

APPROCHE MOLECULAIRE DE L'IDENTIFICATION CHEZ LE FIGUIER : BASES POUR LA CONSERVATION ET LA CERTIFICATION

Bouchaïb Khadari

Conservatoire Botanique National Méditerranéen de Porquerolles
& UMR Biologie de Développement des Plantes Pérennes Cultivées
INRA, 2 place Viala 34060 Montpellier cedex 1 France

Résumé

Les accessions locales de figuier en collection au domaine de Aïn Taoujdate et quelques variétés principales du Conservatoire Botanique National Méditerranéen ont fait l'objet d'une caractérisation moléculaire selon une approche complémentaire à la caractérisation morphologique et pomologique. L'analyse de 89 échantillons correspondant à 64 accessions locales, 8 caprifiguiers et 14 variétés du CBNM Porquerolles à l'aide de 39 marqueurs SSR et 37 marqueurs ISSR a permis de mettre en évidence 86 profils moléculaires différents avec une très faible probabilité de confusion entre génotypes (entre 5,5 10⁻²⁰ et 1,4 10⁻¹⁰). Sur un total de 3916 paires d'accessions comparées seulement 68 paires sont différentes par 1 à 10 marqueurs moléculaires, les autres sont distinctes par 11 à 33 marqueurs, ce qui permet de valider la caractérisation moléculaire. Trois cas d'erreurs de dénomination et plusieurs cas d'homonymie ont été identifiés. Ce dernier cas pose le problème du choix du génotype de référence pour chacune de ces variétés. A ce stade de réflexion, on peut retenir l'approche selon laquelle le génotype de référence correspond au profil moléculaire commun à plusieurs arbres de différentes origines (collections, pépinières, vergers,...) et ayant les mêmes caractéristiques morphologiques. Il n'y a pas de redondance de génotypes entre les accessions de figuier en collection au domaine de Aïn Taoujdate et les 14 variétés du CBNM Porquerolles, ce qui suggère une spécificité des ressources génétiques marocaines du figuier. Néanmoins, l'analyse des relations génétiques entre les variétés montre que chaque groupe de génotypes renferme à la fois des variétés locales marocaines et des variétés du CBNMP, ce qui va à l'encontre d'une spécificité génétique. Dans le but d'une meilleure gestion et valorisation des ressources génétiques marocaines, il serait particulièrement intéressant de savoir si les variétés locales appartiennent à un seul ou plusieurs bases génétiques et de vérifier l'hypothèse de la spécificité génétique.

I. Introduction

Le figuier, *Ficus carica* L., est une espèce fruitière méditerranéenne cultivée pour la production de la figue fraîche mais également pour la figue sèche dans de nombreux pays méditerranéens. Au Maroc, compte tenu de l'ancienneté de la culture, le figuier occupe

une place non négligeable dans la plupart des zones arboricoles et en particulier dans les provinces du nord. En dépit des fortes potentialités liées à cette culture (terrain favorable, savoir-faire, diversité du matériel végétal,...), ce secteur demeure faiblement valorisé. Parmi les facteurs qui entravent son développement le manque de connaissance du matériel végétal. En effet, la culture du figuier étant essentiellement traditionnelle, les vergers sont le plus souvent constitués par un matériel végétal hétérogène. La caractérisation et l'identification des caractéristiques intrinsèques des clones est un préalable à la rénovation de ce secteur.

Classiquement, cette caractérisation est réalisée selon une approche morphologique et pomologique. Au delà du manque d'harmonisation entre différentes listes de descripteurs, cette approche est confrontée aux difficultés liées aux caractères qualitatifs et à l'appréciation de l'observateur. Par ailleurs, le nombre de descripteurs étant faible, la caractérisation pomologique se trouve limitée. Enfin, ces descripteurs ne sont pas utilisés pour l'analyse de la conformité des jeunes plants à cause de l'absence de fruit. Si certaines variétés sont aisément caractérisées par l'approche pomologique, d'autres demeurent confondues ou leur identification est incertaine. L'utilisation du polymorphisme d'ADN permet de compléter l'approche pomologique pour une identification variétale fiable et certaine, bien que son utilisation ne soit pas encore reconnue dans les démarches officielles de caractérisation (Protection des Obtentions Végétales, inscription au Catalogue Officiel).

L'approche moléculaire consiste à établir pour chacune des variétés un profil moléculaire correspondant à l'analyse de plusieurs sites du génome ou loci. Sur la base d'une dénomination certaine de la variété, le profil moléculaire correspondant est considéré comme le génotype de référence de cette variété. Il s'agit donc d'établir pour chacune des variétés le génotype de référence en vue de disposer d'une base de données moléculaires servant de référence à l'identification des cultivars. Il sera donc possible de déterminer l'identité d'un échantillon donné en comparant son profil moléculaire à la base de données établie.

Dans cette optique, les marqueurs de type " empreintes génétiques " ou " fingerprint " tels que RAPD (Random Amplified Polymorphism DNA), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), ISSR (Intersimple sequence repeats),... sont les plus adaptés à l'identification variétale. Toutefois, l'utilisation de ces techniques se heurte aux problèmes liés à la reproductibilité des résultats. De plus, les marqueurs révélés sont dominants et de ce fait, ne permettent pas de distinguer l'individu hétérozygote (Aa) de l'individu homozygote (AA). En revanche, les marqueurs comme les RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), les microsatellites,... sont co-dominants et la reproductibilité des résultats est aisément vérifiée car ils sont spécifiques de locus. Néanmoins, ils présentent l'inconvénient d'être moins informatifs que les marqueurs de type " empreintes génétiques " (Khadari et al., sous presse). L'utilisation conjointe de marqueurs de type " empreintes génétiques " et de marqueurs spécifiques de locus permet, en remédiant aux inconvénients des uns et des autres, d'avoir une identification variétale efficace et une base de données de génotypes de référence fiable.

Dans le cadre du programme PRAD n° 00-12 " Prospection, caractérisation, et sélection de génotypes performants de figuier dans les régions du Nord Marocain ", nous avons réalisé la caractérisation moléculaire des accessions locales de la collection de figuier de Aïn Toujdate en comparaison avec quelques variétés principales de la collection du Conservatoire Botanique National Méditerranéen (CBNM) de Porquerolles selon une approche complémentaire à la caractérisation pomologique (Oukabli et al., sous presse). D'après une étude préliminaire qui a consisté à comparer l'efficacité de différents types de marqueurs moléculaires (Khadari et al., sous presse), nous avons opté d'utiliser les marqueurs ISSR et les marqueurs microsatellites récemment développés (Khadari et al., 2001).

Dans ce document, les résultats de la caractérisation moléculaire sont présentés et analysés dans une optique d'utilisation comme bases à l'inscription et à la certification du matériel végétal mais aussi à la conservation des ressources génétiques.

II. Matériel et Méthodes

1. Matériel végétal

La collection de figuier au domaine de Aïn Taoujdate est issue de plusieurs prospections de types locaux en particulier dans les provinces du Nord du Maroc. Nous avons analysé un arbre par accession à l'exception de certains cas pour lesquels deux arbres de la même accession. Nous définissons une accession comme étant le n° d'introduction en collection. De ce fait, plusieurs arbres peuvent être sous la même accession (en général 3 arbres) et plusieurs accessions peuvent être sous la même dénomination (par exemple les 5 accessions de Bioudi, Tableau 1).

2. Analyse moléculaire

Le protocole d'extraction d'ADN total et les protocoles d'analyses ISSR et SSR sont décrits par Khadari et al. (2001 ; sous presse).

3. Analyse des données

Les bandes polymorphes sont codées de la manière suivante : 1 pour la présence de la bande et 0 pour son absence. De ce fait, deux individus pour lesquels une absence de bande est notée sont considérés comme identiques à ce locus. Les bandes polymorphes sont notées par le nom de l'amorce et la taille de la bande correspondante. Un profil multilocus est le résultat d'analyse d'un individu par l'ensemble des marqueurs SSR et ISSR. Une matrice binaire rassemblant tous les génotypes est construite.

Un coefficient de similarité des génotypes deux à deux est calculé à partir de la matrice binaire selon la méthode " Simple Matching " (Sokal et Sneath, 1963) qui se définit de la façon suivante : $S_{ij} = a + d / (a + b + c + d)$.

Sij est la similarité entre les deux individus i et j, a est le nombre de bandes notées chez les deux individus, b est le nombre de bandes présent chez l'individu i et absent chez l'individu j, c est le nombre de bandes présent chez l'individu j et absent chez l'individu i, d est le nombre de bandes absent chez les deux individus. Ce coefficient de similarité tient compte à la fois de la présence et de l'absence de la bande. Un dendrogramme est construit à partir de la matrice de similarité selon la méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averages; Benzecri, 1973). Le coefficient de similarité et l'algorithme UPGMA sont calculés à l'aide du programme (Clustering calculator program) développé par John Brzustowski (<http://www.biology.ualberta.ca/jbrzusto/cluster.ph>). Le dendrogramme est construit en utilisant le programme Treeview software, version 6.1 (Page, 1996).

Pour estimer le degré de fiabilité de la discrimination entre les génotypes, la probabilité pour qu'un individu soit confondu avec un génotype donné est calculée. Sous l'hypothèse de l'absence de liaison entre les marqueurs, cette probabilité est définie comme le produit de la fréquence de la présence ou de l'absence de chacune des bandes fj du profil moléculaire i : $P_i = \prod f_j$.

III. Résultats et discussion

L'analyse de 89 échantillons correspondant à 64 accessions locales, 8 caprifiugiers et 14 variétés du CBNM Porquerolles à l'aide de 39 marqueurs SSR et 37 marqueurs ISSR a permis de mettre en évidence 86 profils moléculaires différents (Figure 1 et 3). Les profils les plus distincts ont 33 marqueurs différents (par exemple la variété Néfiach et le clone Abiarous/65-3015, le clone Chbaa Ou Rgoud/10-2249 et le clone Mendar/56-2891), alors que les profils les plus similaires ne diffèrent que par un seul marqueur (par exemple le clone El Har/59-2261 et le clone Tarlit/68-2398 ou encore le clone Aboucharchaou/71-2395 et le clone Amtalaa Aarch/87-2210). Sous l'hypothèse de l'absence de liaison entre les marqueurs SSR et ISSR, la probabilité d'obtenir un profil moléculaire donné est comprise entre $1,4 \cdot 10^{-10}$ (profil moléculaire caractérisant le clone Hamra/35-2588) et $5,5 \cdot 10^{-20}$ (profil moléculaire caractérisant le clone Jeblija/8-2288). De ce fait, la probabilité de non discrimination entre génotypes est très faible, ce qui permet de valider les résultats obtenus sur la caractérisation des clones et variétés.

Chacune des 14 variétés du CBNM Porquerolles a été caractérisée par un profil moléculaire spécifique. Douqueira negra (3-10) et Abicou (5-8) sont génétiquement proches car les profils moléculaires correspondant ne diffèrent que par un seul marqueur ISSR (Figure 2). Trois erreurs de dénomination ou d'étiquetage ont été notées. Il s'agit des 3 paires d'accessions suivantes : Bioudi (1-2222) / Jeld Elhmar (89-2215), Bousbati (2-2880) / Ournakssi (5-2282) et Chbaa Ou Rgoud (10-2249) / Abiarous (65-3015). Dans ce dernier cas, 2 arbres sous la même accession Abiarous (65-3015) ont été analysés. L'arbre L9-9 a le même profil moléculaire que celui de l'accession Chbaa Ou Rgoud (10-2249), alors que l'arbre L9-8 a un profil très différent. Ce résultat suggère que l'arbre L9-9 correspond à l'accession Chbaa Ou Rgoud (10-2249). Plusieurs cas d'homonymie ont été mis en évidence (Tableau 2) et

correspondent à 2 types : 1) cas des arbres sous la même accession (par exemple Bouankirh 98-2397 arbre L2-4 et arbre L2-5), 2) cas des accessions différentes sous la même dénomination (par exemple les 5 accessions de Bioudi, Tableau 2). Les génotypes sous la même dénomination diffèrent entre eux par 12 à 28 marqueurs moléculaires à l'exception de 3 paires qui ne diffèrent que par 1 ou 2 marqueurs ISSR, il s'agit de Bioudi (64-2218)/Bioudi (1-2222), Ournakssi (6-2214)/Ournakssi (3-2280) et Rhoudane (24-2223)/Rhoudane (25-2227 ; Tableau 2). Les différences entre chacune de ces 3 paires sont négligeables et correspondent à des marqueurs ISSR seulement, ce qui suggère qu'il s'agit d'un seul et même génotype pour chacune des 3 paires d'accessions. Les 2 paires d'accessions : El quoti Lebied (49-2263) / El quoti Lezreq (62-2883) et Embar El Khal (21-2247) / Embar Lebied (7-2240) sont différentes par 17 et 6 marqueurs respectivement. El quoti Lebied et El quoti Lezreq correspondent à deux génotypes très différents, alors que Embar El Khal et Embar Lebied sont relativement proches génétiquement. Ce dernier résultat correspond au cas des variétés Col de dame noir, Col de dame blanc et Col de dame gris qui sont clairement distinctes au niveau de la couleur de l'épiderme mais partagent le même profil moléculaire (Khadari et al., 1995).

Au delà de la très faible probabilité de la non discrimination entre les génotypes, la caractérisation moléculaire des accessions de figuier en collection au domaine de Aïn Taoujdate (INRA Meknès) est validée par le fait que la plupart des paires d'accessions sont différentes par 11 à 33 marqueurs SSR et ISSR. En effet, sur un total de 3916 paires d'accessions comparées ($n(n-1)/2$; n étant le nombre d'accessions analysées), seulement 68 paires sont différentes par 1 à 10 marqueurs moléculaires (Figure 2). La caractérisation de ces paires d'accessions et en particulier celles qui ne diffèrent que par 1 à 3 marqueurs (26 paires au total, Figure 3) devrait être validée en utilisant des marqueurs moléculaires supplémentaires de type microsatellite car ce sont des marqueurs spécifiques de l'espèce.

Les cas d'homonymie mis en évidence posent le problème du choix du génotype de référence pour la variété proposée en vue de son inscription au catalogue officiel. En effet, lorsqu'il existe plusieurs génotypes différents sous la même dénomination, quels sont les critères à prendre en compte pour choisir le génotype de référence. Le cas de la variété Bioudi illustre ce problème avec ses 4 accessions qui sont différentes par 19 à 25 marqueurs. A ce niveau, la caractérisation moléculaire fait appel à l'approche morphologique et pomologique puisqu'il s'agit de préciser des caractères phénotypiques pour tel ou tel profil moléculaire. Faut-il sélectionner le génotype le plus connu et le plus répandu chez les producteurs ou alors considérer que la variété est polyclonale en prenant en compte tous les génotypes mis en évidence ? A ce stade de réflexion, on peut retenir l'approche selon laquelle le génotype de référence correspond au profil moléculaire commun à plusieurs arbres de différentes origines (collections, pépinières, vergers, ...) et ayant les mêmes caractéristiques morphologiques. Cette approche est en cours d'adoption pour définir une base de données relative au génotype de référence pour chacune des variétés françaises d'olivier (Khadari et al., 2001 ; Khadari et al., accepté).

Les accessions de figuier qui ne diffèrent entre elles que par 3 à 10 marqueurs moléculaires peuvent être considérées comme proches génétiquement. La classification des accessions de figuier décrite dans la figure 3 montre que certaines accessions sous la même dénomination sont relativement similaires (par exemple Hamra 35-2588/Hamra 22-2225, Rhoudane 24-2223/Rhoudane 25-2226, Abrouki 90-2221/Abrouki 85-2220, Figure 3), ce qui suggère que ces génotypes ont été sélectionnés dans le même pool génétique. A l'exception de la variété Dauphine (7-3) qui est très proche de l'accession Beida (11-2256, Figure 3), les résultats de la caractérisation moléculaire montrent qu'il n'y a pas de redondance de génotypes entre les accessions de figuier en collection au domaine de Aïn Taoujdate et les 14 variétés du CBNM Porquerolles, ce qui suggère une spécificité des ressources génétiques marocaines du figuier. Néanmoins, l'analyse des relations génétiques entre les variétés montre que chaque groupe de génotypes renferme à la fois des variétés locales marocaines et des variétés du CBNMP (Figure 3), ce qui va à l'encontre d'une spécificité génétique. Dans le but d'une meilleure gestion et valorisation des ressources génétiques marocaines, il serait particulièrement intéressant de savoir si les variétés locales appartiennent à une seule ou plusieurs bases génétiques et de vérifier l'hypothèse de la spécificité génétique.

IV. Conclusion

Avec une très faible probabilité de non discrimination entre génotypes et le nombre très élevé de paires d'accessions qui diffèrent par plus de 10 marqueurs SSR et ISSR, la caractérisation moléculaire des accessions de figuier en collection au domaine de Aïn Taoujdate est validée. Cette étude constitue une base de données moléculaires qui servira de référence pour l'analyse de la conformité du matériel végétal multiplié sous forme de plants mais aussi pour vérifier la redondance entre une accession candidate à l'introduction en collection et l'ensemble des accessions existantes. Par ailleurs, en mettant en évidence plusieurs cas d'homonymie, cette étude a posé le problème du choix du génotype de référence pour chacune de ces variétés. Enfin, les résultats obtenus sur la caractérisation de la collection de Aïn Taoujdate sont à mettre en relation avec les travaux réalisés sur les relations sauvages - cultivés chez *Ficus carica* L. dans le Bassin Méditerranéen (programme de recherche du CBNM Porquerolles soutenu en partie par le Bureau des Ressources Génétiques, Paris). Sur la base d'une différenciation génétique des populations naturelles au niveau local ou régional (résultats attendus du programme du CBNM Porquerolles), il est possible d'identifier au sein de la collection de Aïn Taoujdate les accessions génétiquement proches ou apparentées aux populations sauvages locales ou régionales et qui correspondraient à des ressources génétiques marocaines.

V. Remerciements

Je tiens à remercier toutes les personnes ayant participé à la réalisation de ce travail : Ahmed Oukabli, Ali Mamouni, Mohamed Ater, Isabelle Hochu, Sylvain

Santoni et Jean Paul Roger. Ce travail a été réalisé dans le cadre du programme PRAD n° 00-12 " Prospection, caractérisation, et sélection de génotypes performants de figuier dans les régions du Nord Marocain ".

VI. Références

Benzécri J.P., 1973. L'analyse des données. Tome I. La taxonomie. Eds Dunod, Paris.

Khadari B., Breton C., Moutier N., Roger J.P., Besnard G., Bervillé A. & Dosba F. The use of molecular markers for germplasm management in French olive collection. Accepté pour publication dans Theor. Appl. Genet.

Khadari B., Hochu I., Santoni S. and Kjellberg F. 2001. Identification and characterisation of microsatellite loci in the common fig (*Ficus carica* L.) and representative species of genus *Ficus*. Mol. Ecol. Notes. 1, 191-193.

Khadari B., I. Hochu., S. Santoni, A. Oukabli, M. Ater, J.P. Roger and F. Kjellberg. Which molecular markers are best suited to identify fig cultivars: a comparison of RAPD, ISSR and microsatellite markers. Acta Horticulturae (sous presse).

Khadari B, Moutier N, Dosba F (2001) Approche moléculaire de la caractérisation des variétés françaises d'olivier : construction d'une base de données de génotypes de référence. Olivae 87:29-32.

Khadari B., Lashermes Ph. & Kjellberg F. 1995. RAPD fingerprints for identification and genetic characterization of fig (*Ficus carica* L.) genotypes. Journal of Genetics and Breeding 49: 77-86.

Khadari B., Hochu I., Sylvain S., Oukabli A., Mamouni A., Ater M., Roger J.P. and F. Kjellberg. Diversified Moroccan fig germplasm: evidence from molecular analysis. (article en préparation pour Euphytica).

Oukabli A., A. Mamouni, M. Laghezali, M. Ater, B. Khadari, J. P. Roger and F. Kjellberg. 2001. Genetical variability in Moroccan fig (*Ficus carica* L.) based on morphological and pomological data. Acta Horticulturae (sous presse).

Page, R. D. M. 1996. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. Computer.

Sokal R.R. & Sneath P.H.A. 1963. Principles of numeric taxonomy. Freeman, San Francisco.

Tableau 1. Liste des accessions de figuier analysées

Dénomination	N° accession	Dénomination	N° accession
Abiarous ^{1, a}	65-3015	Jeld Elhmar ¹	89-2251
Aboucharchaoui	71-2395	Kahoulia ¹	32-2251
Abrouki ¹	90-2221	Mendar ¹	56-2891
Ahra ¹	63-2870	M'hadeq ¹	36-2239
Aicha Moussa ¹	57-2208	Mtioui ¹	50-2893
Amtalaa Aarch ¹	87-2210	Nabout ¹	42-2893
Aoud Elmaa ¹	51-2217	Noukali ¹	31-2254
Aounq El Hmam ¹	94-2876	Ournakssi ¹	3-2280, 5-2282, 6-2214
Arouchi ¹	85-2220	Reggoudi ¹	16-2895
Assel ¹	92-2890	Rhazzali ¹	46-2884
Azendjar ¹	97-2113	Rhoudane ¹	24-2223, 25-2227
Azougouar ¹	102-2116	Rhouli ¹	82-2216
Bioudi ¹	1-2222, 53-2878, 61-2255, 64-2218, 66-2258	Sebti ¹	4-2898
Beida ¹	11-2256	Tameriout ¹	67-2400
Bouankirh ^{1, a}	98-2397	Taranimt ¹	72-2399
Bourqui ¹	48-2219	Tarlit ¹	68-2398
Bousbati ¹	2-2880	Amzin ²	-
Chaari ¹	95-2881, 96-2587	C18-Ouzidane ²	-
Chbaa Ou Rgoud ¹	10-2249	Doukar tardif C5 ²	-
El Har ¹	59-2261	Echellah ²	-
El Hmiri ¹	88-2224	Front d'eloued C11 ²	-
El Khal ^{1, a}	84-2283	Front d'eloued C13 ²	-
El quoti Lebied ¹	49-2263	Kasbat Skhirat ²	-
El quoti Lezreq ¹	62-2883	Titent Scourt C17 ²	-
Embar El Khal ¹	21-2247	Abicou ³	5-8b
Embar Lebied ¹	7-2240	Bourjassotte noire ³	3-3b
Fassi ¹	33-2267	Brunswick ³	8-12 b
Ferquouch Jmel ¹	13-2226	Col de dame noir ³	4-12 b
Ferzaoui ¹	93-2289	Dauphine ³	7-12 b
Filalia ¹	34-2211	Dorée ³	7-23 b
Ghadar El Arch ¹	60-2213	Douqueira negra ³	3-10 b
Hafer El Brhel ¹	44-	Grise de la Saint Jean ³	9-6 b
Hafer Jmel ¹	58-2253	Jaune ³	7-27 b
Ham Rham ¹	91-2866	Longue d'Août ³	5-7 b
Hamra ¹	22-2225, 35-2588, 86-2252	Nefiach ³	3-28 b
Hayoul ¹	83-2250	Pastilière ³	5-15 b
Hmidi ¹	52-2250	Précoce ronde de Bordeaux ³	5-30 b
Jebli ¹	8-2288	Sultane ³	1-7 b

- 1 - Clones de figuier locaux (collection Aïn Taoujdate, INRA Meknès, Maroc)
 2 - Clones de caprifuier locaux (collection Aïn Taoujdate, INRA Meknès, Maroc)
 3 - Variétés de figuier (collection du Conservatoire Botanique National Méditerranéen de Porquerolles)
 a deux arbres analysés pour une même accession
 b N° de rangée et n° d'arbre dans la parcelle

Tableau 2. Comparaison des accessions de figuier sous la même dénomination.

Dénomination		Nombre de marqueurs différents	
Accession 1	Accession 2	SSR	ISSR
Abiarous (65-3015, arbre L9-8)	Abiarous (65-3015, arbre L9-9)	7	14
Bioudi (64-2218)	Bioudi (61-2255)	7	12
Bioudi (64-2218)	Bioudi (53-2878)	6	16
Bioudi (64-2218)	Bioudi (66-2258)	10	13
Bioudi (64-2218)	Bioudi (1-2222)	0	2
Bioudi (61-2255)	Bioudi (53-2878)	10	14
Bioudi (61-2255)	Bioudi (66-2258)	9	14
Bioudi (61-2255)	Bioudi (1-2222)	7	10
Bioudi (53-2878)	Bioudi (66-2258)	12	13
Bioudi (53-2878)	Bioudi (1-2222)	6	16
Bioudi (66-2258)	Bioudi (1-2222)	10	13
Bouankirh (98-2397, arbre L2-4)	Bouankirh (98-2397, arbre L2-5)	7	12
Chaari (95-2881)	Chaari (96-2587)	5	9
El Khal (84-2283, arbre L11-1)	El Khal (84-2283, arbre L11-3)	9	19
El quoti lebid (49-2263)	El quoti lezreq (62-2883)	9	8
Embar El Khal (21-2247)	Embar Lebid (7-2240)	0	6
Hamra (35-2588)	Hamra (22-2225)	5	7
Hamra (35-2588)	Hamra (86-2252)	6	8
Hamra (22-2225)	Hamra (86-2252)	10	11
Ournakssi (5-2282)	Ournakssi (6-2214)	8	11
Ournakssi (5-2282)	Ournakssi (3-2280)	8	10
Ournakssi (6-2214)	Ournakssi (3-2280)	0	1
Rhoudane (24-2223)	Rhoudane (25-2227)	0	2
Front d'eloued C11	Front d'eloued C13	7	6

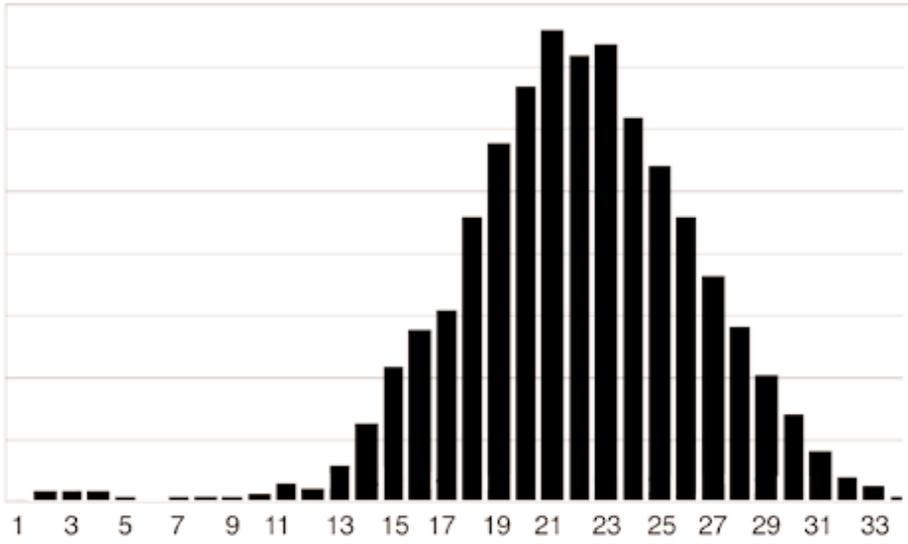


Figure 2. Distribution du nombre de paires d'accessions selon le nombre de marqueurs