

ANALYSE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE TROIS SOUS-ESPECES D'*Acacia nilotica* (L.) WILLD. AU SENEGAL A L'AIDE DES MARQUEURS ISOENZYMATIQUES

K. NDOYE-NDIR^{1,2}, P. I. SAMB¹ et M.-H. CHEVALLIER^{2,3}

¹Unité de Formation et de Recherche des Sciences Agronomiques et du Développement Rural (UFR SADR) (ex : Ecole Nationale Supérieure d'Agriculture, ENSA) ; Université de Thiès, BP A-296, Thiès Sénégal.
Email : diatoundir@orange.sn

²Cirad-Forêt, TA10/C, 34032 Montpellier Cedex 5 France.

³UMR 5175, CEFE, 1919 Route de Mende, 34293 Montpellier Cedex 5. France.

RESUME

La gestion des ressources génétiques forestières suscite, de nos jours, plusieurs interrogations relatives aux différentes stratégies à adopter face aux menaces de plus en plus grandissantes liées à la désertification et aux fortes pressions anthropiques. Au Sénégal, certaines sous-espèces d'*Acacia nilotica* (ssp. *adstringens*, ssp. *tomentosa*) sont menacées de disparition. Ces Légumineuses arborescentes, à usages multiples, appartiennent à un complexe polyploïde constitué de sous-espèces originaires d'Afrique (ssp. *tomentosa*, ssp. *adstringens*, ssp. *nilotica*, ssp. *kraussiana*, ssp. *leiocarpa*, ssp. *subalata*) et d'Asie (ssp. *indica*, ssp. *cupressiformis*, ssp. *jacquemontii* et ssp. *hemispherica*). Des marqueurs biochimiques ont été utilisés pour analyser la variabilité génétique de 3 sous-espèces d'*Acacia nilotica* : il s'agit des sous-espèces *tomentosa*, *adstringens* et *leiocarpa*. La technique d'électrophorèse sur gel d'amidon a permis de révéler 4 systèmes enzymatiques au niveau de six *loci* putatifs (ADH-1 ; ADH-2 ; ICD-1 ; ICD-2 ; ENDO-1 ; LAP-1). Le pourcentage de *loci* polymorphes, par sous-espèce, a été compris entre 50 et 100 %, avec une moyenne de 66 % et le nombre d'allèles par *locus* a été compris entre 2 et 4. L'espèce ssp. *leiocarpa* a présenté le plus fort taux de polymorphisme (P = 100 %), un nombre d'allèles par *locus* et un indice de diversité plus élevé (H = 0,29) que les ssp. *adstringens* (P = 50 % ; H = 0,25) et ssp. *tomentosa* (P = 50 % ; H = 0,14).

Mots clés : *Acacia nilotica*, diversité génétique, allozymes, conservation *in situ* et *ex situ* Sénégal.

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF THREE *Acacia nilotica* (L.) WILLD. SUBSPECIES IN SENEGAL USING ISOENZYME MARKERS

Nowadays, management of forest genetic resources raises several questions relative to the various strategies to adopt in the face of desertification and growing anthropological pressures. In Senegal, some *Acacia nilotica* subspecies (ssp. *adstringens*, ssp. *tomentosa*) are threatened of extinction. These arborescents Leguminous with multiple manners belong to a polyploid complex constituted by subspecies native of Africa (ssp. *tomentosa*, ssp. *adstringens*, ssp. *nilotica*, ssp. *kraussiana*, ssp. *leiocarpa*, ssp. *subalata*) and of Asia (ssp. *indica*, ssp. *cupressiformis*, ssp. *jacquemontii* and ssp. *hemispherica*). Genetic diversity, among 3 subspecies of *Acacia nilotica* from different forest habitats was examined by starch gel electrophoresis. Allozymes diversity coding 4 enzymes systems at 6 putative loci (ADH-1 ; ADH-2 ; ICD-1 ; ICA-2 ; ENDO-1 ; LAP-1) were analyzed from subspecies *tomentosa*, *adstringens* and *leiocarpa*. The percentage of polymorphic loci per subspecies ranged from 50 to 100 %, with a mean value of 66 % and the number of alleles per locus ranging from 2 to 4. The ssp. *leiocarpa* had more polymorphic loci (P = 100 %), higher mean number of alleles per locus and higher genetic diversity (H = 0.29) than ssp. *adstringens* (P = 50 % ; H = 0.25) and ssp. *tomentosa* (P = 50 % ; H = 0.14).

Key words : *Acacia nilotica*, genetic diversity, Allozyme, *in situ* and *ex situ* conservation, Senegal.

INTRODUCTION

Les variations génétiques présentes dans les milliers d'espèces d'arbres sur terre constituent une ressource trans-générationnelle de grande importance sociale, économique et environnementale. Communément appelées «ressources génétiques forestières», ces variations s'expriment par des différences entre espèces, populations, individus ou chromosomes et ont une valeur effective ou potentielle (Young *et al.*, 2000). La gestion de ces ressources génétiques forestières suscite depuis quelques années une vive inquiétude à l'échelle nationale et internationale à cause de la surexploitation et des conditions climatiques défavorables qui ont entraîné une forte dégradation des écosystèmes. Ce phénomène affecte particulièrement les pays sahéliens tels que le Sénégal.

Parmi les espèces les plus touchées, se situent les acacias. Leur importance dans le domaine sahélien n'est plus à démontrer car ils constituent l'essentiel de la végétation arbustive et arborée de cette zone (Nongonierma, 1974 ; Ross, 1979 ; Tybirk, 1989 ; Wickens, 1995). En effet, outre leur aptitude à fixer l'azote atmosphérique, ces Légumineuses arborescentes jouent un rôle primordial dans l'économie rurale à travers la fourniture de bois et autres produits dérivés. La vallée du fleuve Sénégal est une région particulièrement touchée par cette dégradation car certaines espèces d'*Acacia nilotica* sont aujourd'hui menacées de disparition or elles constituent le dernier rempart contre l'avancée du désert et jouent un rôle essentiel dans le maintien et la sauvegarde de ces écosystèmes fragiles. En effet, la partie inondable du fleuve est la zone des forêts à *Acacia nilotica* ssp. *tomentosa*.

L'*Acacia nilotica* est une espèce divisée en 9 sous-espèces dont 6 originaires d'Afrique et 3 d'Asie selon Brenan (1983) (Figure 1). C'est une espèce extrêmement variable et à usages multiples (bois, fixation d'azote, fourrage, tannage, teinturerie, substances médicinales). La distinction entre les différentes sous-espèces se fait selon la taille, la forme des gousses et

de la couronne, le degré de pubescence au niveau des branches et l'habitat.

Deux sous-espèces sont généralement rencontrées au Sénégal : *Acacia nilotica* ssp. *adstringens* et *Acacia nilotica* ssp. *tomentosa* (Figure 2) qui sont respectivement appelées "nep nep" et "gonakié" en Wolof (langue nationale du Sénégal). Si le rôle de ces espèces dans l'économie rurale et dans la stabilisation et la fertilisation des sols est indéniable (Fagg et Stewart, 1994 ; Wickens, 1995), la variabilité génétique des populations naturelles est encore peu connue (Joly *et al.*, 1992 ; Chevallier *et al.*, 1994 ; Cardoso, 1995 ; Harrier *et al.*, 1997 ; Varghese *et al.*, 1999). Or la connaissance de ce paramètre est un préalable indispensable à la définition de stratégies de conservation, de gestion et d'utilisation durable de ces ressources forestières (FAO, 1994). La régénération et la pérennisation des forêts sèches qui se font principalement par des graines issues des arbres *in situ* dépendent du maintien de cette diversité en particulier pour faire face à des changements climatiques imprévisibles (Lowe *et al.*, 2004). Les marqueurs isoenzymatiques sont largement utilisés dans de multiples disciplines biologiques et conviennent particulièrement en biologie évolutive et en systématique (Hartl et Clarck, 1993 ; Hartl, 1994). Ils sont considérés comme des marqueurs neutres qui reflètent le processus évolutif affectant le génome entier (Comte *et al.*, 2003). Mitton (1994) signale d'ailleurs que l'environnement peut parfois influencer sur les marqueurs isoenzymatiques. De plus, les travaux de Macdonald *et al.* (2001) ont montré l'existence d'associations entre les facteurs exogènes et la fréquence allélique des marqueurs isoenzymatiques. Ainsi, le processus de sélection naturelle des populations peut entraîner des changements non seulement au niveau des fréquences génotypiques, mais aussi au niveau des fréquences alléliques. Le caractère codominant et la simplicité de mise en œuvre et de détection des allozymes sont des facteurs qui suscitent l'intérêt de leur utilisation malgré le faible taux de polymorphisme détecté, l'absence d'informations phylogénétiques et la nécessité de travailler avec du matériel frais (Schaal *et al.*, 1998).

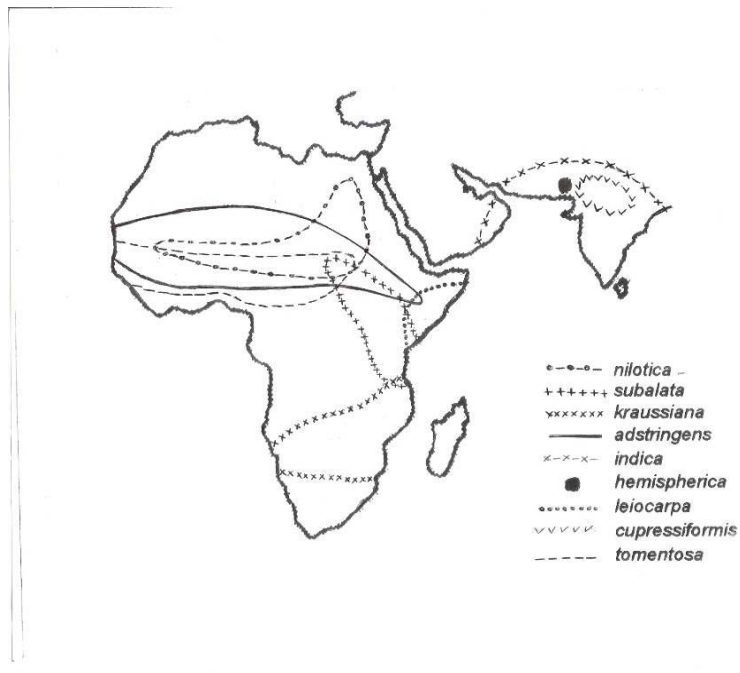


Figure 1 : Distribution naturelle approximative des sous-espèces d'*Acacia nilotica* en Afrique et dans le sous continent Indien d'après (Brenan, 1983).

Approximate natural distribution of Acacia nilotica subspecies in Africa and India (Brenan, 1983).

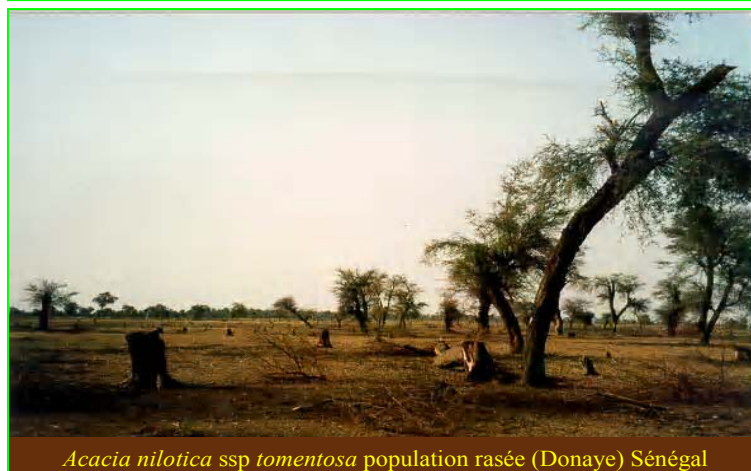
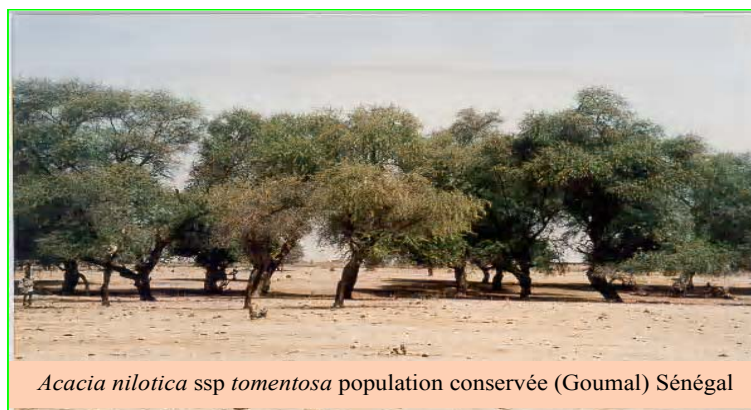


Figure 2 : Populations (conservées et dégradées) d'*Acacia nilotica* ssp. *tomentosa* au Sénégal.

Conserved and degraded Acacia nilotica populations in Senegal.

L'objectif général de cette étude est d'approfondir certains aspects des connaissances encore parcellaires sur la diversité génétique et la structure des populations d'*Acacia nilotica* dans le but de développer des stratégies de sauvegarde de ces ressources phylogénétiques au Sénégal aussi bien *in situ* qu'*ex situ*. L'analyse d'échantillons de la sous-espèce *leiocarpa* originaire d'Afrique de l'Est permet de soutenir la comparaison et d'avoir une vision plus élargie de l'organisation de la diversité génétique de ce complexe d'espèces.

MATERIEL ET METHODES

MATERIEL VEGETAL

Les graines des sous-espèces *tomentosa* et *adstringens* ont été récoltées au cours de prospections organisées à travers le Sénégal. Les graines de la ssp. *leiocarpa* nous ont été fournies par le centre Danois de semences forestières (DANIDA Forest Seed Centre). Le tableau 1 présente les différentes provenances d'*Acacia nilotica* utilisées dans cette étude.

Pour chaque sous-espèce, 20 arbres ont été sélectionnés et pour chaque arbre 20 graines. L'analyse électrophorétique a porté sur les cotylédons des graines non germées. 100 mg de cotylédon issu de la scarification des graines

sont ainsi pesés pour chaque échantillon et déposés sur la glace pilée afin d'éviter toute dégradation des protéines.

METHODES

Extraction et migration des protéines

Une quantité de 400 µl de tampon d'extraction composé de 0,1M Tris, 0,05M Cysteine, 10 % Triton (pH 7) et 30 mg Polyvinylpyrrolidone (PVP) est utilisée pour le broyage de chaque échantillon. Le broyat est par la suite centrifugé à 15000 tr-min pendant 20 mn à 4 °C. Pour chaque échantillon, 50 µl de surnageant sont par la suite prélevés. La technique d'électrophorèse sur gel d'amidon (Pasteur *et al.*, 1987) a été utilisée pour évaluer la variabilité génétique des individus d'*Acacia nilotica*.

Révélation des allozymes

au cours de cette étude, 13 systèmes enzymatiques ont été révélés mais, seuls 4 qui présentaient des bandes reproductibles et faciles à interpréter ont été retenus pour les analyses statistiques des paramètres génétiques. Il s'agit des Alcool Déshydrogénases (ADH), de la Leucine Amino Peptidase (LAP), des Endopeptidases (Endo) et des Isocitrates Déshydrogénases (ICD) (Tableau 2).

Tableau 1 : Localisation des différentes sous espèces d'*Acacia nilotica*.

Location of Acacia nilotica subspecies

Sous-espèces	Localité	pays	Latitude	Longitude	NP ¹	NG ²	NI*
<i>tomentosa</i>	GOUMAL	SENEGAL	15°19'12 N	12°52'03 W	17	20	291 (#340)
<i>adstringens</i>	DAHRA	SENEGAL	15°21'00 N	15°27'00 W	25	20	410 (#500)
<i>leiocarpa</i>	SABAKI	KENYA	03° 09'00 S	40°08'00 E	25	20	440 (#500)
Total							1141 (#1340)

NP¹ = nombre d'arbres par population ; NG² = nombre de graines analysées pas arbre ; NI = nombre d'individus effectivement analysés ; (#) = nombre d'individus initialement analysés.

*Les chiffres à gauche constituent les effectifs sur lesquels les analyses statistiques ont été effectuées.

Tableau 2 : Systèmes enzymatiques analysés chez *Acacia nilotica*.*Enzymes systems assayed in Acacia nilotica subspecies.*

Groupes enzymatiques	Systèmes enzymatiques	Abbréviation	Enzyme Commission code	Nombre de loci polymorphes
Oxydoreductases	Alcohol deshydrogenase	ADH	1.1.1.1	4
	Isocitrate deshydrogenase	ICD	1.1.1.42	4
Hydrolases	Endopeptidases	ENDO	3.4.22.16	6
	Leucine Amino peptidase	LAP	3.4.11.1	7

Les enzymes ont été séparées sur un gel d'amidon à 12 % dans un tampon contenant du Tris HCl 0,1M et de l'histidine 0,05M (pH 6 et pH 8). Le tampon de migration est constitué de Tris-Citrate 0,125M. Au cours de l'électrophorèse, la température est maintenue à 4 °C pour éviter toute dégradation des protéines. Durant la première heure de migration, 25 mA ont été appliquées afin de permettre une bonne imprégnation des extraits protéiques sur le gel d'amidon. Le générateur est par la suite réglé à 50 mA pour la suite de la migration qui dure 4 à 5 heures selon les systèmes enzymatiques à révéler. Lorsqu'un système enzymatique révèle plus d'une zone d'activité, la zone de migration la plus rapide est désignée *locus* 1 (ou A), la zone suivante est alors désignée *locus* 2 (ou B) ainsi de suite. Cette procédure a été aussi suivie pour le numérotage des allèles de chaque *locus*.

L'interprétation des *loci* à partir des bandes observées est basée sur la ségrégation des caractères avec une référence par rapport à la structure des allozymes qui peuvent être monomériques, dimériques ou tétramériques (Gottlieb, 1981). Les différents phénotypes ont été mis en évidence non seulement grâce à leur niveau de migration mais aussi grâce à l'intensité de coloration des bandes observées. La différence d'intensité de coloration des bandes a été interprétée comme une différence dans le dosage allélique des allozymes.

L'analyse de données

Le logiciel BIOSYS-1 (Swofford et Selander, 1989) a été utilisé pour l'analyse de données. Quatre paramètres de diversité génétique ont été calculés. Il s'agit du pourcentage de *loci* polymorphes (P) au critère de 0,99 ; du nombre moyen d'allèles observés par *locus* (A), du taux d'hétérozygotie observé (Ho) et du taux

d'hétérozygotie attendu (He). La variabilité intra et inter populations a été estimée selon les paramètres de F-statistique de Wright (Nei, 1987). La diversité génétique totale ainsi que la diversité moyenne de chaque sous-espèce a été calculée pour chaque *locus* polymorphe.

RESULTATS

VARIABILITE GENETIQUE DE LA SOUS-ESPECE *Tomentosa*

Pour les 6 *loci* putatifs, 15 allèles ont été observés. Cela représente une moyenne de 2,5 allèles par *locus* (Tableau 3). Le nombre de *loci* polymorphes est 3 ; ce qui correspond à seulement 50 % de *loci* putatifs.

VARIABILITE GENETIQUE DE LA SOUS-ESPECE *Adstringens*

Pour les 6 *loci* putatifs analysés, 13 allèles ont été observés. Cela représente une moyenne de 2,166 allèles par *locus* (Tableau 4). De même que la sous-espèce *tomentosa*, la sous-espèce *adstringens* a présenté 3 *loci* polymorphes ; ce qui correspond à 50 %.

VARIABILITE GENETIQUE DE LA SOUS-ESPECE *Leiocarpa*

Pour les 6 *loci* putatifs analysés, 25 allèles ont été observés. Cela représente une moyenne de 4,166 allèles par *locus* (Tableau 5). Le nombre de *loci* polymorphes est de 6 ; ce qui représente 100 %.

L'indice de fixation de Wright (Fis) comme mesure du déficit ou de l'excès d'hétérozygotes est présentée dans le tableau 6.

Tableau 3 : Fréquences alléliques de la sous-espèce *tomentosa*.*Allele frequency of tomentosa subspecies.*

Allele\Locus	endo_1	lap_1	ICD_1	ICD_2	ADH_1	ADH_2
Allele A	0.9695			1.0000		0.0152
Allele B	0.0152		1.0000		1.0000	0.0964
Allele C	0.0152	0.0076				0.8579
Allele D		0.3858				0.0305
Allele E		0.0431				
Allele F		0.4569				
Allele G		0.1066				

Tableau 4 : Fréquences alléliques de la sous-espèce *adstringens*.*Allele Frequency of adstringens subspecies*

Allele\Locus	endo_1	lap_1	ICD_1	ICD_2	ADH_1	ADH_2
Allele A			0.5000	1.0000		
Allele B		0.0020				1.0000
Allele C	0.0060	0.7056	0.5000		1.0000	
Allele D	0.9214	0.0605				
Allele E	0.0423	0.2319				
Allele F	0.0302					
Allele G						

Pour la sous-espèce *tomentosa*, le taux d'hétérozygotie observé est relativement équivalent à celui attendu ; ce qui fait que l'indice de fixation de Wright est non biaisé (Tableau 6).

Cependant pour la sous-espèce *adstringens*, le taux d'hétérozygotie observé est largement supérieur à celui attendu. Ce fait a entraîné un déficit d'hétérozygotes significatif comme indiqué par l'indice de fixation de Wright.

La sous-espèce *leiocarpa* ne présente pas de déficit en hétérozygotes.

FREQUENCES ALLELIQUES

Les 4 systèmes enzymatiques analysés ont montré une large variation phénotypique (Figure 3). Les différences d'intensité de coloration des bandes ont été interprétées comme des différences de dosage allélique dans ce complexe polyploïde, où le génome d'un individu peut être dupliqué. Ainsi, un allèle peut être représenté par une à quatre copies (tétraploïdes), ou plus (hexaploïdes, octoploïdes etc.). Les fréquences alléliques des sous-espèces sont présentées dans le tableau 7.

Pour certains *loci* comme les Lap_1 la sous-espèce *leiocarpa* a exprimé tous les allèles observés (Tableau 5). Par contre certains allèles rares ont été rencontrés chez cette sous-espèce et très peu chez les sous-espèces originaires du Sénégal (exemple : ICD_1 ; ICD_2 ; ADH_1).

Le *locus* ADH_2 présente 4 allèles chez les sous-espèces *leiocarpa* et *tomentosa* tandis que chez la sous-espèce *adstringens* il présente seulement 1 allèle. Le même phénomène a été observé au *locus* ICD_1 ; en effet la sous-espèce *leiocarpa* présente 4 allèles à ce *locus* tandis que la sous-espèce *adstringens* en présente 2 et pour la sous-espèce *tomentosa*, un seul allèle a été rencontré à ce *locus*.

INDICES DE DIVERSITE

Sur les six systèmes enzymatiques analysés chez les trois sous-espèces d'*Acacia nilotica*, 25 *loci* ont été observés, ce qui correspond à une moyenne de 4,16 allèles par *locus*, avec un pourcentage de 69,33 % de *loci* polymorphes.

L'analyse de l'indice de fixation ($F_{is} = 1 - H_o / H_e$) (H_o étant le taux d'hétérozygotie observé et H_e le taux d'hétérozygotie attendu), montre une valeur faible pour la sous-espèce *tomentosa* ($F_{is(T)} = 0,1080$) ce qui indique un léger déficit en hétérozygotes. Par contre la sous-espèce *adstringens* a un indice de fixation négatif. En effet, le taux

d'hétérozygotie observé est relativement supérieur au taux attendu ($F_{is(A)} = -0,4104$). La sous-espèce *leiocarpa* présente quant à elle, un indice de fixation assez élevé ($F_{is(L)} = 0,2737$). En effet, pour cette sous-espèce, le taux d'hétérozygotie observé (H_o) est nettement inférieur à celui attendu (H_e) (Tableau 8).

Tableau 5 : Fréquences alléliques de la sous-espèce *leiocarpa*.

Allele frequency of leiocarpa subspecies.

Allele\Locus	endo_1	lap_1	ICD_1	ICD_2	ADH_1	ADH_2
Allele A	0.0681	0.0201	0.0356	0.3417		0.0482
Allele B	0.0136	0.1057	0.9308	0.6583	0.083	0.4078
Allele C	0.0052	0.2072	0.0021		0.917	0.5262
Allele D	0.0472	0.1744	0.0314			0.0178
Allele E	0.8354	0.1871				
Allele F	0.0304	0.1829				
Allele G		0.1226				

Tableau 6 : Taux d'hétérozygotie observés et attendus chez les trois sous-espèces (3) d'*Acacia nilotica*.

Observed and expected heterozygosity of three (3) Acacia nilotica subspecies.

Loci	Taille des échantillons	H_o	H_e^*	Nei**	H moyen
ENDO_1	1844	0.1171	0.6700	0.6696	0.1673
LAP_1	1836	0.6024	0.7995	0.7990	0.6351
ICD_1	1844	0.3037	0.4749	0.4746	0.2104
ICD_2	1844	0.0022	0.4494	0.4492	0.1500
ADH_1	1842	0.0011	0.3819	0.3817	0.0507
ADH_2	1844	0.4761	0.5412	0.5409	0.2693
Moyenne	1842	0.2504	0.5528	0.5525	0.2471

* Homozygotie et hétérozygotie attendues ont été analysées selon la méthode Levene (1949).

** (Nei, 1972)

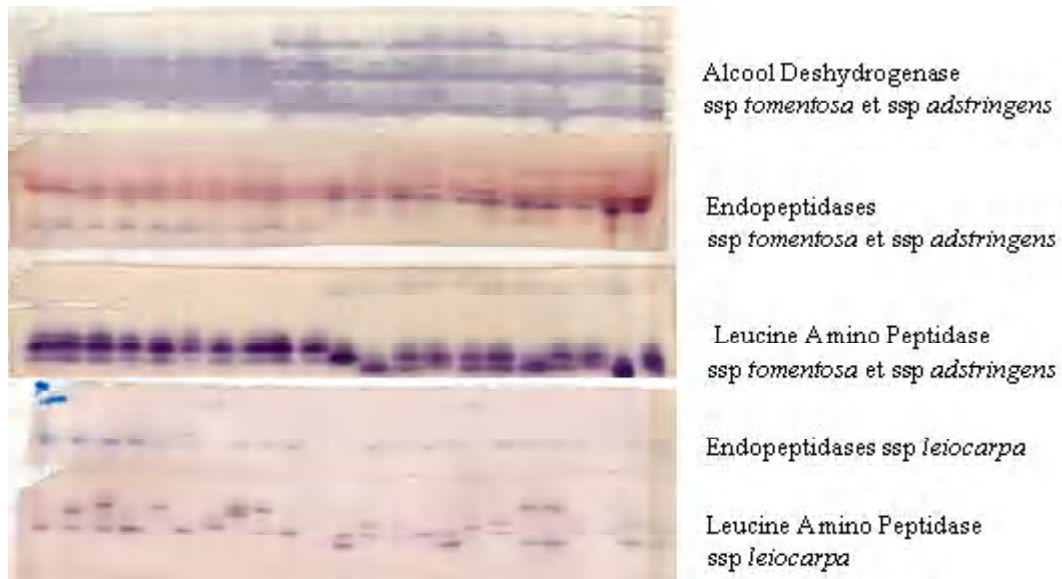


Figure 3 : Quelques exemples de profils des zymogrammes obtenus chez les trois sous espèces d'*Acacia nilotica*.

Examples of zymogrammes profils obtained in three Acacia nilotica subspecies.

Tableau 7 : Fréquences alléliques des différentes sous-espèces d'*Acacia nilotica* (Nei, 1978).

Overall allele frequency of different Acacia nilotica subspecies (Nei, 1978).

Allele /Locus	ENDO_1	LAP_1	ICD_1	ICD_2	ADH_1	ADH_2
Allele A	0.2424	0.0103	0.1529	0.6594		0.0282
Allele B	0.0103	0.0550	0.6952	0.3406	0.2568	0.5005
Allele C	0.0076	0.2990	0.1356		0.7432	0.4555
Allele D	0.2722	0.1890	0.0163			0.0157
Allele E	0.4436	0.1683				
Allele F	0.0239	0.1923				
Allele G		0.0861				

Tableau 8 : F-Statistics et flux de gènes pour tous les loci analysés (Nei, 1978).

F-Statistics and gene flow for all loci (Nei, 1978).

Loci	Taille des échantillons	Fis	Fit	Fst
ENDO_1	1844	0.4044	0.8556	0.7575
LAP_1	1836	0.1002	0.2735	0.1926
ICD_1	1844	-0.6903	0.3235	0.5998
ICD_2	1844	0.9907	0.9959	0.5622
ADH_1	1842	0.9862	0.9985	0.8900
ADH_2	1844	-0.3053	0.3431	0.4967
Moyenne	1842	0.1009	0.5909	0.5450

DISCUSSION

En raison de la polyploïdie reconnue de certaines sous-espèces d'*Acacia nilotica* (Vassal et Lescarne, 1976 ; Ross, 1979), le premier problème lié à l'analyse de la diversité génétique de cette espèce est de trouver les marqueurs génétiques appropriés. Les profils des zymogrammes obtenus chez les polyploïdes sont souvent extrêmement complexes en raison de la multiplicité des allèles qui peuvent être rencontrés chez un individu, rendant l'interprétation des profils génétiques difficiles (Roose et Gottlieb, 1976 ; Soltis et Reiseberg, 1986 ; Hamrick *et al.*, 1992).

La deuxième difficulté liée à l'analyse de ces populations polyploïdes est de connaître exactement le mode de ségrégation des caractères génétiques. Des auteurs comme Mandal *et al.* (1994) et Mandal et Ennos, (1995) considèrent la sous-espèce *leiocarpa* comme étant un allotetraploïde.

Les allopolyploïdes sont considérés comme ayant une ségrégation de type disomique au cours de la méiose tandis que les autotetraploïdes présentent une ségrégation de type polysomique. Cependant l'origine de la polyploïdie est souvent méconnue. La seule façon de trouver le mode de ségrégation des espèces lors de la méiose est de mener des fécondations croisées (Quiros, 1982 ; Soltis et Soltis, 1989).

Les résultats obtenus pendant les recherches permettent de remarquer que génétiquement, il y a beaucoup plus de similitudes entre les sous-espèces *leiocarpa* et *tomentosa* qu'entre les sous-espèces *tomentosa* et *adstringens* originaires du Sénégal.

Cela indique qu'il n'y a aucune corrélation entre des distances géographiques et des distances génétiques. La sous-espèce *leiocarpa* présente un fort taux de polymorphisme par rapport aux sous-espèces *tomentosa* et *adstringens*. Ce phénomène pourrait s'expliquer par l'histoire de l'origine géographique des sous-espèces analysées. En effet, on considère la corne de l'Afrique d'où sont originaires les échantillons de la sous-espèce *leiocarpa* comme étant un grand centre de spéciation ; ce qui pourrait

engendrer la grande richesse allélique observée au niveau de cette sous-espèce. Par contre, la sous-espèce *adstringens* que l'on considère toujours comme essentiellement tétraploïde présente de manière surprenante un faible taux de polymorphisme. Par ailleurs les taux d'hétérozygoties observés au cours de l'étude peuvent être mis en corrélation avec ceux obtenus lors de précédentes études sur *Acacia nilotica* et d'autres *Acacia* sahéliens (Joly *et al.*, 1992 ; Varghese *et al.*, 1999 ; Mandal et Ennos, 1995).

CONCLUSION

Les études montrent que l'*Acacia nilotica* est une espèce qui présente une grande diversité génétique mais cette diversité est très variable selon la sous-espèce considérée. Les sous-espèces originaires du Sénégal ont globalement montré une plus faible diversité comparée à la sous-espèce *leiocarpa* originaire d'Afrique de l'Est. Les marqueurs enzymatiques sont un outil simple à utiliser mais ils ne permettent cependant pas de révéler un fort taux de polymorphisme. Il est donc nécessaire d'élargir l'analyse aux autres sous-espèces du complexe pour avoir une vision d'ensemble de la diversité génétique de ce complexe d'espèces. Par ailleurs il est souhaitable de définir au préalable les niveaux de ploïdie et le mode de ségrégation chromosomique lors de la méiose des différentes sous-espèces d'*Acacia nilotica*. La connaissance de ces paramètres aidera considérablement à l'interprétation des profils enzymatiques qui sont très complexes chez les polyploïdes. A cet effet, une analyse cytogénétique incluant les comptages chromosomiques et une cytofluorimétrie permettra de définir très rapidement les niveaux de ploïdie de ce complexe d'espèces. Aussi, l'utilisation de marqueurs moléculaires pouvant révéler un plus fort taux de polymorphisme est souhaitable afin de compléter cette étude. La connaissance de la variabilité génétique des différentes sous-espèces d'*Acacia nilotica* contribuera largement à établir un programme de gestion et d'utilisation durable de ces ressources phytogénétiques au Sénégal et en zone Sahélienne.

REFERENCES

- Brenan J. P. M. 1983. Manual on taxonomy of *Acacia* species. Present taxonomy of four species of *Acacia* (*A. albida*, *A. senegal*, *A. nilotica*, *A. tortilis*). FAO, Rome, 47 p.
- Cardoso C. 1995. Contribution à l'étude de la diversité génétique des acacias sahéliens : l'*Acacia tortilis* ssp. *raddiana* au Sénégal. Thèse de Doctorat, Université Paris-sud, 220 p.
- Chevallier M. H., Brizard J. P., Diallo I. et J. M. Leblanc. 1994. La diversité génétique dans le complexe *Acacia senegal*. Bois et forêts des tropiques, 240 : 5 - 12.
- Comte R., Nodari R.O., Venkovsky R. and M. Sandrez dos Reis. 2003. Genetic diversity and recruitment of the tropical palm, *Euterpe edulis* Mart., in a natural population from Brazilian Atlantic Forest. *Heredity* 91 : 401 - 406.
- Fagg C. W. and J. L. Stewart. 1994. The value of *Acacia* and *Prosopis* in arid and semi-arid environment. *Journal of Arid Environments* 27 (1) : 3 - 25.
- F.A.O. 1994. Conservation des ressources génétiques dans l'aménagement des forêts tropicales. Principes et concepts. Etude FAO forêts, 101 p.
- Gottlieb L. D. 1981. Electrophoretic evidence and plant populations. *Prog. Phytochem*, 7 : 1 - 46.
- Hartl D. L. and A. G. Clark. 1993. Principles of population genetics. 3rd Edition, Sinauer Associates, Sunderland, MA, 519 p.
- Hartl D. L. 1994. Génétique des populations. Médecine-Sciences. Paris Flammarion, 305 p.
- Hamrick J. L., Godt M. J. W. and S. L. Sherman-Broyles. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plants species. *New For.* 6 : 95 - 124.
- Harrier L. A. P., Whitty W., Sutherland J. M. and J. I. Sprent. 1997. Phenetic investigation of non-nodulating African species of *Acacia* (Leguminosae) using morphological and molecular markers. *Pl. Syst. Evol.* 205 : 27 - 51
- Joly H., Zeh-Nlo M., Danthu P. and C. Aygalent. 1992. Population genetics of an African *Acacia*, *Acacia albida* : Genetic diversity of populations from West Africa. *Australian Journal of Botany* 40 : 59 - 73.
- Levene H. 1949. On a matching problem arising in genetics. *Ann. Math. Stat.* 20 : 91 - 94
- Lowe A., Harris S. and P. Ashton. 2004. Ecological Genetics: Design, Analysis, and Application. Blackwell Publishing, 326 p.
- Macdonald S. E., Thomas B. R., Cherniawsky D. M. and B. G. Purdy. 2001. Managing genetic resources of lodgepole pine in west-central Alberta : patterns of isozyme variation in natural populations and effects of forest management. *Forest ecology and management* 152 : 45 - 58.
- Mandal A. K., Ennos R. A. and C. W. Fagg. 1994. Mating system analysis in a natural population of *Acacia nilotica* subspecies *leiocarpa*. *Theoretical and Applied Genetics*, 89 (7-8) : 931 - 935.
- Mandal A. K. and R. A. Ennos. 1995. Mating system analysis in a natural population of *Acacia nilotica* subspecies *kraussiana*. *Forest ecology and management* 79 : 235 - 240.
- Mitton J. B. 1994. Molecular approaches to population biology. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 25 : 45 - 69.
- Nei M. 1972. Genetic distances between populations. *The American Naturalist*, 106 : 283 - 292.
- Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89 : 583 - 590.
- Nei M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, 512 p
- Nongonierma A. 1974. Contribution à l'étude biosystématique du genre *Acacia* (Miller) *Mimosaceae* en Afrique occidentale. Thèse de Doctorat d'Etat ès Sciences Naturelles, Faculté des Sciences Université de Dakar, Sénégal, 406 p.
- Pasteur N., Pasteur G., Bonhomme F., Catalan J. et J. Brittondavidian. 1987. Manuel technique de génétique par électrophorèse de protéines. Techniques et documents, Paris Lavoisier, Coll., 210 p.
- Quiros C. F. 1982. Tetrasomic segregation for multiple alleles in *Alfalfa*. *Genetics* 101 : 117 - 127.

- Ross J. H. 1979. A conspectus of African *Acacia* species. Mem. Bot. Surv. S. Afr. 44 : 1 - 155.
- Roose M. L. and L. D. Gottlieb. 1976. Genetic consequences of polyploidy in *Tragopogon*. Evolution 30 : 818 - 830.
- Schaal B. A., Hayworth D. A., Oslen K. M., Rauscher J. T. and W. A. Smith. 1998. Phylogeographic studies in plants : problems and prospects. Molecular Ecology 7 : 465 - 474
- Soltis D. E. and L. H. Reiseberg. 1986. Autopolyploidy in *Tolmiea menziesii* (Saxifragaceae) : genetic insights from enzyme electrophoresis. American Journal of Botany 73 : 310 - 318.
- Soltis D. E. and P. S. Soltis. 1989. Terasomic inheritans in *Heuchera micrantha* (Saxifragaceae). J. Heredity 80 : 123 - 126.
- Swofford I. and E. Selander. 1989. A computer program for analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematics. Release 1.7. (University of Illinois, Department of Genetics : Illinois.) software.
- Tybirk K. 1989. Flowering pollination and seed production of *Acacia nilotica*. Nord J. Bot. 9 : 375 - 381.
- Varghese M., Edwards M. A. and J. L. Hamrick. 1999. Genetic variation within two subspecies of *Acacia nilotica*. Forest genetics 6 (4) : 221 - 228.
- Vassal J. et Lescarne N. 1976. Cytologie et taxonomie dans le genre *Acacia*. Bull. Soc. Hist. Nat. 112 : 101 - 110.
- Wickens G. E. 1995. Role of *Acacia* species in the rural economy of dry Africa and the Near East. FAO Conservation Guide N° 27, FAO, Rome, <http://www.fao.org/docrep/v5360e/v5360e00.htm>
- Young A., Boshier D. and T. Boyle. 2000. Forest Conservation Genetics : Principles and Practice. CABI Publishing Wallingford oxon, United Kingdom, 352 p.