

ANALYSE MOLECULAIRE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE PLANTES XERO/HALOPHYTES DU GENRE *ATRIPLEX* MOYENNANT RAPD-PCR

MAALEM S^{1,2,3}, KHOUFI S², RAHMOUNE C³ & BENNACER M².

¹Département de Biologie, Université Cheikh Lâarbi Tbéssi- Tébessa, Algérie.

²Laboratoire d'Ecotoxicologie, Université de Constantine, Algérie.

³Laboratoire de physiologie végétale et biotechnologies, INRAT, Tunis, Tunisie.

soubenyou@yahoo.fr

Dans les zones arides et semi arides, le genre *Atriplex* représente une ressource fourragère importante. Cependant, on ne dispose à nos jours, que de peu d'information sur leur structure génétique. Les essais visant à caractériser la diversité génétique de ces espèces sont donc très utiles pour leur classification, leur conservation et leur amélioration. Dans ce contexte, nous nous sommes lancés dans l'évaluation du niveau de diversité génétique caractérisant les *Atriplex* poussant actuellement en Algérie. Nous avons utilisé la technique RAPD sur des génotypes de 3 différentes espèces d'*Atriplex*: *A. halimus*, *A. canescens* et *A. nummularia*. Les résultats obtenus ont mis en évidence l'amplification de 319 bandes, dont la totalité a été polymorphe. L'analyse de ces résultats, moyennant le logiciel *NTSYSpc 2.0 for Windows*, a permis d'obtenir 4 groupes distincts où les génotypes de 2 espèces introduites ont été classés en 2 groupes indépendants. Cependant, les génotypes de l'espèce autochtone (*A. halimus*) ont été aussi subdivisés en 2 autres groupes indépendants. De façon générale, les résultats ont révélé un seuil élevé de divergence génétique, inter et intra espèces chez les génotypes étudiés d'*Atriplex*.

Mots clés: *Atriplex*, Chenopodiaceae, Diversité génétique, PCR-RAPD, Steppe

Dans les zones arides et semi arides, le genre *Atriplex* représente une ressource fourragère importante. Cependant, on ne dispose à nos jours, que de peu d'information sur leur structure génétique. Les essais visant à caractériser la diversité génétique de ces espèces sont donc très utiles pour leur classification, leur conservation et leur amélioration. Dans ce contexte, nous nous sommes lancés dans l'évaluation du niveau de diversité génétique caractérisant les *Atriplex* poussant actuellement en Algérie. Nous avons utilisé la technique RAPD sur des génotypes de 3 différentes espèces d'*Atriplex*: *A. halimus*, *A. canescens* et *A. nummularia*. Les résultats obtenus ont mis en évidence l'amplification de 319 bandes, dont la totalité est polymorphe. L'analyse de ces résultats, moyennant le logiciel *NTSYSpc 2.0 for Windows*, a permis d'obtenir 4 groupes distincts où les génotypes de 2 espèces introduites ont été classés en 2 groupes indépendants. Cependant, les génotypes de l'espèce autochtone (*A. halimus*) ont été aussi subdivisés en 2 autres groupes indépendants. De façon générale, les résultats ont révélé un seuil élevé de divergence génétique, inter et intra espèces chez les génotypes étudiés d'*Atriplex*.

Mots clés: *Atriplex*, Chenopodiaceae, Diversité génétique, PCR-RAPD, Steppe