



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 :

Analyse caryotypique et caractérisation morphologique du pollen de deux populations de Lotus ornithopodiodes L .

Présenté par : Lyna BRAHAMI
Batoul AKAAB

le 24 / 06 / 2025

Jury d'évaluation :

Président: N. S. KACEM MCA Université Frères Mentouri, Constantine 1. .

Encadrant : K. BAZIZ MCA Université Mostepha Ben Boulaid, Batna 2 .

Examineur: K. BOUCHEMAL MCB Université Frères Mentouri, Constantine 1.

**Année universitaire
2024 - 2025**

Remerciements

Avant toute chose, nous remercions Allah Le Tout-Puissant, pour nous avoir donné la santé, et nous avoir guidée, accordé la patience et la force nécessaires à l'accomplissement de ce travail.

*Nous tenons à exprimer notre profonde gratitude à **Dr. Baaziz Karim**, notre encadrant, pour son accompagnement rigoureux, sa disponibilité, ses conseils précieux et sa bienveillance tout au long de cette étude. Son encadrement a grandement contribué à la qualité de ce travail.*

*Nos sincères remerciements vont à **Dr. Kacem Sandra**, présidente du jury, pour l'honneur qu'elle nous a fait en acceptant d'évaluer ce mémoire.*

*nous remercions également **Dr. Bouchemel Karima**, examinatrice, pour l'intérêt porté à ce travail et pour ses remarques constructives.*

*Nous exprimons toute notre reconnaissance à **Madame Djeghar Radia**, ingénieure de laboratoire de cytogénétique, pour son aide précieuse, sa patience et son soutien technique tout au long de la phase expérimentale.*

*Nos remerciements vont également à **Madame Tebakh Karima**.*

Nous tenons à remercier chaleureusement l'ensemble du corps enseignant et administratif de la faculté des Sciences de la Nature et de la Vie pour la qualité de l'enseignement dispensé et pour le cadre académique mis à notre disposition durant ces années de formation.

Brahmi lyna, Akaab batoul

Dédicace :

*Je dédie ce mémoire de fin d'étude, fruit de plusieurs années de travail,
de sacrifices et de persévérance :*

*À ma mère Ilhem, mon exemple de courage et d'amour inconditionnel.
Merci pour tes prières, ton soutien sans faille et ta présence rassurante
à chaque étape de ma vie.*

*À mon père Redha, dont les encouragements et la confiance m'ont
toujours poussée à donner le meilleur de moi-même.*

*À ma sœur Romeissa et mon frère Nour Eddine, pour leur affection,
leur patience et leurs mots réconfortants dans les moments de doute.*

*À mes cousines fidèles, pour leur soutien moral, leur écoute et leurs
précieux conseils tout au long de ce parcours.*

*À Batoul, ma binôme et complice tout au long de ce travail. Merci pour
ta collaboration, ta patience et ta détermination. Cette expérience
n'aurait pas été la même sans toi.*

*À tous ceux et celles qui ont cru en moi, de près ou de loin... Ce mémoire
vous est dédié, avec tout mon respect et ma gratitude.*

Lyna

Dédicace

Cette thèse représente l'aboutissement du soutien et des encouragements que tout mes proches m'ont prodigués je la dédie spécialement.

A ma très chère mère, qui me donne toujours l'espéré de vivre et qui n'a jamais cessé de prier pour moi.

A mon très cher père , mon héros, mon confident, et la personne qui m'a appris à croire en moi.

A mes sœurs chéries, qui ont toujours été mon inspiration, dont l'amour et les encouragements ont illuminé chaque étape de mon parcours. :Marwa et Ikram .

A mes chers cousins et cousines .

A Mes sœurs de cœur et mon alliées de toujours : Yousra , Imene et Nour .

*A tous mes amis l'incroyable, le rare et celle qui mérite le titre d'ami : Ferial, Racha ,
Lyna , Hanine , Aya et Lamis .*

A ma cher binôme Lyna .

A mon petit ange Tedj-elddine .

A tous la promotions de biotechnologie génomique végétale sans exception.

A tous ceux qui me sens chers et que j'ai omis de citer.

Batoul

Résumé

Ce mémoire explore la diversité intraspécifique de *Lotus ornithopodioides* L., une espèce de la famille des Fabaceae, en combinant des analyses palynologiques (grains de pollen) et cytogénétiques (caryotype chromosomique). Deux populations provenant de la région de Constantine (Ibn Ziad et Ali Mendjeli) ont été étudiées. L'analyse cytogénétique a révélé des caryotypes symétriques, avec des différences notables : la formule chromosomique de la population d'Ibn Ziad est $2n = 2x = 10m + 4sm$, tandis que celle d'Ali Mendjeli est $2n = 2x = 14m$. Sur le plan palynologique, la première population présente des grains prolate à exine épaisse, suggérant une pollinisation abiotique (par le vent), alors que la seconde population montre des grains subprolates à exine fine, caractéristiques d'une pollinisation entomophile (par les insectes). Ces résultats mettent en évidence une différenciation morphologique et génétique entre populations, probablement liée à des adaptations écologiques locales.

Mots-clés : *Lotus ornithopodioides*, palynologie, cytogénétique, caryotype, exine, biodiversité.

ملخص :

يتناول هذا البحث دراسة التنوع داخل نوع *Lotus ornithopodioides* L. في شمال شرق الجزائر، من خلال الجمع بين التحليل الطليعي (لحبوب اللقاح) والتحليل الخلوي الوراثي (الكاربوتيب الكروموسومي). تم تحليل مجموعتين نباتيتين من منطقتي ابن زياد وعلي منجلي. أظهرت الدراسة أن الكاربوتيب متماثل بشكل عام مع وجود فروقات: الصيغة الكروموسومية لمجموعة ابن زياد هي $4sm^2 + n = 2x = 10m$ ، أما لمجموعة علي منجلي فهي $n = 2x = 14m$. من الجانب الطليعي، تمتاز مجموعة ابن زياد بحبوب لقاح مسترخية ذات جدار سميك، ما يشير إلى تلقيح غير حيوي، في حين أن مجموعة علي منجلي تحتوي على حبوب ممدودة بجدار رقيق، ما يدل على تلقيح بواسطة الحشرات. تشير هذه النتائج إلى وجود اختلافات مورفولوجية وجينية ناتجة عن التكيفات البيئية المختلفة.

الكلمات المفتاحية : *Lotus ornithopodioides* ، علم الطلع، علم الوراثة الخلوي، الكاربوتيب، جدار حبة اللقاح، التنوع البيولوجي.

Abstract :

This research investigates the intraspecific diversity of *Lotus ornithopodioides* L. in northeastern Algeria using a combined palynological and cytogenetic approach. Two populations from Constantine (Ibn Ziad and Ali Mendjeli) were analyzed. Cytogenetic results revealed symmetrical karyotypes with differences: the chromosomal formula of the Ibn Ziad population is $2n = 2x = 10m + 4sm$, and for Ali Mendjeli, $2n = 2x = 14m$. Palynologically, the Ibn Ziad population had prolate pollen with thick exine, indicating possible abiotic pollination, while the Ali Mendjeli population had subprolate pollen with thin exine, adapted to insect pollination. These findings demonstrate genetic and morphological divergence likely driven by ecological pressures.

Keywords: *Lotus ornithopodioides*, palynology, cytogenetics, karyotype, exine, biodiversity.

LISTE DES ABREVIATIONS:

µm : Micron

A1: Indice d'asymétrie intrachromosomique.

A2: Indice d'asymétrie interchromosomique.

AI: Indice d'asymétrie.

APG : Groupe de phylogénie des angiospermes.

AR : Ration de bras.

AsK% : Pourcentage des bras longs.

CI : Indice centromérique.

CL : Longueur totale du chromosome (L + S).

CVci (Coefficient of Variation for Centromeric Index) : Variabilité des positions des centromères.

CVcl (Coefficient of Variation for Chromosome Length) : Variabilité des longueurs chromosomiques.

D: bras long – bras court.

Dp : Diamètre du pore.

E : largeur du grain de pollen.

Ex : Epaisseur de l'exine.

F% : Pourcentage de forme.

HCL : Somme des longueurs de tous les chromosomes.

ITS : Internal Transcribed Spacer.

L : Longueur du bras long.

m : Métacentrique senso largo.

M : Métacentrique senso stricto

matK: maturase.

ndhF : NADH dehydrogenase subunit F.

P : longueur du grain de pollen.

r : bras long / bras court.

rbcL: ribulose-bisphosphate carboxylase large subunit.

r-value : S/L.

S %: Indice de symétrie.

S : Longueur du bras court.

Sla : largeur sillon.

Slg : longueur du sillon.

sm: Submétacentrique.

st : Subtélocentrique.

Stebbins : Asymétrie de stebbins.

t : Acrocentrique.

T : Télecetrique.

Tc : Type chromosomique.

TF% : Pourcentage total des bras courts.

Xca : asymétrie centromérique moyenne.

Xci : Indice centromérique moyen.

LISTE DES TABLEAUX :

Tableau 01 : Nomenclature chromosomique .

Tableau 02 : Données numériques de la garniture chromosomique de la première population .

Tableau 03 : Données numériques de la garniture chromosomique de la deuxième population.

Tableau 04 : Morphologie des grains de pollen des populations étudiés .

LISTE DES FIGURES :

Figure 01: *Lotus ornithopodioides* L.

Figure 02 : représentation schématique de quelques types des chromosomes .

Figure 03 : Germination des grains de *Lotus* .

Figure 04: prétraitement des grains de *Lotus* .

Figure 05 : 8-hydroxyquinoléine .

Figure 06 : Incubation des boîtes de Pétri contenant le genre *Lotus* dans l'étuve.

Figure 07 : étuve EN 400 .

Figure 8 : tampon citrate .

Figure 9 : Acéto-orceine .

Figure 10 : Caryotype de la première population de *Lotus ornithopodioides* (a) plaque métaphasique ; (b) caryogramme ; (c) idiogramme .

Figure 11 : Caryotype de la deuxième population de *Lotus ornithopodioides* (a) plaque métaphasique ; (b) caryogramme ; (c) idiogramme .

Figure 12 : Pollens observés au microscope photonique des deux populations étudiées . Vue polaire (a,c) ; Vue équatoriale (b,d) ; 1^{ère} population de *L.ornithopodioides* (a,b) ; deuxième population de *L.ornithopodioides* .

Table des matières

Introduction	26
Chapitre I : Synthèse Bibliographique	29
1. La familles des <i>Fabaceae</i> :	30
1.1. Généralités sur la famille des <i>Fabaceae</i> :	30
1.2. Description botanique des <i>Fabaceae</i> :	30
1..3. Historique de la classification des <i>Fabaceae</i> :	32
1.4 Position actuelle des <i>Fabaceae</i> :	33
2. Le Genre <i>Lotus</i> :	33
2.1. Taxonomie et phylogénie du genre <i>Lotus</i> L. :	33
2.2. Origine biogéographique et diversification du genre:	34
2.3. Position systématique du genre <i>Lotus</i> L.	35
2.4. Usages et intérêts :	36
2.5. Description morphologique de <i>L. ornithopodiodes</i>	37
3. Notion de Cytogénétique :	38
3.1. Définition de cytogénétique et du caryotype :	38
3.2 Morphologie des chromosomes:	38
3.4. Revue sur les caractéristiques chromosomiques et caryotypiques du genre <i>Lotus</i> : .	39
4. Notion palynologique :	40
4.1. Définition de la palynologie :	40
4.2. Grain de pollen :	40
4.3 La viabilité :	41
4.4. Revue de palynologie du genre :	41
Chapitre II : Matériels et Méthodes.....	42
1.Localisation et conditions expérimentales:.....	43
2.Matériel végétal et sites d'échantillonnage :	43
3. Méthodes	43
3.1. Étude cytogénétique	43
4.1. Étude palynologique	48
Chapitre III : Résultats et discussion.....	49
1. Analyse cytogénétique :	50
1.1.La population d'Ibn Ziad :	50
1.2. Population d'Ali Mendjeli :	51
1.3. Discussion :	52

2. Description et analyse des populations polliniques:.....	56
2.1. Population d'ibn Ziad.....	56
2.2. Population d'Ali Mendjeli	56
2.3. Comparaison des deux populations	57
2.4. Analyse comparative des populations polliniques :.....	57
Conclusion.....	60
Références bibliographiques	62

Introduction

Le nord-est de l'Algérie, caractérisé par une mosaïque de zones agro-écologiques, constitue un hotspot de biodiversité floristique en Afrique du Nord. Cette région abrite une grande diversité d'espèces végétales adaptées à des conditions climatiques, pédologiques et topographiques contrastées. Parmi les genres les plus représentés dans les écosystèmes méditerranéens figure *Lotus* (*Fabaceae*), qui regroupe de nombreuses espèces présentant un intérêt écologique, fourrager et pharmacologique (Vincent et al., 1995 ; Escaray et al., 2012).

Lotus ornithopodioides L., espèce annuelle herbacée, se distingue par sa large distribution dans les zones tempérées du bassin méditerranéen. En Algérie, et plus particulièrement dans le nord-est, cette espèce colonise des habitats variés, allant des prairies humides aux milieux arides, reflétant ainsi une remarquable plasticité adaptative. Cependant, la diversité intraspécifique de *L. ornithopodioides* reste insuffisamment documentée, notamment en ce qui concerne sa biologie reproductive et sa structure chromosomique.

Dans un contexte de changements climatiques et d'érosion de la biodiversité, l'étude de la diversité biologique et génétique des espèces végétales revêt une importance cruciale. L'analyse morphologique des grains de pollen (palynologie) représente un outil privilégié pour l'identification taxonomique, l'étude des relations phylogénétiques et la compréhension des mécanismes adaptatifs (Erdtman, 1969 ; Punt et al., 2007). Parallèlement, l'analyse caryotypique permet de caractériser les espèces au niveau chromosomique, fournissant des informations sur leur stabilité génétique, leur évolution et les relations entre populations (Levan et al., 1964 ; Guerra, 2008).

L'objectif principal de cette étude est de contribuer à une meilleure connaissance de la diversité intraspécifique de *L. ornithopodioides* L. à travers une approche combinant palynologie et cytogénétique. Ces données permettront non seulement d'enrichir les connaissances sur la flore algérienne, mais aussi de servir de base pour des programmes de conservation ou de valorisation des ressources végétales locales.

Ce travail, fondé sur des techniques de microscopie, a été réalisé au sein du laboratoire de Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales (GBBV) de l'Université Frères Mentouri - Constantine 1. Les données palynologiques et cytogénétiques obtenues sont essentielles pour caractériser l'organisation du génome, un aspect fondamental pour la conservation des espèces (Levin, 2002) et l'identification de processus évolutifs tels que la polyploïdie ou la dysploïdie (Stebbins, 1971).

Ce mémoire est structuré en trois chapitres, suivis d'une conclusion générale. Le premier chapitre présente une introduction générale sur les *Fabaceae*, en mettant l'accent sur le genre *Lotus*, ainsi que sur les concepts clés de la palynologie et de la cytogénétique. Le deuxième chapitre décrit le matériel végétal étudié, son origine géographique et les méthodologies employées. Les résultats et leur interprétation sont développés dans le troisième chapitre. Enfin, la conclusion synthétise les principales découvertes issues de cette recherche et ouvre des perspectives futures.

Chapitre I : Synthèse Bibliographique

1. La familles des *Fabaceae* :

1.1. Généralités sur la famille des *Fabaceae* :

La famille des Fabacées (du latin *faba* , « fève »), également désignée sous le nom de Légumineuses en raison de son fruit caractéristique, la gousse (ou légume), constitue l'une des plus importantes familles de plantes angiospermes. Avec plus de 730 genres et environ 19 400 espèces (Wojciechowski, 2011), elle présente une distribution cosmopolite, occupant une large gamme d'écosystèmes, des régions tropicales aux zones tempérées.

Les Fabacées présentent une diversité morphologique marquée par une prédominance des formes arborescentes en milieu tropical et des formes herbacées en climat tempéré (Dupont, 2011). Une particularité écologique remarquable de cette famille réside dans son adaptation préférentielle aux milieux arides et semi-arides. Cette aptitude s'explique par leur capacité à fixer l'azote atmosphérique via une symbiose racinaire avec des bactéries du genre *Rhizobium*, leur conférant ainsi une forte résilience face aux contraintes environnementales (Wojciechowski, 2011). Ce mécanisme symbiotique permet l'assimilation de l'azote ammoniacal en fonction des besoins métaboliques de la plante, optimisant ainsi son développement dans des sols pauvres en nutriments.

Sur le plan économique, les Fabacées revêtent une importance majeure. Elles incluent de nombreuses espèces cultivées à des fins alimentaires, tant pour la consommation humaine (haricot, pois, fève, soja) qu'animale (trèfle, luzerne, sainfoin). Certaines espèces sont également exploitées pour leur production d'huile (arachide, soja), leurs fibres, leur bois ou leur potentiel énergétique. En outre, plusieurs Fabacées trouvent des applications en pharmacopée (spartéine du genêt à balais, réglisse) et dans l'industrie chimique (Wojciechowski, 2011).

1.2. Description botanique des *Fabaceae* :

Les *Fabaceae* présentent une diversité morphologique marquée, résultant d'évolutions divergentes au sein de la famille. Ces adaptations incluent notamment une réduction du nombre d'étamines et l'émergence d'une fleur zygomorphe, ainsi que des modifications structurales des feuilles. (Wojciechowski, 2011).

1.2.1. Appareil végétatif :

Racines :

Le système racinaire est généralement pivotant et développe des nodosités symbiotiques contenant des bactéries *Rhizobium* en réponse à une carence en azote du sol (Dupont et al., 2007).

Feuilles :

Les feuilles, le plus souvent alternes, sont composées de folioles pennées ou trifoliées et portent des stipules. Cependant, plusieurs variations évolutives sont observables :

- La foliole terminale peut être absente ou transformée en vrille ;
- Certaines folioles sont réduites à des épines ;
- Les stipules peuvent se modifier en structures épineuses ;
- Le nombre de folioles peut être réduit ;
- La nervation peut évoluer vers une disposition palmée (Morel, 2011).

1.2.2. Appareil reproducteur : (Sylvie, 2011)

Inflorescences :

Les inflorescences se présentent généralement sous forme de grappes allongées.

Fleurs :

Chez les groupes basaux (ex. Mimosoidées), le périanthe est régulier et réduit, associé à un nombre élevé d'étamines. Chez les taxons plus dérivés, on observe une réduction à dix étamines, une zygomorphie florale et une préfloraison de type imbriqué, descendant ou vexillaire.

Ovaire et fruit :

L'ovaire, supère et unicarpellé (caractère constant chez les *Fabaceae*), donne naissance à une gousse (fruit caractéristique de la famille). Celle-ci est généralement déhiscente par deux fentes (ventrale et dorsale), mais peut subir des modifications évolutives (ex. gousse lomentacée, charnue, spiralée ou segmentée).

Graines :

Les graines, arquées et exalbuminées, sont riches en réserves nutritives (amidon, lipides, protéines), ce qui explique leur importance agroéconomique (Morel, 2011).

1..3. Historique de la classification des *Fabaceae*:

a. Systèmes classiques

Les premières classifications botaniques, notamment celles de Linné (1753) et de Jussieu (1789), regroupaient l'ensemble des légumineuses au sein d'une seule famille, les *Leguminosae*. Au cours du XIXe siècle, cette famille a été progressivement subdivisée en trois groupes morphologiques distincts, qui ont ultérieurement été formalisés en sous-familles : les *Caesalpinioideae* (comprenant notamment les genres *Caesalpinia* et *Cercis*), les *Mimosoideae* (incluant *Acacia* et *Mimosa*), et les *Papilionoideae* (ou *Faboideae*, représentées par des genres tels que *Pisum*, *Vicia* et *Glycine*). Cette organisation tripartite, largement adoptée dans les systèmes classiques comme celui de Cronquist (1981), reposait principalement sur des critères morphologiques floraux et végétatifs.

b. Révision moderne et approche phylogénétique

L'avènement des méthodes de biologie moléculaire à la fin du XXe siècle a profondément modifié la compréhension de la systématique des *Fabaceae*. Les analyses phylogénétiques, fondées sur des marqueurs chloroplastiques (*rbcL*, *matK*, *ndhF*), ont confirmé le caractère monophylétique des *Fabaceae* dans leur ensemble, tout en révélant que certaines sous-familles traditionnelles ne constituaient pas des clades cohérents (Doyle et al., 2003).

La classification actuelle (APG IV, 2016), tout en conservant le rang unique de famille pour les *Fabaceae*, a restructuré leur subdivision interne pour mieux refléter les relations évolutives. Elle reconnaît désormais six à sept sous-familles principales, dont les *Papilionoideae*, les *Caesalpinioideae* ainsi que des groupes plus spécialisés tels que les *Detarioideae*, les *Cercidoideae*, les *Dialioideae* et les *Mimosoideae* (ces dernières étant parfois intégrées aux *Caesalpinioideae* selon les auteurs). Cette réorganisation souligne l'importance des données génomiques dans la taxonomie contemporaine, tout en préservant une certaine stabilité nomenclaturale pour les applications pratiques.

1.4 Position actuelle des *Fabaceae*:

Selon la classification phylogénétique APG IV (2016) (tableau 01), les *Fabaceae* (syn. *Leguminosae*) occupent la position taxonomique suivante :

Rang taxonomique

Règne	Plantae
Sous-règne	Tracheobionta
Clade	Angiospermes
Clade	Eudicotylédones
Ordre	Fabales
Famille	<i>Fabaceae</i> Lindl. (syn. <i>Leguminosae</i> Juss.)

2. Le Genre *Lotus* :

2.1. Taxonomie et phylogénie du genre *Lotus* L. :

Le genre *Lotus* L. (*Faboideae*, *Loteae*) représente un cas d'étude remarquable en systématique végétale en raison de sa complexité taxonomique persistante. Initialement décrit par Linné (1753) dans *Species Plantarum* sur des bases morphologiques simples (critères foliaires et inflorescentiels), ce taxon a rapidement révélé son hétérogénéité structurale. Dès le XIX^e siècle, les travaux fondateurs de Bentham (1865) et Boissier ont mis en évidence la nécessité de subdivisions internes, sans toutefois établir une classification stable.

Le XX^e siècle a marqué une phase de révisions intensives, culminant avec la redéfinition restrictive proposée par Kirkbride (1999). Ce dernier a procédé à l'exclusion taxonomique d'espèces traditionnellement associées à *Lotus* L. vers les genres *Dorycnium* Miller et *Tetragonolobus* Scop., établissant ainsi des limites génériques plus cohérentes sur des bases morpho-anatomiques.

L'avènement des outils moléculaires a révolutionné la compréhension de ce complexe. Les analyses d'Allan & Porter (2000), fondées sur les séquences nucléaires ITS, ont démontré

de manière concluante la nature polyphylétique du genre, révélant une divergence évolutive majeure entre les lignées du Nouveau Monde et celles de l'Ancien Monde. Ces résultats ont motivé d'importantes restructurations taxonomiques, impliquant soit des reclassements génériques, soit l'établissement de sections distinctes.

Les approches intégratives ultérieures, combinant données moléculaires (ADN chloroplastique et nucléaire), cytogénétiques et palynologiques (Degtjareva et al., 2006), ont permis :

- De préciser les relations phylogénétiques entre les principales lignées
- D'identifier les synapomorphies structurales supportant les clades majeurs
- De reconstruire les patrons biogéographiques ayant conduit à la distribution actuelle

Actuellement, le genre *Lotus* L. sensu stricto regroupe 100-130 espèces, présentant une distribution principalement méditerranéo-asiatique, avec quelques taxons adaptés aux milieux tropicaux.

2.2. Origine biogéographique et diversification du genre:

Le genre *Lotus* L. présente une origine paléotropicale avec un centre de diversification principal situé dans les régions méditerranéennes de l'Ancien Monde. Les reconstructions phylogénétiques (Allan & Porter, 2000 ; Degtjareva et al., 2006) situent son foyer évolutif dans le bassin méditerranéen, s'étendant à l'Europe méridionale, l'Afrique septentrionale et l'Asie occidentale. Ces travaux suggèrent que les conditions climatiques arides à semi-arides caractéristiques de ces régions ont constitué le principal moteur de différenciation du genre.

La radiation évolutive de *Lotus* L. semble corrélée aux changements paléoclimatiques du Cénozoïque, particulièrement durant :

- Le Miocène (23-5,3 Ma) : développement des biomes méditerranéens
- Le Pléistocène (2,6-0,01 Ma) : cycles glaciaires-interglaciaires

Ces événements ont favorisé l'émergence d'adaptations xérophytiques et l'occupation progressive des milieux ouverts.

La distribution actuelle du genre reflète cette histoire évolutive :

- Zone méditerranéenne : Centre de diversité maximale (endémisme élevé)
- Afrique saharienne et orientale : Adaptation aux milieux arides

- Asie tempérée : Expansion jusqu'aux contreforts himalayens
- Archipels atlantiques : Spéciation insulaire (Canaries, Madère, Açores)
- Nouveau Monde : Colonisation secondaire des zones tempérées américaines

Cette répartition cosmopolite démontre une remarquable plasticité écologique, permettant au genre d'occuper des niches variées :

- Formations dunaires côtières
- Steppes semi-arides
- Écotones montagnards
- Milieux perturbés

La combinaison de traits adaptatifs (fixation symbiotique de l'azote atmosphérique, polymorphisme foliaire, stratégies de dormance) explique à la fois l'origine méditerranéenne du genre et son succès colonisateur. Les études actuelles intègrent des approches de modélisation bioclimatique pour reconstruire les voies de migration et identifier les facteurs ayant conduit à cette diversification à large échelle géographique.

2.3. Position systématique du genre *Lotus* L.

Le genre *Lotus* L. s'insère dans la hiérarchie taxonomique selon la classification suivante, établie par les principaux travaux de référence en systématique végétale :

Règne : Plantae (Bentham, 1865 ; Kirkbride, 1999)

Division : Magnoliophyta (Angiospermes) (Allan & Porter, 2000)

Classe : Magnoliopsida (Dicotylédones) (Allan & Porter, 2000)

Ordre : Fabales (Degtjareva et al., 2006)

Famille : *Fabaceae* (Bentham, 1865 ; Kirkbride, 1999)

Sous-famille : *Faboideae* (syn. *Papilionoideae*) (Allan & Porter, 2000)

Tribu : *Loteae* (Allan & Porter, 2000 ; Degtjareva et al., 2006)

Genre : *Lotus* L. (Bentham, 1865 ; Kirkbride, 1999 ; Degtjareva et al., 2006)

2.4. Usages et intérêts :

Au niveau écologique, les lotiers jouent un rôle important dans l'amélioration des sols. Grâce à leur capacité à fixer l'azote atmosphérique via des bactéries symbiotiques du genre *Rhizobium*, elles permettent d'enrichir naturellement les sols en azote, réduisant ainsi la dépendance aux engrais chimiques (Sprent & James, 2007). De plus, certaines espèces tolèrent des conditions édaphiques difficiles (sols acides, pauvres ou salins), ce qui les rend particulièrement utiles dans les programmes de restauration des terres dégradées ou dans les systèmes agricoles à faible intrant (Loi, Nutt, & Howieson, 2005).

Sur le plan agronomique, *L. corniculatus* est couramment utilisé comme plante fourragère. Il est apprécié pour sa richesse en protéines et sa bonne digestibilité, ce qui en fait une source nutritive de qualité pour les ruminants. Contrairement à certaines autres légumineuses, il contient des tanins condensés qui réduisent les risques de ballonnement chez les animaux tout en favorisant une meilleure utilisation des protéines alimentaires (Frame, Charlton, & Laidlaw, 1998 ; Reed, 1995).

Les plantes du genre *Lotus* sont également bénéfiques à la biodiversité, notamment par leur floraison mellifère qui attire de nombreux pollinisateurs comme les abeilles. Cette interaction contribue au maintien des services écosystémiques et à la production apicole (Carvalho et al., 2011).

Du point de vue ornemental, certaines espèces de lotiers sont utilisées pour embellir les jardins, les rocailles ou les bordures de route. Leur floraison vive (jaune, orange, rouge) et leur capacité à s'adapter à différents types de sols en font des plantes décoratives de choix (Blamey & Grey-Wilson, 1989).

Enfin, sur le plan phytothérapeutique, certaines espèces sont employées en médecine traditionnelle pour soulager divers maux, notamment grâce à leurs propriétés antispasmodiques, sédatives ou anti-inflammatoires. Toutefois, ces usages reposent surtout sur des savoirs empiriques et nécessitent encore des validations scientifiques rigoureuses (Duke, 2002).

2.5. Description morphologique de *L. ornithopodioides* .

L. ornithopodioides est une plante vivace à port érigé, mesurant généralement entre 30 et 50 cm de hauteur (Degtjareva et al., 2006). Cette espèce se distingue par ses tiges robustes, légèrement duveteuses, et ses feuilles composées de trois folioles oblongues avec des marges nettes et une nervation bien définie. Les stipules sont petites mais distinctes, contribuant à l'identification des individus (Bentham, 1865). Les inflorescences sont formées de grappes terminales portant des fleurs de petite taille, d'un jaune vif à jaune-orangé, mesurant environ 1,5 à 2 cm de long. (Figure 01)

Chaque fleur présente un étendard bien développé, des ailes distinctes et une carène plus courte, formant une fleur typique des *Fabaceae* (Allan & Porter, 2000). Le fruit est une gousse courte, généralement incurvée, renfermant une à deux graines de couleur brune. Cette espèce préfère les sols sableux et est fréquemment observée sur les pentes rocheuses ou dans les zones côtières (Kirkbride, 1999). Sa résistance à la sécheresse et à la salinité la rend particulièrement adaptée aux environnements méditerranéens et marins.



Figure 01 : *L. ornithopodioides* L. (Mifsud , 2022).

3. Notion de Cytogénétique :

3.1. Définition de cytogénétique et du caryotype :

La cytogénétique est une discipline scientifique qui combine les approches de la cytologie (étude des cellules) et de la génétique pour analyser le comportement et la structure des chromosomes. Elle permet d'étudier les anomalies chromosomiques tant numériques que structurales, en fournissant des informations cruciales sur le patrimoine génétique d'un individu ou d'une espèce. Cette discipline est largement utilisée en biologie végétale pour les études de diversité génétique, de taxonomie et d'évolution (Passarge, 2001 ; Singh, 2003).

Parmi les outils fondamentaux de la cytogénétique, le caryotype occupe une place centrale. Il s'agit de la représentation ordonnée de l'ensemble des chromosomes d'une cellule en division, fournit une image précise du génome d'une espèce donnée. Il est généralement établi à partir de cellules méristématiques (racines, apex caulinaires) bloquées en métaphase, où les chromosomes sont les plus condensés et donc facilement observables au microscope optique (Gersen & Keagle, 2013). Ces chromosomes sont classés en fonction de leur taille, de la position du centromère et des bandes chromosomiques visibles après coloration spécifique (Greilhuber & Doležel, 2009).

L'étude du caryotype chez les végétaux permet notamment :

- D'identifier les niveaux de ploïdie (diploïde, triploïde, tétraploïde, etc.), phénomène fréquent chez les plantes.
- De détecter les réarrangements chromosomiques (translocations, inversions, duplications, délétions).
- D'étudier la spéciation et les relations phylogénétiques entre espèces apparentées.
- D'optimiser les programmes de sélection en suivant les traits d'intérêt génétique associés à certains marqueurs chromosomiques (Jiang & Gill, 2006).

3.2 Morphologie des chromosomes:

Les chromosomes sont des structures hautement organisées, composées d'ADN et de protéines (notamment les histones), qui assurent le stockage, la transmission et l'expression de l'information génétique. Leur morphologie varie en fonction de l'état du cycle cellulaire, mais elle est le plus souvent étudiée en métaphase, où les chromosomes sont condensés et facilement observables au microscope optique (Passarge, 2001).

Chaque chromosome métaphasique est constitué de deux chromatides sœurs reliées au niveau du centromère, qui est une région spécialisée essentielle à la ségrégation correcte des chromosomes lors de la division cellulaire. Le centromère divise le chromosome en deux bras : un bras court (noté p) et un bras long (noté q). La position du centromère permet de classer les chromosomes selon différentes formes : (Figure 02)

- Métacentriques : centromère situé au centre, les deux bras sont de longueur égale.
- Submétacentriques : le centromère est légèrement décentré ; un bras est plus court que l'autre.
- Acrocentriques : centromère proche d'une extrémité ; un bras très court et l'autre très long.
- Télocentriques : centromère situé à l'extrémité, un seul bras visible (rare chez les plantes).

Chromosome Types

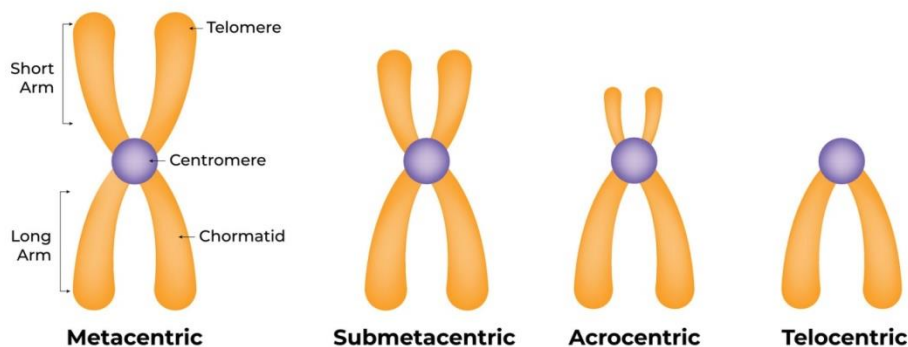


Figure 02 : représentation schématique de quelques types des chromosomes (Hamja,2022).

3.4. Revue sur les caractéristiques chromosomiques et caryotypiques du genre *Lotus* :

Le genre *Lotus* présente une diversité cytogénétique remarquable, marquée par des variations de nombres chromosomiques, des structures caryotypiques distinctes et des mécanismes évolutifs tels que la polyploïdie et l'aneuploïdie. Les études cytologiques révèlent que le nombre chromosomique de base est généralement $x = 6$ ou $x = 7$, bien que des variations aient été documentées, notamment chez *L. corniculatus* où un nouveau nombre de base ($x = 5$) a été proposé (Angulo & Real, 1977). Les analyses caryotypiques comparatives, comme celles menées sur *L. uliginosus* et *L. tenuis* (*glaber*), mettent en évidence des

différences significatives dans la morphologie chromosomique, la distribution des bandes C et les motifs de coloration Feulgen, suggérant une évolution dynamique des génomes au sein du genre (Cheng, 1971 ; Falistocco & Piccirilli, 1989).

Les études cytophotométriques et les idiogrammes réalisés sur des espèces nord-américaines et méditerranéennes confirment une hétérogénéité intragénérique, avec des variations dans la taille des chromosomes et la position des centromères (Ferreira et al., 2012; Grant, 1995). Par ailleurs, des hybridations interspécifiques et la formation d'amphidiploïdes chez le genre, illustrant le rôle des événements de spéciation par polyploïdisation (Sheidai & Jalilian, 2008). Les travaux de Grant (1986) soulignent également l'importance des remaniements chromosomiques dans la diversification du genre, tandis que des études sur *L. corniculatus* en Suisse révèlent des variations cytogénétiques associées à des différences écogéographiques (Urbanska-Worytkiewicz & Wildi, 1984).

4. Notion palynologique :

4.1. Définition de la palynologie :

La palynologie est une science relativement récente qui se consacre à l'étude des grains de pollen, lesquels représentent le gamétophyte mâle, c'est-à-dire l'élément reproducteur mâle des plantes supérieures ou phanérogames, incluant les Gymnospermes et les Angiospermes (Harouni ; Dida , 2020). Fondamentalement, cette discipline analyse ces particules microscopiques en se basant principalement sur leur identification et leur caractérisation, car malgré leur petite taille, les grains de pollen présentent une grande diversité morphologique. (Harouni ; Dida , 2020).

4.2. Grain de pollen :

Le pollen est un organisme constitué de deux à trois cellules, enveloppé par deux parois cellulaires distinctes : l'exine et l'intine (Erdtman, 1952 ; Richard, 1988 ; Edlund et al., 2004). L'exine présente des ouvertures appelées apertures, qui correspondent à des zones plus fines que le reste de la paroi (Erdtman, 1947). Ces apertures jouent un rôle essentiel en servant de sites de germination pour le tube pollinique, ainsi que de points d'entrée pour l'eau et d'autres substances (Furness et Rudall, 1999 ; 2004 ; Wodehouse, 1935). Les apertures peuvent prendre une forme allongée, appelée sillon, ou une forme arrondie, appelée pore, ce qui permet de définir le type apertural du pollen (Cerceau et Hideux, 1983 ; Erdtman, 1947).

4.3 La viabilité :

La viabilité pollinique désigne l'aptitude du pollen à germer. Son évaluation, qu'il s'agisse de pollen fraîchement récolté ou conservé, est recommandée avant toute utilisation en pollinisation. Cette démarche permet également de sélectionner le pollen le plus performant, issu de plants mâles génétiquement distincts et présentant des niveaux variables de viabilité (Djerbi, 1994).

4.4. Revue de palynologie du genre :

Les études palynologiques du genre *Lotus* révèlent une diversité morphologique significative, reflétant à la fois ses relations taxonomiques et ses adaptations évolutives. Les pollens de ce genre sont généralement de petite à moyenne taille (15–40 µm), tricolporés (parfois tri- ou tetrazonocolpés), et présentent une exine réticulée à micro-réticulée, caractéristique partagée avec d'autres genres proches tels que *Ornithopus* et *Hippocrepis* (Ferguson & Skvarla, 1981 ; Diez & Ferguson, 1994). Les analyses comparatives entre espèces du Vieux et du Nouveau Monde suggèrent des différences subtiles dans la sculpture de l'exine et la taille des pores, pouvant refléter des adaptations écologiques ou des divergences phylogénétiques (Allan & Porter, 2000).

La morphologie pollinique soutient la subdivision de la tribu *Loteae*, avec *Lotus* se distinguant par des grains plus uniformément réticulés que ceux des *Coronilleae*, où les motifs sont souvent plus hétérogènes (Diez & Ferguson, 1994). Les études intégrant des données moléculaires et palynologiques confirment la proximité entre *Lotus* et *Ornithopus*, bien que ce dernier présente des pollens légèrement plus allongés et une ornementation de l'exine plus dense (Allan & Porter, 2000). Ces variations pourraient être liées à des stratégies de pollinisation différentes, *Lotus* étant principalement entomophile, tandis que certains *Ornithopus* montrent des adaptations à la dispersion mixte (vent/insectes).

Chapitre II : Matériels et Méthodes

1. Localisation et conditions expérimentales:

L'ensemble des procédures expérimentales, incluant la préparation des échantillons biologiques, les mesures morphométriques et les prises d'images microscopiques ont été réalisées dans les installations du Laboratoire de Cytogénétique, Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales (GBBV) de l'Université Frères Mentouri, Constantine 1 (Algérie).

2. Matériel végétal et sites d'échantillonnage :

Les échantillons de la première population ont été récoltés le 06/06/2024 dans la commune d'Ibn Ziad, wilaya de Constantine, au point 36°22'42''N 06°28'28''E.

Les échantillons de la deuxième population ont été collectés dans la commune d'Ali Mendjeli, située dans la wilaya de Constantine, au niveau du point d'échantillonnage 36°14'44.3''N 06°32'18.6''E.

3. Méthodes

3.1. Étude cytogénétique

L'analyse caryologique a été conduite selon le protocole standardisé de Jahier et al. (1992), adapté aux espèces du genre *Lotus*. Cette méthode permet une observation optimale des chromosomes en métaphase mitotique à partir de méristèmes racinaires. Les chromosomes ainsi que le caryotype sont décrits selon la nomenclature de Levan et al., (1964). (Tableau 01)

Tableau 01 : Nomenclature chromosomique par Levan et al (1964).

Position du centromère	D	R	Ic	Tc
Point médian	00.00	01.0	50.00	M
Région médiane	00.0-02.5	1.0-1.7	50.00-37.5	M
Région submédiane	2.5-05.0	1.7-3.0	37.5-25.00	Sm
Région subterminale	05.0-07.5	3.0-7.0	25.00-12.50	St
Région terminale	07.5-10.0	7.0-∞	12.50-00.00	T
Point terminal	07.5-10.0	∞	00.00	T

Tc : type chromosomique ; **M** : métacentrique senso stricto ; **m** : métacentrique senso largo ; **sm** : submétacentrique ; **st** : subtélocentrique ; **t** : acrocentrique ; **T** : télocentrique ; **r** : bras long /bras court ; **Ic** : indice centromérique ; **d** : bras long – bras court.

3.1.1. Protocole expérimental :

3.1.1.1 Préparation des graines

- Scarification mécanique :

- Abrasion douce du tégument à l'aide de papier de verre (grain 120) pour faciliter l'imbibition, en évitant toute lésion de l'embryon.
- Stérilisation de surface :
- Immersion des graines dans une solution d'eau de Javel à 50 % (v/v) pendant 7 minutes.
- Rinçage abondant à l'eau distillée stérile (3×5 minutes).

3.1.1.2. Germination contrôlée

- Mise en culture :

- Disposition des graines sur papier filtre humidifié (Whatman n°1) dans des boîtes de Pétri stériles. (Figure 03)
- Incubation à température ambiante ($22 \pm 2^\circ\text{C}$) sous obscurité.



Figure 03 : Germination des grains de *Lotus* (© Lyna Brahmi, 2025)

- Suivi journalier :

- Contrôle de la turgescence racinaire pour repérer le stade optimal de prélèvement (racines de 1–2 cm).

3.1.1.3. Traitement des méristèmes

– Prétraitement:

– Immersion des apex racinaires prélevés entre 08h30 et 09 h du matin dans une solution de 8-hydroxyquinoléine à 16 °C pendant une durée comprise entre 3 h et 3 h 15 min. (Figure 4,5)



Figure 04 : prétraitement des grains de *Lotus*
(© Lyna Brahmi,2025)



Figure 05 : 8-hydroxyquinoléine (©
Lyna Brahmi,2025)

- Fixation et conservation :

- Fixation et conservation dans un mélange éthanol-acide acétique (3:1, v/v) à 4 °C pendant 24 heures.

3.1.1.4. Préparation cytologique

- Hydrolyse acide :

- Traitement à l'HCl 1N à 60°C pendant 07 minutes.

– Hydrolyse enzymatique :

- Traitement enzymatique dans une solution “enzyme R ” 1N dans une boîte de Pétri à 37 °C pendant 10 minutes après rinçage. (Figure 6,7)



Figure 06 : Incubation des boîtes de Pétri contenant le genre *Lotus* dans l'étuve (© Lyna Brahmi,2025)

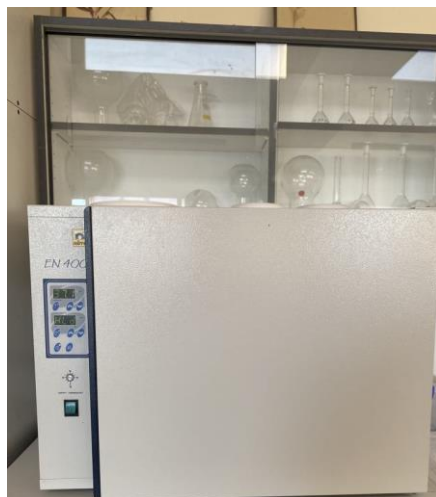


Figure 07 : étuve EN 400 (© Lyna Brahmi,2025)

-Rincage :

les racines sont placées dans un tampon citrate, pendant 10 minutes . (Figure 08)

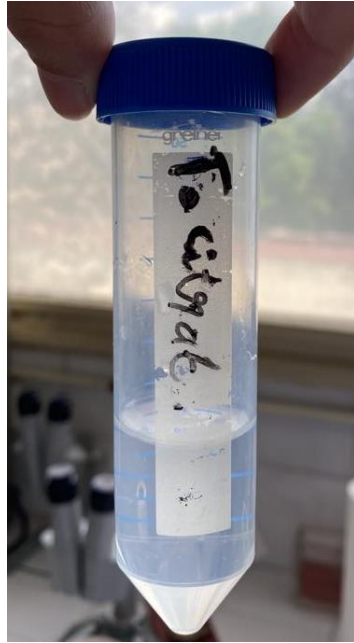


Figure 8 : tampon citrate (© Lyna Brahami,2025)

- Coloration :

- Utilisation d'orcéine acétique à 2 % pendant 10 minutes après rinçage. (Figure 9)



Figure 9 : Acéto-orceine (© Lyna Brahami,2025)

- Écrasement :

Montage de la zone méristématique des racines sur une lame dans une goutte d'acéto-orceine et observation sous microscope optique ($\times 40$).

- Observation et photographie :

L'observation cytogénétique a été réalisée au microscope optique Leica DM 4000 B LED aux grossissements 10, 50, 62 permettant l'examen précis des préparations chromosomiques en métaphase. Des photographies numériques ont été systématiquement capturées à l'objectif 100 pour documenter la morphologie et l'organisation des chromosomes à l'aide d'un système d'imagerie dédié.

4.1. Étude palynologique

4.1.1. Prélèvement des grains de pollen

Les grains de pollen ont été prélevés par une agitation douce des anthères avant l'anthèse, de manière à éviter toute contamination éventuelle par du pollen exogène. Cette méthode garantit la pureté des échantillons utilisés pour l'analyse.

4.1.2. Préparation des échantillons

Les grains de pollen ont subi un traitement par acétolyse, selon le protocole établi par Erdtman (1952) et modifié par Siljak-Yakovlev (1986). Après ce traitement, les échantillons ont été soigneusement lavés à l'alcool absolu, puis montés dans une gélatine glycinée colorée à la fuchsine afin de faciliter leur observation au microscope.

4.1.3. Analyse morphologique du pollen

4.1.3.1. Paramètres mesurés

L'analyse morphométrique a été menée sur 50 grains de pollen par population. Les mesures ont porté sur plusieurs paramètres : les dimensions du grain (longueur et largeur), les caractéristiques du sillon (longueur et largeur), l'épaisseur de l'exine ainsi que le diamètre du pore.

4.1.3.2. Analyse des données :

Les mesures morphologiques ont été réalisées à l'aide du logiciel Leica MM AF Offline. Le traitement statistique des données obtenues a été effectué à l'aide du programme Microsoft Excel, permettant une analyse quantitative précise et fiable.

Chapitre III : Résultats et discussion

1. Analyse cytogénétique :

1.1. La population d'Ibn Ziad :

L'étude du caryotype de la population d'Ibn Ziad révèle une organisation chromosomique présentant à la fois des traits de symétrie marquée et des nuances d'asymétrie modérée. La formule chromosomique est $2n = 2x = 10m + 04sm$. La longueur haploïde totale (HCL) s'établit à $19.89 \mu m$, avec des chromosomes individuels variant de $2.44 \mu m$ pour le chromosome 7 à $3.11 \mu m$ pour le chromosome 1. La majorité des chromosomes se classent comme métacentriques (type médian selon Levan et al., 1964), à l'exception des chromosomes 1 et 3 qui présentent une morphologie submétacentrique (sm). Cette observation est corroborée par les valeurs d'indice centromérique (CI) comprises entre 0.35 et 0.43, dont la moyenne ($X_{ci} = 0,39$) confirme la prédominance de centromères positionnés près du centre.

L'analyse des paramètres d'asymétrie offre un éclairage complémentaire sur l'organisation du caryotype. L'indice de Stebbins (1A) classe ce caryotype dans la catégorie la plus symétrique (Stebbins, 1971), tandis que l'indice d'Arano ($AsK\% = 60.88$) indique une légère prédominance des bras longs. Les indices de Romero-Zarco révèlent une faible asymétrie intrachromosomique ($A_1 = 0,35$) couplée à une homogénéité interchromosomique prononcée ($A_2 = 0,08$), ces deux paramètres suggérant une stabilité évolutive notable. L'indice d'asymétrie global ($AI = 0,63$), calculé selon Paszko (2006) comme le produit des coefficients de variation des longueurs chromosomiques ($CV_{cl} = 8,33$) et des indices centromériques ($CV_{ci} = 7,51$), confirme cette tendance à l'équilibre structural.

La symétrie générale du caryotype est par ailleurs attestée par le pourcentage de forme totale ($TF\% = 39.12$, Huziwara 1962) et l'indice de symétrie ($S\% = 78.63$). Cependant, l'analyse fine des rapports de bras (AR variant de 1.31 à 1.87) et du degré d'asymétrie ($A = 0.22$ selon Watanabe et al., 1999) révèle des variations intrachromosomiques légères mais significatives, particulièrement pour les chromosomes submétacentriques (tableau 2). Ces caractéristiques suggèrent que si le caryotype de cette population appartient globalement au type symétrique, il présente néanmoins des particularités structurales qui pourraient refléter des adaptations spécifiques ou des contraintes évolutives mineures.

1.2. Population d'Ali Mendjeli :

Le caryotype de cette population présente des chromosomes exclusivement métacentriques (type médian selon Levan et al., 1964), avec des longueurs chromosomiques totales (CL) variant de 2.8 μm pour le chromosome 7 à 3.63 μm pour le chromosome 1, et une longueur haploïde totale (HCL) de 22.35 μm . la formule chromosomique est $2n = 2x = 14 m$. Les bras courts (S) représentent en moyenne 41.58% de la longueur totale des chromosomes (TF%, Huziwara 1962), confirmant une organisation globalement symétrique. Les valeurs de l'indice centromérique (CI), comprises entre 0.39 et 0.44, sont caractéristiques des chromosomes métacentriques ($CI > 0.36$). Le rapport des bras (AR) varie de 1.29 pour le chromosome 2 à 1.64 pour le chromosome 1A, révélant une légère asymétrie intrachromosomique. Ces paramètres morphologiques indiquent une structure chromosomique équilibrée, typique des espèces présentant une stabilité évolutive. La combinaison de ces caractéristiques, symétrie générale avec de légères variations dans les rapports de longueur des bras suggère un caryotype bien conservé sur le plan évolutif, conformément aux modèles classiques de cytogénétique végétale.

L'analyse des différents indices d'asymétrie du caryotype révèle des caractéristiques notables. L'indice de Stebbins (1A) classe ce caryotype dans la catégorie la plus symétrique (Stebbins, 1971), tandis que l'indice d'Arano ($AsK\% = 58.42$) met en évidence une légère dominance des bras longs, correspondant à une asymétrie modérée (Arano, 1963). Les indices de Romero-Zarco apportent des précisions supplémentaires : l'indice A1 (0.28) indique une faible asymétrie intrachromosomique, et l'indice A2 (0.10) reflète une homogénéité marquée des longueurs chromosomiques, témoignant d'une asymétrie interchromosomique minimale. Enfin, l'indice AI (0.88), qui combine les coefficients de variation $CVcl$ (9.84) et $CVci$ (8.88), confirme l'équilibre global de ce caryotype (Paszko, 2006)(tableau 3). Ces différents paramètres convergent pour décrire un caryotype présentant une symétrie prononcée, avec des variations structurales limitées, caractéristique d'une organisation chromosomique stable et peu divergente (Watanabe et al. 1999).

1.3. Discussion :

L'étude comparative des deux populations de *L. ornithopodioides* révèle des similitudes marquées, mais aussi des différences subtiles dans leur organisation chromosomique. Les deux populations présentent une architecture caryotypique globalement symétrique, comme en témoignent leurs indices de Stebbins (1A dans les deux cas) et leurs faibles valeurs d'asymétrie intrachromosomique ($A1 = 0,28$ pour la première population et $A1 = 0,35$ pour la deuxième population). La longueur haploïde totale montre cependant une légère variation, avec $19,89 \mu\text{m}$ pour la population 1 contre $22,35 \mu\text{m}$ pour la population 2, suggérant des différences mineures dans la quantité d'ADN global.

La principale distinction réside dans la composition chromosomique : alors que la population 2 présente exclusivement des chromosomes métacentriques, la population 1 compte deux chromosomes submétacentriques (1 et 3). Cette différence se reflète dans les valeurs moyennes d'indice centromérique ($X_{ci} = 0.39$ pour la population 1 contre 0.41 pour la population 2) et dans les rapports de bras (AR maximal de 1.87 pour la population 1 contre 1.64 pour la population 2). Les indices d'asymétrie globale ($AI=0.63$ pour la population 1 contre 0.88 pour la population 2) indiquent que la population 2 présente une symétrie légèrement plus marquée, bien que les deux valeurs restent dans la fourchette des caryotypes équilibrés.

L'analyse comparative démontre que les deux populations de *L. ornithopodioides* partagent une organisation caryotypique fondamentalement stable et symétrique, caractéristique des espèces à faible divergence évolutive. Cependant, les variations observées dans la position des centromères (présence de chromosomes submétacentriques dans la population 1) et dans les paramètres d'asymétrie suggèrent l'existence de micro-différenciations génomiques entre populations. Ces différences, bien que modestes, pourraient refléter des adaptations locales ou des dynamiques évolutives distinctes. La plus grande symétrie de la population 2, associée à sa longueur haploïde totale légèrement supérieure, pourrait indiquer une stabilité évolutive plus prononcée ou un isolement génétique plus ancien.

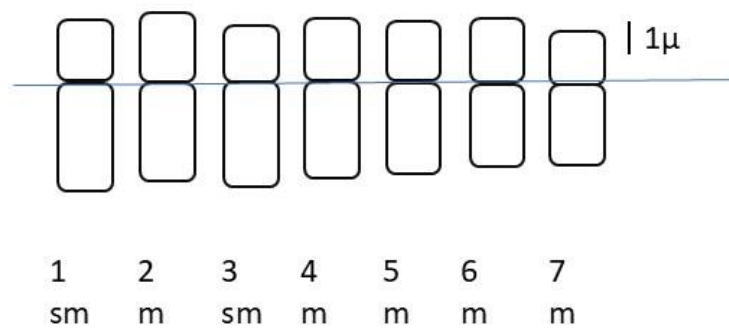
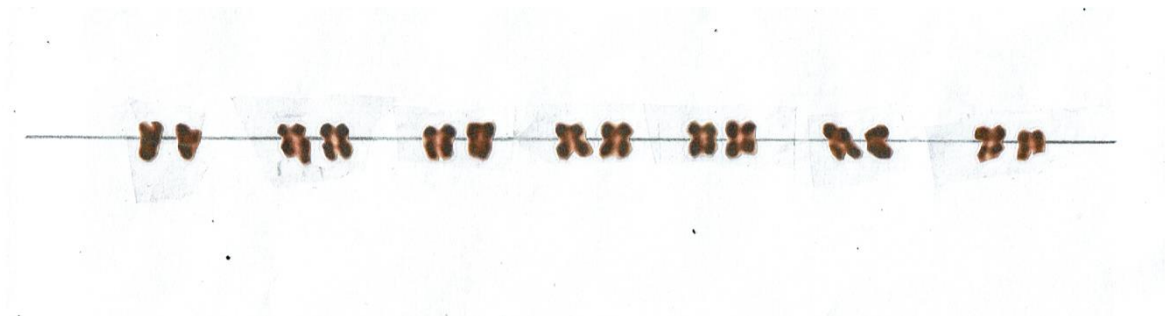
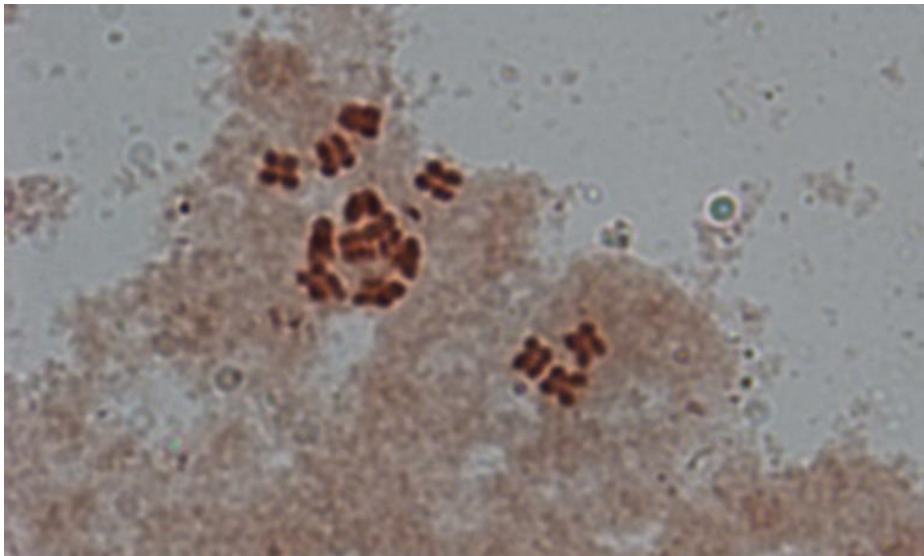


Figure 10 : Caryotype de le première population de *Lotus ornithopodiodes* (a) plaque métaphasique ; (b) caryogramme ; (c) idiogramme .

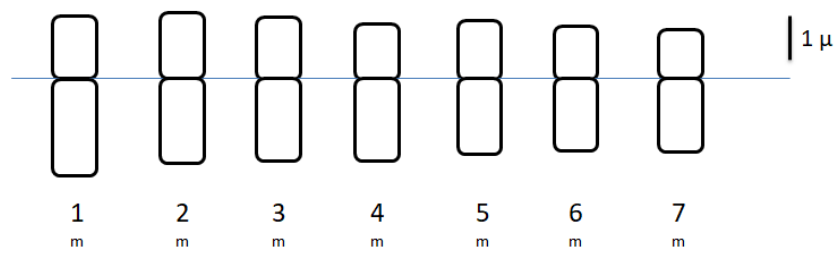
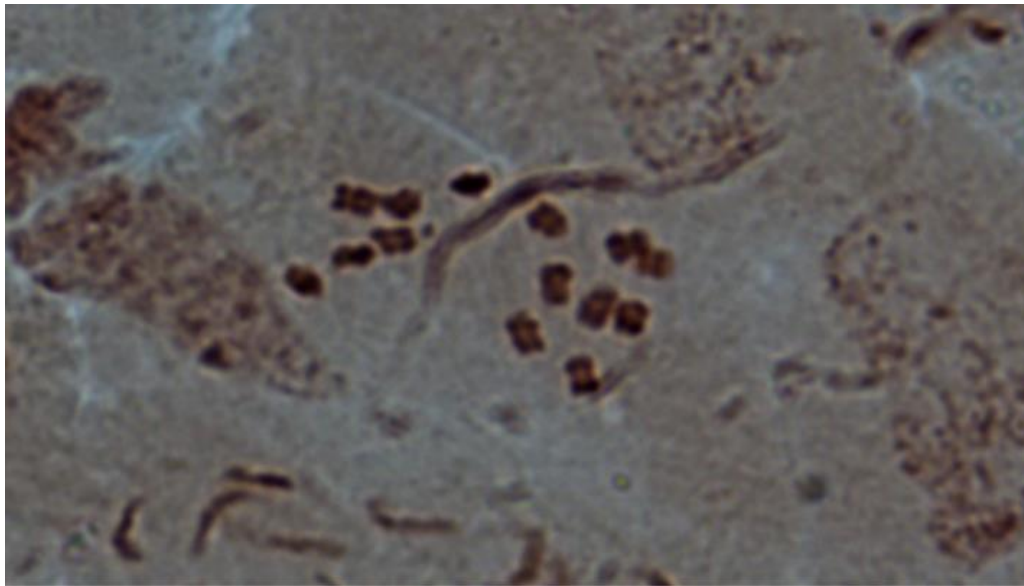


Figure 11 : Caryotype de le deuxième population de *Lotus ornithopodiodes* (a) plaque métaphasique ; (b) caryogramme ; (c) idiogramme .

Tableau 02 : Données numériques de la garniture chromosomique de la première population

Paires chromosomiques	L (μm)	S (μm)	CL (μm)	AR (μm)	r-value	RL%	CI	Chromosome type	F%
1	1,97 \pm 0,07	1,13 \pm 0,03	3,11 \pm 0,07	1,74 \pm 2,37	0,58	15,62	0,37	Sm	5,71
2	1,81 \pm 0,11	1,26 \pm 0,06	3,07 \pm 0,13	1,44 \pm 1,90	0,69	15,47	0,41	m	6,34
3	1,91 \pm 0,03	1,03 \pm 0,05	2,94 \pm 0,04	1,87 \pm 0,68	0,54	14,77	0,35	Sm	5,16
4	1,75 \pm 0,03	1,14 \pm 0,02	2,89 \pm 0,05	1,54 \pm 1,67	0,65	14,52	0,39	m	5,72
5	1,66 \pm 0,09	1,10 \pm 0,05	2,76 \pm 0,08	1,52 \pm 5,17	0,66	13,89	0,40	m	5,51
6	1,52 \pm 0,18	1,16 \pm 0,06	2,68 \pm 0,17	1,31 \pm 8,86	0,77	13,45	0,43	m	5,84
7	1,48 \pm 0,09	0,96 \pm 0,04	2,44 \pm 0,13	1,54 \pm 2,34	0,65	12,29	0,39	m	4,84
ASK %	A1	A2	S %	Xci	A	Xca	CVcl	Cvci	AI
60,88	0,35	0,08	78,63	0,39	0,22	21,62	8,33	7,51	0,63
HCL	TF%	Stebbins							
19,89	39,12	1A							

Tableau 03 : Données numériques de la garniture chromosomique de la deuxième population

Paires chromosomiques	L (μm)	S (μm)	CL (μm)	AR (μm)	r-value	RL%	CI	Chromosome type	F%
1	2,22 \pm 0,1	1,43 \pm 0,02	3,63 \pm 0,11	1,64 \pm 5,19	0,64	16,18	0,39	m	6,24
2	1,95 \pm 0,07	1,51 \pm 0,12	3,46 \pm 0,05	1,29 \pm 0,52	0,77	15,52	0,43	m	6,77
3	1,89 \pm 0,08	1,41 \pm 0,07	3,31 \pm 0,09	1,38 \pm 2,44	0,74	14,87	0,42	m	6,28
4	1,9 \pm 0,043	1,27 \pm 0,1	3,18 \pm 0,11	1,49 \pm 0,44	0,67	14,28	0,4	m	5,74
5	1,75 \pm 0,09	1,34 \pm 0,12	3,1 \pm 0,15	1,29 \pm 1,7	0,79	13,85	0,44	m	6,09
6	1,67 \pm 0,05	1,21 \pm 0,11	2,89 \pm 0,08	1,37 \pm 0,44	0,75	12,82	0,43	m	5,43
7	1,68 \pm 0,09	1,12 \pm 0,03	2,8 \pm 0,06	1,48 \pm 3,23	0,68	12,48	0,41	m	5,03
ASK %	A1	A2	S %	Xci	A	Xca	CVcl	Cvci	AI
58,42	0,28	0,10	77,10	0,42	0,17	16,73	9,84	8,88	0,88
HCL	TF%	Stebbins							
22,35	41,58	1A							

L : Longueur du bras long. **S** : Longueur du bras court. **CL** : Longueur totale du chromosome (L + S). **AR** (Arm Ratio): Rapport L/S. **r-value** : Inverse de AR (S/L). **CI** (Centromeric Index): Rapport S/CL. **F%** : Pourcentage de forme ($S/\sum CL \times 100$). **HCL** (Haploid Chromosome Length) : Somme des longueurs de tous les chromosomes (taille du génome). **TF%** (Total Form Percentage) : Pourcentage total des bras courts par rapport à la longueur totale. **AsK%** (Arano Index) : Pourcentage des bras longs par rapport à la longueur totale.

Stebbins Classification: Classe le caryotype en catégories (1A à 4C) selon la symétrie/asymétrie. **A1** : Asymétrie intrachromosomique (variation des rapports bras long/bras court). **A2** : Asymétrie interchromosomique (variation des tailles chromosomiques). **AI** (Asymmetry Index) : Combine CVcl et CVci ($AI = (CVcl \times CVci)/100$). **CVcl** (Coefficient of Variation for Chromosome Length): Variabilité des longueurs chromosomiques. **CVci** (Coefficient of Variation for Centromeric Index): Variabilité des positions des centromères.

2. Description et analyse des populations polliniques:

2.1. Population d'Ibn Ziad

La population d'Ibn Ziad présente des grains de pollen de forme prolate, avec une longueur (P) de $17,19 \mu m (\pm 0,69)$ et une largeur (E) de $12,66 \mu m (\pm 0,23)$, ce qui donne un rapport P/E de 1,36, caractéristique d'une forme allongée. Les sillons présentent une longueur (Slg) de $14,78 \mu m (\pm 0,99)$ et une largeur (Sla) de $1,58 \mu m (\pm 0,29)$, tandis que les pores ont un diamètre (Dp) moyen de $4,22 \mu m (\pm 0,62)$. L'épaisseur de l'exine (Ex) est de $2,21 \mu m (\pm 0,35)$, indiquant une paroi relativement épaisse. Les grains sont de type trizonocolporé, une caractéristique commune à de nombreuses espèces. Ces paramètres suggèrent une adaptation à un mode de dispersion spécifique, peut-être favorisé par des agents abiotiques comme le vent, en raison de leur forme prolate.

2.2. Population d'Ali Mendjeli

La population d'Ali Mendjel se distingue par une forme subprolate, avec une longueur pollinique (P) plus élevée ($16,77 \mu m \pm 0,67$) et une largeur (E) réduite ($13,74 \mu m \pm 0,85$), résultant en un rapport P/E de 1,22, typique d'une forme allongée. Les sillons sont légèrement plus courts ($Slg = 14,18 \mu m \pm 1,14$) mais plus larges ($Sla = 1,83 \mu m \pm 0,35$) que ceux de la première population. Les pores sont également plus grands ($Dp = 4,55 \mu m \pm 0,71$), tandis que l'exine est nettement plus mince ($Ex = 1,32 \mu m \pm 0,22$). Comme la première population, les grains sont trizonocolporés. Ces traits pourraient indiquer une adaptation à une pollinisation par des insectes, où une forme allongée et une exine plus fine pourraient faciliter l'adhésion aux vecteurs biologiques.

2.3. Comparaison des deux populations

Les deux populations présentent des différences morphologiques significatives. La population d'Ibn Ziad, avec ses grains prolate et son exine épaisse, semble adaptée à une dispersion abiotique, tandis que la deuxième population, subprolate et avec une exine plus fine, suggère une adaptation à la pollinisation biotique. Le rapport P/E, nettement élevé dans la première population, souligne cette divergence morphologique. Bien que les deux populations partagent le même type d'aperture (trizonocolporé), les variations dans les dimensions des sillons et des pores pourraient refléter des différences dans les contraintes environnementales ou les mécanismes de reproduction. Ces distinctions pourraient être le résultat de pressions sélectives différentes ou d'une variabilité génétique au sein de l'espèce.

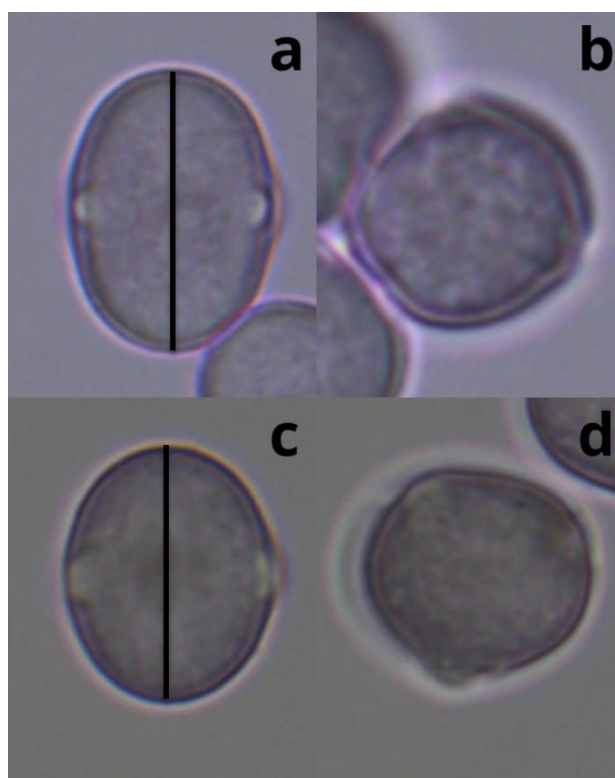


Figure 12 : Pollens observés au microscopique photonique des deux populations étudiées . Vue polaire (a,c) ; Vue équatoriale (b,d) ; population Ibn Ziad (a,b) ; population Ali Mendjeli.

2.4. Analyse comparative des populations polliniques :

Les deux populations étudiées de *L. ornithopodioides* présentent des différences morphologiques marquées au niveau de leurs grains de pollen, reflétant probablement des adaptations distinctes aux mécanismes de pollinisation. La population d'Ibn Ziad se

caractérise par des grains de forme prolata ($P/E = 1,36$), avec une exine relativement épaisse ($2,21 \pm 0,35 \mu\text{m}$) et des pores étroits ($4,22 \pm 0,62 \mu\text{m}$). Ces traits, associés à une grande longueur ($P = 17,19 \pm 0,69 \mu\text{m}$), sont typiques des espèces favorisant une dispersion abiotique, potentiellement par le vent (anémophilie), où une forme allongée et une paroi robuste améliorent la portance et la résistance à la dessiccation (Ferguson & Skvarla, 1981). En revanche, la population d'Ali Mendjeli montre une morphologie subprolate ($P/E = 1,22$), avec une exine plus fine ($1,32 \pm 0,22 \mu\text{m}$) et des pores légèrement plus larges ($4,55 \pm 0,71 \mu\text{m}$).

Ces caractéristiques, notamment l'allongement des grains ($P = 16,77 \pm 0,67 \mu\text{m}$) et la réduction de l'épaisseur de l'exine, sont souvent associées à la pollinisation entomophile, facilitant l'adhésion aux insectes pollinisateurs (Diez & Ferguson, 1994).

Bien que les deux populations partagent une structure trizonocolporée – une caractéristique répandue chez les *Loteae* (Allan & Porter, 2000) –, les variations dimensionnelles des sillons (longueur et largeur) et des pores suggèrent des réponses différenciées aux pressions environnementales ou aux interactions avec les vecteurs de pollinisation. Ces divergences pourraient résulter de l'isolement géographique, de conditions écologiques distinctes (humidité, disponibilité des pollinisateurs), ou d'une plasticité phénotypique au sein de l'espèce. L'analyse microscopique (Fig. 12) confirme ces contrastes : les vues polaires et équatoriales des grains révèlent une nette différence de compacité (prolate vs. subprolate), soutenant l'hypothèse de stratégies reproductives divergentes.

Tableau 04 : Morphologie des grains de pollen des populations étudiés									
Populations	P (sd)	E	P/E	Slg	Sla	Dp	Ex	Forme	Aperture
Population Ibn Ziad	17,19 (0,69)	12,66 (1,23)	1,36	14,78 (0,99)	1,58 (0,29)	4,22 (0,62)	2,21 (0, 35)	Oblate	Trizonocolporé
Population Ali Mendjeli	16,77 (0,67)	13,74 (0,85)	1,22	14,18 (1,14)	1,83 (0,35)	4,55 (0,71)	1,32 (0,22)	Subprolate	Trizonocolporé

P : longueur du grain de pollen ; **E** : largeur du grain de pollen ; **Slg** : longueur du sillon ; **Sla** : largeur sillon ; **Dp** : Diamètre du pore ; **Ex** : Epaisseur de l'exine .Toutes les mesures sont en μm

Conclusion

Ce travail a permis d'étudier la diversité intraspécifique de *Lotus ornithopodioides* dans le nord-est de l'Algérie à travers une approche combinant la palynologie et la

cytogénétique. Les résultats obtenus ont mis en évidence des variations morphologiques et génétiques entre les deux populations étudiées, reflétant leur adaptation à des conditions écologiques distinctes.

Sur le plan cytogénétique, les analyses ont révélé des caryotypes globalement symétriques mais présentant des différences subtiles, notamment dans la position des centromères et les paramètres d'asymétrie. Ces variations suggèrent des micro-différenciations génomiques potentiellement liées à des adaptations locales ou à des dynamiques évolutives spécifiques. La présence de chromosomes submétacentriques dans une population et leur absence dans l'autre souligne une diversité structurale au sein de l'espèce.

L'étude palynologique a quant à elle démontré des différences morphologiques marquées entre les grains de pollen des deux populations. La forme prolate et l'exine épaisse de la population d'Ibn Ziad indiquent une possible adaptation à la dispersion abiotique, tandis que la forme subprolate et l'exine fine de la population d'Ali Mendjeli suggèrent une pollinisation principalement entomophile. Ces distinctions reflètent des stratégies reproductives divergentes, probablement influencées par les conditions environnementales locales.

En conclusion, ce travail contribue à une meilleure connaissance de la diversité intraspécifique de *L. ornithopodioides* en Algérie, en mettant en lumière des variations morphologiques et génétiques entre populations. Ces résultats enrichissent les données sur la flore algérienne et ouvrent des perspectives pour des études ultérieures, notamment sur les mécanismes adaptatifs et évolutifs de cette espèce. Ils pourraient également servir de base pour des programmes de conservation ou de valorisation des ressources végétales locales, dans un contexte de changements climatiques et d'érosion de la biodiversité. De futures études pourraient approfondir ces travaux en intégrant des analyses moléculaires pour une compréhension plus complète de la structure génétique des populations de *L. ornithopodioides*.

Références bibliographiques

- **Allan, G. J., & Porter, J. M.** (2000). Taxonomic and phylogenetic relationships between Old World and New World members of the tribe Loteae (Leguminosae): New insights from molecular and morphological data, with special emphasis on *Ornithopus*. *Systematic Botany*, 25(4), 587–605.
- **Allan, G. J., & Porter, J. M.** (2000). Tribal delimitation and phylogenetic relationships of Loteae and Coronilleae (Faboideae: Fabaceae): Evidence from nuclear ribosomal ITS sequences. *American Journal of Botany*, 87(12), 1871–1881. <https://doi.org/10.2307/2656836>
- **Angulo, M. D., & Real, M. C.** (1977). A new basic chromosome number in the genus *Lotus*: Rhizomatous *Lotus corniculatus* L. I. Taxonomic and cytological study. *Cytologia*, 42(3-4), 699–713. <https://doi.org/10.1508/cytologia.42.699>
- **Arano, H.** (1963). *Cytological studies in subfamily Carduoideae (Compositae) of Japan*.
- **Bentham, G.** (1865). *Genera Plantarum* (Vol. 1). London: L. Reeve & Co.
- **Beuselinck, P. R., Li, B., & Steiner, J. J.** (1996). Species relationships in the *Lotus corniculatus* group (Leguminosae) as determined by karyotype and cytophotometric analyses. *Crop Science*, 36(6), 1399–1403. <https://doi.org/10.2135/cropsci1996.0011183X003600060002x>
- **Blamey, M., & Grey-Wilson, C.** (1989). *Flore complète d'Europe occidentale*. Arthaud.
- **Carvalho, L. G., Seymour, C. L., Veldtman, R., & Nicolson, S. W.** (2011). Natural and within-farmland biodiversity enhances crop productivity. *Ecology Letters*, 14(3), 251–259.
- **Cerceau-Larrival M.TH, Hidieux M,** (1983). Pollens de quelques plantes médicinales du Rwanda, Agence de coopération culturelle et technique. Imprimerie Boudin. Paris. 58p.
- **Cheng, R. I.-J.** (1971). The basic karyotype of *Lotus tenuis*: C-banding and Feulgen studies. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 13(4), 791–795. <https://doi.org/10.1139/g71-113>
- **Cronquist, A.** (1981). *Système intégré de classification des plantes à fleurs*. Presses universitaires de Columbia.

- **Degtjareva, G. V., Kramina, T. E., Sokoloff, D. D., Valiejo-Roman, C. M., Samigullin, T. H., & Antonov, A. S.** (2006). Phylogeny of the genus *Lotus* (Leguminosae: Loteae) based on nrITS sequences and morphology. *Canadian Journal of Botany*, 84(7), 813–830. <https://doi.org/10.1139/b06-035>
- **Diez, M. J., & Ferguson, I. K.** (1994). Pollen morphology in Loteae (Leguminosae) with particular reference to the genus *Lotus* L. *Grana*, 33(3), 129–143.
- **Djerbi, M.** 1994. Précis de la phoeniciculture. F.A.O. Rome. 191p
- **Doyle, J. J., & Luckow, M. A.** (2003). The rest of the iceberg. Legume diversity and evolution in a phylogenetic context. *Plant Physiology*, 131, 900–910.
- **Duke, J. A.** (2002). Handbook of Medicinal Herbs (2nd ed.). CRC Press.
- **Dupont F. and Guignard J.L.** (2007) Abrégé de Botanique 14ème édition. Editions Masson, Paris; 285 p.
- **Edlund A.F, Swanson R, Preuss D,** 2004. Pollen and stigma structure and function: The role of diversity in pollination. Vol 16: 84-97p. *Plant Cell*.
- **Erdtman, G.** (1969). *Handbook of Palynology*. Munksgaard, Copenhagen.
- **Erdtman, G.** 1947. Suggestions for the classification of fossil and recent pollen grains and spores. Vol 41: 104-114p. *Svensk Bot. Tidskr.*
- **Erdtman, G.** 1952. Pollen morphology and taxonomy. Angiosperms. Almquist and Wiksell, Stockholm .
- **Escaray, F. J., et al.** (2012). Ecological and agronomic importance of the genus *Lotus*. *Plant Science*, 182, 121–133.
- **Falisticco, E., & Piccirilli, M.** (1989). Comparative analyses in *Lotus*: The cytogenetic map of *Lotus uliginosus* Schkuhr. *Caryologia*, 42(3-4), 213-219. <https://doi.org/10.1080/00087114.1989.10796968>
- **Ferguson, I. K., & Skvarla, J. J.** (1981). The pollen morphology of the tribes Loteae and Coronilleae (Papilionoideae: Leguminosae). 2, *Lotus* L. and related genera. *Kew Bulletin*, 36(1), 21–37.
- **Ferreira, J., Mendes, S., Dall'Agnol, M., Sandal, N., Sato, S., & Pedrosa-Harand, A.** (2012). Karyotypes and idiograms of some western North American species of

Lotus (Fabaceae). Genetic Resources and Crop Evolution, 59(6), 841-850.
<https://doi.org/10.1007/s10722-011-9725-2>

- **Frame, J., Charlton, J. F. L., & Laidlaw, A. S.** (1998). Temperate Forage Legumes. CAB International.
- **Furness C.A, Rudall P.J,** 1999. Inaperturate pollen in mono-cotyledons. Vol 160: 395- 414p. Int J Plant Sci.
- **Furness C.A, Rudall P.J,** 2004. Pollen aperture evolution - a crucial factor for eudicot success?, Vol 9: 154-158p. Trends in Plant Sci.
- **Gersen, S. L., & Keagle, M. B.** (2013). The Principles of Clinical Cytogenetics (3rd ed.). Springer.
- **Grant, W. F.** (1986). The cytogenetics of Lotus (Leguminosae). Advances in Agronomy, 39, 325-356. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)60469-6](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)60469-6)
- **Grant, W. F.** (1995). Chromosomal evolution and aneuploidy in Lotus. Canadian Journal of Botany, 73(7), 1029-1038. <https://doi.org/10.1139/b95-111>
- **Greilhuber, J., & Doležel, J.** (2009). Plant genome size: A dynamic feature. Annals of Botany, 104(8), 1451–1455.
- **Groupe de phylogénie des angiospermes, Chase, M. W., Christenhusz, M. J. M., Fay, M. F., Byng, J. W., Judd, W. S., Soltis, D. E., Mabberley, D. J., Sennikov, A. N., Soltis, P. S., et Stevens, P. F.** (2016). Mise à jour de la classification des groupes de phylogénie des angiospermes pour les ordres et familles de plantes à fleurs : APG IV. Revue botanique de la Société linnéenne, 181(1), 1–20.
- **Guerra, M.** (2008). Chromosome numbers in plant cytotaxonomy: concepts and implications. Cytogenetic and Genome Research, 120(3-4), 339–350.
- **Harouni, A., & Dida, R.** (2020). *Étude palynologique de quelques espèces de la région de Tlemcen* [Mémoire de fin d'études, Université Abou Bekr Belkaïd – Tlemcen].
- **Huziwara, Y.** (1962). *Karyotype analysis in some genera of Compositae VIII.* Botanical Magazine (Tokyo), 75(889), 32–39.

- **Huziwara, Y.** (1962). *Karyotype analysis in some genera of Compositae VIII. Botanical Magazine (Tokyo)*, 75(889), 32–39.
- **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
- **Jussieu, Antoine Laurent** (1789). *Genera plantarum : secundum ordines naturales disposita, juxta methodum in Horto regio parisiensi exaratam, anno M.DCC.LXXIV. Parisiis (Paris) : apud viduam Herissant et Theophilum Barrois*,
- **Kirkbride, J. H.** (1999). *Lotus systematics: Current knowledge and directions for future research*. In *Advances in Legume Systematics* 9 (pp. 111–117). Royal Botanic Gardens, Kew.
- **Lakhtari, Y., & Lamri, I.** (2022). Étude histométrique, palynologique et cytogénétique de *Dittrichia viscosa* Greuter et *Dittrichia graveolens* Greuter, deux espèces de la tribu Inuleae (Asteraceae) [Mémoire de Master, Université Frères Mentouri Constantine 1]. Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie.
- **Levan, A., Fredga, K., & Sandberg, A. A.** (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2), 201–220.
- **Linnaeus, C.** (1753). *Species Plantarum* (Vol. 2). Stockholm: Laurentii Salvii.
- **Linné, Carl von.** (1753). *Espèces plantarum : exhibentes plantas rite cognitatas, ad genera relatas, cum differentiis specificis, nominibus trivialibus, synonymis selectis, locis natalibus, secundum systema sexuale digestas*. Holmiae (Stockholm) : Impensis Laurentii Salvii.
- **Loi, A., Nutt, B. J., & Howieson, J. G.** (2005). Development of pasture legumes for acid soils in southern Australia. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 45(3), 289–299.
- **Mifsud, S.** (2022). *Lotus cytisoides* - datasheet created on Nov-2007. Retrieved from MaltaWildPlants.com on 05-May-2025
- **MORALE S.** (2011) étude phytochimique et évaluation biologique de *derris ferruginea* benth, (Fabaceae) université d'Angers , page 25-27.

- **Passarge, E.** (2001). *Color Atlas of Genetics* (3rd ed.). Thieme.
- **Paszko, B.** (2006). *A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices*. *Plant Systematics and Evolution*, 258, 39–48.
- **Punt, W., Hoen, P. P., Blackmore, S., Nilsson, S., & Le Thomas, A.** (2007). Glossary of pollen and spore terminology. *Review of Palaeobotany and Palynology*, 143(1–2), 1–81. <https://doi.org/10.1016/j.revpalbo.2006.06.008>
- **Reed, J. D.** (1995). Nutritional toxicology of tannins and related polyphenols in forage legumes. *Journal of Animal Science*, 73(5), 1516–1528.
- **Richard, H.** 1988. Palynologie et climat. V 3 (3): 359-384p. In: Histoire et Mesure.
- **Romero Zarco, C.** (1986). *A new method for estimating karyotype asymmetry*. *Taxon*, 35(3), 526–530.
- **Sheidai, M., & Jalilian, N.** (2008). A cytogenetic study of interspecific diploid hybrids and amphidiploids in the genus *Lotus*. *Caryologia*, 61(3), 233-239. <https://doi.org/10.1080/00087114.2008.10589636>
- **Singh, R. J.** (2003). *Plant Cytogenetics* (2nd ed.). CRC Press.
- **Somaroo, B. H., Urbanska-Worytkiewicz, K., & Wildi, O.** (1984). Variation within *Lotus corniculatus* L.s.l. from Switzerland: I. Preliminary report on chromosome numbers and cyanogenesis. *Berichte des Geobotanischen Institutes der Eidgenössischen Technischen Hochschule, Stiftung Rübel*, 51, 70-82.
- **Sprent, J. I., & James, E. K.** (2007). *Legume Nodulation: A Global Perspective*. Wiley-Blackwell.
- **Stebbins, G. L.** (1971). *Chromosomal Evolution in Higher Plants*. Edward Arnold, London.
- **Sylvie Morel.** (2011). Etude phytochimique et évaluation biologique de *Derris ferruginea* Benth. (Fabaceae). *Biochimie, Biologie Moléculaire*. Université d'Angers, p 25.
- **Vincent, D., et al.** (1995). *Taxonomy and genetic resources of Lotus*. Montpellier: INRA.

- **Watanabe, K., Yahara, T., & Ito, M.** (1999). *Chromosomal evolution in the genus Lilium (Liliaceae)*. **Chromosome Science**, 3(3), 95–100.
- **Wodehouse, R.P.** 1935. Pollen grains. Their structure, identification and significance in science and medicine. McGraw-Hill Book Company, New York London. 574p.
- **Wojciechowski M.F., Lavin M. et Sanderson M.J.** (2004). Une phylogénie des légumineuses (Leguminosae) basée sur l'analyse du gène plastidial MATK résout de nombreux sous-clades bien étayés au sein de la famille. *American Journal of Botany* ; 11 : 1846-2004.

Analyse caryotypique et caractérisation morphologique du pollen et de deux populations de *Lotus ornithopodioides* L.**Mémoire pour l'obtention du diplôme de Master en Biotechnologie et Génomique Végétale**

Ce mémoire explore la diversité intraspécifique de *Lotus ornithopodioides* L., une espèce de la famille des Fabaceae, en combinant des analyses palynologiques (grains de pollen) et cytogénétiques (caryotype chromosomique). Deux populations provenant de la région de Constantine (Ibn Ziad et Ali Mendjeli) ont été étudiées. L'analyse cytogénétique a révélé des caryotypes symétriques, avec des différences notables : la formule chromosomique de la population d'Ibn Ziad est $2n = 2x = 10m + 4sm$, tandis que celle d'Ali Mendjeli est $2n = 2x = 14m$. Sur le plan palynologique, la première population présente des grains prolate à exine épaisse, suggérant une pollinisation abiotique (par le vent), alors que la seconde population montre des grains subprolates à exine fine, caractéristiques d'une pollinisation entomophile (par les insectes). Ces résultats mettent en évidence une différenciation morphologique et génétique entre populations, probablement liée à des adaptations écologiques locales.

Mots-clefs : *Lotus ornithopodioides*, palynologie, cytogénétique, caryotype, exine, biodiversité.**Laboratoires de recherche :** Laboratoire de Biochimie Génétique et Biotechnologie Végétale
Université Constantine 1 Frères Mentouri.**Président du jury :** KACEM N. S. MCA. Université Frères Mentouri, Constantine 1.**Encadrant :** BAZIZ K. MCA. Université Mostepha Ben Boulaid, Batna 2.**Examineur(s) :** BOUCHEMAL K. MCB. Université Frères Mentouri, Constantine 1.

