251215>
46. Yurkevich, E., et al. (2018). Molecular cytogenetics of *Pisum sativum* L. grown under spaceflight-related stress. *BioMed Research International*, 2018, Article 454929. <https://doi.org/10.1155/2018/454929>
47. Zhukov, S. A., et al. (2015). De novo assembly of the pea (*Pisum sativum* L.) nodule transcriptome. *International Journal of Genomics*, 2015, Article 695947. <https://doi.org/10.1155/2015/695947>

Chapitre III : Résultats et discussion

Année universitaire : 2024-2025

Présenté par : Kachekouche maissoune

Benkesmia aya loudjeine

Différentiation structurale des chromosomes de deux variétés chez l'espèce *Pisum sativum L.*

Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en Biologie et physiologie de la reproduction

Notre étude porte sur l'architecture chromosomique des variétés Kelvedon et Dorian de *Pisum sativum L.* à l'aide de la technique de C-banding (technique de marquage), permettant la visualisation des régions d'hétérochromatine correspondant à des séquences d'ADN hautement répétées (riches en bases CG non codantes).

Les résultats montrent que Kelvedon possède un caryotype symétrique avec une forte accumulation d'hétérochromatine aux niveaux centromérique et télomérique, ce qui suggère une stabilité génomique et une forte résistance aux contraintes défavorable de l'environnement.

En revanche, Dorian présente un caryotype asymétrique avec une hétérochromatine plus dispersée, reflétant une plasticité génétique favorable à l'adaptation.

L'analyse structurale de *pisum sativum L.* variété kelvedon ($2N=2X=2M + 5sm$) et la variété dorian ($2N=2X=1M + 3sm + 3A$) a montré des régions satellites (NORs) ont été observées, sans détection de chromosomes B.

Ces observations confirment le rôle fonctionnel de l'hétérochromatine dans la stabilité et l'adaptation, et positionnent ces variétés comme modèles pertinents dans les stratégies d'amélioration génétique.

Mots clés : bandes C, chromosomes marqueurs, hétérochromatine, *Pisum sativum L.*, satellite polymorphisme.

Laboratoires de recherche : laboratoire de Génétique, Biochimie et Biotechnologie végétale . UMC1

Président : Mme. CHAIB Ghania (Professeur - U Constantine 1 Frères Mentouri).

Encadrant : Mme. HAMMOUDA-BOUSBIA Dounia (Professeur - UM Constantine1).

Examinateur(s) : Mme. BOUZID Salha (MCA - U Constantine 1 Frères Mentouri).