

ID-O3

Identification moléculaire de trois souches pathogènes de *Penicillium expansum* isolées des pommes produites dans l'Est Algérien

Krouma Hamida¹, Milet Asma¹, Talhi Imène¹, Hamidechi Mohamed Abdelhafid², Jaouani Atef³,
Kacem Chaouche Noredine¹ et Dehimet Laid¹.

¹Laboratoire de Mycologie, de Biotechnologies et de l'Activité Microbienne, Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, Université des Frères Mentouri Constantine 1, Algérie.

²Laboratoire de Biologie Cellulaire et Moléculaire, Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, Université des Frères Mentouri, Constantine1, Algérie

³Laboratoire Microorganismes et Biomolécules Actives, Faculté des Sciences de Tunis, et Institut Supérieur des Sciences Biologiques Appliquées de Tunis, Université Tunis El Manar, Tunis, Tunisie

hamida.krouma@yahoo.fr

Résumé

La sécurité alimentaire est la préoccupation majeure de l'homme car, les produits chimiques, sont de plus en plus, présents dans notre environnement. Les produits alimentaires sont une importante voie d'exposition aux contaminants et représentent une source de contamination par divers microorganismes, parmi lesquels ; les moisissures. L'attaque des aliments par ces champignons saprophytes ne se réduit pas simplement à l'altération des qualités organoleptiques et nutritionnelles des denrées alimentaires, mais réside aussi dans la présence de métabolites toxiques appelés «mycotoxines» qu'ils élaborent dans l'aliment envahi.

Penicillium expansum est l'un des agents pathogènes fongiques les plus courants dans le monde. Il induit la pourriture bleue ; principale maladie des pommes en post-récolte. Aussi, c'est le principal producteur de la patuline ; la mycotoxine la plus rencontrée dans les fruits et plus particulièrement les pommes et les produits à base de pommes. De ce fait, l'objectif de ce travail consiste à caractériser et identifier les souches de *P. expansum*, isolées à partir des pommes produites dans l'Est Algérien par les techniques de biologie moléculaire. Après isolement et identification préliminaire des isolats fongiques, la région ITS de l'ADN ribosomique a été amplifiée avec des amorces universelles ITS1 et ITS4 ainsi que le gène de la β -tubuline. Les produits issus de la PCR ont été analysés par électrophorèse puis séquencés. Le blast des séquences dans Genbank, a montré que les isolats S3, S4 et S7 sont des souches de *P. expansum*. Aussi, une étude phylogénétique qui consistait à évaluer les divergences entre diverses séquences a été réalisée.

Mots-clés : *Penicillium expansum*, Pommes, PCR, Séquençage, BLAST.