

# **UNIVERSITE SAAD DAHLAB BLIDA**

**Faculté des Sciences de la nature et de la vie**

**Département de Biotechnologie**

**Laboratoire de Biotechnologie des productions végétales**

**THESE DE DOCTORAT LMD**

## **ETUDE DE LA TOLERANCE A LA SECHERESSE DE PLUSIEURS VARIETES DE BLE DUR (*TRITICUM DURUM*) LOCALES ET INTRODUITES DANS LES ZONES SEMI- ARIDES.**

**Par**

**Yasmina SEMIANI**

**Devant le jury composé de:**

Benmoussa M.	Professeur	U.S.D.B	Président.
Bradea M.S.	M.C.A	U.S.D.B	Directeur de thèse
Benbelkacem A.	D.R	INRAA (Constantine)	Co-directeur de thèse
Chaouia C.	M.C.A	U.S.D.B	Examinatrice
Mefti M.	M.C.A	ENSA (El-Harrach)	Examineur

***Blida, Avril 2018.***

A mes très chers parents pour leurs  
amour et soutien

A mon époux pour sa patience

A mes deux perles précieuses

Céline et Malek

*A toute la famille Semiani et Belmiloud*

Yasmine

# ***Remerciements***

*Bien qu'une thèse soit un travail individuel, nombreuses sont les personnes qui ont rendu possible la réalisation de ce travail et que je tiens à remercier dans ces petits mots.*

*Je voudrais remercier du fond du cœur mon directeur de thèse, Dr Maria stella Bradea, enseignante à l'université de Saad Dahlab de Blida (USDB), pour sa confiance, sa patience et pour le temps qu'elle m'a accordé tout au long de ces années, ainsi que mon co-directeur de thèse, Dr Abdelkader Benbelkacem, directeur de recherche à l'INRAA de Constantine, pour son aide et ses conseils précieux.*

*Je tiens à remercier les membres du jury:*

*Professeur Benmoussa M. enseignant à l'université de Blida, qui m'a fait l'honneur de présider ce jury.*

*Madame Chaouia C. maître de conférence A à l'université de Blida et monsieur Mefti M. maître de conférence A à l'INA, de m'avoir honoré en acceptant de faire partie de ce juré.*

*Veillez agréer, l'expression de ma reconnaissance et mes remerciements les plus sincères.*

*Je remercie aussi monsieur Mohammed Semiani, directeur de la division de recherche de bioclimatologie et hydraulique agricole à l'INRAA d'Alger, pour son entière disponibilité et aussi d'avoir cru en mes capacités. Je lui suis très reconnaissante pour sa grande disponibilité, son ouverture d'esprit, son dynamisme, son optimisme, ainsi que pour ses multiples et précieux conseils scientifiques et professionnels.*

*Je tiens à exprimer mes plus sincères remerciements à tout le personnel de l'INRAA et très spécialement Melle Oumata sabrina et Melle Yahiyaoui samia chercheuses à l'INRAA.*

*Je tiens aussi à remercier toutes les personnes qui ont contribué à ce travail, de près ou de loin.*

## Abstract

The aim of this work is to characterize 17 genotypes of durum wheat in order to identify the morpho-phenological, physiological and molecular parameters involved in the processes of plant adaptation to stress. Two experiments have taken place; A trial in the field and a trial under stress conditions.

In the first trial conducted in the field to compare the productivity and performance of the varieties studied under the Mitidja conditions. Several measurements have been made in terms of phenology, morphology and physiology. The results showed a significant difference between all the genotypes, so, a high genetic variability. The MIN / PLA genotype, unlike the BCR genotype, is the earliest. The SORA, ALTA and LLAR genotypes are distinguished by very important length of barbs (LB), length of spike (LS), 1000 grains weight (PMG), weight of grain by spike (WG/S) and very high yield. The TAR genotype is characterized by plant height (HP), spike width (SW), number of grains/spikes (NG/S) and rate of chlorophyll (Ch). The PLATA line is characterized by the highest growth rate (V) and important leaf area (LA).

In the second trial carried out under stress conditions, for the study of effect of water stress on durum wheat. The results showed that the effect of water stress on the morphological and physiological functions of durum wheat plants results in a significant decrease in plant height (HP), length of peduncle (LP) Leaf area (LA), number of total tillers (NTT), total fresh matter (MSFT), total dry matter (MSST), 1000 grain weight (PMG), Chlorophyll (Ch), the relative water content (TRE%). On the other hand, a significant increase in the maximum depth of the roots and the concentration of the proline is observed under water stress. The status of foliar development has generally been little affected by water stress. The study showed that water stress causes the same response mechanisms in the 17 genotypes but to different degrees.

An additional study carried out in the molecular biology laboratory in order to determine the genetic basis of phenotypic variation, showed the existence of a genetic variability between the genotypes studied and a significant association between the phenotype and the molecular markers used. Some markers are associated with a single character such as the WMC54 associate with chlorophyll, WMC177 associate with number of spikelets per spike, Xgwm408 length of peduncle, WMC167 associate with foliar largeness and Xgwm11 associate with traits yield markers, while others are associated with variation of several characters at the time, such as the Xgwm6 marker involved in The variation of the following characters: Heading date (DH), total number of tillers (NTT) and yield (RTD), marker Xgwm251 is involved in variation in plant height (HP) and length of peduncle (LP). The SSRs marker Xgwm148 is involved in the variation of the following traits: yield (RDT), number of spikelets per spike (Nept /S), grain weight per spike (PG/S) and foliar width (LRF).

**Key words:** Durum wheat (*Triticum durum* Desf), water stress, microsatellites, genetics associations.

## Résumé

L'objectif visé par ce travail consiste en la caractérisation de 17 génotypes de blé dur en vue d'identifier les paramètres morpho-phénologiques, physiologiques et moléculaires impliqués dans les processus d'adaptation des plantes à la contrainte hydrique. Deux expérimentations ont eu lieu; un essai en plein champs et un essai en conditions semi-contrôlées.

Dans le premier essai mené au champ à fin de comparer la productivité et la performance des variétés étudiés dans les conditions de la Mitidja. Plusieurs mesures ont été réalisées sur les plans phénologique, morphologique et physiologique. Les résultats ont montrés une différence significative entre l'ensemble des génotypes, donc une variabilité génétique importante. Le génotype MIN/PLA contrairement au génotype BCR est le plus précoce. Les génotypes SORA, ALTA et LLAR se distinguent par une longueur des barbes (LB), longueur de l'épi (LE), poids de milles grains (PMG), poids des grains par épis (PG/épis) et un rendement très importants. Le génotype TAR se caractérise par une hauteur des plantes (HP), une largeur des épis (LRE), un nombre de grains/épis (NG/EPI) et un taux de la chlorophylle (Ch) très élevé. La variété PLATA est caractérisée par une vitesse de croissance (V) et une surface foliaire (SF) les plus élevés.

Dans le deuxième essai mené en conditions semi-contrôlées, pour l'étude du comportement des 17 génotypes vis-à-vis du stress hydrique. Les résultats ont montré que l'effet du stress hydrique sur les fonctions morphologiques et physiologiques des plantes de blé dur se traduit par une baisse significative de la hauteur des plantes (HP), la longueur du pédoncule (LP), la longueur de l'épi (LE), la surface foliaire (SF), le nombre de talles total (NTT), la partie de la matière fraîche total (MSFT), la matière sèche total (MSST), le poids de milles grains PMG, le taux d chlorophylle (Ch), la teneur relative en eau (TRE%). Par contre une augmentation significative de la profondeur maximale des racines et de la concentration de la proline est observée sous stress hydrique. Le statut du développement foliaire a été, d'une façon générale, peu affecté par le stress hydrique. L'étude a montré que le stress hydrique provoque les mêmes mécanismes de la réponse chez les 17 génotypes mais à des degrés différents.

Une étude complémentaire effectuée au laboratoire de biologie moléculaire à fin de déterminer les bases génétiques de la variation phénotypique, a montrée l'existence d'une variabilité génétique entre les génotypes étudiés et une association significative entre le phénotype et les marqueurs moléculaires utilisés. Certains marqueurs sont associés à un seul caractère tel que les marqueurs WMC54 associé avec la chlorophylle, WMC177 lié aux nombres d'épillets/épi, Xgwm408 lié à la longueur du pédoncule, WMC167 lié à la largeur foliaire et Xgwm11 lié au rendement, tandis que d'autre sont associés à la variation de plusieurs caractères à la fois, tel que le marqueur Xgwm6 qu'est impliqué dans la variation des traits suivants date d'épiaison (DE), nombre de talles total (NTT) et le rendement (RDT). Le marqueur Xgwm251 est impliqué dans la variation de la hauteur de la plante (HP) et la longueur du pédoncule (LP). Le marqueur SSRs Xgwm148 est impliqué dans la variation des traits suivants le rendement (RDT), le nombre d'épillets par épi (Nept/épi), poids de grains par épi (PG/epi) et la largeur foliaire (LRF).

**Mots clés:** Blé dur (*Triticum durum* Desf), stress hydrique, microsatellites, génétique d'association.

## ملخص

الهدف المراد من هذا العمل، يتمثل في وصف 17 صنف من القمح الصلب من أجل تحديد العوامل الفيزيولوجية ،  
المورفولوجية و الوراثة التي تتدخل في عملية التكيف مع العجز المائي مع تجربتين : تجربة في الحقل و تجربة في  
ظروف شبه خاضعة للرقابة.

التجربة الأولى تمت على مستوى الحقل من أجل مقارنة القدرة الإنتاجية للأصناف المدروسة تحت ظروف المتيجة، عدة  
قياسات تم إنجازها للصفات المورفولوجية و الفيزيولوجية. أظهرت النتائج وجود تباين بين أغلب الأصناف المدروسة، إذن  
وجود تنوع وراثي مهم. النمط PLA/MIN عكس النمط BCR مبكرة.

الأنماط، ALTA, SORA و LLAR تتميز بطول السفاء، طول السنبله، وزن الألف حبة، ثقل الحب في السنبله و بمرود  
عالي. النمط TAR يتميز بطول النبات، عرض الحبة، عدد الحب في الذرة و كمية كلوروفيل عالية جدا. النمط PLATA  
يتميز بسرعة نمو عالية و عرض ورقي كبير .

التجربة الثانية تمت في ظروف شبه خاضعة للرقابة من أجل دراسة رد فعل 17 نمط من خلال العجز المائي. النتائج بينت  
أن العجز المائي أثر على سير الخصائص المورفولوجية و الفيزيولوجية لنبات القمح الصلب تتمثل في انخفاض الخصائص  
التالية: طول النبات، طول عنق النبات، طول السنبله، العرض الورقي. المادة الرطبة الكلية، المادة الجافة الكلية، ثقل الألف  
حبة، كمية الكلوروفيل و المحتوي المائي النسبي. على عكس عمق الجذور عرفت ارتفاع تحت العجز المائي و أيضا تراكم  
البرولين. التطور الورقي كان بصفة عامة قليل التأثير بالعجز المائي. الدراسة بينت أن العجز المائي سبب نفس ردت فعل  
الميكانيزمات لجميع الأنماط المدروسة لكن بدرجات مختلفة .

على مستوى مخبر البيولوجية الجزيئية من أجل تحديد الأساس الجيني للتباين المظهري بواسطة دراسة العلاقة بين السمات  
الحقلية و الجينية بواسطة استعمال المؤشرات الجزيئية من نوع sSSR (التكاثر التسلسلي البسيط). النتائج أظهرت وجود  
إرتباط أغلبية المؤشرات المدروسة معنويا مع الصفات المدروسة. بعض المؤشرات الجزيئية مرتبطة بصفة واحدة مثل  
المنشورات WMC54, WMC177, Xgwm408, WMC167 و Xgwm 11. البعض الآخر مرتبطة بعدة صفات,  
مثل المؤشر الجزيئي Xgwm6 الذي يتدخل في تغير الصفات التالية : موعد طرد السنابل و المرود. المؤشر  
Xgwm251 يتدخل في تغير طول النبات و طول عنق النبات. المؤشر Xgwm148 يتدخل في تغير المرود، عدد  
السنبلات في السنبله، ثقل الحب في السنبله و العرض الورقي.

**الكلمات المفتاحية :** القمح الصلب ، العجز المائي ، البرولين، المؤشرات الجزيئية.

## ***INDEX DES FIGURES***

<b>01:</b> Lieux d'origine et diffusion de Blé dur à travers le monde.....	04
<b>02:</b> Phylogénie des blés (Croston et Williams, 1981).....	05
<b>03:</b> Le cycle de développement du blé (Zadoks et al. (modifié) 1974.....	06
<b>04:</b> Evolution de la production des céréales en Algérie 2008-2013.....	12
<b>05:</b> Représentation générale de la réponse aux stress chez les plantes.....	22
<b>06:</b> Sélection des Hétérozygotes sous l'effet de l'autofécondation.....	24
<b>07:</b> Principe de la technique SSRs.....	31
<b>08:</b> Un marqueur microsatellite de motif (TA) avec les régions flanquantes. Source: <i>Biologie et Multimédia - Université Pierre et Marie Curie - UFR de Biologie</i> .....	32
<b>09:</b> Dispositif expérimental en plein champs.....	39
<b>10:</b> Dispositif expérimental en conditions semi-contrôlées .....	41
<b>11:</b> Cumul des précipitations des campagnes 2013-2014, 2014/2015.....	44
<b>12:</b> Température moyenne mensuelle des campagnes 2013-2014 et 2014/2015.....	44
<b>13:</b> Température moyenne et humidité relative moyenne mensuelle des deux campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015.....	45
<b>14:</b> Différentes étapes pour la détermination du stade épi 1cm .....	47
<b>15:</b> Différentes étapes pour le calcul de la TRE%.....	51
<b>16:</b> Différentes étapes pour l'extraction et le dosage de la proline .....	52
<b>17:</b> Courbe étalon du dosage de la proline.....	53
<b>18:</b> Nettoyage, préparation des plaques et coulage du gel acrylamide.....	55
<b>19:</b> Dépôt et migration électrophorétique des amplifias.....	56
<b>20:</b> Révélation du gel acrylamide par coloration au nitrate d'argent.....	57
<b>21:</b> Durée d'épiaison chez les 17 génotypes en plein champs (campagne 2014/2015).....	62
<b>22:</b> Stade épi 1cm chez les 17 génotypes en plein champs (campagne 2013/2014).....	63
<b>23:</b> Hauteur de la plante des 17 génotypes en plein champs .....	64
<b>24:</b> Hauteur des plantes sous deux régimes hydriques (irrigué et non irrigué).....	65
<b>25:</b> Moyenne de la longueur du pédoncule des différents génotypes en plein champs.....	66
<b>26:</b> Longueur du pédoncule chez les différents génotypes en conditions semi-contrôlées.....	67
<b>27:</b> Longueur moyenne de l'épi chez les différents génotypes en plein champs.....	69
<b>28:</b> Longueur de l'épi chez les différents génotypes en conditions semis contrôlées.....	70
<b>29:</b> Largeurs moyennes des épis des plants des 17 génotypes en plein champs.....	71

<b>30:</b> Longueur moyenne des barbes des plants des 17 géotypes pour les deux campagnes ...	72
<b>31:</b> Moyenne du nombre de talles total chez les 17 géotypes pour les deux campagnes .....	73
<b>32:</b> Vitesse de croissance des talles chez les 17 Géotypes.....	74
<b>33:</b> Nombre de talles total chez les 17 géotypes en conditions semi-contrôlées.....	75
<b>34:</b> Moyenne du nombre de talles fertiles chez les 17 géotypes pour les deux campagnes...	76
<b>35:</b> Nombre de talles fertiles chez les 17 géotypes en conditions semi-contrôlées.....	77
<b>36:</b> Moyenne du nombre de talles stériles chez les 17 géotypes en plein champs.....	78
<b>37:</b> Nombre de talles stériles chez les 17 géotypes en conditions semi-contrôlées.....	78
<b>38:</b> Biomasse en matière fraîche de la partie aérienne et sous terrain des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.....	79
<b>39</b> Total de la biomasse en matière fraîche ainsi que le rapport R/C des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.....	80
<b>40:</b> Biomasse en matière sèche de la partie aérienne et sous terrain des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.....	81
<b>41:</b> Total de la biomasse en matière sèche ainsi que le rapport R/C en conditions semi-contrôlées.....	82
<b>42:</b> Etude foliaire des 17 géotypes en plein champs.....	83
<b>43:</b> La surface foliaire, la longueur foliaire et la largeur foliaire en conditions irriguée et sèches.....	84
<b>44:</b> Taux de régression de la surface, longueur et largeur foliaire en conditions de stress .....	85
<b>45:</b> Stades moyens de Haun de 17 géotypes de blé dur en conditions sèches et irriguées....	86
<b>46:</b> Profondeur maximale du système racinaire des différents géotypes étudiés.....	88
<b>47:</b> Nombre de grains par épi, poids de grains par épi, poids de 1000 grains, nombre d'épilletts par épi et le rendement de 17 géotypes en plein champs.....	89
<b>48:</b> Nombre de grains /épi, poids de 1000 grains et le nombre d'épi par pot pour 17 géotypes en conditions irriguées et sèches.....	91
<b>49:</b> Taux de la chlorophylle chez les 17 géotypes en plein champs.....	93
<b>50:</b> Taux de chlorophylle moyen chez les 17 géotypes en conditions semi-contrôlées.....	94
<b>51:</b> Teneur relative en eau chez 17 géotypes en conditions semi-contrôlées.....	96
<b>52:</b> Taux de diminution de la TRE% sous stress hydrique.....	96
<b>53:</b> Concentration de la proline en conditions irriguées et sèches.....	98
<b>54:</b> Pourcentage d'augmentations de la proline sous stress hydrique .....	98
<b>55:</b> Cercle des corrélations sur le plan 1/2 .....	103
<b>56:</b> Cercle des corrélations sur le plan 1/3.....	104



<b>57:</b> Cercle des corrélations sur le plan 1/4.....	104
<b>58:</b> Répartition des génotypes étudiés sur le plan 1/2.....	106
<b>59:</b> Répartition des génotypes étudiés sur le plan 1/3.....	106
<b>60:</b> Répartition des génotypes étudiés sur le plan 1/4.....	107
<b>61:</b> Cercle de corrélation sur le plan 1/2.....	109
<b>62:</b> Cercle de corrélation sur le plan 1/3.....	109
<b>63:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/2.....	110
<b>64:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/3.....	111
<b>65:</b> Cercle des corrélations des variables plan 1/2.....	115
<b>66:</b> Cercle des corrélations sur le plan 1/3.....	115
<b>67:</b> Cercle des corrélations plan 1/4.....	116
<b>68:</b> Cercle des corrélations plan 1/5.....	116
<b>69:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/2.....	118
<b>70:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/3.....	118
<b>71:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/4.....	119
<b>72:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/5.....	119
<b>73:</b> Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/2.....	123
<b>74:</b> Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/3.....	123
<b>75:</b> Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/4.....	124
<b>76:</b> Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/5.....	124
<b>77:</b> Distribution des individus sur le plan 1/2.....	126
<b>78:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/3.....	126
<b>79:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/4.....	127
<b>80:</b> Distribution des génotypes sur le plan 1/5.....	127
<b>81:</b> Représentation graphique des 17 génotypes.....	133
<b>82:</b> Dendrogramme résultant d'une analyse de cluster UPGMA de 17 génotypes.....	135

## ***INDEX DES TABLEAUX***

<b>1:</b> Stades de développement des céréales : échelle de Feekes <i>et al.</i> , (1954) et de Zadoks <i>et al.</i> , (1974).....	10
<b>2:</b> Importation des blés en Algérie en 2013 (DRDPA, 2013).....	11
<b>3:</b> <i>Avantages et les inconvénients des principaux marqueurs moléculaires</i> .....	34
<b>4:</b> liste des variétés et lignées, abréviations, pédigrées et origines.....	38
<b>5:</b> Caractéristique physico-chimique du sol expérimental.....	42
<b>6:</b> Moyennes de précipitations et de températures .....	43
<b>7:</b> Températures et humidité relative des deux campagnes agricoles.....	45
<b>8:</b> Différents paramètres réalisés sur 17 génotypes de blé dur en plein champs et en conditions semi-contrôlées.....	45
<b>9:</b> Caractéristiques des marqueurs utilisés.....	54
<b>10:</b> Composition du mix PCR.....	55
<b>11:</b> Constituants des solutions de révélation.....	58
<b>12:</b> Valeurs propres, les pourcentages de variation expliquée par chaque axe .....	98
<b>13:</b> Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.....	102
<b>14:</b> Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.....	108
<b>15:</b> Valeurs propres, les pourcentages de variation expliquée par chaque axe .....	108
<b>16:</b> Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.....	113
<b>17:</b> Valeurs propres et pourcentages de variation expliqué par chaque .....	114
<b>18:</b> Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.....	121
<b>19:</b> Valeurs propres et pourcentages de variation expliqué par chaque axe .....	122
<b>20:</b> Quantification d'ADN extrait par spectrophotométrie.....	128
<b>21:</b> Nombre d'allèles détecté, taille des différents locus et nombre d'individus Correspondant à chaque allèle.....	132
<b>22:</b> Matrice de distance génétique entre chaque paire des 17 génotypes.....	134
<b>23:</b> Corrélations des marqueurs avec les différents variables étudiés.....	137

## ***LISTE DES ABREVEATIONS***

- **A**: Nombre d'allèle par marqueur.
- **ACP**: Analyse en Composantes Principales.
- **AFLP**: Amplified Fragment Length Polymorphism.
- **APS**: Persulfate d'ammonium.
- **Ai**: Le nombre d'allèle moyen par individus.
- **ANOVA**: Analyse de la Variance.
- **CIMMYT**: Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz Y Trego (centre international de phytogénétique du maïs et du blé).
- **CNCC**: Centre National de Contrôle et de Certification des semences et plants.
- **EDTA**: Ethylène Dinitrillo Tetra Acétique acide.
- **FAO**: Food and Agriculture Organization of the United Nations (organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture).
- **F1**: 1ère génération issue d'un premier croisement.
- **F2**: 2ème génération.
- **F3**: 3ème génération.
- **ICARDA**: International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (Centre international de recherche agricole dans les zones arides).
- **INRAA**: Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie.
- **INSID**: Institut National des Sols, de l'Irrigation et du Drainage.
- **ISSR**: Inter Simple Sequence Repeat.
- **ITGC**: Institut Technique des Grandes Cultures.
- **Kb**: Kilobases.
- **MAS**: Selection Assisté par Marqueur.
- **PCR**: Polymerase Chain Reaction.
- **Pb**: Paires de bases.
- **PM**: Poids Moléculaire.
- **PNAB**: Programme National d'Amélioration des Blés.
- **QTLs**: Quantitative Trait Loci.
- **RAPD**: Random Amplified Polymorphic DNA.
- **RFLP**: Restriction Fragment Length Polymorphism.
- **SSR**: Single Sequence Repeat.

- **SAU**: Surface Agricole Utile.
- **Taq**: Enzyme thermostable, Taq ; vient du nom de la bactérie d'où provient cette enzyme *Thermus aquaticus*.
- **TBE**: Tris **B**ase EDTA.
- **TEMED** NNN'N tétraméthyléthylénediamine.

## *INDEX DES ANNEXES*

- 1a:** Dispositif expérimental au champ.
- 1b:** Dispositif expérimental en conditions semi-contrôlées.
- 2:** Préparation du gel agarose 1%.
- 3:** Extraction d'ADN.
- 4:** Composition du TBE10X.
- 5:** Préparation du persulfate d'ammonium à 10% (APS 10%).
- 6:** Dates du semis, épiaison, floraison, la durée d'épiaison et l'analyse de la variance de la durée d'épiaison en plein champs durant la campagne 2014/2015.
- 7:** Résultats de l'analyse de la variance pour la hauteur des plants pour les en plein champs.
- 8:** Analyse de la variance pour la hauteur des plants en conditions semi-contrôlées.
- 9:** Résultats de l'analyse de la variance pour la longueur du pédoncule des plants pour les différents génotypes en plein champs.
- 10:** Analyse de la variance pour la longueur du pédoncule des plants en condition semi-contrôlées.
- 11:** Résultats d'analyse de la variance pour la longueur de l'épi des plants en plein champs.
- 12:** Analyse de la variance pour la longueur de l'épi des plants en conditions semi-contrôlées.
- 13:** Résultats de l'analyse de la variance pour la largeur de l'épi des plants en plein champs.
- 14:** Résultats de l'analyse de la variance pour la longueur des barbes des plants en plein champs.
- 15:** Résultats d'analyse de la variance pour le nombre de talles total des plants en plein champs.
- 16:** Résultats de l'analyse de la variance pour le nombre de talles total des plants pour les différents génotypes en conditions semi-contrôlées.
- 17:** Analyse de la variance pour le nombre de talles fertiles pour les plants des différents génotypes en plein champs.
- 18:** Analyse de l'analyse de la variance pour le nombre de talles fertiles des plants en conditions semi-contrôlées.
- 19:** Analyse de la variance pour le nombre de talles stérile des plants pour les différents génotypes en plein champs.
- 20:** Analyse de la variance pour le nombre de talles stérile des plants pour les différents génotypes en conditions semi-contrôlées.

- 21:** Biomasse de la matière fraîche en conditions semi-contrôlées.
- 22:** Biomasse de la matière sèche en conditions semi-contrôlées.
- 23a:** Etude foliaire en plein champs.
- 23b:** Résultats relatifs à l'étude foliaire des plants pour les différents géotypes en condition semi-contrôlées.
- 23c:** Résultats de l'analyse de la variance pour l'étude foliaire des plants pour les différents géotypes En conditions semi-contrôlées.
- 24a:** Stades moyens de Haun de 17 géotypes de blé dur en conditions semi-contrôlées.
- 24b:** Analyse de la variance du développement foliaire en conditions semi-contrôlées.
- 25:** Résultats de l'analyse de la variance de la profondeur maximale des racines des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.
- 26:** Résultats de l'analyse de la variance du rendement et ses composantes des plants en plein champs.
- 27:** Résultats de l'analyse de la variance pour le nombre de grains/épi des plants en conditions semi-contrôlées.
- 28:** Analyse de la variance pou le taux de la chlorophylle chez les différents géotypes étudié en plein champs.
- 29:** Résultats de l'analyse de la variance pour le taux de chlorophylle des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.
- 30:** Résultats de l'analyse de la variance pour la teneur relative en eau (TRE%) en conditions semi-contrôlées.
- 31:** Résultats d'analyse de la variance pour la teneur en proline en conditions semi-contrôlées.
- 32:** Analyse du polymorphisme des 17 géotypes de blé dur par l'utilisation des SSRs.

# *Table des matières*

Dédicaces.

Remerciements.

Résumés.

Index des figures.

Index des Tableaux.

Index des Annexes.

Liste des abréviations.

Introduction.....1

## **Chapitre 1: Mise au point bibliographique**

I. <b>Présentation de <i>Triticum durum</i> Desf</b> .....	3
1. Importance de la culture.....	3
1.1. Dans le monde.....	3
1.2. En Algérie.....	3
2. Historique, classification et origine du blé dur.....	3
3. Architecture végétale de la plante.....	5
4. Cycle de développement.....	6
4.1. La période végétative.....	6
4.1.1. La phase germination – levée.....	6
4.1.2 La phase levée – tallage.....	7
4.2. La période reproductrice.....	7
4.2.1. La phase montaison – gonflement.....	7
4.2.3 La phase épiaison – floraison.....	8
4.3. La période de formation et de maturation du grain.....	8
4.3.1. Grossissement du grain.....	8
4.3.2. Maturation du grain.....	8
5. La situation de la céréaliculture en Algérie.....	11
II. <b>Les contraintes environnementales à la production du Blé dur</b> .....	12
1. Notion des stress.....	12
2. Le stress thermique.....	12
2.1. Les hautes températures.....	12
2.2. Les basses températures.....	13

3. Le stress hydrique.....	14
3.1. Introduction.....	14
3.2. Mécanisme d'adaptation des plantes au stress hydrique.....	15
3.2.1. Adaptation phénologique.....	15
3.2.2. Adaptation morphologique.....	16
3.2.3. Adaptation physiologique.....	18
3.2.4. Adaptation biochimique.....	19
3.3. Mécanisme de régulation des gènes lors du stress hydrique.....	20
<b>III. Amélioration et sélection génétique de l'adaptation aux stress abiotique.....</b>	<b>23</b>
1. Définition.....	23
2. Méthodes d'améliorations génétiques.....	24
2.1. La méthode classique.....	24
2.2. La sélection assistée par les marqueurs moléculaires (MAS).....	25
3. Processus de sélection adopté en Algérie.....	26
4. Les marqueurs moléculaires.....	28
4.1. Définition.....	28
4.2. Différents type de marqueurs moléculaire.....	29
5. Diversité génétique.....	35
6. Génétique d'association.....	36

## **Chapitre 2: Matériel et Méthodes**

Introduction.....	37
1. Matériels végétal.....	37
2. Dispositif expérimental.....	39
2.1. Essais en en plein champs.....	39
2.2. En conditions semi-contrôlées.....	40
3. Site d'expérimentation.....	40
4. les caractéristiques physico-chimiques du sol.....	41
5. Etude climatiques.....	42
5.1 En plein champs.....	42
5.2. En conditions semi-contrôlées.....	44
6. Méthodes.....	46
6.1. Paramètres phénologiques.....	47
6.2. Paramètres morphologiques.....	47



6.3 Le Rendement et ses Composantes.....	47
6.4. Paramètres physiologiques.....	47
6.5 Marquage moléculaire par les microsatellites.....	53
7. Analyse des données.....	58
7.1 Analyse des données phénologiques, morphologiques, physiologiques et composantes en rendements.....	58
7.2. Analyse des données moléculaires.....	59

### **Chapitre 3: Résultats et Discussion**

1. Etude climatique.....	61
2. Etude phénologique.....	61
2.1. Durée d'épiaison.....	61
2.2. Stade épi 1 cm.....	63
3. Etude morphologiques.....	63
3.1. Hauteur de la plante.....	63
3.2. Longueur du pédoncule.....	66
3.3. Longueur de l'épi.....	67
3.4. Largeur de l'épi.....	71
3.5. Longueur des barbes.....	71
3.6. Nombre de talles Total.....	73
3.7. Nombre de talles fertile= Tallage épi.....	75
<b>3.8.</b> Nombre de talles stérile= Tallage herbacé.....	77
3.9.Biomasse en matière fraîche.....	79
3.10. Biomasse en matière sèche.....	81
3.11. Etude foliaire.....	83
3.12. Etude racinaire.....	88
4. Etude du rendement et ses composantes.....	89
5. Etude physiologique.....	93
5.1. Taux de chlorophylle (Unité de SPAD).....	93
5.2. Teneur relative en eau.....	95
6. Interactions de l'ensemble des variables étudiées.....	100
6.1. En plein champs.....	100
6.1.1. Première année d'étude (2013/2014).....	100
6.1.2. Deuxième année d'étude (2014/2015).....	107

6.2. En conditions semi-contrôlées.....	111
6.2.1. Irrigation normal (témoins) .....	111
6.2.2. Irrigation contrôlée (stressé) .....	120
7. Analyse moléculaire.....	128
7.2. Quantification et pureté d'ADN.....	128
7.2. Polymorphisme avec les 12 SSRs et Diversité génétique.....	128
7.3. Similarité génétique et analyse du cluster.....	134
7.3.1. Similarité génétique.....	134
7.3.2. Analyse du Cluster.....	134
7.4. Associations marqueur – phénotype.....	136
<b>Conclusion et perspectives</b> .....	<b>141</b>
<b>Annexes</b> .....	<b>143</b>
<b>Références bibliographiques</b> .....	<b>176</b>

# **INTRODUCTION**

Les céréales constituent une part importante des ressources alimentaires de l'homme et de l'animal (Slama *et al.*, 2005). De plus, la majeure partie de l'alimentation est fournie par les aliments en grain, dont 96% sont produits par les cultures céréalières tels que le blé, l'orge, le seigle, le riz, le maïs, le triticale...etc.

En Algérie, parmi ces céréales, le blé dur (*Triticum durum Desf.*) occupe une place importante du point de vue social, agronomique et économique, il occupe une place très privilégiée dans les ménages, malheureusement son rendement en grains reste le plus faible dans le bassin méditerranéen. Bouzerzour *et al.*, (2000) expliquent cette faible production par les grandes variations intra et inter-annuelles de la pluviométrie et des températures, qui affectent négativement les rendements. Cependant, des études récentes révèlent que ce sont plutôt les basses températures hivernales et printanières qui handicapent le plus cette spéculation (Annichiarico *et al.*, 2005).

La céréaliculture est concentrée dans l'étage bioclimatique semi aride (350 à 500 mm) caractérisé par une pluviométrie faible et irrégulière. En outre, les changements climatiques se sont traduits par la tardiveté des pluies, un déplacement des isohyètes du sud vers le nord, accentuant, par la même, l'aridité. Ces caractéristiques impliquent, des adaptations à tous les niveaux (matériel végétal, système de culture, maladies etc...). Actuellement, avec les changements climatiques, la contrainte eau s'est bien accentuée dans différentes régions du globe. Le déficit en eau reste le facteur le plus limitant auquel fait face la culture du blé dur (Levitt, 1982).

Le déficit hydrique intervient à différentes phases du développement des blés perturbant ainsi son processus de croissance. Toutefois, les sécheresses de fin de cycle sont celles qui provoquent le plus de dégâts : la coulure des fleurs quand elle survient au stade floraison et l'échaudage au stade remplissage du grain. Dans les zones céréalières, plus particulièrement, dans les zones des hauts plateaux, le déficit hydrique s'accompagne généralement par des gelées hivernales et/ou printanières. Ces stress présentent une grande variabilité spatiale dans leur sévérité et durée (Madhava Rao *et al.*, 2006).

A cette contrainte, s'ajoutent celles liées aux variétés, qui sont instables et peu performantes, et aux itinéraires techniques qui ne sont pas respectés ou non adaptés quelques fois.

L'amélioration des plantes consiste à créer une génétique nouvelle, puis sélectionner et fixer, parmi cette diversité, les génotypes intéressants. Pour répondre à cet objectif, les formes spontanées constituent des ressources importantes de gènes utiles pour l'adaptation des plantes cultivées aux contraintes environnementales.

Plusieurs caractères adaptatifs, d'ordre phénologiques, morphologiques et physiologiques, participent à l'amélioration de la tolérance aux stress abiotiques (Boudour, 2006). Pour réaliser ces objectifs plusieurs outils d'analyse de la variabilité génétique existent, les uns reposent sur des critères morpho-physiologiques, les autres, récents et plus performants, font appel à des marqueurs moléculaires.

Certains caractères sont gouvernés par l'action d'un seul gène et sont dits de type "qualitatifs" (présence ou absence). D'autres caractères correspondent à la combinaison de l'action de plusieurs gènes et sont dits "quantitatifs", c'est le cas de la résistance au stress hydrique. Les régions chromosomiques impliquées dans ces caractères quantitatifs (QTL : Quantitative Trait Loci) peuvent être localisées sur une carte génétique à l'aide de méthodes statistiques et repérées par des marqueurs moléculaires. Ce travail est réalisé en étudiant la transmission conjointe des caractères et de marqueurs moléculaires dans la descendance d'un croisement. Lorsque les QTLs sont identifiés nous pouvons repérer les plantes intéressantes dans la descendance d'un croisement en se basant sur la présence des marqueurs moléculaires proches des gènes contrôlant les caractères recherchés.

Dans ce contexte, notre recherche s'est orientée vers l'évaluation d'un germoplasme de blé dur, local et introduit fixé, issue d'un programme national d'amélioration des blés, en vue d'identifier des paramètres morphologiques, phénologiques, physiologiques et moléculaires d'adaptation à la contrainte hydrique dans l'optique d'une amélioration variétale. Dans ce contexte, deux expérimentations ont été réalisées. La première a été réalisée en plein champ durant deux campagnes agricoles successives pour la caractérisation du germoplasme. Quant à la seconde expérimentation, elle a été réalisée en conditions semis contrôlées dans l'objectif d'étudier le comportement des génotypes de blés durs en conditions de stress hydrique. Ces deux expérimentations ont été complétées par une caractérisation moléculaire du germoplasme visant à rechercher des gènes de résistance à la sécheresse par l'utilisation des microsatellites avec la perspective d'identifier des outils puissants de sélection variétale.

**ETUDE**  
**BIBLIOGRAPHIQUE**

## **I. Présentation de *Triticum durum* Desf.**

### **1. Importance de la culture**

#### **1.1 Dans le monde**

Les céréales, le blé en particulier occupe une place importante dans la production agricole et constitue la nourriture de base pour 35 % de la production mondiale (Mebarkia *et al.*, 2005). L'importance de la culture de blé réside dans la rénovation considérable de la production mondiale depuis les années 1960 qui est estimé grossièrement à 2.4% par an (CNUCED., 2011). Ce progrès de la production de blé est principalement dû à un accroissement constant des rendements à l'hectare (multiplié par 2.8 sur les cinquante dernières années) plutôt qu'une augmentation des surfaces mondiales cultivées en blé (Terrones Gavira et Burny, 2012). Presque la totalité de l'alimentation de la population mondiale est fournie par les aliments en grains, 96% sont produits par les cultures céréalières. Ces dernières apportent 31% des calories et 33% des protéines de la ration journalière par habitant (Mechara et Acila, 1999).

#### **1.2. En Algérie**

En Algérie, les céréales constituent la base de l'alimentation, elles présentent 73.6% de l'apport calorique globale et fournissent en moyenne 80% des protéines totales consommées (Godon et Williem, 1991). Aussi la semoule issue du blé dur serait à l'origine de produits alimentaires de divers plats et aliments traditionnels: couscous, pain, galette, pâtisseries, frik, pattes divers et gâteaux traditionnels.

## **2. Historique, classification et origine du blé dur**

Le «Blé» est un terme générique qui désigne plusieurs céréales appartenant au genre *Triticum*. Ce sont des plantes annuelles monocotylédone de la famille des graminées ou Poacées, il fait partie des trois grandes céréales avec le maïs et le riz. Les deux espèces les plus cultivées sont le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) et le blé dur (*Triticum durum* Desf.).

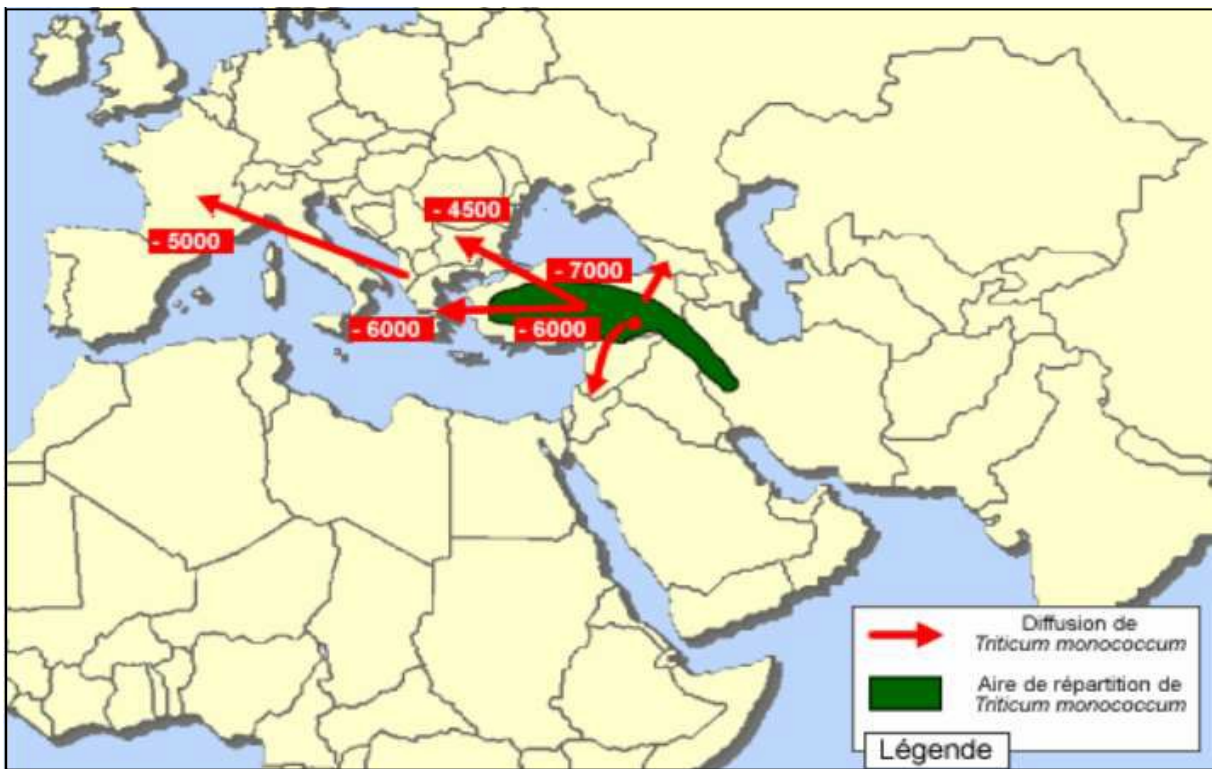
Selon les archéologues, la culture du blé dur est l'une des premières espèces cueillies et cultivées par l'homme, 7000 à 10000 ans (Feldman, 1976). La plus part des recherches archéologiques ont confirmé que les origines du blé s'étend sur la Palestine, la Jordanie, la Syrie, la Turquie, l'Iran et l'Iraq, dite le «**croissant fertile**» (Dubcovsky et Dvorak, 2007).

Des restes de blé, diploïdes et tétraploïdes, remontant au VIIème millénaires avant J.C ont été découvert sur des sites archéologiques au Proche Orient (Harlan, 1975).

Selon Doussinault *et al.*, (2001), le «**croissant fertile**» est le centre d'origine de blé qui diffusait vers le Nord ouest par les plaines côtières du bassin méditerranéen et a travers des Balkans, puis en suivant la vallée du Danube pour arrivé à la vallée du Rhin, entre environ

5000 et 6000 ans avant J.C. le reste des archéologues montrent que le blé atteint l'Ouest de l'Europe 5000 ans environ avant J.C.

D'après Feldman (2001), en Afrique, la route la plus ancienne gagna l'Égypte depuis 6000 ans et se poursuivit vers le Soudan et l'Éthiopie au sud, et vers la Libye à l'Est. D'autres voies à partir de la Grèce et de la Crète, certains blés rejoignirent également la Libye, d'autres en provenance du sud de la péninsule Italienne et de la Sicile vers la Tunisie, l'Algérie et le Maroc (Figure 01).



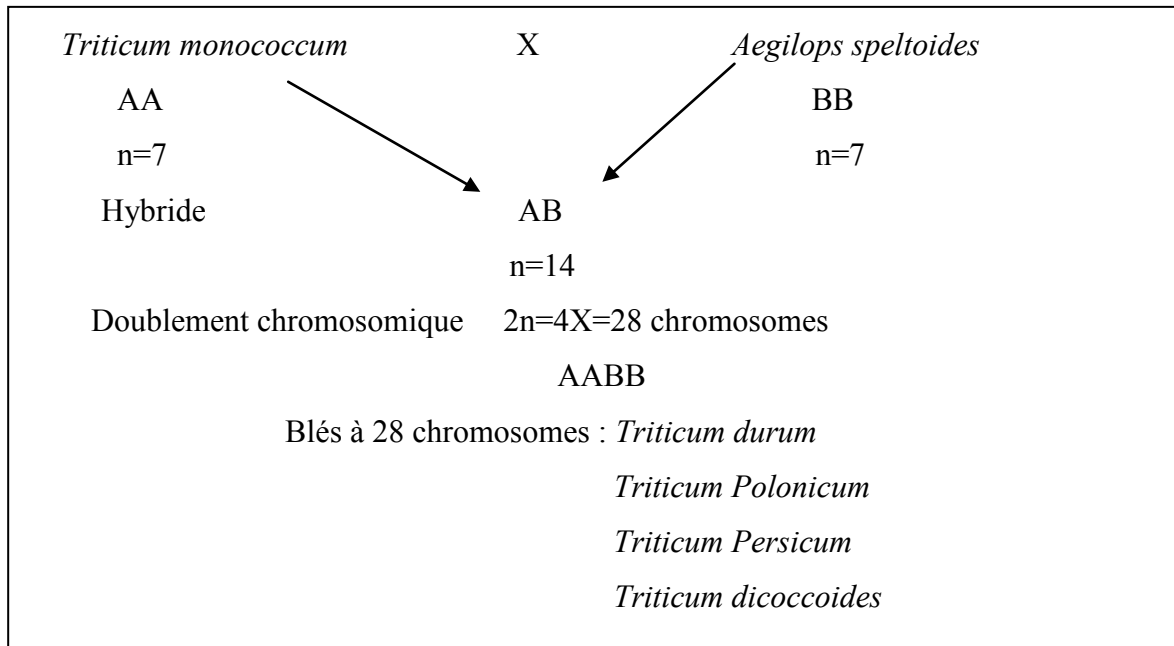
**Figure 01:** Lieux d'origine et diffusion de Blé dur à travers le monde

La filiation génétique des blés est complexe et incomplètement élucidée. Les différents blés ont été générés par des événements successifs de polyploïdisation intervenant après des croisements interspécifiques entre des espèces ancestrales diploïdes. Le premier événement, impliquant le croisement naturel entre *Triticum monococcum* (génome A) et *Aegilops (bicornis, speltoides, longissima* ou *searsii)* (génome B) a permis l'apparition d'un blé dur sauvage de type AABB (*Triticum turgidum ssp. dicoccoïdes*), qui a ensuite progressivement évolué vers *Triticum turgidum ssp. Dicoccum*, puis vers *Triticum durum*.

Le deuxième événement de polyploïdisation a eu lieu entre le blé dur tétraploïde et *Aegilops*



*tauschii*, donnant naissance au blé tendre, *Triticum aestivum*, de structure chromosomique hexaploïde (Chantret *et al.*, 2005) (Figure 02).



**Figure 02:** Phylogénie des blés (Croston et Williams, 1981)

### 3. Architecture végétale de la plante

Le blé dur est une graminée annuelle de hauteur moyenne et dont le limbe des feuilles est aplati. L'inflorescence en épi terminal se compose de fleurs (Bozzini, 1988). Le système racinaire comprend des racines séminales produites par la plantule durant la levée, ainsi que des racines adventives qui se forment plus tard à partir des nœuds à la base de la plante et constituent le système racinaire permanent.

Le blé dur possède une tige cylindrique, dressée, habituellement creuse et subdivisée en entrenœuds. Certaines variétés possèdent toutefois des tiges pleines (Clarke *et al.*, 2002).

Le chaume (talles) se forme à partir de bourgeons axillaires aux nœuds à la base de la tige principale. Le nombre de brins dépend de la variété, des conditions de croissance et de la densité de plantation. Dans des conditions normales, une plante peut produire en tout trois brins en plus de la tige principale, mais tous ne grènent pas nécessairement (Bozzini, 1988).

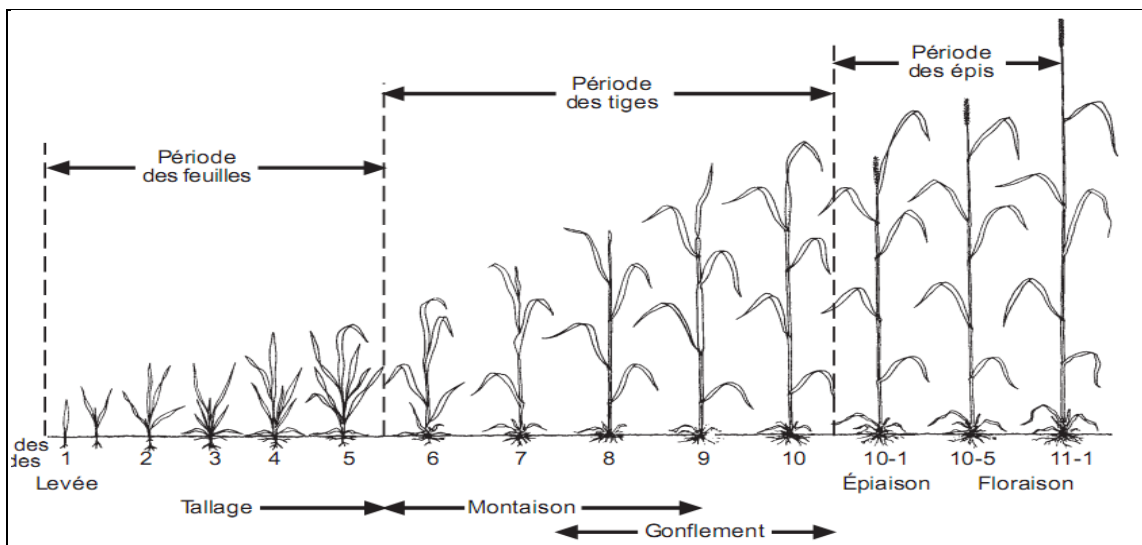
Les feuilles de blé dur se composent d'une base (gaine) entourant la tige, d'une partie terminale qui s'aligne avec les nervures parallèles et d'une extrémité pointue. La tige principale et chaque brin portent une inflorescence en épi terminal. L'inflorescence du blé dur est un épi muni d'un rachis portant des épillets séparés par de courts entre-nœuds (Bozzini, 1988). Chaque épillet compte deux glumes (bractées) renfermant de deux à cinq fleurs

distiques sur une rachéole. Chaque fleur parfaite est enfermée dans des structures semblables à des bractées, soit la glumelle inférieure (lemma ou lemme) et la glumelle supérieure (paléa). Chacune compte trois étamines à anthères biloculaires, ainsi qu'un pistil à deux styles à stigmates plumeux. À maturité, le grain de pollen fusiforme contient habituellement trois noyaux. Chaque fleur peut produire un fruit à une seule graine, soit le caryopse. Chaque graine contient un large endosperme et un embryon aplati situé à l'apex de la graine et à proximité de la base de la fleur.

#### 4. Cycle de développement

Afin de caractériser le cycle de développement du blé, différentes échelles de notations ont été établies. Selon Soltner (2005) les échelles de notations qui ont été relevées sont celles de Jonard (1952), Feeks (1954) et de Zadoks (1974) (Tableau 1).

Le blé possède un cycle biologique annuel réparti en périodes végétative et reproductrice (Soltner, 2005). Pour Gautier (1991) la maturation constitue une troisième période. Selon Boyeldieu (1999), le cycle végétatif du blé s'accomplit en trois 3 grandes périodes. La première période végétative; débute de la germination à la fin du tallage. La période reproductrice; s'étend du redressement à la fécondation. Elle apparaît au cours du tallage et regroupe la formation de l'ébauche de l'épi, l'initiation florale (montaison-gonflement) et la méiose-fécondation (Soltner, 2005). La troisième période est caractérisée par la formation et la maturation des grains, elle est repérée de la fécondation à la maturation complète du grain (Figure 03).



**Figure 03:** Cycle de développement du blé (Zadoks *et al.*, (modifié) 1974)

##### 4.1 La période végétative

Elle se caractérise par un développement strictement herbacé et s'étend du semis jusqu'à fin tallage. Elle se divise en deux phases:

#### **4.1.1 La phase germination – levée**

La germination de la graine correspond à une activation métabolique de l'embryon décelable par les échanges respiratoires de la graine. C'est un processus préparatoire à l'élongation de la radicule et du coléoptile (Boyeldieu, 1999). Au sein d'un peuplement, la levée est atteinte lorsque la majorité des lignes de semis sont visibles (Gate, 1995). Durant la phase semis-levée, l'alimentation de la plante dépend uniquement de son système racinaire primaire et des réserves de la graine.

Les principaux facteurs qui interviennent dans la réalisation de cette phase sont, la chaleur, l'aération et l'humidité (Eliard, 1979). Les caractéristiques propres à la graine comme la faculté germinative et la quantité de réserves (taille des graines) jouent aussi un rôle déterminant. En effet, les plus grosses graines se lèvent les premières et donnent des plantules plus vigoureuses (Masle-Meynard, 1980). De plus la composition des réserves agit favorablement sur la vitesse de la germination-levée (Evans et Rawson, 1975).

#### **4.1.2. La phase levée – tallage**

Le tallage est un mode de développement propre aux graminées. Il débute à la troisième feuille, lorsqu'un renflement apparaît à 2cm de la surface du sol, c'est le futur plateau de tallage (Moule, 1971). La première talle apparaît généralement à l'aisselle de la première feuille lorsque la plante est au stade 4 feuilles. Par la suite, à chaque nouvelle feuille correspond l'apparition d'une talle. En même temps que se déroule la quatrième feuille, et que pointe la première talle, de nouvelles racines sortent de la base du plateau de tallage: ce sont les racines secondaires, les racines primaires deviennent inactives.

Le nombre de talles produites dépend de la variété, du climat, de l'alimentation minérale et hydrique de la plante, ainsi que de la densité de semis (Masle-Meynard, 1980). La nutrition minérale notamment azotée est faible jusqu'au stade 2-3 feuilles car elle est satisfaite par les ressources de la graine et l'azote minéral présent dans le sol. Le facteur nutritionnel peut modifier la vitesse du tallage herbacé, la durée du tallage et le nombre de talles (Austin et Jones, 1975). Quand le tallage est excessif, les besoins en eau sont très importants, alors que la plupart des talles restent stériles. La fin du tallage représente la fin de la période végétative, elle marque le début de la phase reproductive, conditionnée par la photopériode et la vernalisation qui autorisent l'élongation des entre-noeuds (Gate, 1995).

#### **4.2. La période reproductrice**

La période reproductrice se caractérise par la formation et la croissance de l'épi. Elle s'étend du stade épi-1cm, montaison, au stade de la floraison.

#### **4.2.1. La phase montaison – gonflement**

La montaison débute à la fin du tallage, elle est caractérisée par l'allongement des entre-nœuds et la différenciation des pièces florales. A cette phase, un certain nombre de talles herbacées commencent à régresser alors que, d'autres se trouvent couronnées par des épis. Pendant cette phase de croissance active, les besoins en éléments nutritifs notamment en azote sont accrus (Clement-Grancourt et Prats, 1971). La montaison s'achève à la fin de l'émission de la dernière feuille et des manifestations du gonflement que provoquent les épis dans la gaine, c'est le stade gonflement (Bozzini, 1988).

#### **4.2.2. La phase épiaison – floraison**

Elle est marquée par la méiose pollinique et l'éclatement de la gaine avec l'émergence de l'épi hors de la gaine de la feuille étendard. Les épis sortis de leur gaine, fleurissent, généralement, 4 à 8 jours après l'épiaison. Le nombre de grains par épi est fixé, à ce stade (Bozzini, 1988). C'est au cours de cette phase que s'achève la formation des organes floraux (l'anthèse) et s'effectue la fécondation. Cette phase est atteinte quand 50% des épis sont à moitié sortis de la gaine de la dernière feuille (Gate, 1995). Elle correspond au maximum de la croissance de la plante qui aura élaboré les trois quarts de la matière sèche totale et dépend étroitement de la nutrition minérale et de la transpiration qui influencent le nombre final de grains par épi (Masle-Meynard, 1980).

### **4.3. La période de formation et de maturation du grain**

#### **4.3.1. Grossissement du grain**

Cette phase marque la modification du fonctionnement de la plante qui sera alors orientée vers le remplissage des grains à partir de la biomasse produite il n'y a plus de croissance des feuilles et des tiges. Au début, le grain s'organise, les cellules se multiplient. Les besoins des grains sont inférieurs à ceux que fournissent les parties aériennes (plus de 3/4 de la matière sèche sont stockés au niveau des tiges et des feuilles). Par la suite, les besoins augmentent et le poids des grains dans l'épi s'élève, alors que la matière sèche des parties aériennes diminue progressivement. Seulement 10% à 15% de l'amidon du grain peut provenir de réserves antérieures à la floraison (Boulelouah, 2002). A l'issue de cette phase, 40 à 50% des réserves sont accumulées dans le grain qui, bien qu'il ait atteint sa taille définitive, se trouve encore vert et mou, c'est le stade «grain laiteux ». L'autre partie des réserves se trouve encore dans les tiges et les feuilles qui commencent à jaunir. Les réserves du grain proviennent en faible partie de la photosynthèse nette qui persiste dans les dernières feuilles

vertes. Chez les variétés tardives, cette quantité est de 12 % contre 25 % chez les précoces. La majeure partie des réserves accumulées vient des tiges et les feuilles jaunissantes, mais non encore desséchées (Boulelouah, 2002).

#### **4.3.2. Maturation du grain**

Le grain passe par trois stades consécutifs: laiteux, pâteux et grain mûr. La phase de maturation succède au stade pâteux (45% d'humidité). Entre les stades laiteux et pâteux, la quantité d'eau contenue dans le grain est stable; c'est le palier hydrique, phase critique du remplissage du grain, où un dessèchement prématuré de la plante peut bloquer la migration des réserves et provoquer un "chaudage" du grain (Robert *et al.*, 1993).

**Tableau 1:** Stades de développement des céréales : échelle de Feekes *et al.*, (1954) et de Zadoks *et al.*, (1974)

Stade	Feekes	Zadoks	Caractéristiques
Levée	1	7	Sortie de la coléoptile
		10	1ère feuille traversant la coléoptile
		11	1ère feuille étalée
		12	2ème feuille étalée
		13	3ème feuille étalée
Début tallage	2	21	Formation de la 1ère talle
Plein tallage	3	23	2 à 3 talles
Fin tallage	4	24 25	
Epi à 1cm	5	30	Sommet de l'épi distant à 1cm du plateau de tallage
1- 2 nœuds	6	31	1 nœud
	7	32	2 noeuds élongation de la tige
Gonflement L'épi gonfle la gaine de la dernière feuille	8	37	Apparition de la dernière feuille
	9	39	Ligule juste visible (méiose male)
	10	45	Gaine de la dernière feuille sortie
Epiaison	10-1	49-51	Gaine éclat
	10-2	53	¼ épiaisons
	10-3	55	½ épiaisons
	10-4	57	¾ épiaisons
	10-5	59	Tous les épis sortis
Floraison	10-5-1	61	Début Floraison
	10-5-2	65	Demi Floraison
	10-5-3	69	Floraison complète
Formation du grain	10-5-4	71	Grain formé
	11-1	75	Grain laiteux
	11-2	85	Grain pâteux
	11-3	91	Grain jaune
	11-4	92	Grain mure

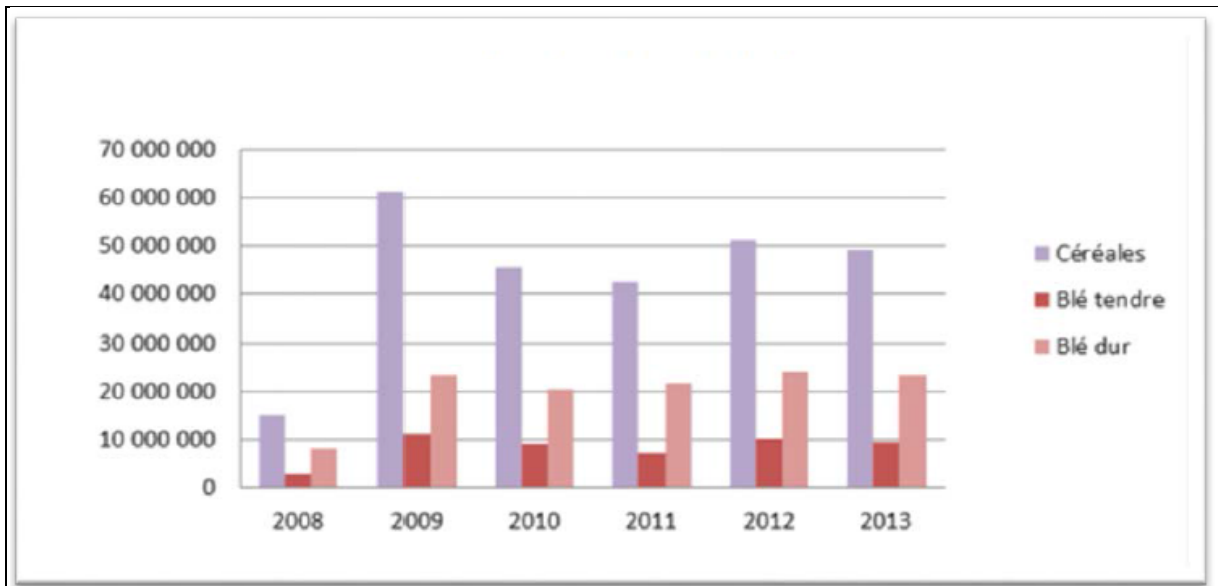
## 5. La situation de la céréaliculture en Algérie

La superficie totale de l'Algérie est de 238 millions d'hectares dont 191 millions sont occupés par le Sahara. La superficie agricole représente 3% de ce total, la surface agricole utile (SAU) est de 7,14 millions d'hectares, dont près de la moitié est laissée en jachère chaque campagne agricole. Les cultures herbacées couvrent 3,8 millions d'hectares. La céréaliculture constitue la principale activité, notamment dans les zones arides et semi-arides. Les terres annuellement emblavées représentent 3,6 millions d'hectares, soit 50% des terres labourées (MADR, 2007). Les grandes cultures, notamment les céréales, les légumineuses alimentaires, les fourrages et les oléagineux sont des produits alimentaires de première nécessité dans l'agriculture algérienne, elles constituent la consommation de base qui est estimée à environ 228 kg par habitant et par an pour les céréales (Ait Abdallah-Djennadi *et al.*, 2010) comparativement à la France dont la moyenne est de 98 kg/hab/an (FAO, 2007).

La production céréalière en Algérie, à l'image de ses rendements est insuffisante et irrégulière malgré l'importance des superficies emblavées. En 2012, la production céréalière a été estimée à près de 55 millions de quintaux (Benaïssa, 2013). Cette production ne couvre que 20 à 22% de nos besoins. La plus faible production nationale a été enregistrée en 1988 avec 10 millions de quintaux contre plus de 61 millions de quintaux en 2009 (Figure 04), d'où le recourt de l'Etat Algérien à l'importation massive de l'ordre de 69% (Benalia, 2014) et la facture ne cesse d'augmenter au fil des ans. En effet, l'Algérie reste fortement tributaire des achats de blé sur le marché international pour couvrir ses besoins de consommation (Tableau 2). Au cours de la campagne commerciale 2009/2010, l'Algérie a importé environ 5,2 millions de tonnes. Elle devance le Maroc et la Tunisie qui ont importé respectivement, 2,3 et 1,4 million de tonnes et vient derrière l'Egypte qui est le plus gros importateur de blé, avec près de 10 millions de tonnes importées (FAO, 2012). Cette situation fragilise d'avantage le pays en raison de l'instabilité du marché international mettant ainsi en difficulté notre sécurité alimentaire.

**Tableau 2:** Importation des blés en Algérie en 2013 (DRDPA, 2013)

	Poids (Kg)	Valeur (DA)
Blé dur	1 095 618	34 626 133 759
Blé tendre	5 209 116	133 747 163 328
Total	6 304 734	1683 297 087



**Figure 04:** Evolution de la production des céréales en Algérie 2008-2013

## II. Les contraintes environnementales à la production du Blé dur

### 1. Notion des stress

Selon les définitions, le stress chez les plantes apparaît avec des significations différentes en biologie, qui convergent principalement en attribuant le stress à n'importe quel facteur environnemental défavorable pour une plante (Levitt, 1982). Tsimilli-Michael *et al.*, (1998) considèrent que le stress a une signification relative, avec un contrôle comme état de référence, ils considèrent le stress comme une déviation du contrôle à une contrainte. Selon Jones *et al.*, (1989), un stress désigne à la fois l'action d'un agent agresseur et les réactions qu'il entraîne dans l'organisme agressé, une force qui tend à inhiber les systèmes normaux. D'autre part, les stress environnementaux nés de la fluctuation des facteurs abiotiques (sécheresse, salinité, température) affectent les conditions de croissance, le développement et le rendement des plantes (Madhava Rao *et al.*, 2006).

### 2. Le stress thermique

#### 2.1. Les hautes températures

Le blé dur est cultivé, dans le bassin méditerranéen, sous conditions environnementales stressantes et variables (Edmeades *et al.*, 1989). Le climat méditerranéen se caractérise par deux saisons qui se succèdent, l'une froide (octobre-février), brève, et relativement pluvieuse, et l'autre longue (mars-septembre), chaude et sèche. Les stress hydrique et thermique (gel et hautes températures) affectent ainsi le développement de la céréale tout au long de son cycle de développement (Bouzerzour et Monneveux, 1992). L'activité physiologique du blé dur est maximale à 25°C. Des températures de 28 à 32°C sont



considérées comme stressantes. Au-delà de 32°C, on peut observer des dommages irréversibles pouvant aller jusqu'à la destruction de la plante (Wardlaw et Moncur, 1995; Belhassen *et al.*, 1995).

L'effet des hautes températures au semis se manifeste par une réduction de la longueur du coléoptile (Hazmoune, 2000). Rawson (1988) réussit à montrer que l'effet pénalisant de l'élévation de la température est surtout dû au fait que la plante n'arrive pas à absorber les éléments nutritifs et l'eau et les utiliser au rythme imposé par le stress thermique. Hauchinal *et al.*, (1993) remarquent une réduction du rendement des semis tardifs, liée à une diminution du nombre d'épi et du poids moyen du grain, causée par les effets des hautes températures. Ils notent aussi que l'effet pénalisant du stress thermique se matérialise par une accélération du développement et une réduction des dimensions des organes constitutifs de la plante. La résultante est un effet négatif sur la productivité globale de la plante. Les hautes température affectent aussi le développement de la plante en réduisant la surface foliaire active et l'arrêt de la croissance du grain (Dakheel *et al.*, 1993). En effet sous hautes températures, la chlorophylle se dégrade, l'activité de la photosynthèse est réduite, par suite du dessèchement du couvert végétal (Gibson et Paulsen, 1999; Yang *et al.*, 2001). Wardlaw *et al.*, (1989) montrent que la température optimale pour le développement et le remplissage du grain, varie de 12 à 15 °C pour de nombreux génotypes de céréale à paille. Ils observent une diminution de 3 à 5 % du poids de grain pour chaque degré d'augmentation de la température à partir de la base des 12 à 15 °C. Dans l'écart des moyennes de températures de 12 à 15 °C, une réduction de la durée de remplissage est compensée par une augmentation du taux de remplissage, avec pour effet peu de variation du poids moyen du grain (Wardlaw *et al.*, 1989).

## **2.2. Les basses températures**

L'altitude et un climat de type méditerranéen, impose un hiver très froid et pluvieux. Le froid hivernal limite la croissance au moment où l'eau est disponible et allonge le cycle de la plante pour l'exposer à la sécheresse du début de l'été (Chenaffi *et al.*, 2006). Les dégâts de gel tardif sont très fréquents sur les céréales, rendant l'adoption des variétés précoces trop risquée (Bouzerzour et Benmahammed, 1994; Chaker et Brinis, 2005; Prasil *et al.*, 2007). L'adoption de la stratégie de l'esquive comme moyen pour échapper aux stress thermique et hydrique de fin de cycle, est peu opérante dans le cas où les génotypes précoces sélectionnés ne sont pas génétiquement résistants au froid (Mekhlouf *et al.*, 2006a). Prasil *et al.*, (2007) mentionnent que le froid brutal, dit choc thermique, provoque une rigidification des lipides membranaires, induisant la fracture membranaire sous contraintes mécaniques. Il s'en suit une fuite de l'électrolyte cellulaire. Les gelées tardives provoquent l'avortement des fleurs,

réduisant à néant l'espérance de rendement (Bouzerzour et Benmahammed, 1994; Mekhlouf *et al.*, 2006a; Prasil *et al.*, 2007). La viabilité du pollen est affectée à des températures inférieures à 4°C (Gate et Crimaud, 1989). La résistance génotypique au froid s'explique, en partie, par l'aptitude de la membrane à maintenir l'activité cellulaire (Mekhlouf *et al.*, 2006a; Prasil *et al.*, 2007).

### **3. Le stress hydrique**

#### **3.1 Introduction**

L'eau est l'élément vital du développement et de la survie de la plante. Elle est l'essence même de la vie par le fait qu'elle est l'élément constitutif principal des plantes et des animaux. D'après Diehl (1975), l'eau constitue par l'intermédiaire des solutions du sol, la base essentielle de l'alimentation de la plante. Elle est le précurseur du fonctionnement normal de la cellule végétale (Deysson, 1970). La notion de stress hydrique a toujours été assimilée à la notion de sécheresse. La sécheresse est définie selon (Wang *et al.*, 2003) comme un déficit hydrique marqué, dont l'origine se trouve essentiellement dans la faiblesse des précipitations sur une période prolongée par rapport à la moyenne des apports observés sur cette période. Dans ce contexte, une plante tolérante à la sécheresse est une plante qui survit à des situations de contrainte hydrique sévère. Une sécheresse se définit aussi par tout manque d'eau qui ne permet pas aux plantes cultivées d'exprimer le rendement attendu en situation favorable (Grieu *et al.*, 2008).

La sécheresse ou tout déficit hydrique dans le sol entraîne chez les plantes un stress hydrique qui est l'expression d'une incapacité des végétaux à satisfaire une demande d'évapotranspiration (Kramer, 1969). Le stress hydrique est l'un des stress environnementaux les plus importants, affectant la productivité agricole autour du monde (Boyer, 1982). Il occupe et continuera d'occuper une très grande place dans les chroniques agro-économiques. C'est un problème sérieux dans beaucoup d'environnements arides et semi-arides, où les précipitations changent d'année en année et où les plantes sont soumises à des périodes plus ou moins longues de déficit hydrique (Boyer, 1982). En effet, on assiste à un stress hydrique lorsque la demande en eau dépasse la quantité disponible pendant une certaine période (Madhava Rao *et al.*, 2006).

La culture de blé dur exige un total pluviométrique au dessus de 450 mm, pour une croissance sans stress hydrique. Une bonne répartition de cette pluviométrie, tout le long du cycle, serait de 350 mm du semis au stade gonflement et 150 mm du stade gonflement à la maturité physiologique (Chenaffi *et al.*, 2006). Le déficit hydrique, est l'une des principales causes des pertes de rendement du blé dur, pouvant aller jusqu'au sinistre total. L'effet de stress hydrique

sur la croissance et la phénologie du blé dépend du stage végétatif de l'avènement du stress, de la durée, de l'intensité du stress et de la sensibilité du génotype stressé (El Hafid *et al.*, 1998). Le déficit hydrique, après floraison, lorsqu'il est combiné aux fortes températures, entraîne une diminution du poids moyen du grain, suite à l'altération de la vitesse et de la durée de remplissage, provoquant ainsi l'échaudage (Benbelkacem et Kellou, 2001). Selon Debaeke *et al.*, (1996), le déficit hydrique précoce affecte en parallèle la croissance des racines et des parties aériennes, le développement des feuilles et des organes reproducteurs (Debaeke *et al.*, 1996). Le stress hydrique active la dégradation de la chlorophylle, et induit la fermeture des stomates, réduisant l'entrée du CO<sub>2</sub>. La réduction de la photosynthèse est liée à la réduction de l'activité photochimique du photosystème II (PSII) (Ykhlef, 2002).

### **3.2 Mécanisme d'adaptation des plantes au stress hydrique**

La résistance à la sécheresse du blé dur est un phénomène très complexe qui fait intervenir plusieurs caractéristiques d'ordre phénologique, morphologique, physiologique et biochimique reflétant différents types d'adaptation (esquive, évitement et tolérance) (Turner, 1979; Nachit et Ketata, 1986), quelle que soit l'origine de son adaptation, une variété arrive à produire sous stress hydrique (Levitt, 1982). Toute espèce possède donc un éventail de caractères dits adaptatifs car ils contribuent au maintien de l'équilibre entre les besoins des organismes et les conditions du milieu (Chaker et Brinis, 2005). Selon Rejeb et Ben Salem, 1993) les variétés de céréales résistantes au déficit hydrique se caractérisent par une stratégie regroupant en même temps, un ensemble des mécanismes d'adaptation.

#### **3.2.1 Adaptation phénologique**

Les paramètres phénologiques renvoient à la notion « d'évitement » ou d'échappement qui correspond au pouvoir d'un cultivar à achever son cycle pendant la période où l'eau est disponible (avant la déclaration de la sécheresse) (Hamada, 2002).

Il s'agit d'éviter les périodes critiques du cycle de développement (hautes températures, déficit hydrique) en les situant en dehors des moments de risque de survenue d'accidents climatiques. Ces paramètres renvoient à la notion d'esquive ou d'évitement grâce à l'utilisation de génotypes précoces. D'après Papadakis (1983), la précocité d'un génotype par rapport à un autre se matérialise par le nombre de jours à réaliser jusqu'à l'épiaison lorsqu'ils sont semés et à la même date. La précocité permet d'éviter la sécheresse et les hautes températures survenant à la fin du cycle de la culture (Monneveux, 1991 et Brisson, 1996). De ce fait l'utilité de la sélection se basant sur la précocité dans la date d'épiaison est plus à même de répondre aux soucis d'éviter à la plante des contraintes liées aux froids tardifs et surtout la sécheresse et les hautes températures de fin de cycle (Van oosteram *et al.*, 1993).

Les plantes soumises à un déficit hydrique durant les étapes de cycle de développement peuvent entraîner une réduction du poids de mille grains, du au blocage de la migration des assimilât stockés durant la montaison (Day, 1981).

### **3.2.2 Adaptation morphologique**

Slama *et al.*, (2005) mentionnent que l'évitement du déficit hydrique peut se traduire par des modifications morphologiques pour augmenter l'absorption d'eau et pour diminuer la transpiration et la compétition entre les organes pour les assimilât. Ces modifications affectent la partie aérienne et souterraine (Slama, 1996).

#### **A. Le développement du système racinaire**

Le développement du système racinaire est un facteur important de la résistance au stress hydrique (Passioura, 2004). Les géotypes de blé à système racinaire extensif exploitent un grand volume de sol, absorbent une grande quantité d'eau, donnant un haut rendement. Les caractéristiques du système racinaire ne jouent leur rôle dans la résistance à la sécheresse que si les racines sont bien développées, avant l'avènement du déficit hydrique (Rebetzke *et al.*, 2007).

#### **B. La hauteur de la plante**

Les sélectionneurs ont longtemps admis que les variétés de céréales les plus tolérantes étaient des variétés à paille haute. L'existence d'une liaison positive entre la hauteur de la plante et la tolérance à la sécheresse peut s'expliquer d'une part, par l'aptitude des géotypes à paille haute à remplir le grain en cas de déficit hydrique terminal par la quantité d'assimilât stockés dans la tige et la capacité de remobiliser ces réserves (Blum, 1988). Cependant de nombreuses études (Pheloung, 1991; Ali Dib, 1992; Bouzerzour et Hafsi, 1993) ont montré que les variétés de blé à paille courte ont une bonne adaptation et une meilleure productivité en zones sèches en combinant une tolérance élevée à la sécheresse et un indice de récolte élevé.

#### **C. La longueur des barbes**

La longueur des barbes est un paramètre morphologique qui semble être étroitement lié à la tolérance au déficit hydrique terminal, tout au moins chez le blé dur (Hadjichristodoulou, 1985). Slama (2002) mentionne que la variété ayant la barbe la plus développée, sous contrainte hydrique présente le meilleur rendement. En plus, la présence des barbes augmente l'efficacité d'utilisation de l'eau et l'élaboration de la matière sèche lors de la phase de maturation du grain (Nemmar, 1980). D'après les travaux de Araus *et al.*, (1991) et Hannachi *et al.*, (1996) en conditions de stress hydrique, les barbes contribuent au remplissage du grain chez le blé dur. Lors de la phase du remplissage des grains. La

photosynthèse est moins sensible à l'action inhibitrice des hautes températures chez les génotypes barbus comparativement aux génotypes glabres (Fokar *et al.*, 1998).

#### **D. La surface foliaire**

La feuille est l'organe le plus sensible à la contrainte hydrique, elle change de forme et d'orientation en présence d'un déficit hydrique (Gate *et al.*, 1993). Les déficits survenant en pleine phase de floraison entraînent la diminution de la surface de la feuille en réduisant la photosynthèse (Nachit *et al.*, 1992). La feuille étendue est la principale unité fonctionnelle des photosynthétats qui contribuent à la formation du grain (Rawson *et al.*, 1977).

Un autre type d'adaptation foliaire développé par la plante face à un manque d'eau est l'enroulement de la feuille qui peut être considéré comme un indicateur de perte de turgescence en même temps qu'un caractère d'évitement de la déshydratation (Amokrane *et al.*, 2002). O'toole et Cruz (1980) ont montré que l'enroulement des feuilles entraîne une diminution de 40 à 60% de la transpiration.

#### **E. L'épi**

D'après Blum, (1985), l'épi joue un rôle dans la photosynthèse et la production d'assimilât nécessaires au remplissage du grain, quand la dernière feuille devient sénescence. Les derniers organes chlorophylliens (glumes et barbes) jouent un rôle prédominant dans la formation du grain. Les barbes par leur port dressé et leur position au immédiat de la graine, conditionnent la formation du col de l'épi et contribuent dans la translocation des assimilât stockés à son niveau et donc à la photosynthèse (Gate *et al.*, 1990) alors que dans certains cas le rendement en grain paraît insensible à la longueur de l'épi. Les épis ont une utilisation efficace de l'eau plus élevée que celles des feuilles et il a été démontré que la contribution des épis est de 40% concernant la fixation du carbone totale en conditions de stress hydrique (Evans et Rawson, 1975).

#### **F. Le rendement et ses composants**

Le rendement étant un caractère quantitatif complexe, sa variation est sous contrôle d'un grand nombre de gènes. Une méthode plus analytique, basée sur l'utilisation de caractères morfo -physiologiques et phénologiques liés à l'adaptation à la sécheresse a été proposée par Richards, 1986 et Monneveux, 1991.

Le rendement en grains est tributaire de la quantité d'eau transpirée, de l'efficacité de l'utilisation de l'eau et de l'indice de récolte (Ludlow et Muchow, 1990). Le rendement est un caractère quantitatif complexe (Breck *et al.*, 1992) qui implique au moins cinq chromosomes (3A, 6A, 2B, 1D, 3D). Chez le blé dur, le rendement en grain est la résultante de plusieurs paramètres et des conditions environnementales dans lesquelles la plante est cultivée. Certains

chercheurs (Engledow et wadham, 1993) définissent le rendement comme étant l'ensemble des composantes: le nombre de plante par unité de surface, le nombre d'épis par plante, le nombre de grain par épi et le poids de mille grains. Chez le blé dur, l'amélioration du rendement dépend de l'amélioration d'une ou de plusieurs composantes du rendement, le nombre de grains par mètre carré est le produit du nombre d'épis fertiles par mètre carré par le nombre de grains par épi. Selon Ketata, 1987 et Hamada, 2002, ce paramètre joue un rôle important dans la détermination du rendement.

### **3.2.3. Adaptation physiologique**

La stratégie de la tolérance est mise en œuvre par les plantes grâce à l'abaissement du potentiel hydrique qui maintient la turgescence (Sorrells *et al.*, 2000). Les mécanismes intervenant dans la tolérance assurent l'hydratation cellulaire et diminuent la perte en eau en maintenant un statut hydrique favorable au développement foliaire. La réduction des pertes en eau par la fermeture stomatique est un moyen d'adaptation des plantes au stress. Cette diminution de la transpiration engendre une réduction de la photosynthèse. Les génotypes qui ont la capacité photosynthétique intrinsèque la moins affectée par le stress présentent une efficacité de l'utilisation de l'eau élevée et une plus grande capacité de survie (Araus *et al.*, 2002). L'adaptation à des milieux aux régimes hydriques variables est en partie associée à l'ajustement osmotique (Richards *et al.*, 1997). L'ajustement osmotique constitue le processus majeur permettant à la cellule de maintenir sa turgescence sous contrainte hydrique (Zhang *et al.*, 1999). L'ajustement osmotique est réalisé grâce à une accumulation des solutés conduisant à un maintien du potentiel de turgescence. Les solutés responsables de la régulation osmotique sont essentiellement des acides organiques, des acides aminés (proline, glycinebétaine), des sucres solubles et certains constituants inorganiques (Richards *et al.*, 1997).

#### **A. La teneur relative en eau (TRE%)**

La caractérisation du statut hydrique d'une plante pourrait passer par la seule évaluation de la teneur relative en eau (TRE%). Clarke et Mc Craig, (1982) attirent l'attention sur l'utilisation de la TRE% comme indicateur de l'état hydrique de la plante sous stress. Scofield *et al.*, (1988) notent que la TRE% diminue lorsque le stress augmente, mais elle diminue plus vite chez les variétés sensibles que chez les variétés résistantes. La TRE% en plus de sa relation avec le volume cellulaire reflète plus précisément la balance entre l'eau disponible dans la feuille et le taux de transpiration, le potentiel osmotique et de turgescence (Nouri, 2002). Les variétés tolérantes au stress hydrique, sont celles qui sont capables de perdre le moins d'eau par unité de temps et unité de surface, sous stress. La teneur relative en

eau ou turgescence foliaire est une caractéristique génotypique qui est liée à la capacité de la plante à maintenir un niveau d'eau dans la feuille qui soit à même de garantir la continuité de l'activité métabolique dont, entre autre, la photosynthèse. Le contenu en eau est facilement déterminable en tenant compte du poids frais après récolte, et du poids sec après mise à l'étuve à une température de 60°C (Chorfi, 1992). Le maintien d'un niveau élevé de la TRE% serait probablement lié à une bonne capacité d'ajustement osmotique permettant la préservation de l'intégrité structurale et fonctionnelle des tissus (Blum, 1988).

### **B. La teneur en chlorophylle**

Sous un stress hydrique, une diminution de la teneur en chlorophylle est remarquée chez le blé dur (Bousba *et al.*, 2009). Pour limiter les pertes en eau par évaporation et aussi l'augmentation de la résistance à l'entrée du CO<sub>2</sub> atmosphérique nécessaire à la photosynthèse, l'économie de l'eau se traduit par une turgescence relative moins affectée par le stress conduisant à une dilution de la chlorophylle (Slayter, 1974). Le rapport chlorophylle (a/b) est un bon indicateur du seuil de tolérance au stress hydrique (Guettouche, 1990). Tahri *et al.*, (1997) montrent que l'augmentation de la teneur en proline foliaire sous l'effet du stress suivie par un abaissement dans les teneurs en pigments chlorophylliens totaux (Chlorophylles a et b). Les résultats de Tahri *et al.*, (1997) révèlent une certaine proportionnalité, mais inverse, entre les teneurs en proline accumulées et les teneurs en pigments chlorophylliens perdues. Ainsi la variété qui accumule plus de proline est aussi celle qui connaît la plus forte diminution de ses teneurs en pigments chlorophylliens et vice versa.

### **3.2.4. Adaptation biochimique**

Plusieurs molécules de résistance aux stress hydrique sont accumulées dans la plante citant; la synthèse des sucres solubles, la synthèse des protéines (Dehydrines (Protéines late-Embryogenesis-Abundant protéines (LEA) et les aquaporines) et la synthèse de la proline.

#### **A. Accumulation de la proline**

La proline, marqueur de la résistance aux contraintes abiotiques, son accumulation constitue un véritable mécanisme de tolérance au stress hydrique (Slama *et al.*, 2004). L'existence chez les céréales d'une variation intraspécifique pour l'accumulation de la proline sous l'effet du stress hydrique suggère la proline, marqueur de la résistance aux contraintes abiotiques, la possibilité d'une sélection, sur la base de ce caractère, des génotypes qui auront une bonne capacité à survivre et un rendement en grains stable en conditions hydriques limitantes (Bergareche *et al.*, 1993). Pour cette raison, certains auteurs, Bellinger *et al.*, (1991) ont proposé l'accumulation de la proline comme technique de sélection. Tahri *et al.*, (1997) montrent que plusieurs sélectionneurs et physiologistes ont utilisé la capacité de son

accumulation dans le criblage de géotypes résistants au déficit hydrique [(Benlarabi et Monneveux, (1988) sur le blé dur; Bellinger *et al.*, (1989) sur le maïs et à la salinité [(Hubac et Vieira Da Silva (1980) chez *Artemisia herba alba*)].

### **3.3 Mécanisme de régulation des gènes lors du stress hydrique**

L'analyse moléculaire de la réponse à la déshydratation est donc arrivée à un stade où de nombreuses séquences de gènes variant au cours du stress sont disponibles (Dubos, 2001). Il est maintenant indispensable de combiner les approches physiologiques, génétiques, biochimiques ainsi que les techniques de biologie moléculaire afin d'avoir une approche intégrée des phénomènes qui régissent la réponse au stress et de pouvoir identifier les gènes les plus fortement impliqués dans la tolérance (Dubos, 2001). En effet, de nombreux gènes qui varient au cours du stress hydrique varient de la même manière pour d'autres stress environnementaux (Deepika et Anil, 1999). Au niveau du blé et de l'orge, plusieurs auteurs ont rapporté que les effets génétiques qui régularisent la réponse à la sécheresse, la salinité et le froid ont été assemblés dans un même chromosome (Cattiveli *et al.*, 2002).

L'intervention des gènes lors du stress hydrique, fait concourir des cascades de transduction de signaux allant de la perception jusqu'à l'expression des gènes. Urao *et al.*, (1999) ont identifié chez *Arabidopsis thaliana* une protéine membranaire (AtHK1) qui intervient dans la perception du manque d'eau. Suite au changement d'osmolarité, cet osmosenseur s'accumule fortement, sous sa forme active, au niveau des membranes racinaires (Urao *et al.*, 2000a). Il semblerait qu'il soit directement relié à une cascade de transduction du signal, faisant intervenir des MAP-kinases (Mitogen activated protein kinase) (Urao *et al.*, 2000b). Une chaîne de phosphorylation/déphosphorylation se déclenche, par la suite, contribuant ainsi à un système d'alarme au sein de la plante.

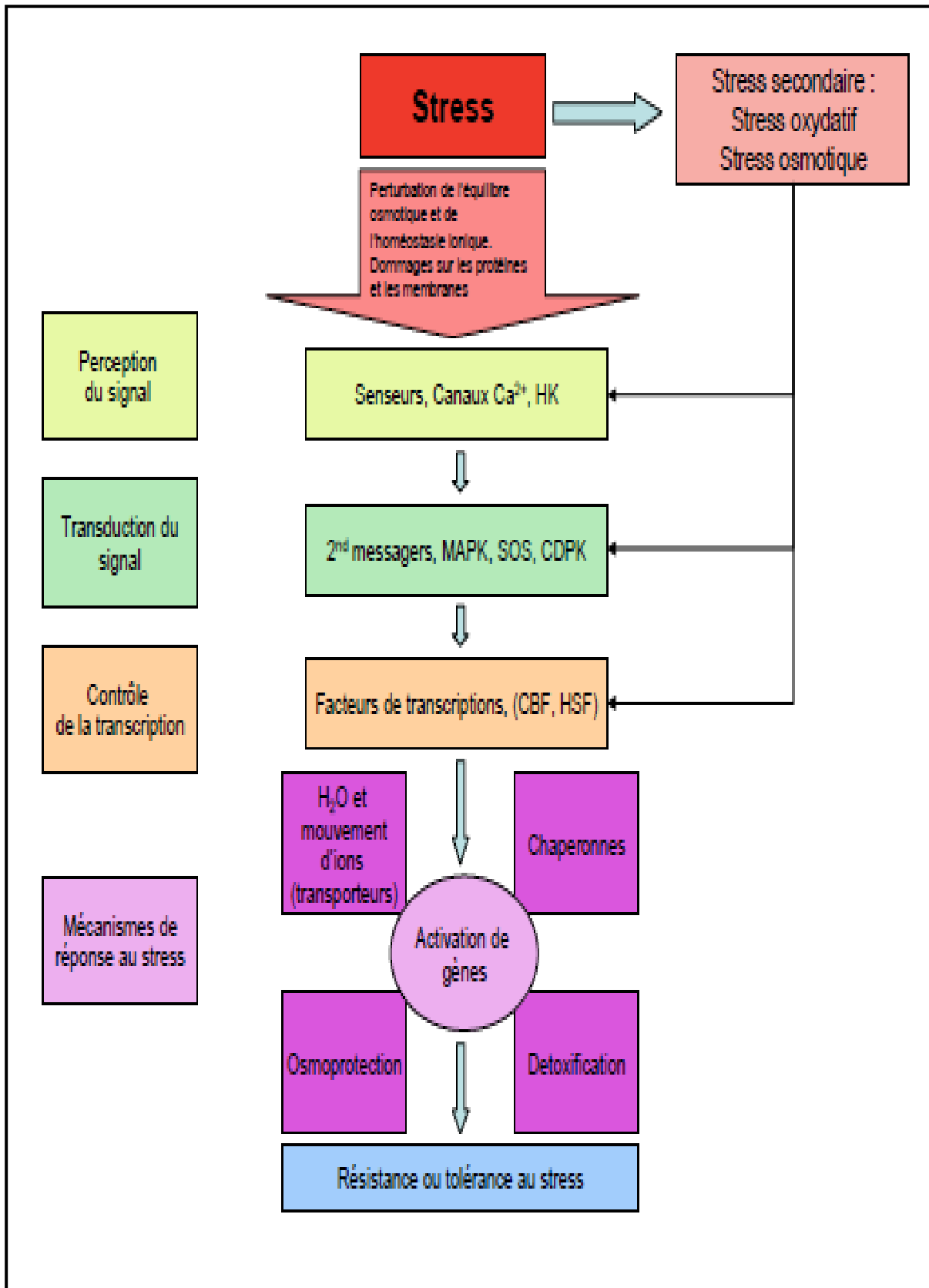
L'augmentation transitoire de Ca<sup>2+</sup> cytoplasmique et son largage, sous un aspect d'oscillations régulières, constituent un messenger secondaire dans la transduction du signal (Kacperska, 2004; Shi, 2007).

Les protéines kinases dépendantes du calcium (CDPK) jouent également un rôle crucial dans la cascade de transduction mettant la plante en état d'alerte contre le stress hydrique (Christmann *et al.*, 2006). Les CDPKs possèdent une structure caractérisée par un domaine sérine / thréonine qui est fusionné en C-terminal à un domaine calmoduline-like contenant des sites de fixation du calcium (Xiong et Zhu, 2001). Récemment, Gu *et al.*, (2008) ont montré chez le riz, l'implication d'une autre famille de protéines dépendantes du calcium dans la transduction du signal suite au stress salin. Il s'agit de calcineurin B-like protéine (CBL) précisément CBL8 codé par le gène *OsCBL8* (Gu *et al.*, 2008). Les MAPK sont aussi des



médiateurs qui interviennent dans la de transduction du signal en cas de déficit hydrique (Ramanjulu et Bartels, 2002). Une fois le signal atteint les noyaux des cellules cibles, il en résulte le déclenchement des facteurs de transcription qui régulent l'expression des gènes. Prouvé l'importance d'un autre facteur appartenant à la même famille des leucine zipper, il s'agit de *HD-START* dont la surexpression entraîne une réduction du nombre de stomates et une modification de l'architecture des racines ce qui confère une meilleure tolérance au stress hydrique chez *Arabidopsis thaliana* et *Nicotiana tabaccum* (Yu *et al.*, 2008).

A la fin de la cascade de signalisation et suite à l'activation de facteurs de transcription, certains gènes vont être régulés afin de rétablir l'homéostasie cellulaire et contribuer ainsi à la résistance ou à l'adaptation de la plante aux conditions de pénuries d'eau. Ces gènes codent généralement pour des enzymes impliquées dans la production de molécules osmorégulatrices, des transporteurs, des enzymes de détoxification et des chaperonnes (Martre *et al.*, 2002), (Figure 05).



**Figure 05:** Représentation générale de la réponse aux stress chez les plantes (Wang *et al.*, 2003)

### **III. Amélioration et sélection génétique de l'adaptation aux stress abiotiques**

L'amélioration génétique des plantes a commencé dès que l'homme a appris à sélectionner des plantes supérieures. De ce fait la sélection est devenue la première méthode de l'amélioration des plantes. Avec de plus amples connaissances sur les plantes et en découvrant le sexe des plantes, l'homme a appris à faire des hybridations, quoique cette technique était déjà pratiquée du temps de Mendel. Les expériences de Mendel ont éclairé les choses en donnant de plus amples détails permettant la compréhension des mécanismes de l'hérédité et leur utilité pour les manipulations génétiques afin de développer de nouveaux cultivars avec de nouvelles combinaisons génétiques qui sont ensuite analysées et fixées à l'état homozygote par une série d'autofécondation successives (Figure 06). Donc le but du sélectionneur est de rassembler dans une plante d'une espèce donnée, le maximum de caractères favorables, il faut connaître le ou les gènes qui gouvernent chaque caractère, puis le transmettre par croisement aux variétés d'intérêt agronomique.

Pour la réalisation de l'amélioration génétiques des plantes, il faut suivre les étapes suivantes:

- Reconnaître les traits morphologiques et les réponses physiologiques des plantes qui sont importants pour une adaptation, un bon rendement et qualité de la culture.
- Dessiner les techniques d'évaluation du potentiel génétique de ces traits.
- Détecter les sources de gènes des caractères désirés, qui peuvent être utilisés dans un programme d'amélioration.
- Combiner le potentiel génétique de ces caractères au sein d'une variété améliorée ou cultivar.

Génération	Evolution des Fréquences de Génotypes (1 gène avec 2 Allèles A et a)		Fréquence des Hétérozygotes    Homozygotes	
Parents	AA	x aa	0%	100%
Hybride F1	↓ Aa		100%	0%
F2	1/4 AA	1/2 Aa	50%	50%
F3	1/4 AA + 1/8 AA	1/4 Aa	25%	75%
F4	7/16 AA	1/8 Aa	12.5%	87.5%

**Figure 06:** Sélection des Hétérozygotes sous l'effet de l'autofécondation

## 1. Méthodes d'améliorations génétiques

### 1.1 La méthode classique

L'amélioration génétique des plantes représente les activités qui tendent à ajuster génétiquement les plantes pour les rendre aptes aux besoins de l'homme. Cette activité cherche à rendre les plantes mieux adaptées aux milieux physique, biologique et économique (Gallais, 1999). Parmi les objectifs auxquels l'amélioration génétique des plantes répond, celui d'adapter les variétés à la variabilité spatio-temporelle des conditions environnementales, pour quelles produisent plus (Doré et Varoquaux, 2006). Le but ultime d'un programme de sélection est la production de variétés ayant un rendement élevé et stable (Hadj Youcef Taïbi *et al.*, 2003). L'amélioration du rendement passe par la caractérisation du germplasm disponible. En effet, l'identification des caractères morpho-physiologiques conduit à définir l'idéotype adéquat pour un milieu donné (Passioura, 2004). Une diversité génétique large est à la base de la plupart des processus d'amélioration des plantes. Elle doit être disponible pour améliorer le rendement potentiel. Les espèces sauvages apparentées aux blés constituent un important réservoir de gènes utilisables dans l'amélioration des formes cultivées. Les

transferts les plus faciles sont ceux qui sont réalisés à partir d'espèces ayant au moins un génome homologue à celui du blé (ElJaafari *et al.*, 2000).

L'adaptation du blé aux stress peut être améliorée en introduisant chez des variétés productives des caractères morpho-physiologiques de résistance. La variabilité génétique de ces caractères au sein du blé est souvent limitée. Les croisements interspécifiques et l'introgession de caractères favorables, présents chez les espèces primitives, constituent une voie intéressante de recherche. L'utilisation des espèces primitives tétraploïdes (*Triticum dicoccum*, *Triticum polonicum* et *Triticum carthlicum*) apparaît particulièrement prometteuse pour l'amélioration génétique de la tolérance au stress chez le blé dur (El Jaafari *et al.*, 2000). Certains croisements réalisés avec des blés primitifs ont donné des résultats intéressants en zones sèches, tels que les croisements entre Zenati x *Triticum polonicum*, Sébou x *Triticum polonicum*, Sahel x *Triticum dicoccum*) (El Jaafari *et al.*, 2000). La sélection peut cibler l'adaptation spécifique ou au contraire l'adaptation générale à des conditions de milieux variés (Annichiarico *et al.*, 2005). L'adaptation spécifique pourra être obtenue pour des stress particuliers, observés en l'occurrence dans des milieux particuliers. L'adaptation générale, ou adaptabilité, est conférée par une adaptation simultanée à un ensemble de contraintes du milieu, tels que le froid, le manque d'eau, le manque ou l'excès d'azote et les maladies (Brancourt-Hulmel, 2000). Cooper et Fox (1996) préconisent la sélection pour l'adaptation spécifique en présence d'interaction significative et répétable, et la sélection pour l'adaptation générale, en absence d'interaction de nature qualitative.

## **1.2 La sélection assistée par les marqueurs moléculaires (MAS)**

L'utilisation des marqueurs moléculaires est particulièrement intéressante quand l'évaluation est faite pour des caractères à hérédité complexe, sensibles à la variation environnementale comme le rendement et la résistance aux stress (Nachit *et al.*, 2000). L'utilisation des marqueurs est très utile pour les caractères difficilement mesurables, tels que le système racinaire et l'ajustement osmotique (El Jaafari *et al.*, 2000). Des cartes génétiques avec la localisation des marqueurs et des QTL de résistance aux stress chez le blé dur sont rapportées par divers auteurs (Quarrie *et al.*, 1995; Yang *et al.*, 2007). Ainsi des marqueurs et des QTL associés à la biomasse racinaire ont été cartographiés sur les chromosomes 4Bp et 5Ap et pour la discrimination isotopique sur les chromosomes 1Bq et 6Bq (Quarrie *et al.*, 1999). Yang *et al.*, (2007) ont cartographié les marqueurs moléculaires et les QTL contrôlant la capacité de stockage et de translocation des sucres solubles stockés dans le col de l'épi. Ainsi des marqueurs et des QTL associés au rendement et à des caractères de résistance aux stress deviennent de plus en plus disponibles chez les blés et le riz. Ces derniers pourraient

servir à assister l'introgession de caractères importants en matière de résistance au stress (El Jaafari *et al.*, 2000).

## **2. Processus de sélection adopté en Algérie**

Le schéma de sélection adopté en Algérie comporte un bloc de croisements où seront réalisées des hybridations. Une série de sélection est appliqué à partir de la F2, de génération en génération jusqu'à la stabilité génétique (F2, F3, F4, F5...Fn) soit par plante ou en bulk (par famille).

### **2.1 Pépinière d'observations**

Notre matériel végétal (introduit ou local) est mis en observation pour que le sélectionneur puisse faire un choix des caractères recherchés dans les variétés ou lignées testées, ce matériel est mis dans la pépinière de croisements pour son utilisation.

### **2.2 Pépinière de croisement**

La table de croisements est établie selon des objectifs bien déterminés, tels que : le rendement en grain; la résistance aux maladies; la qualité technologique; la précocité; la hauteur de la paille...etc.

Cette étape comprend deux principales opérations: la première consiste en la castration des épis par l'enlèvement des étamines, quant à la deuxième opération qui est la pollinisation des épis, qui consiste au transport de grains de pollen du parent mal vers le parent femelle. La pollinisation est réalisée environ 48 heures après la castration (lorsque les stigmates sont réceptifs).

### **2.3 Pépinières de sélection**

Selon les moyens disponibles et les objectifs fixés initialement le sélectionneur choisit la méthode de sélection qui convient. Il choisit par la suite les plantes les plus performantes à partir de la génération F2 jusqu'à Fn c'est-à-dire jusqu'à la stabilité génétique des caractères de la lignée sélectionnée.

**F0:** les épis hybridés semés donne naissance à des épis de la génération appelée F0.

**F1:** C'est la première génération, les grains de F0 semés à leur tour, donneront naissance à des plantes de F1. La génération F1 est récoltée en masse car, à ce stade, l'ensemble des plantes est homogène et hétérozygote.

**F2:** C'est la deuxième génération, Les grains de la F1 sont semés à leur tour pour donner naissance à des plantes de F2. C'est qu'à ce stade que la disjonction des caractères commence à apparaitre, donc on commence la sélection des plantes individuelles.

Toutes les sélections de la génération F2 feront l'objet de cycle suivant de la F3 (3ème génération) et ainsi de suite jusqu'à la stabilité génétique (fixité F<sub>n</sub> pour entrer ensuite en essai préliminaire de rendement.

## **2.4 Essais de rendement**

L'objectif de ces essais est l'évaluation des rendements. Le sélectionneur poursuit les notations effectuées en pépinière de sélection (notations de maladies, hauteur de la plante, date d'épiaison et de maturité, la couleur de l'épi, le type d'épi...etc). A ce stade la qualité technologique des grains est contrôlée.

- 1ère année de l'essai Préliminaire de rendement: 2 sites potentiels sont choisis.
- 2<sup>ème</sup> année: Essai Répété1 de Rendement choisir différentes zones agro-écologiques/Littoral.
- 3, 4 et 5ème année d'essais répétés 2, 3, 4 de rendement sur toutes les stations des différentes zones agro-écologiques.
- Essai répété 4ème année; 1 essai est conduit dans la station expérimental et un essai chez les agriculteurs.

Les variétés retenues par le sélectionneur au terme du processus de sélection feront l'objet d'un dépôt de dossier d'homologation auprès du Centre National de Contrôle et de Certification des semences et plants (CNCC) pour leur inscription au catalogue officiel.

## **3. Les marqueurs moléculaires**

### **3.1. Définition**

L'amélioration des plantes est basée sur l'utilisation de la variabilité génétique naturelle et sur des méthodes d'exploitation rapides et fiables de cette diversité dans les programmes de sélection (Eagles *et al.*, 2001; Langridge *et al.*, 2001; Dekkers et Hospital, 2002).

Les outils d'exploitation du génome du blé sont très en retard par rapport à d'autres céréales comme le maïs, le riz ou le sorgho. De ce fait, l'amélioration du blé reste aujourd'hui trop lente au regard des défis que l'agriculture doit affronter. Ce retard est dû à la difficulté d'accès à un génome très particulier et complexe, d'une part, avec 17 milliards de bases, il est de très grande taille (5 fois plus grandes que le génome du maïs et 40 fois plus grandes que celui du riz). D'autre part, le blé est un organisme polyploïde, c'est-à-dire que chacune de ses cellules possède plusieurs génomes. C'est pourquoi la plupart des gènes existent en plusieurs copies. Ainsi et dans le cas du blé dur, deux génomes dits homéologues, dénommés A et B et issus de deux espèces ancestrales différentes. Malgré l'émergence de nouvelles technologies

permettant un séquençage plus rapide et moins cher l'alternative au séquençage choisie par de nombreux laboratoires à travers le monde reste l'utilisation de marqueurs moléculaires. Les marqueurs moléculaires, directement issus du polymorphisme existant au niveau de l'ADN, sont désormais utilisés fréquemment pour l'analyse des ressources génétiques et dans les programmes d'amélioration des plantes. Actuellement, les marqueurs moléculaires permettent aux améliorateurs d'identifier les loci qui contrôlent la tolérance à la sécheresse et à d'autres caractères agronomiques (Saiki *et al.*, 1988).

Les marqueurs moléculaires sont de bons marqueurs génétiques, ils révèlent directement les modifications du patrimoine génétique qu'ils se traduisent ou non par une modification phénotypique, physiologique ou biochimique. Ceci les différencie aux marqueurs associés à des caractéristiques morphologiques, physiologiques ou biochimiques. Ces marqueurs moléculaires sont donc des indicateurs neutres de variabilité génétique qui permettent d'identifier le polymorphisme entre famille, genres, espèces, variétés, populations et même entre individus.

Un marqueur moléculaire est un fragment d'ADN dans le génome de l'organisme, correspondant à des locus, pour le-quel il existe du polymorphisme. Ces variations permettent d'identifier et de suivre les différentes formes alléliques de ce marqueur au cours des générations (Rossignol *et al.*, 2000). Les marqueurs d'ADN sont utiles pour la recherche de base (par exemple l'analyse phylogénétique et la recherche de gènes utiles) et pour la recherche appliquée (par exemple, la sélection assistée par marqueurs, les tests de paternité et la traçabilité (alimentaire)).

Un marqueur moléculaire doit idéalement présenter les caractéristiques suivantes:

- Le marqueur doit être polymorphe, c'est-à-dire qu'il doit posséder plus d'un allèle au moins dans la population étudiée. Le marqueur idéal est codominant, ce qui signifie qu'un hétérozygote peut être différencié de l'homozygote au locus en question.
- Il est non épistatique, c'est-à-dire que le génotype peut être lu à partir de son phénotype sans influence du génotype des autres locus. Il y a une absence d'interactions intra et inter locus.
- Le marqueur est neutre, une modification des locus marqueurs n'a pas d'autres effets phénotypiques que ceux qui permettent de déterminer son génotype.

Il existe plusieurs types de marqueurs moléculaires, mais on s'intéresse dans cette étude aux marqueurs microsatellites (SSRs) (Simple Sequence Repeat).



### **3.2. Différents type de marqueurs moléculaires**

#### **3.2.1. Les marqueurs de type RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism):**

La technique RFLP développée par Botstein *et al.*,(1980) repose sur la mise en évidence de la variabilité de la séquence nucléotidique de l'ADN génomique après digestion par des enzymes de restriction. Une enzyme de restriction coupe l'ADN dans des séquences en palindrome appelées sites de restriction. Le site de restriction est spécifique de l'enzyme qui reconnaît des séquences de 4, 6, 8 ou parfois plus de paires de bases. Une multitude de fragments d'ADN de tailles variables est générée par cette digestion enzymatique, puis séparée sur gel d'agarose et transférée par capillarité sous forme dénaturée sur une membrane de nylon. Cette membrane est mise en contact avec une solution contenant un fragment d'ADN ou sonde qui permet de repérer des fragments d'ADN génomique qui lui sont homologues. La différence entre deux génotypes est révélée par autoradiographie si la sonde est marquée par le phosphore radioactif ou par réaction colorée si elle est associée à un conjugué enzymatique. Le polymorphisme détecté est dû à des mutations au niveau des sites de restriction de l'enzyme (polymorphisme de site de restriction) et/ou à des délétions/insertions d'un fragment d'ADN au voisinage de la zone génomique reconnue par la sonde. C'est le couple enzyme/sonde qui constitue le marqueur (Najimi *et al.*, 2003).

#### **3.2.2. Les marqueurs moléculaires basés sur l'utilisation de la méthode PCR**

Le développement de la technique PCR (Polymerase Chain Reaction) offre l'avantage d'analyser les marqueurs moléculaires en un temps court tout en utilisant des concentrations faibles d'ADN. Les plus largement utilisés sont les microsatellites ou SSR (Simple Sequence Repeat); l'AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) et la RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) (Najimi *et al.*, 2003).

##### ***Principe de la PCR***

La PCR (Polymerase Chain Reaction) est une technique d'amplification de l'ADN en plusieurs milliers d'exemplaire. Elle consiste en la répétition (en général de 20 à 45 fois) d'un cycle PCR, dans un appareil appelé «thermocycleur» dont les montées et descentes en température sont programmables, ainsi que le nombre de cycle (Bertheau *et al.*, 1993).

Un cycle d'amplification ou (cycle PCR) comprend trois étapes:

- Une étape de dénaturation thermique de l'ADN double brin à 95°C qui sépare les deux chaînes complémentaires pour l'obtention de deux brins d'ADN monocaténaire;
- Une étape d'appariement ou d'hybridation de ces brins d'ADN monocaténaire avec les deux oligonucléotides (amorces), dont la séquence nucléotidique est complémentaire des extrémités de la cible. Cette étape s'effectue à une température

spécifique pour chaque réaction PCR, elle a une relation directe avec les deux oligonucléotides utilisés, elle varie de 50 à 60°C.

- Une étape d'élongation par l'ADN polymérase ou (la Taq polymérase). La Taq polymérase est une enzyme thermostable ou thermorésistante d'origine bactérienne, elle provient d'une bactérie appelée *Thermus aquaticus* vivant dans des milieux chauds. Cette enzyme est utilisée pour la synthèse d'un nouveau brin complémentaire de l'ADN monocaténaire et des désoxyribonucléotides Triphosphate (dNTP) qui sont les éléments de base utilisés par la Taq polymérase et elle nécessite pour cela quatre dNTP qui sont comme suit; dATP (désoxyribose adénine triphosphate), dTTP (désoxyribose thymine triphosphate), dGTP (désoxyribose guanine triphosphate), dCTP (désoxyribose cytosine triphosphate) (Bertheau *et al.*, 1993).

Le mélange réactionnel est ensuite chauffé de nouveau pour séparer les brins originaux des brins nouvellement synthétisés. Tous sont en suite disponibles pour un nouveau cycle d'hybridation des amorces de synthèse d'ADN, puis de séparation des brins.

#### **A. Les marqueurs RAPD**

La technique RAPD. Elle consiste en l'amplification par PCR de fragments de l'ADN génomique en utilisant des amorces arbitraires de taille courte (10 pb). Les produits d'amplification sont généralement visualisés par électrophorèse sur gel d'agarose (Williams *et al.*, 1990).

Cette technique est simple, rapide et ne nécessite ni un marquage radioactif ni une connaissance préalable de la séquences nucléotidique. Néanmoins, la RAPD manque de reproductibilité puisqu'elle est très sensible à la concentration de l'ADN et aux conditions d'amplifications (Williams *et al.*, 1990).

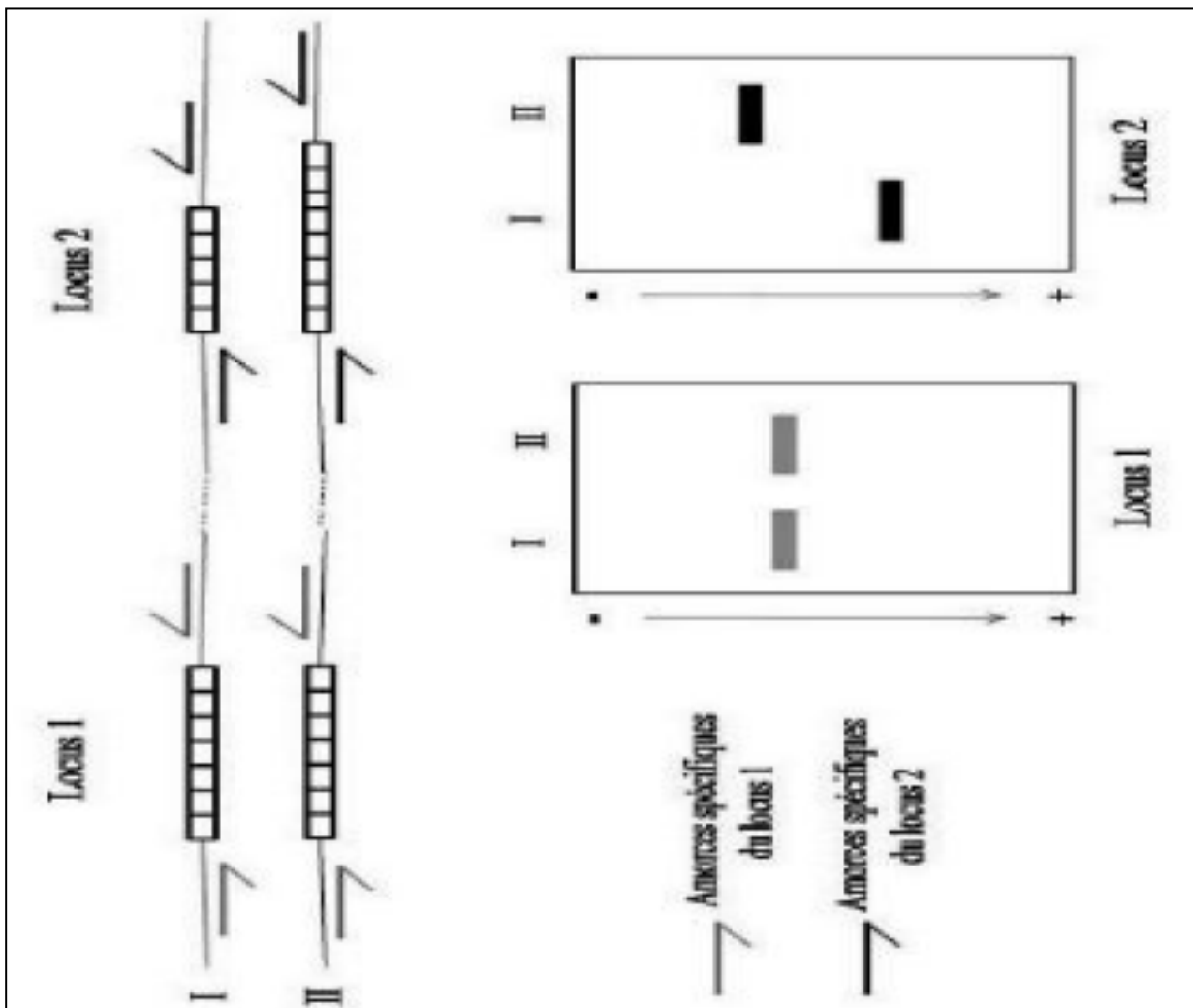
#### **B. Les marqueurs AFLP**

Combine la technique de la RFLP à la PCR (Vos *et al.*, 1995). La RFLP utilise ainsi les enzymes de restriction et l'hybridation d'amorce PCR. L'ADN est clivé par deux enzymes de restriction (exemple Eco RI et Mse I). Des adaptateurs de séquences connues (20pb) sont ajoutés de part et d'autre des fragments d'ADN. Les bouts ajoutés constituent un *template* pour la fixation d'amorces PCR. On amplifie ainsi les fragments d'ADN via PCR. Les conditions sont prévues pour privilégier l'amplification des fragments Eco RI MseI au détriment des fragments Eco RI-Eco RI et MseI-MseI. Dans une deuxième étape dite sélective, on utilisera les mêmes amorces mais prolongées à l'extrémité 3' de quelques nucléotides arbitraires (1 à 3). Cette étape permet de n'amplifier que les fragments complémentaires des bases arbitraires entraînant une réduction du nombre de fragments amplifiés. Une centaine de fragments sont

finaleme nt révéleés en gel d'acrylamide après électrophorèse. Ceux-ci correspondent aux fragments dont le polymorphisme provie nt des sites de restriction mais égaleme nt des sites d'hybridation des bases arbitraires.

**C. Les marqueurs microsatellites (SSR)**

Les microsatellites ou SSR (répétitions de séquences simples) ou STR (sequences repetees en tandem) sont des séquences composées de courts motifs d'ADN (1 à 6 bases) répétés en tandem. Les plus courants sont (A)<sub>n</sub>, (TC)<sub>n</sub>, (TAT)<sub>n</sub>, (GATA)<sub>n</sub>, etc. (n varie de quelques unités à plusieurs dizaines). Ce sont des séquences très présentes dans le géno me des plantes (Toth *et al.*, 2000; De Vienne et Santoni, 1998). Ces éléments sont uniforméme nt répartis en à des milliers d'exemplaires dans le géno me d'une espèce (Figure 07).

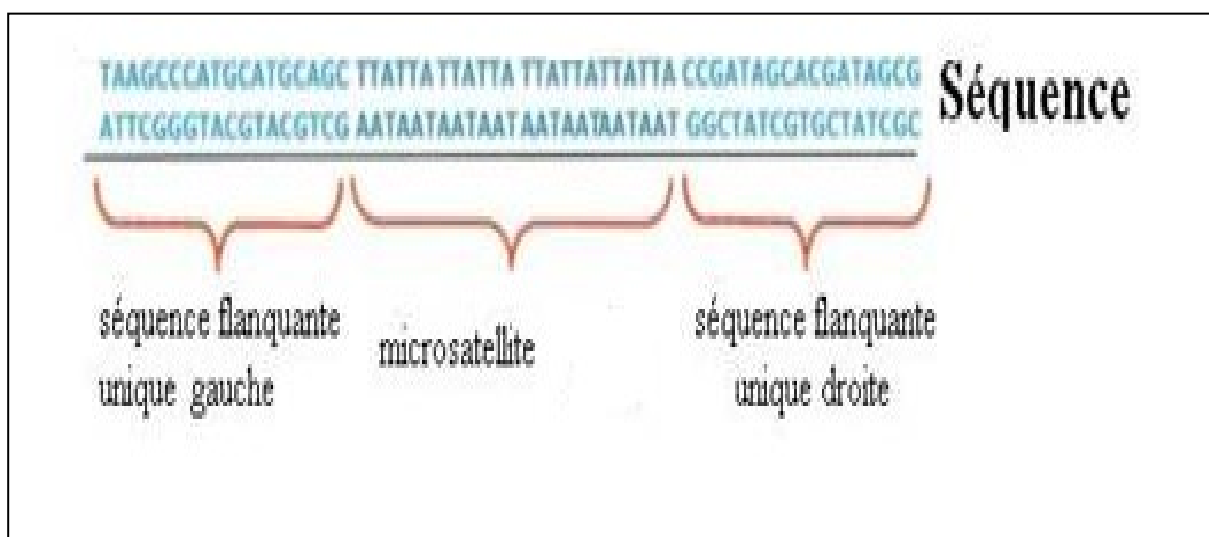


**Figure 07:** Principe de la technique SSRs

L'intérêt des microsatellites en génétique, réside dans leur taux de polymorphisme extrêmement élevé. Ce polymorphisme ne réside pas dans la séquence proprement dite mais dans le nombre de répétitions de ces motifs simples (Decroocq, 2003). Les marqueurs microsatellites fournissent des marqueurs de choix par leur abondance, leur reproductibilité élevée et la détection à un niveau multialléliques de loci (Toshihiko et Momotaz, 2004).

Les principales contraintes des SSRs, en tant que marqueurs moléculaires, sont l'effort et le coût exigé pour leur développement. Pour cette raison leur utilisation a été limitée à quelques espèces importantes sur le plan agricole. Mais leurs développements à partir de banques génomiques, d'EST (Expressed sequence tag) et d'autres séquences d'ADN, ainsi que l'évolution de la bioinformatique ont considérablement réduit les coûts de développement de ces marqueurs SSRs.

En raison du nombre élevé de microsatellites et pour obtenir des profils lisibles, c'est la PCR qui va être mise à profit pour les révéler individuellement, fournissant des marqueurs spécifiques de locus, codominants et hautement polymorphes. En effet, si un motif microsatellite donné n'est pas spécifique d'un locus donné, les régions flanquantes, par contre, le sont (Figure 08). Une paire d'amorces spécifiques de ces régions flanquantes amplifiera donc ce seul locus microsatellite. L'analyse des produits amplifiés s'effectue sur gel d'acrylamide après révélation par coloration au nitrate d'argent ou grâce à un marquage fluorescent des amorces en utilisant des séquenceurs capillaires.



**Figure 08:** Un marqueur microsatellite de motif (TA) avec les régions flanquantes. Source: *(Biologie et Multimédia - Université Pierre et Marie Curie - UFR de Biologie)*

Les marqueurs microsatellites sont fréquemment utilisés en génétique des populations pour des études portant sur la diversité (Eleuch L, *et al.*, 2008 ; Lakew B *et al.*, 2012 et Bousba *et al.*, 2012a) ou la gestion des ressources naturelles et aussi dans la cartographie génétique et la détection de QTLs (Goldstein et Schlotterer, 1999).

En résumé, les marqueurs RFLP et SSRs (microsatellites) sont spécifiques de locus, co-dominants et sont utilisés généralement pour la cartographie, la détection de Q T L (Quantitative Trait Loci) et les études de diversité tandis que les marqueurs RAPD et A F L P sont dominants, non spécifiques de locus et servent essentiellement à la saturation d'une région du génome au voisinage d'un gène d'intérêt en vue de son clonage (Tableau 3).

*Tableau 3: Les avantages et les inconvénients des principaux marqueurs moléculaires*

<i>Marqueurs moléculaires</i>	<i>Avantages</i>	<i>Inconvénients</i>
<i>AFLP</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• L'AFLP permet un survol rapide de l'ensemble du polymorphisme du génome.</li> <li>• Elle est hautement reproductible.</li> <li>• Il n'ya pas besoin de connaître une séquence et de créer des sondes spécifiques.</li> <li>• Elle permet la création facile et rapide de cartes génétique.</li> <li>• L'AFLP permet la création d'un profil de transcrits qui reflète l'expression et la répression de gènes (AFLP- cDNA).</li> <li>• Cette technique peut être appliquée à de nombreuses espèces (animaux, plantes et bactéries).</li> <li>• L'AFLP ne nécessite aucune connaissance préalable de séquences du génome de la plante étudiée, ni la construction des banques génomiques ou cDNA.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La génération d'une grande quantité d'information nécessite une analyse automatisée et la technologie informatique.</li> <li>• Ce sont des marqueurs dominants.</li> <li>• Les marqueurs AFLP sont: souvent localisés aux centromères et aux télomeres.</li> <li>• Le laboratoire doit être formé dans l'analyse de données.</li> <li>• L'AFLP, étant couverte par un brevet de la société néerlandaise Key gene qui a mis au point cette technique, est une méthode couteuse.</li> <li>• Ces différences limitent l'utilisation de l'AFLP à grande échelle pour des applications comme la sélection assistée par marqueur.</li> </ul>
<i>RFLP</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La RFLP est une méthode fiable et facilement transférable entre laboratoires.</li> <li>• Il s'agit d'un marqueur co dominant.</li> <li>• Aucune information sur la séquence n'est requise.</li> <li>• La technique est principalement basée sur des homologues de séquences, elle peut être utilisée pour des analyses phylogénétiques entre espèces.</li> <li>• Elle est utilisée pour faire des cartes génétiques de liaisons.</li> <li>• Il s'agit d'un marqueur locus spécifique qui peut également permettre l'étude de synthénies.</li> <li>• La RFLP est une technique simple ne nécessitant pas de sondes particulières.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La RFLP nécessite une grande quantité d'ADN.</li> <li>• Elle n'est pas automatisable vu les étapes de transfert et d'hybridation.</li> <li>• Certaines espèces possèdent un taux peu élevé de polymorphisme.</li> <li>• Un faible nombre de locus sont détectés 02 par expérience.</li> <li>• Cette technique nécessite d'avoir recours à une banque de sondes.</li> <li>• La méthode est peu rapide.</li> <li>• Son coût est élevé.</li> <li>• Il est possible de transmettre les sondes entre laboratoires.</li> </ul>

<i>RAPD</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Elle consiste en l'amplification par PCR de fragments de l'ADN génomique en utilisant des amorces arbitraires de taille courte (10 pb)</li> <li>• Les produits d'amplification sont visualisés par électrophorèse sur gel d'agarose.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Manque de reproductibilité puisqu'elle est très sensible à la concentration de l'ADN et aux conditions d'amplifications.</li> </ul>
<i>SSRs</i>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Les microsatellites sont des marqueurs codominants.</li> <li>• Ils sont très largement utilisés.</li> <li>• Il ya une grande fréquence de SSR dans le génome.</li> <li>• Les microsatellites sont bien répartis à travers tout le génome.</li> <li>• Ils sont reproductibles.</li> <li>• Les microsatellites sont faciles à manipuler.</li> <li>• polymorphisme élevé de SSR dans la population humaine.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La préparation des microsatellites est très lourde car il faut cribler une banque génomique enrichie avec une sonde du microsatellite, séquencer les clones positifs, synthétiser les amorces oligonucleotidiques et tester les paires d'amorces dans un échantillon d'individus.</li> </ul>

#### **4. Diversité génétique**

Les informations obtenues au niveau phénotypique sont souvent difficiles à interpréter, car, il s'agit de variations continues où de nombreux gènes peuvent y être impliqués. Les marqueurs génétiques dont l'expression est indépendante de l'environnement sont utilisés pour caractériser les populations et évaluer leur diversité génétique aux niveaux intra- et inter-populations.

Selon la F.A.O (1993), la diversité génétique désigne la variation des gènes et des génotypes entre espèces (diversité interspécifique) et au sein de chaque espèce (diversité intraspécifique). Elle correspond à la totalité de l'information génétique contenue dans les gènes de tous les animaux, végétaux et micro-organismes qui habitent la terre. Au sein d'une espèce Le maintien de la diversité génétique est une nécessité pour assurer la sécurité alimentaire, elle permet aux plantes de s'adapter aux modifications de l'environnement, aux changements climatiques en particulier, de résister aux parasites et aux nouvelles maladies. La variabilité génétique des populations naturelles est la condition première de leur survie à long terme, puisque elle dépend de leur capacité d'adaptation à des conditions changeantes. Il existe deux types de diversité génétique; la diversité qualitative et la diversité quantitative. Le premier type de diversité est d'origine purement intrinsèque aux organismes, il correspond à des variations phénotypiques discontinues qui ne peuvent être influencées par le milieu : il est à l'origine de la différence qui existe entre les genres et les espèces.

Le second type de diversité est d'origine intrinsèque mais influençable par le milieu. Ce type de diversité correspond à des variations phénotypiques continues. Par exemple au sein de la même espèce, il existe des variations continues entre les individus selon le milieu dans lequel ils vivent.

## **6. Génétique d'association**

L'amélioration génétique sera facilitée chez le blé si des connaissances sont acquises sur le déterminisme génétique de caractères d'intérêt agronomique. Parmi les nouvelles méthodologies permettant d'étudier de tel traits, l'utilisation de méthodes d'association phénotype/génotype au niveau populationnel (Thornsberry *et al.*, 2001) paraît être une voie intéressante. Dans la littérature anglo-saxonne, le terme «étude d'association» revêt ainsi plusieurs dénominations: «association study», «association mapping», «gene mapping», «LD-mapping» ou encore «fine mapping».

La génétique d'association est une approche récente, elle a été développée au début des années 1990 à l'origine par la recherche médicale, qui ne dispose pas de populations construites pour identifier les zones du génome impliquées dans le contrôle de maladies génétiques à déterminisme simple ou complexe, la «génétique d'association», a suscité un intérêt croissant au cours des dernières années dans le domaine de la génétique végétale. Certains caractères à fort enjeu agronomique, comme la résistance à la sécheresse, la température ou la valorisation de l'azote du sol, sont complexes et sont gouvernés par plusieurs gènes appelés QTL (Quantitative Trait Loci), la génétique d'association permet d'accéder à ces caractères complexes, sans avoir besoin de séquencer tous les gènes impliqués. Elle permet aussi de tester un grand nombre de génotypes et d'explorer ainsi un large spectre de diversité génétique. Elle consiste à «associer» statistiquement les variations des caractères phénotypiques aux variations du génome. Pour ce faire, il faut réunir plusieurs conditions: disposer d'un grand nombre d'individus représentant au mieux la diversité naturelle et disposer de méthodes de phénotypage et de génotypage.

En résumé, elle consiste, en alternative au développement de populations entièrement contrôlées en ségrégation et à l'exploitation de la liaison physique entre marqueurs et localisations éventuelles de QTL impliqués dans des caractères agronomiques.



**MATERIEL**  
**ET**  
**METHODES**

## **Introduction**

Notre recherche s'inscrit dans un programme national d'amélioration des blés en Algérie (PNAB). Ce programme est conduit par l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie (INRAA) et l'Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) en association avec l'ICARDA depuis 2006. Dans ce programme national, nous avons utilisé un germoplasme diversifié qui est soit autochtone ou introduit de l'étranger (en provenance du CIMMYT (Mexique)). L'approche adoptée par la commission (INRAA/ITGC/ICARDA) était dirigée vers une approche multidisciplinaire, impliquant la convergence de plusieurs disciplines telles que les aspects de génétique, de gestion des ressources phyto-génétiques, de phytopathologie, d'entomologie et d'écophysiologie. Dans le but d'avoir de nouvelles variétés stables caractérisées par un haut rendement, une bonne qualité technologique et résistantes aux stress biotique et abiotique, plusieurs croisements ont été effectués depuis la campagne agricole 2005/2006 en ciblant les gènes d'intérêt qu'on veut garder et transmettre d'une génération à une autre en utilisant les méthodes conventionnelles classiques et les nouvelles technologies afin de développer des QTLs stables et puissants de tolérance à la sécheresse et qui seront par la suite utilisés dans les programmes d'amélioration par l'utilisation de la sélection assisté par marqueurs (MAS) et les nouveaux outils biotechnologiques.

Le résultat du premier croisement donne naissance à un hybride F1 (1ère génération) où aucune sélection n'est faite puisque la disjonction des caractères n'apparaît pas encore. La F1 est semée en 2ème année donnant naissance à une nouvelle génération appelé F2 où on peut commencer la sélection (apparition de la disjonction), un choix très ample de plantes ou de familles à sélectionner s'opère par des sélectionneurs. Toutes les sélections de la génération F2 feront l'objet du cycle suivant de la F3 (3ème génération) et ainsi de suite jusqu'à Fn (fixité) pour entrer ensuite en essai préliminaire de rendement. Dans notre travail on a intervenue au niveau des essais de rendement en 11ème génération (F11) où la stabilité génétique et la fixation des caractères commencent. Notre germoplasme a été caractérisé sur les plans morphologique, physiologique et moléculaire.

### **1. Matériel végétal**

Le matériel végétal utilisé dans notre étude est constitué de 17 variétés et lignés de blé dur (*Triticum durum* Desf.), sélectionnées à partir des essais internationaux en provenance du CIMMYT (Mexique) et de témoins locaux (Tableau 4).

## Matériel et Méthodes

**Tableau 4:** liste des variétés et lignées, abréviations, pédigrées et origines.

Code	variétés et lignées	Abréviations	Pédigrées	Origine
1	LD357E/2*TC60//JO69/3/FGO/4/GTA/5/SRN_1/6/...	LD357	CDSS04Y00755T-0TOPB-12Y-0M-06Y-1M-1Y-0B	Rép1-11
2	SORA/2*PLATA_12/3/SORA/2*PLATA_12//SOMAT_3/4/AJAIA_13/...	SORA	CDSS02B00849T-0TOPB-0Y-0M-7Y-2M-04Y-0B	Rép1-15
3	CND/VEE//CELTA/3/PATA_2/6/ARAM_7//CREX/ALLA/5/ENTE/...	CND	CDSS02B00429S-0M-9Y-06Y-1M-1Y-0B	Rép1-21
4	MINIMUS/COMB DUCK_2//CHAM_3/3/RCOL*2/4/...	MIN/COM	CDSS02B01108T-0TOPB-0Y-0M-5Y-4M-04Y-0B	Rép1-09
5	Beni Mestina	BM	Lahn/Ch1.2003	Témoin
6	MINIMUS_6/PLATA_16//IMMER/3/SOOTY_9/...	MIN/PLA	CDSS02B00396S-0M-4Y-06Y-4M-1Y-0B	Rép1-03
7	PLATA_7//ILBOR_1//SOMAT_3/3/CABECA_2/PATKA_4//ZHONG ZUO/.	PLATA	CDSS04Y00053S-13Y-0M-06Y-4M-1Y-0B	Rép1-16
8	MINIMUS/COMB DUCK_2//CHAM_3/3/RCOL*2/4/SOMAT_4/INTER_8	MIN/COM/DUC	CDSS02B01108T-0TOPB-0Y-0M-5Y-4M-04Y-0B	Rép1-19
9	BCRIS/BICUM//LLARETA INIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21/4/...	BCR	CDSS04Y00362S-27Y-0M-06Y-4M-1Y-0B	Rép1-13
10	Sigus	SIG	Ter-1/3/Stj3// Bcr /LKs4	Témoin
11	LDN7D(7A)/3*ASCONCHI/3/SORA/2*PLATA_2*PLATA_12//...	LDN7	CDSS04Y01137T-0TOPB-24Y-0M-06Y-1M-1Y-0B	Rép1-24
12	ALTAR84/STINT//SILVER_45/3GUANAY/4GREEN_14//YAV_10/...	ALTA	CDSS04Y00341S-11Y-0M-06Y-3M-1Y-0B	Rép1-01
13	TARRO_1/2*YUAN_1//AJAIA_13/YAZI/3/SOMAT_3/PHAX_1//...	TAR	CDSS02B01143T-0TOPB-0Y-0M-7Y-4M-04Y-0B	Rép1-18
14	LLARETA INIA/4/SKEST//HUI/TUB/3/SILVER/5/LHNKE/RASCON//...	LLAR	CDSS02B00574S-0M-12Y-06Y-2M-1Y-0B	Rép1-14
15	Waha	WH	Plc/Ruff//Gta/3/ Rtte	Témoin
16	Hoggar	VT	Vitron	Témoin
17	SHAM-3= KORIFLA	SH-3	Témoin	Témoin

## **2. Dispositif expérimental**

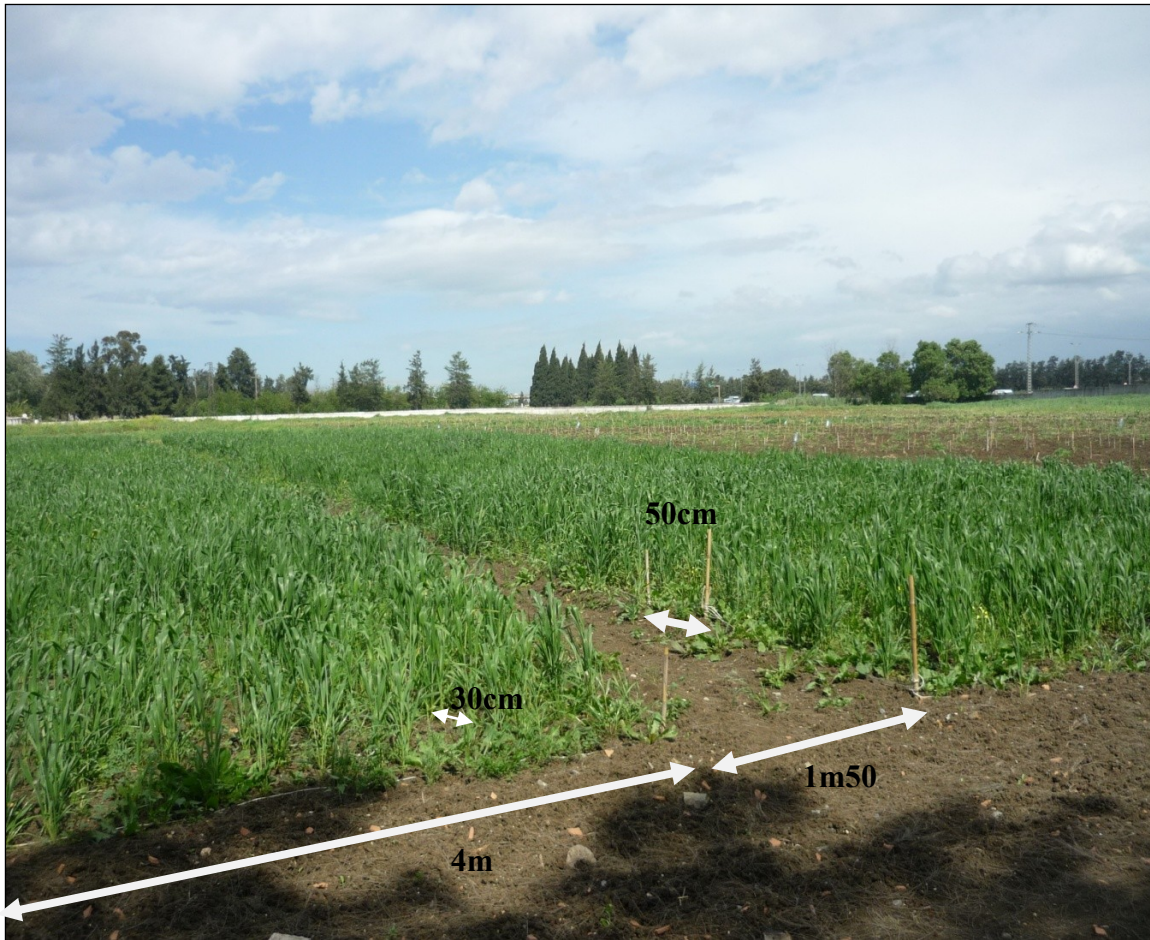
Les 17 génotypes ont été cultivés en plein champ et en conditions semis contrôlés (serre recouverte avec un film plastique).

### **2.1. Essai en en plein champs**

Deux expérimentations aux champs ont été conduites au cours de deux campagnes agricoles. Durant la première année 2013/2014, le semis a été réalisé le 09/01/2014, quant à la deuxième année 2014/2015, il a été réalisé le 18/11/2015. La densité du semis était 117.6 gramme par m<sup>2</sup>.

Le dispositif expérimental adopté, pour les deux expérimentations, a été celui des blocs aléatoires complets avec trois répétitions. Chaque bloc comporte 17 parcelles élémentaires dont chacune d'elles est représentée par 6 rangées de blé d'une longueur de 4m. La distance entre les rangées a été de 30cm. La Distance entre les parcelles élémentaires a été de 50cm, quant à la distance entre les blocs, elle a été de 1m50 (figure 09, Annexe 1a).

Le désherbage a été effectué à la main à l'intérieur de la parcelle et avec un rotovateur entre les parcelles ainsi qu'entre les blocs tout au long du cycle végétatif de la culture afin d'éviter tout effet négatif d'herbicides sur les génotypes. La récolte a été réalisée durant le mois de Juin.

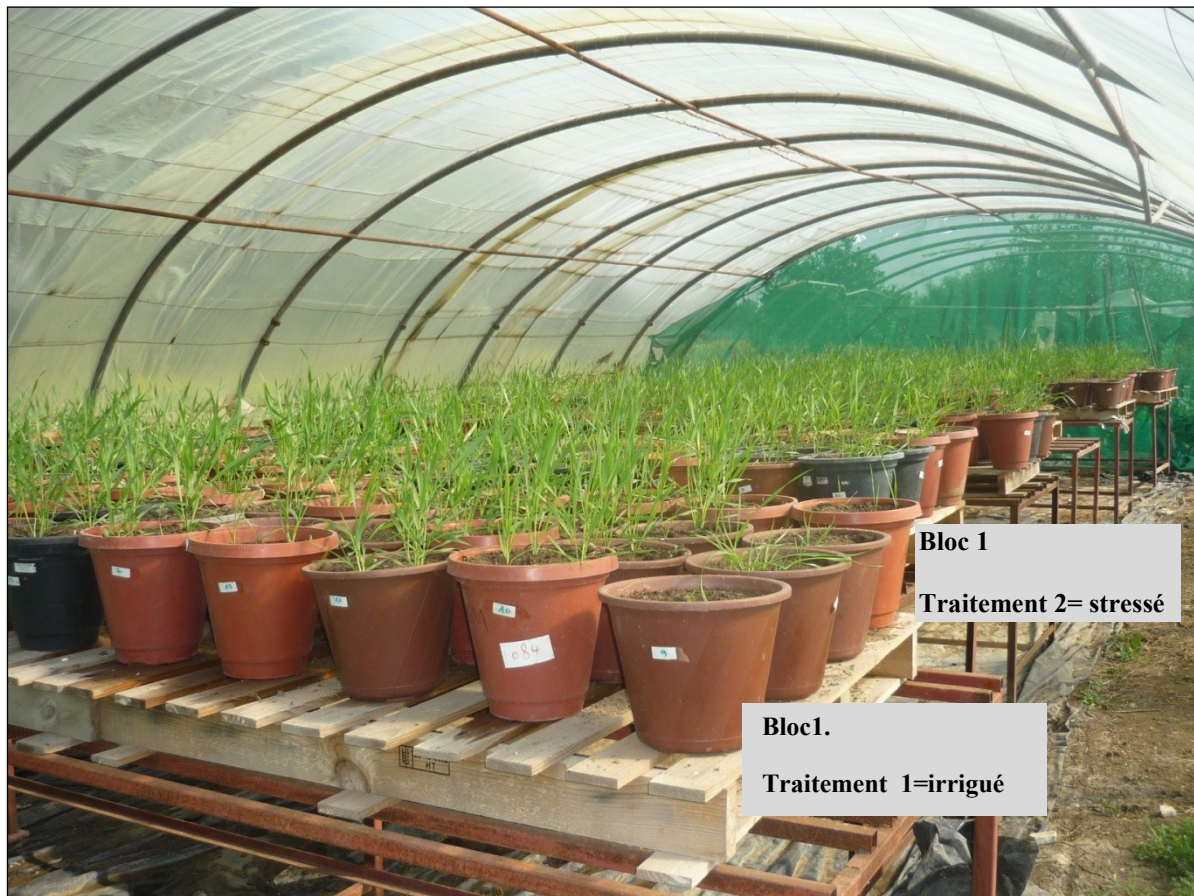


**Figure 09:** Dispositif expérimental en plein champs

## **2.2. En conditions semi-contrôlées**

Deux expérimentations en pots, sous conditions semi-contrôlées, ont été menées au cours des deux années 2013/2014 et 2014/2015 sur les 17 génotypes. Les semis ont été réalisés le 30/01/2014 et 05/01/2015 respectivement. Chaque pot, en plastique, a été rempli de 5Kg d'un substrat composé d'un mélange de matière organique, sable et terre (1:1:1). Le nombre de plantes par pot a été de 5. Le dispositif expérimental adopté dans ces expérimentations est celui du split plot avec deux traitements avec le régime d'irrigation (irrigué et stressé), comme traitement principal, et les 17 génotypes comme sous traitement. Le nombre de répétition a été de trois (03): Le régime hydrique « stressé » a consisté en une succession de périodes de stress suivies par des périodes de réhydratation durant tout le cycle de la culture. Le stress hydrique a été appliqué dès l'apparition de la 6ème feuille complètement déployée (correspondant à une bonne installation de la culture). Il a été provoqué par l'arrêt de l'irrigation. Quant au régime d'irrigation « irrigué », il a consisté en des apports en eau tous les deux jours avec une même quantité d'eau pour tous les génotypes (figure 10, Annexe 1b)

(Slama A *et al.*, 2005). Le désherbage a été effectué à la main tout au long du cycle végétatif de la culture afin d'éviter tout effet négatif d'herbicides sur les génotypes. La récolte a été réalisée durant le mois de Juillet.



**Figure 10:** Dispositif expérimental en conditions semi-contrôlées (sous serre)

### **3. Site d'expérimentation**

L'étude a été conduite à la station expérimentale INRAA de Mehdi Boualem (Baraki), durant deux campagnes agricoles consécutives (2013-2014 et 2014-2015) dont les coordonnées géographiques sont respectivement: Long: 3°41'E, lat: 36°68'N et une altitude de 18.5m. Les essais expérimentaux ont été conduits dans les mêmes conditions durant les deux campagnes.

### **4. les caractéristiques physico-chimiques du sol**

Le sol du site expérimental est un sol argileux caractérisé par un pH basique, une forte capacité d'échange de cations, riche en matière organique et en phosphore et faible en potassium et en azote. Les caractéristiques physicochimiques, du sol ont été réalisées au

laboratoire de pédologie de la station expérimentale INRAA de Baraki, sur trois échantillons moyens prélevés à des profondeurs différentes (-20 cm, -40 cm et -60 cm). Chaque échantillon moyen a résulté d'un mélange de trois prélèvements effectués à la tarière avant la mise en place de la culture (Tableau 5).

**Tableau 5:** Caractéristiques physico-chimique du sol

Profondeur d'échantillonnage (cm)		- 20	- 40	- 60	Moyenne
Granulométrie	Argile (%)	52	54.5	53.5	53.3
	Limon (%)	41.21	39.63	39.51	40.12
	Sable (%)	6.79	5.87	7	6.55
pH eau		7.71	8.58	8.60	8.30
C.E.C		32.45	24.89	29.12	28.82
Phosphore assimilable (meq / 100 gr de sol)		130	119.08	103.05	117.38
Potassium assimilable (meq / 100 gr de sol)		0.67	0.34	0.21	0.41
Carbone Total %		1.96	3.44	3.19	2.86
Azote Totale %		0.15	0.2	0.2	0.18
Matière organique %		3.38	5.92	5.50	4.93
C/N		13	17.2	16	15.4
Pf 2		31.81	31.08	29.47	30.79
Pf 4.2		20.4	19.6	18.4	19.47

En ce qui concerne les propriétés hydriques du sol, la teneur en eau du sol correspondant au point de flétrissement (Pf 2) a été de l'ordre de 19.47% quant à la teneur en eau à la capacité au champ (Pf 4.2), elle a été évaluée à 30.79%.

Les mesures ont été effectuées à l'Institut National des Sols, de l'Irrigation et du Drainage (INSID).

## 5. Etude climatique

### 5.1. En plein champs

Le cumul annuel des précipitations ; durant la campagne agricole 2013/2014, a été de l'ordre de 517,6 mm contre 544,8 mm en 2014/2015. Ces niveaux de précipitations sont inférieurs à la moyenne établie sur 25 ans (1988-2013) qui était de 608.91 mm (Tableau 6, Figure 11).

La température mensuelle moyenne (septembre à juillet) a varié de 11.8°C à 25.4°C pour l'année 2013/2014, et elle a varié de 10.7 °C à 27.2 °C pour l'année 2014/2015 (Tableau 6, Figure 12). Ces données ont été fournies par la Division de Recherche en Bioclimatologie et Hydraulique Agricole de Mehdi Boualem, Baraki, Alger.

**Tableau 6:** Moyennes de précipitations et de températures des deux campagnes agricoles 2013/2014, 2014/2015

	Cumul mensuel en annuel des précipitations (mm)			Températures moyennes mensuelles et annuel (°C)	
	Campagne 2013/2014	Campagne 2014/2015	Moyenne (1989-2013)	Campagne 2013/2014	Campagne 2014/2015
Septembre	17.8	17	29.82	23.9	25.7
Octobre	9.8	35.8	54.57	22.8	20.5
Novembre	196.8	35.2	98.95	14.4	17.6
Décembre	123.8	203.8	91.19	11.8	12.1
Janvier	85	78.8	81.98	13.3	10.7
Février	6.4	114.6	79.89	13.6	10.8
Mars	2.2	16.4	57.70	13.5	13.5
Avril	17.4	1.6	64.13	17.7	16.9
Mai	6.8	14	39.83	18.5	19.9
Juin	49.8	14.4	9.00	22.8	23
Juillet	1.8	13.2	1.85	25.4	27.2
Moyenne	517.6	544.8	608.91	17.97	17.99



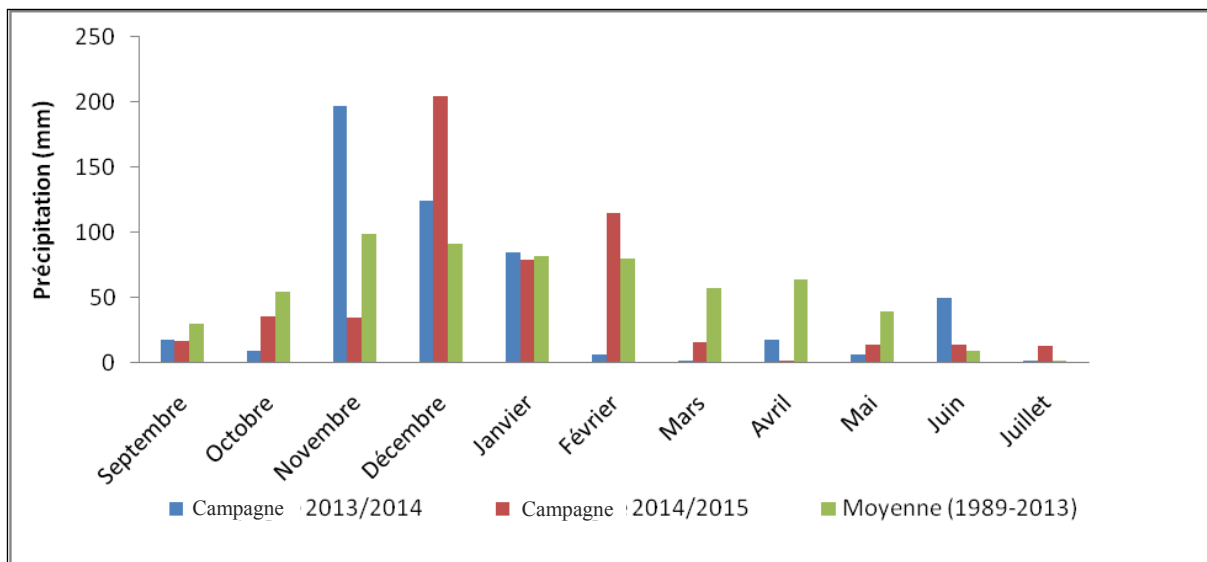


Figure 11: Cumul des précipitations des campagnes 2013-2014, 2014/2015 et la moyenne de 25 ans.

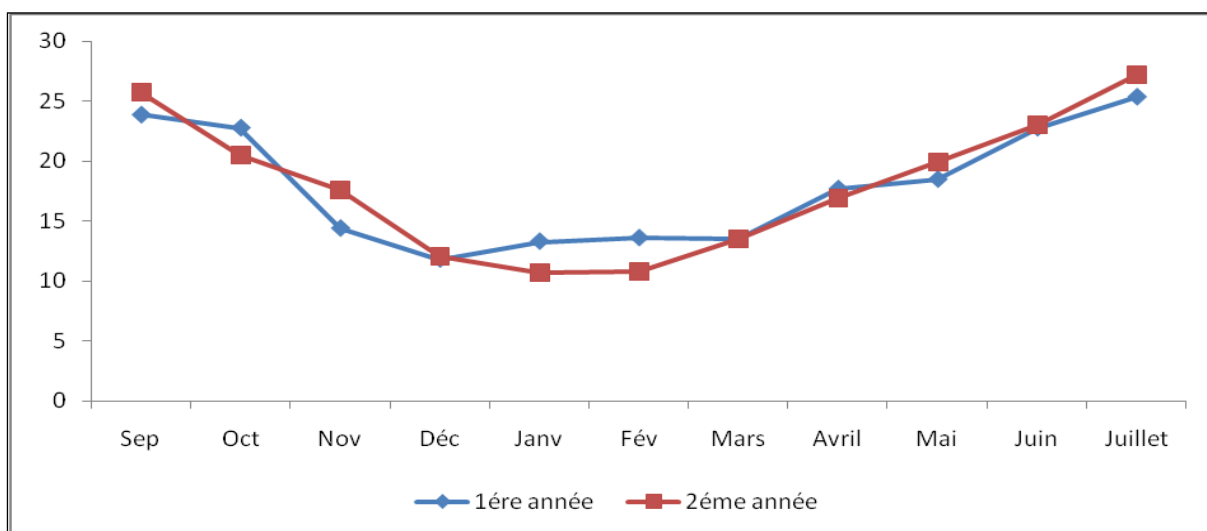


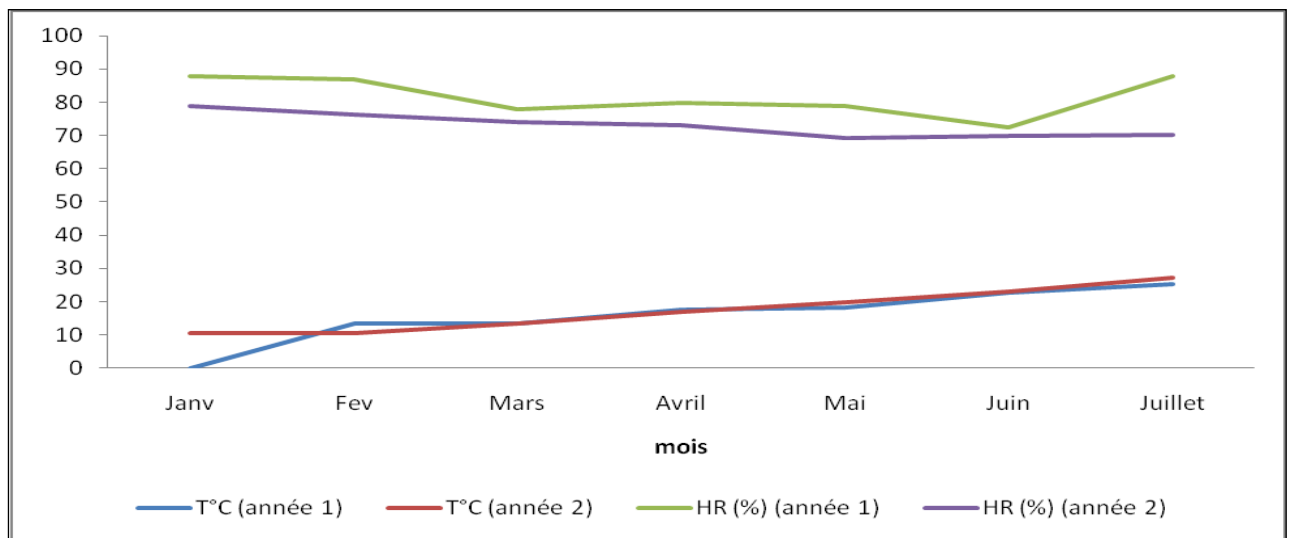
Figure 12: Température moyenne mensuelle des campagnes 2013-2014 et 2014/2015.

### 5.2 En conditions semi-contrôlées

La température moyenne des deux années a été presque identique, soit de 19,7 °C et 17,99 °C pour les campagnes 2013/2014 et 2014/2015 respectivement. Quant à l'humidité relative de l'air ambiant, elle a été un peu plus importante en première année (81,69 %) comparativement à la deuxième année d'expérimentation dont l'humidité moyenne enregistrée a été de 73,22 % (Tableau 7 et Figure 13).

**Tableau 7:** Températures et humidité relative de l’air ambiant des deux campagnes agricoles.

	Températures moyenne mensuelle et annuelle (°C)						Humidité Relative (%)	
	Campagne 2013/2014			Campagne 2014/2015			Campagne 2013/2014	Campagne 2014/2015
	°C Moy	°Cmax	°Cmin	°C Moy	°Cmax	°Cmin		
Janv	-	-	-	10.69	5.74	16.73	87.86	79.01
Fev	13.58	8.40	19.11	10.81	6.71	15.22	86.83	76.35
Mars	13.47	8.33	18.62	13.53	7.97	19.89	77.99	74.19
Avril	17.75	11.39	24.33	16.91	11.61	22.92	79.92	73.29
Mai	18.51	12.61	24.08	19.94	13.58	26.67	78.93	69.32
Juin	22.79	17.26	28.07	22.99	17.01	29.08	72.47	70
Juillet	25.45	19.5	31.16	27.22	20.21	33.93	87.85	70.4
Moy	18.59	12.92	24.23	17.44	11.83	23.49	81.69	73.22



**Figure 13:** Température moyenne et humidité relative moyenne mensuelle des deux campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015.

## 6. Méthodes

De nombreuses mesures ont été effectuées durant les deux années d'expérimentations 2013/2014 et 2014/2015 dans le but d'une meilleure compréhension des spécificités de comportements de chaque génotype dans les conditions naturel et dans des conditions de stress hydrique. Ces paramètres sont: les paramètres phénologiques, les composantes du rendement, les paramètres morphologiques, les paramètres physiologiques ainsi que le marquage moléculaire par l'utilisation des microsattellites SSRs.

Le Tableau 8 résume les paramètres réalisés en plein champs et en conditions semi-contrôlées.

**Tableau 8:** Les différents paramètres observés et mesurés sur 17 génotypes de blé dur en plein champs et en conditions semi-contrôlées.

<b>Plein champs</b>	<b>Conditions semis-contrôlées</b>
<p><b>Paramètres phénologiques:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Stade levé,</li> <li>2. Stade épi 1cm (E1cm),</li> <li>3. Stade élongation du pédoncule (EP),</li> <li>4. Stade floraison (F),</li> <li>5. Stade gonflement (G),</li> <li>6. Stade épiaison (E).</li> </ol>	<p><b>Paramètres morphologiques:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Stade de Haun,</li> <li>2. Longueur de la feuille (LF),</li> <li>3. Hauteur de la plante (HP),</li> <li>4. Nombre de talles fertiles (NTF),</li> <li>5. Nombre de talles stériles (NTS),</li> <li>6. Nombre total de talles (NTT),</li> <li>7. Longueur du pédoncule (LP),</li> <li>8. Longueur de l'épi (LE),</li> <li>9. Largeur de l'épi (LRE),</li> <li>10. Longueur des barbes (LB),</li> <li>11. Surface foliaire (SF),</li> <li>12. Etude racinaire.</li> </ol>
<p><b>Paramètres morphologiques:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Hauteur de la plante (HP),</li> <li>2. Nombre de talles fertiles (NTF),</li> <li>3. Nombre de talles stériles (NTS),</li> <li>4. Nombre total de talles (NTT),</li> <li>5. Longueur du pédoncule (LP),</li> <li>6. Longueur de l'épi (LE),</li> <li>7. Largeur de l'épi (LRE),</li> <li>8. Longueur des barbes (LB),</li> <li>9. Surface foliaire (SF),</li> <li>10. Largeur de la feuille (LRF),</li> <li>11. Longueur de la feuille (LF),</li> <li>12. Biomasse de la matière fraîche,</li> <li>13. Biomasse de la matière sèche.</li> </ol>	
<p><b>Paramètres physiologiques:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Mesure de la chlorophylle (Ch).</li> </ol>	<p><b>Paramètres physiologiques:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Mesure de la chlorophylle (Ch),</li> <li>2. Teneur relative en eau des feuilles (TRE%),</li> <li>3. Dosage de la proline.</li> </ol>

<p><b>Composantes en rendement:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Rendement en grain (Rdt),</li> <li>2. Nombre d'épillet par épi (Nept),</li> <li>3. Nombre de grains par épi (NG/épi),</li> <li>4. Poids de grains par épi (PG/épi),</li> <li>5. Poids de 1000 grains (PMG).</li> </ol>	<p><b>Composantes en rendement:</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Rendement en grain (Rdt),</li> <li>2. Nombre de grains (NG),</li> <li>3. Poids de grains par épi (PG/épi),</li> <li>4. Poids de 1000 grains (PMG).</li> </ol>
--	---

### **6.1 Paramètres phénologiques:**

Le suivi de la culture tout au long de son cycle végétatif, du semis jusqu'à la maturité, nous a permis de situer les différents stades phénologiques pour chaque génotype étudié. On note le stade de la culture, lorsque 50% du caractère recherché est observé.

**6.1.1. Stade levé:** correspond au nombre de jours du semis jusqu'à ce qu'à l'apparition de la pointe du coléoptile.

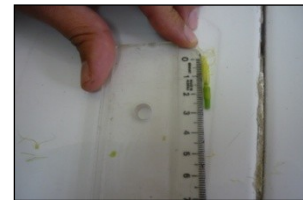
**6.1.2. Stade épi 1cm:** c'est le stade clé à partir du quel la plante va être en capacité d'absorber et de valoriser l'azote. Ce paramètre a consisté en le prélèvement, sur des 2 zones homogènes de la parcelle, 10 plants consécutifs. Pour chaque plant; on a repéré le maître brin puis on a coupé longitudinalement la pseudo tige et on a mesuré la distance séparant le plateau de tallage et le sommet de l'épi à l'aide d'une règle. La moyenne des 10 plants prélevés sur les deux zones a été réalisée, si elle est supérieure à 1cm, on dira que le stade « épi 1 cm » est atteint (figure 14).



Prélèvement du pseudo tige.  
l'épi



Dégagement de l'épi



mesure de la longueur de

**Figure 14 :** Différentes étapes pour la détermination du stade épi 1cm

**6.1.3. Stade élongation pédoncule (EP):** Ce stade a consisté en la mesure de la longueur du pédoncule au cours de son élongation.

**6.1.4. Stade floraison (F):** Le stade floraison est atteint lorsque 50% des épis comporte des fleurs visibles.

**6.1.5. Stade gonflement (G):** correspond au nombre de jours de la germination jusqu'au gonflement des épis détectable au toucher.

**6.1.6. Stade épiaison (E):** correspond au nombre de jours de la germination jusqu'à l'apparition des ébauches de l'épi. Le stade épiaison est noté lorsque 50% des épis sont complètement dégagées de l'échancrure de la dernière gaine.

## **6.2 Paramètres morphologiques:**

L'ensemble des paramètres ont été mesurée à partir de 10 plants choisis au hasard sur chaque parcelle élémentaire pour l'essai en plein champs et 05 plants choisis, aussi, au hasard pour chaque génotype et pour chaque traitement pour l'essai en conditions semi contrôlées.

**6.2.1. Stade de Haun :** Plusieurs systèmes ont été développés pour quantifier la croissance et le développement sous forme d'une expression numérique. Parmi les échelles les plus utilisées, on cite celles de Feekes, Zadoks et Haun. Dans notre cas, on a utilisé l'échelle de Haun (1973). Le développement foliaire est quantifié en comparant la dernière feuille en développement avec l'avant dernière feuille complètement déployée. L'échelle de Haun est donnée par le nombre de feuilles déployées plus (+) une fraction décimale correspondant au rapport entre la longueur de la dernière feuille en développement et l'avant dernière feuille complètement déployée.

**6.2.2. Longueur de la feuille:** Elle a consisté en la mesure de la longueur de la feuille de sa base jusqu'à son sommet à l'aide d'une règle. Elle a été exprimée en cm.

**6.2.3. Hauteur de la plante:** A la maturité, la hauteur de la plante a été mesuré de la base de la tige jusqu'au sommet des barbes. Elle a été exprimée en cm.

**6.2.4. Nombre de talles fertiles:** A la maturité, ce paramètre est déterminé par le comptage du nombre d'épis formés (à l'exception du maître brin) de toutes les plantes / génotype.

**6.2.5. Nombre de talles stériles:** A la maturité, ce paramètre est déterminé par le comptage du nombre de talles formés ne comportant pas d'épis (à l'exception du maître brin) de toutes les plantes / génotype.

**6.2.6. Longueur du pédoncule:** Ce paramètre a consisté en la mesure de la longueur du pédoncule pour chaque génotype.

**6.2.7. Longueur de l'épi:** On a mesuré la longueur des épis sur le maître brin des plants choisis au hasard ensuite on fait la moyenne pour chaque génotype.

**6.2.8. Largeur de l'épi:** On a mesuré la largeur des épis du maitre brin sur des plants choisis au hasard ensuite on a fait la moyenne pour chaque génotype.

**6.2.9. Longueur des barbes:** Au stade maturité, on a mesure la longueur des barbes, à partir du sommet de l'épillet terminal jusqu'au sommet des barbes.

**6.2.10. Nombre d'épillet :** Cette mesure a consisté en le comptage des épillets à maturité, pour chaque épi de chaque génotype.

**6.2.11. Surface foliaire:** La surface foliaire, exprimée en cm<sup>2</sup>, est déterminée par l'utilisation d'un appareil automatique (area meter).

**6.2.12. Largeur foliaire:** elle est mesurée à l'aide d'un appareil automatique (area meter). Elle est exprimée en cm.

**6.2.13. Etude du comportement de système racinaire:** Cette étude permettra d'apprécier les performances du système racinaire en conditions naturelles en conditions de stress hydrique. Le mode opératoire a consisté en séparation de la terre des racines de l'échantillon par un jet d'eau. Les racines sont, ensuite, lavées dans un bac. Nous avons mesuré la longueur de la racine principale à l'aide d'une règle, le poids frais ainsi que le poids sec par une balance de précision (ABT 320-4M Kern). On a procédé, aussi, à la mesure de la longueur de la tige, son poids frais ainsi que son poids sec. Pour la détermination du poids sec nous avons séché les échantillons dans une étuve à 70°C pendant 48 heures (J.J. Heitholt, 1989).

### **6.3 Le Rendement et ses Composantes:**

**6.3.1 Rendement en grains:** En agriculture, on appelle habituellement rendement la quantité de produit récolté sur une surface cultivée donnée. Il est souvent exprimé en quintaux par hectare (Qt/h). A la maturité, le rendement est élaboré à partir de la combinaison de trois composantes: le nombre d'épis par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>), le nombre de grains par épis (NG/E) et le Poids de Mille Grains (PMG) selon la formule suivante:

$$\text{Rendement } Qx/ha = \frac{NE/m^2 * NG/E}{PMG * 10^2}$$

- 6.3.2. Nombre de grains par épi:** obtenus à partir d'un comptage direct des graines.
- 6.3.3. Poids de grains par épi:** La pesée a été réalisée à l'aide d'une balance de précision (KERN -10mg à 320g).
- 6.3.4. Poids de 1000 grains:** Après la récolte et le battage des épis, les 1000 grains ont été comptés à l'aide d'un compteur automatique (DRELO MZ2000), ensuite pesés à l'aide d'une balance de précision (KERN -10mg à 320g).

## 6.4 Paramètres physiologiques

### 6.4.1. Mesure de la chlorophylle (Unité SPAD)

Dans nos essais expérimentaux, le taux de chlorophylle a été déterminé en unité de SPAD à l'aide d'un chlorophylle mètre, model MINOLTA de type SPAD-502 (Soil and Plant Analysis Development). Le chlorophylle mètre a été utilisé pour évaluer la teneur des feuilles puisque la majeure partie de l'azote est contenue dans la chlorophylle. L'appareil à la forme d'une pince, facile à utiliser, Il suffit de fermer la pince vide sur elle-même pour étalonner l'instrument. Par la suite, trois prises de mesures ont été effectuées au niveau de la feuille sur trois différents endroits (sommet, milieu, et base). La moyenne des trois valeurs s'affiche sur l'écran de l'appareil à la fin de la procédure.

### 6.4.2. Teneur relative en

Chlorophylle  
La teneur  
eau des feuilles  
été mesurée durant



mètre  
eau (TRE%)  
relative en  
(TRE%) a  
les deux

années d'expérimentation (2013/2014 et 2014/2015) en conditions semis contrôlé, sur

la feuille étendard, selon la méthode décrite par Barrs, (1968) selon la formule suivante:

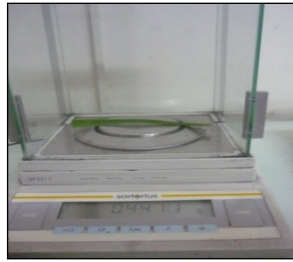
$$\text{TRE (\%)} = \frac{\text{PF} - \text{PS}}{\text{PT} - \text{PS}} * 100$$

Où **PF** : poids frais en mg. **PT** : poids de turgescence en mg. **PS** : poids sec en mg.

La feuille étendard, coupée à la base du limbe, a été pesée, immédiatement, pour obtenir son poids frais (PF). Ensuite, cette feuille a été trempée dans de l'eau distillée pendant 24 heures à l'obscurité. La feuille a été, ensuite, retirée de l'eau et a été mise sur un papier absorbant ensuite pesée pour obtenir le poids turgescence (PT). Les échantillons sont enfin séchés à l'étuve à une température de 70°C pendant 48 heures puis pesés pour avoir leur poids sec (PS) (Figure 15).



La feuille étendard  
Coupée à la base.



la pesé de la feuille.



La feuille trempée  
dans de l'eau.

**Figure 15:** Différentes étapes pour le calcul de la TRE%.

#### 6.4.3. *Dosage de la proline*

La proline ou acide pyrrolidine 2-carboxylique, qui est un paramètre important pour mesurer l'état hydrique de la plante, a été mesurée par la méthode de Troll et Lindsley (1955) modifiée par Magne et Laher (1992) (figure 16), selon le Protocole suivant:

a. *Extraction de la proline:*

- ✚ Broyer 50 mg de matière végétal sèche (1/3 médian de la feuille étendard) dans des tubes eppendorfs;
- ✚ Ajouter 1 ml d'eau distillé;
- ✚ Placer les tubes dans un bain marie à 100° pendant 30 mn;
- ✚ Centrifuger à 13000 tours pendant 15 mn;



- ✚ Récupérer le surnagent (contenant de la proline).

L'extraction a été répétée une deuxième fois et le surnagent récupéré est ajouté au premier surnagent.

*b. Dosage de la proline:*

- ✚ Ajouter 2ml d'acide ninhydrine (1 g de ninhydrine (C<sub>6</sub>H<sub>6</sub>O<sub>4</sub>), 60ml d'acide acétique glacial(CH<sub>3</sub>COH), 40ml d'eau distillé) dans 1ml d'extrait;
- ✚ Placer les tubes dans un bain marie à 100° pendant 30mn;
- ✚ Après refroidissement, ajouter 3ml de toluène;
- ✚ La phase supérieure contenant la matière organique a été récupérée;
- ✚ Déterminer la densité optique à 520nm à l'aide d'un spectrophotomètre (Shimadzu UV-1601).

Les valeurs de DO obtenues sont converties en taux de proline (µg/mg) par le biais d'une «courbe étalon» (Figure 17), préalablement établie à partir d'une série de solutions de concentration en proline commerciale. Cette courbe a été utilisée pour la détermination des teneurs en proline dans les feuilles des plantes.



*Broyage de l'échantillon.*



*Mettre les tubes au Bain marie.*



*Centrifugation de l'échantillon.*

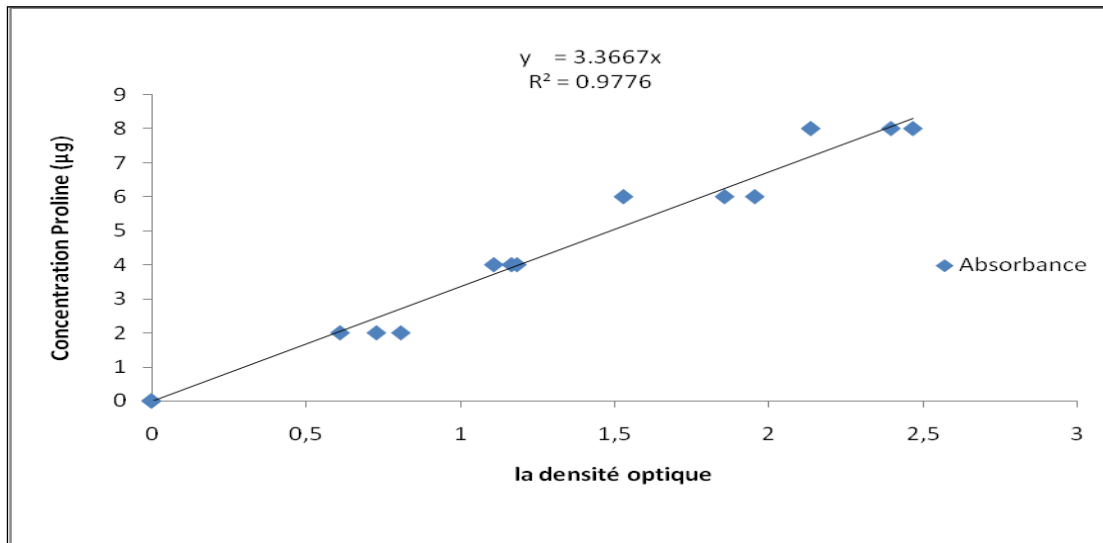


*Ajout du Toluène.*



*Lecture de la densité optique.*

**Figure 16:** Les différentes étapes d'extraction et de dosage de la proline.



**Figure 17:** Courbe étalon du dosage de la proline.

## 6.5 Marquage moléculaire par les microsatellites

### 6.5.1. Les marqueurs moléculaires

Notre étude a été réalisée au niveau du laboratoire de biologie moléculaire de l'institut national de la recherche agronomique d'Algérie (INRAA). Nous avons choisis, comme marqueurs moléculaires, les microsatellites SSRs pour la recherche des gènes de résistance à la sécheresse ainsi qu'une étude de diversité génétique pour les 17 cultivars.

Douze paires d'amorces SSRs ont été choisies. Les noms de ces marqueurs, leurs séquences, les motifs de base et leurs tailles sont présentés dans le Tableau 9. Les marqueurs choisis sont de 03 types; **Xgwm** ou **WMS** identifiés selon Roider *et al.*, 1998, **WMC** (wheat microsatellite consortium) sélectionnés à partir de la base de données [www.graingenes.org](http://www.graingenes.org) et **Xcfa** à partir de (<http://wheat.pw.usda.gov>).

Après l'extraction de l'ADN et le contrôle de la qualité d'extraction sur gel agarose 1% (Annexe 2), on a procédé au génotypage des différents individus par l'utilisation d'une technique qui nécessite plusieurs étapes et qui se résume comme suite:

- Amplification des marqueurs microsatellites par l'utilisation de la méthode PCR « Polymerase Chain Reaction », à l'aide d'un thermocycleur (Gene Amp PCR system 9700, Applied Biosystems);
- Préparation des gels acrylamide à 6%;
- Faire migrer le produit de la PCR dans une chambre d'électrophorèse verticale;
- La révélation des bandes migrées par la coloration au nitrate d'argent.

**Tableau 9:** Caractéristiques des marqueurs utilisés (Roider *et al.*, 1998, [www.graingenes.org](http://www.graingenes.org) et <http://wheat.pw.usda.gov>).

<b>Marqueur SSRs</b>	<b>Forward primer</b>	<b>Reverse primer</b>	<b>Taille du marqueur (pb)</b>	<b>locus</b>	<b>Unité répété</b>
<i>Xgwm251</i>	CAA CTG GTT GCT ACA CAA GCA	GGG ATG TCT GTT CCA TCT TAG	109-110	4B	(CA)28
<i>Xgwm408</i>	TCG ATT TAT TTG GGC CAC TG	GTA TAA TTC GTT CAC AGC ACG C	148-182	5B	(CA).22(TA)(CA)7(TA)9
<i>Xgwm11</i>	GGA TAG TCA GAC AAT TCT TGT G	GTG AAT TGT GTC TTG TAT GCT TCC	202-213	1B	(TA)6CATA(CA)19(TA)6
<i>Xgwm148</i>	GTG AGG CAG CAA GAG AGA AA	CAA AGC TTG ACT CAG ACC AAA	165-167	2B	(CA)22
<i>Xgwm135</i>	TGT CAA CAT CGT TTT GAA AAG G	ACA CTG TCA ACC TGG CAA TG	153 -176	1A	(GA)20
<i>Xgwm6</i>	CGT ATC ACC TCC TAG CTA AAC TAG	AGC CTT ATC ATG ACC CTA CCT T	207 - 196	4B	(GA)40
<i>WMC177</i>	AGGGCTCTCTTTAATTCTTGCT	GGTCTATCGTAATCCACCTG TA	184	2A	(CGCA)10
<i>WMC54</i>	TATTGTGCAATCGCAGCATCTC	TGCGACATTGGCAACCACTT CT	142	3B	(GT)8
<i>WMC63</i>	GTGCTCTGGAAACCTTCTACGA	CAGTAGTTTAGCCTTGGTGT GA	192	2A	(GA)12
<i>WMC167</i>	AGTGGTAATGAGGTGAAAGAAG	TCGGTCGTATATGCATGTAA AG	185	2B	(CA)22 87 to 130, (CA)8 535 to 550, (CA)8 553 to 568
<i>XWMC166</i>	ATAAAGCTGTCTCTTTAGTTCG	GTTTTAACACATATGCATAC CT	305	7B	(GA)8 347 to 362, (GT)8 297 to 312, (GT)8 327 to 342
<i>Xcfa2114</i>	ATTGGAAGGCCACGATACAC	CCCGTCGGGTTTTATCTAGC	209	6A	(CA)32

### 6.5.2. Extraction d'ADN

L'extraction d'ADN a été faite au laboratoire de biologie moléculaire de l'INRAA par l'utilisation d'un kit à extraction d'ADN végétal (Invitrogen) (Annexe 3).

### 6.5.3. Amplification des marqueurs moléculaires SSRs

Pour l'amplification des marqueurs moléculaires SSRs, nous avons utilisé la technique PCR (polymerase chaîne reaction) qui permet d'amplifier *in vitro* la séquence d'acide nucléique cible, en plusieurs milliers d'exemplaires à l'aide d'un thermocycleur (Applied biosystèmes) pour donner des amplifias. Ces derniers vont être dénaturés et séparés sur gel acrylamide 6%.

#### a. Le mix PCR:

Les réactifs nécessaires pour une PCR constituent le mélange réactionnel (mix PCR) dont le volume final était de 25 µl par échantillon (Tableau 10).

Les amorces (INVITROGEN PRIMERS) SSRs reçues lyophilisées sont diluées et stockées à -20 °C. Chaque marqueur SSRs a une paire d'amorce spécifique, amorce L (Left =gauche) et amorce R (Right = droite).

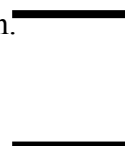
**Tableau 10:** Composition du mix PCR

Composition du mix PCR	Concentration finale	Volume utilisé (µL)
Mix		22.5
Amorce L	100µM	1
Amorce R	100µM	1
ADN	20 ng	0.5

#### b. Programmation du thermocycleur pour l'amplification PCR

Le programme PCR utilisé est un programme universel pour les blés et se résume comme suite:

1. 94°C .....5 minutes (Activation de la polymérase)
2. 94°C .....30 secondes pour la dénaturation.
3. 55°C.....45 secondes pour l'hybridation.
4. 72°C.....1 minute pour l'élongation
5. 72°C.....7 minutes (élongation finale).



**35 Cycles**

#### **6.5.4. La révélation sur gel acrylamide**

##### *a. Préparation du gel acrylamide à 6%*

Le volume total de la solution d'acrylamide est de 70 ml, elle se prépare dans une éprouvette de 100 ml. La préparation de la solution d'acrylamide à 6% comprend les étapes suivantes (ajusté par l'équipe de biotechnologie végétal, INRAF, Lusignan).

- 33.6 g d'urée,
- 7 ml de TBE10X (annexe 4),
- 10.5 ml d'acrylamide / bis-acrylamide 40% (solution mix 19:1 stockée a 4°C),
- Compléter avec de l'eau distillée jusqu'à 70 ml,
- Chauffer la solution jusqu'à dissolution totale de l'urée et la solution deviendra limpide.

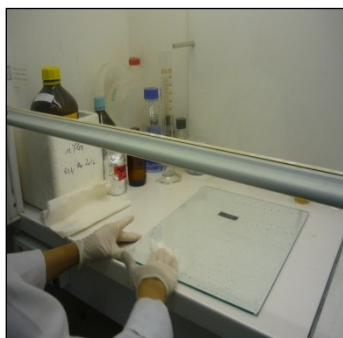
Le persulfate d'ammonium à 10% (700 µl) (Annexe 5) ainsi que le TEMED (14 µl) sont ajoutés à la solution d'acrylamide au dernier moment juste avant le coulage du gel sur les deux plaques en verre.

##### *b. Préparation des plaques et coulage du gel*

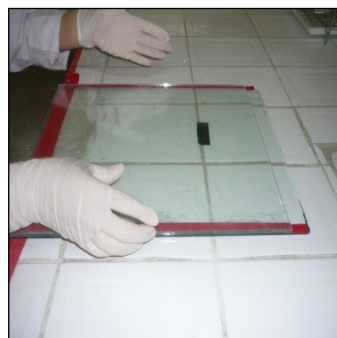
Deux plaques de verre sont bien nettoyées avec de l'alcool absolu. La grande plaque (42 cm x 32.5 cm) a été traitée par le Dimethyldichlorosilane (silane répulsif) qui empêche le gel acrylamide de se coller à la plaque tandis que la petite plaque (39.5cm x 32.5cm) a été traitée par le silane attractif qui permet au gel de rester collé à cette dernière.

On place deux espaceurs, d'une épaisseur de 4 mm, sur les extrémités de la grande plaque, puis on a positionné la plus petite plaque sur les espaceurs. Ensuite on serre les deux plaques grâce à des pinces et du scotch.

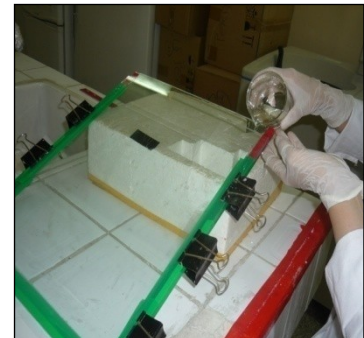
La solution du gel d'acrylamide préparée, auparavant, a été coulée entre les deux plaques (figure 18). On a gardé le gel une nuit pour polymérisation.



*Nettoyage des plaques*



*préparation des plaques*



*coulage du gel acrylamide*

**Figure 18:** Nettoyage, préparation des plaques et coulage du gel acrylamide.

*c. La migration électrophorétique*

Pour l'analyse des différents amplifias, on a utilisé la technique électrophorèse PAGE (Polyacrylamide Gel Electrophoresis). Après la polymérisation du gel, on le place dans la cuve électrophorétique (APELEX).

La phase Pré-Run (Température: 50 °C, voltage: 3000 V, puissance: 80 W, durée: 30 min) est essentielle avant le dépôt des amplifias. Elle permet de préchauffer le gel pour l'élimination de l'excès d'urée. Le tampon utilisé est le TBE1X.

*d. Préparation et dépôt des amplifias*

Pour obtenir une séparation efficace, les molécules doivent migrer sous forme simple brin linéaire. Les amplifias (05 µL) sont donc soumis à une dénaturation à 95°C pendant 5 minutes en présence de bleu de bromophénol (05 µL).

A la fin de la dénaturation, les amplifias sont déposés au froid pendant 5 minutes (choc thermique). Ensuite on dépose 4 µl de chaque amplifia par puits de peigne (64 puits).

Sous l'influence d'un champ électrique les amplifias chargés négativement vont migrer vers l'électrode positive (anode), la vitesse ainsi que la durée de migration dépend du poids moléculaire (PM) des marqueurs moléculaires, plus le poids moléculaire est élevé plus la vitesse est lente et la durée de migration est longue (Figure 19).



*Dépôt des amplifias*



*La migration électrophorétique*

**Figure 19:** Dépôt et migration électrophorétique des amplifias.

*e. Coloration au nitrate d'argent*

A la fin de la migration électrophorétique, les deux plaques sont décollées et on récupère celle où le gel est fixé. Cette dernière est traité par plusieurs solutions de coloration (Figure 20); solution de fixation, solution de nitrate d'argent et solutions de développement (Tableau 11).

**Tableau 11:** Constituants des solutions de révélation

Solutions	Eau distillée	Produits chimiques	Durée de traitement
<b>Solution de fixation</b>	1440 ml	160 ml Acide Acétique Glacial	30 mn
<b>Solution de coloration</b>	2000 ml	2 g Nitrate D'argent	30 mn
<b>Solution de développement</b>	1600 ml	48 g Carbonate de Sodium	Quelques minutes

- D'abord laissez la plaque dans la solution de fixation sous agitation pendant 30mn,
- Par la suite, réalisez 03 rinçages avec de l'eau distillée; 05 mn pour chaque lavage,
- Mettez la plaque dans la solution de coloration pendant 30 mn.
- En suite, on ajoute dans chaque solution de développement 400 µl de Thiosulfate de sodium 1% et 3000 µl de formaldéhyde à 37%. Mettez la plaque dans la première solution de développement, dès l'apparition des premières bandes, on la transmet dans la deuxième solution de développement jusqu'à l'apparition de toute les bandes,
- Ajoutez la solution de fixation récupéré et laissez sous agitation pendant 10 minutes,
- Rincez 01 fois à l'eau distillée pendant 10 mn,
- Laissez sécher à l'air libre pendant quelques heures.



La plaque dans la solution Nitrate d'argent



La plaque dans les solutions de développements 1 et 2



**Figure 20:** Révélation du gel acrylamide par coloration au nitrate d'argent.

## 7. Analyse des données

Les résultats obtenus ont été traités statistiquement.

## **7.1 Analyse des données phénologiques, morphologiques, physiologiques et composantes du rendement**

### **7.1.1. Analyse de la Variance (ANOVA)**

Elle a été réalisée à l'aide du logiciel (GenStat Discovery, version4). Pour chaque caractère étudié, nous avons réalisé le test F statistique, permettant de vérifier si plusieurs échantillons sont issus d'une même population.

### **7.1.2. Analyse des corrélations**

Une matrice de corrélation a été établie à l'aide du logiciel Statistica 6 pour l'ensemble des paramètres mesurés.

### **7.1.3. Analyses en Composantes Principales (ACP)**

Les résultats sont traités par une analyse en Composantes Principales (ACP) réalisée à l'aide du logiciel STATISTICA 6 pour l'ensemble des paramètres mesurés. C'est une technique descriptive qui permet de faire la synthèse de l'information contenue dans un grand nombre de variables. Son but est de réduire les dimensions de l'espace de représentation des données en projetant le nuage des points dans un ou plusieurs graphiques plans, en essayant de limiter la perte d'information au cours de cette réduction.

## **7.2. Analyses des données moléculaires**

### **7.2.1. Quantification et pureté d'ADN**

La qualité et la quantité d'ADN extrait sont vérifiées par des migrations électrophorétique des échantillons sur gel d'agarose 1%. La visualisation de ces gels a été faite par l'utilisation d'un trans-éliminateur après un bain BET. Pour quantifier et confirmer la pureté de l'ADN extraite, un spectrophotomètre a été utilisé.

### **7.2.2. Traitement des gels**

Pour chaque individu et chaque marqueur, le dosage d'allèles a été marqué. Chaque allèle étant présent de 1 à 4 doses ou absent.

L'analyse des gels a été faite à deux niveaux. Le premier niveau a consisté en l'identification de la présence ou absence du gène recherché chez l'ensemble des variétés. Dans le cas où le gène recherché est présent on a procédé à la détermination de la dose et la taille de chaque allèle :

- Quand un individu a présenté quatre (04) allèles, chacun a été marqué par une seule dose.
- Si un seul allèle est présent, cet allèle est dans quatre doses.
- Dans le cas où on a trois allèles; l'allèle avec l'intensité la plus dense a été marqué par double dose, tandis que les deux autres allèles sont marqués par une seule dose.



- Dans un individu où on a deux allèles; si les deux allèles sont de la même intensité, ils sont marqués par double dose, si un allèle est plus dense que l'autre, un allèle est marqué par triple dose et l'autre par une seule dose.

### **7.2.3. Analyse du polymorphisme et diversité génétique**

Après le codage des gels, qui a été réalisé visuellement, une base de données a été créée ensuite transférée vers le logiciel Excel, sur laquelle on applique le logiciel AUTOTET pour le calcul des indices de diversité génétique.

Par la suite ; les fréquences alléliques ont été calculées par un autre logiciel «GENE 4X», version 1.0, 1997 (Weir and Cockerham 1984).

### **7.2.4. Similarité**

Pour le calcul de la matrice de similarité génétique, les fragments de chaque microsatellite ont été enregistrés sous forme binaire comme présence ou absence de bandes (1 et 0) pour chaque génotype étudié.

Les similarités génétiques, entre chaque paire de génotypes, ont été calculées en utilisant Darwin 6 (simple matching) version 6.1.

Les similarités génétiques estimées ont été représentées sous forme de dendrogramme (méthode UPGMA), construit à partir du programme Méga7.

### **7.2.5. Analyse de régression génétique**

Des analyses de régression linéaire ont été réalisées entre les allèles représentés par les génotypes et les variables étudiées en loccurrence la date d'épiaison (DE), le taux de chlorophylle (Ch), le stade épi 1cm (E1cm), la hauteur des plants (HP), la longueur des barbes (LB), la longueur de l'épi (LE), la surface foliaire (SF), la longueur foliaire (LNF), la largeur foliaire (LRF), la longueur du pédoncule (LP), la largeur de l'épi (LRE), le nombre d'épillets par épi (Népit/épi), le nombre de grains par épi (NG/épi), le nombre total de talles (NTT), les talles avec épis (TE), la vitesse de croissance (V), le poids des grains par épi (PG/épi), le poids de 1000 grains (PMG), le rendement (RDT), le taux de proline (Pr) et la teneur relative en eau des feuilles (TRE%).

Ce travail a été réalisé en utilisant le logiciel SAS (version essai), en introduisant les données moléculaires comme variables dépendants et les données des caractères phénotypiques étudiés comme variables indépendantes, le logiciel calcule le taux de probabilité d'association entre chaque marqueur SSR et le marqueur phénotypique, ainsi que le taux de variation chez chaque génotype.

# **RESULTATS ET DISCUSSION**

## **1. Etude climatique**

Le développement du végétal est très lié aux conditions climatiques. En effet, l'émission des feuilles et l'apparition des différents stades sont déterminées en grande partie par la pluviométrie et la somme des températures journalières, exprimées en degrés jours, du semis jusqu'à la fin du cycle de la plante. La Mitidja est caractérisée par un climat méditerranéen à hiver doux et humide avec une pluviométrie moyenne de 600 mm et à été chaud et sec.

Les deux campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015, au niveau du champs, sont deux années relativement moyennes, comparativement aux années précédentes.

Au cours de l'année 2013/2014, on a noté, une forte pluviométrie durant les mois Novembre (196,8 mm) et Décembre (123.8 mm) avec un déficit aux mois Février (6.4 mm), mars (2.2 mm), Mai (6.8 mm) et juillet (1.8 mm). La température moyenne mensuelle la plus élevée, durant la période d'expérimentation, a été enregistrée au mois de Juillet (25.4 °C), alors que la plus basse température a été observée au mois de Décembre (11.8°C).

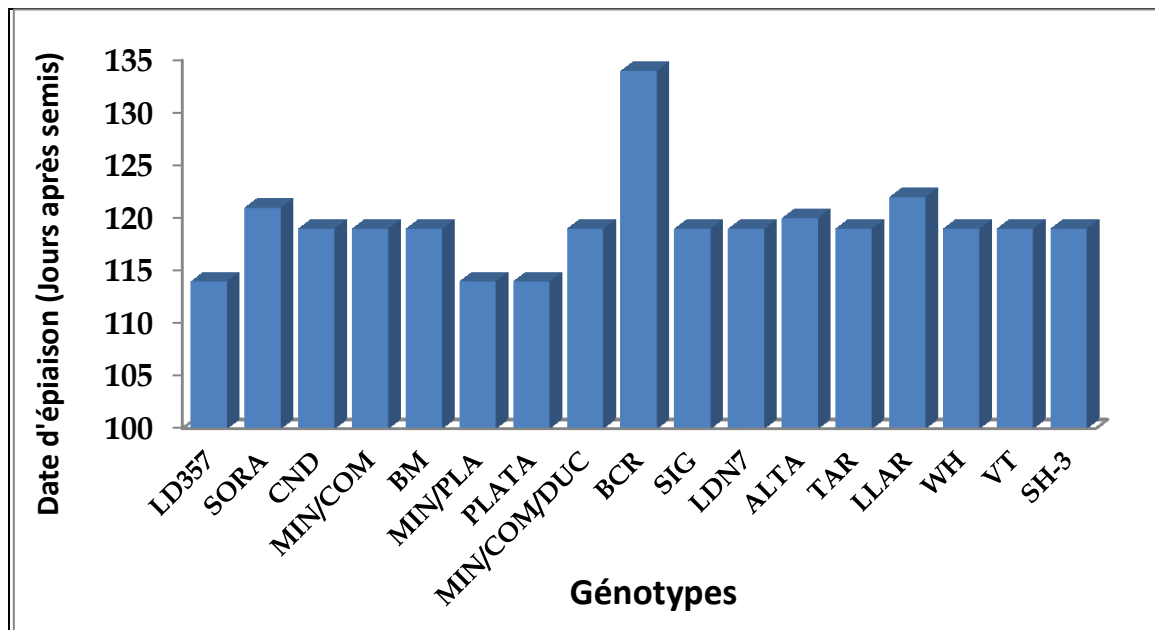
Au cours de l'année 2014/2015, on a noté, une forte pluviométrie durant le mois de Décembre (203.8 mm) avec un déficit pluviométrique enregistré au mois d'Avril (1.6 mm). La température moyenne mensuelle la plus élevée a été enregistrée au mois de Juillet (27.2 °C), alors que la plus basse a eu lieu au mois de Janvier (10.7 °C). On note un retard des pluies (Septembre et Octobre) suivi par des précipitations abondantes (Novembre- Décembre). Durant les phases de croissance et de reproductions (Mars, Avril et Mai), les céréales ont été confrontées à des stress hydriques plus ou moins sévères.

Par rapport à l'expérimentation conduite en milieu semi contrôlé, les températures ont été, pratiquement, les mêmes durant les deux années d'études. Les températures moyennes ont été de l'ordre de 18.71°C avec une humidité relative moyenne de l'air ambiant de l'ordre de 76.95%.

## **2. Etude phénologique**

### **2.1. Durée d'épiaison**

Les résultats relatifs à la date d'épiaison en plein champ ; durant la campagne agricole 2014/2015, sont représentés au niveau de la figure 21.



**Figure 21:** Date d'épiaison (Jours après semis) chez les 17 génotypes en plein champs (campagne 2014/2015).

Durant la deuxième campagne agricole, la date d'épiaison est observée sur une période allant de 114 à 134 jours après le semis (JAS) chez l'ensemble des génotypes. La durée la plus élevée est observée chez la lignée N°9 BCR avec 134 jours, suivie des génotypes ALTA, SORA et LLAR avec des dates d'épiaisons respectivement de l'ordre de 120, 121 et 122 jours après semis. La valeur la plus courte est enregistrée chez les génotypes LD357, MIN/PLA et PLATA soit de 114 JAS. Le reste des génotypes ont présenté la même valeur soit de 119 JAS. L'analyse de la variance, a révélée un « effet variétés » significatif (Annexe 6).

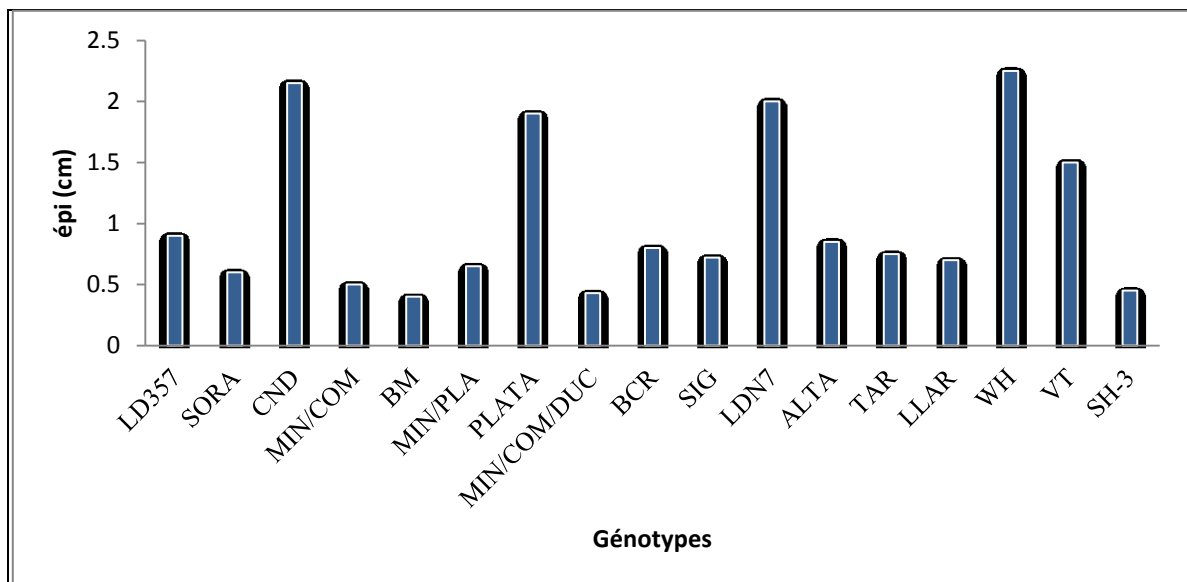
La précocité d'une variété est déterminée à partir de la durée de cycle de développement allant du semis à l'épiaison. Une variété est considérée comme précoce si la date d'épiaison s'est manifestée avant les 100 JAS, elle est semi-précoce si la date d'épiaison se situe entre 100 et 120 JAS. Elle considérée tardive si la date d'épiaison se manifeste après les 120JAS. (Couvreur, 1985).

Selon Couvreur (1985), les différentes réponses génotypiques au stress hydrique aux premiers stades constituent l'amorce pour l'identification d'un idéotype pour une meilleure productivité dans des conditions environnementales spécifiques. D'après Wardlaw *et al.*, (1995), la précocité à l'épiaison est utilisée comme un critère de sélection et citée comme un mécanisme important dans la sélection, aussi, dans l'échappement des contraintes climatiques (stress hydrique et hautes températures). Ce critère de sélection nous permet de choisir des nouveaux génotypes plus performants et possédants des paramètres de tolérances et d'adaptation aux contraintes environnementales. Alors on peut conclure que les génotypes

très précoces et précoces caractérisent les zones à hiver doux et à été sec. Par contre, les variétés tardives caractérisent les zones à printemps gélif.

## 2.2. Stade épi 1 cm

Les résultats relatifs au stade épi 1cm des 17 génotypes en plein champs durant la campagne agricole 2013/2014 sont représentés dans la figure 22.



**Figure 22:** Stade épi 1cm chez l'ensemble des cultivars pendant l'année 2013/2014 en plein champs

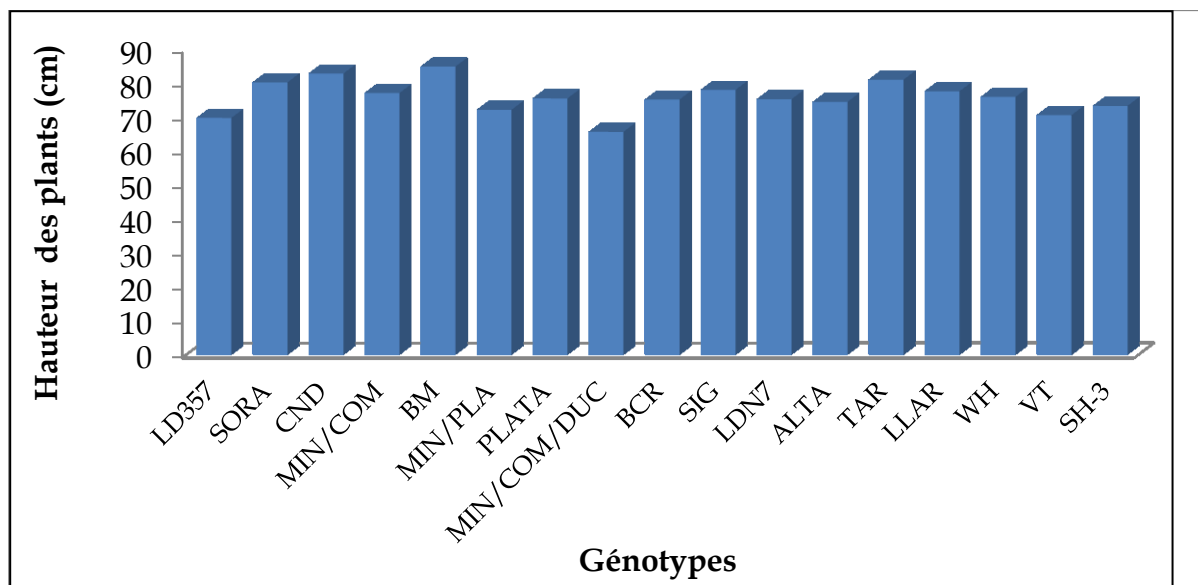
Pour ce paramètre la valeur la plus élevée a été enregistrée chez la variété WH, suivie des génotypes CND, LDN7, PLATA et VT. LD357, en suite viennent les génotypes ALTA, BCR, TAR, SIG, LLAR, MIN/PLA, SORA, MIN/COM, SH-3 et MIN/COM/DUC. La valeur la plus faible a été enregistrée chez le génotype BM.

## 3. Etude morphologique

### 3.1. Hauteur de la plante

#### 3.1.1 En plein champs

Les résultats relatifs à la hauteur des plants en plein champs évalués à la maturité durant les campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015 sont représentés dans la figure 23.



**Figure 23:** Hauteur de la plante des 17 génotypes en plein champs

Les résultats relatifs à la hauteur des plants ont montré que la hauteur moyenne de la plante des différents génotypes, pendant les deux années d'expérimentation, a été de 76.04cm. La valeur maximale est enregistrée chez le génotype BM (85.09 cm), Elle est suivie des génotypes LD357, VT, MIN/PLA, SH-3, ALTA, BCR, LDN7, PLATA, WH, MIN/COM, LLAR, SIG, SORA, TAR et CND dont les hauteurs ont été respectivement de 69.95 cm, 70.77 cm, 72.32 cm, 73.49 cm, 74.66 cm, 75.35 cm, 75.45 cm, 75.69 cm, 76.14 cm, 77.27 cm, 77.82 cm, 78.21 cm, 80.42 cm, 81.23 cm et 83.04 cm. Le génotype N°8 MIN/COM/DUC a enregistré la plus faible hauteur (65.83 cm). Les résultats de l'analyse de la variance des hauteurs des différents génotypes étudiés ont montrés l'existence de différences entre les génotypes très hautement significative ( $p < 0.05$ ) indiquant ainsi une forte variabilité génétique au sein du germoplasme (Annexe7). Ainsi, quatre (04) Groupes homogènes ont été identifiés :

**Groupe 1:** BM, CND, TAR, SORA, SIG, LLAR et MIN/COM.

**Groupe 2:** WH, PLATA, LDN7, BCR et ALTA.

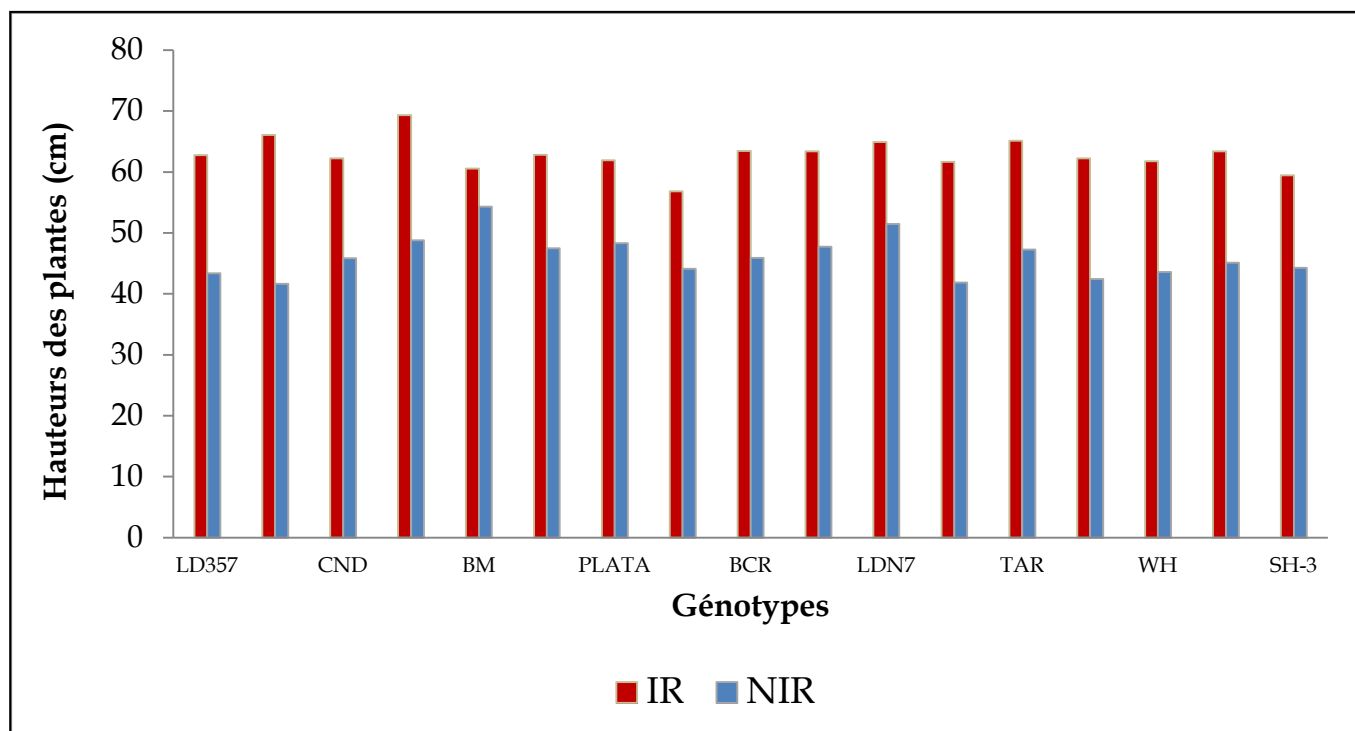
**Groupe 3:** SH-3 et MIN/PLA.

**Groupe 4:** VT, LD357 et MIN/COM/DUC.

Quant aux effets années et d'interactions variétés-années, ils se sont avérés non significatifs ( $p > 0.05$ ). Ces résultats suggèrent que les deux années d'expérimentations étaient similaires sur le plan climatique. En effet, la moyenne des précipitations enregistrée durant les deux campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015 ont été respectivement de l'ordre de 517.6 et 544.8 mm.

### 3.1.2 En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs à la hauteur des plants du germoplasme étudié en conditions irriguées (IR) et sèches (NIR), évaluée à la maturité, sont représentés par la figure 24.



**Figure 24:** Hauteur des plantes sous conditions irriguées (IR) et sèches (NIR) de 17 génotypes.

La figure 24, montre qu'en conditions irriguées, la hauteur des plants a varié de 69.35 cm chez le génotype N°4 MIN/COM à 56.84 cm chez le génotype N°8 MIN/COM/DUC. Tandis qu'en conditions de stress hydrique, la hauteur des plants a varié de 54.31 cm chez le génotype N°5 BM à 41.64 cm chez le génotype N° 2 SORA

Les valeurs moyennes de la hauteur des différents génotypes a été de 62.82cm en conditions irriguées contre 46.09 cm sous conditions sèches. La hauteur a diminué d'une manière très hautement significative sous stress hydrique ( $p < 0.001$ ) soit de 26.63%.

L'analyse de la variance a montrée que la différence entre les génotypes est significative ( $p < 0.05$ ) avec absence d'interaction entre les génotypes et les régimes hydrique (Annexe 8).

Dans les zones semi-arides, la hauteur des plants est un critère discriminant pour la sélection de variétale vis à vis de la sécheresse. Une paille relativement haute conférerait à la plante, en cas de limitation sévère de l'alimentation hydrique, une meilleure capacité à tolérer la sécheresse. Ficher et Maurer (1978) ont mentionné que les blés à paille haute ont un indice de sensibilité à la contrainte hydrique plus faible comparativement aux blés nains.

Il est à noter que la hauteur élevée des pailles constitue un avantage important en favorisant une bonne résistance à la sécheresse, ceci pourrait s'expliquer par le fait qu'une paille haute s'accompagne souvent d'un système racinaire profond, ce qui conférerait à la plante une plus grande capacité d'extraction de l'eau du sol (Bagga *et al.*, 1970 et Subbiah *et al.*, 1968). Selon Monneveux *et al.*, (1986), les constituants glucidiques que les blés à paille haute conservent contribuent à l'élaboration de la matière sèche des grains en cas de déficit hydrique. Tandis que l'inconvénient des variétés à paille haute est leur grande sensibilité à la verse, ce qui provoque des pertes de rendement en paille et en grain. Il est à noter, aussi, que la hauteur est une caractéristique variétale.

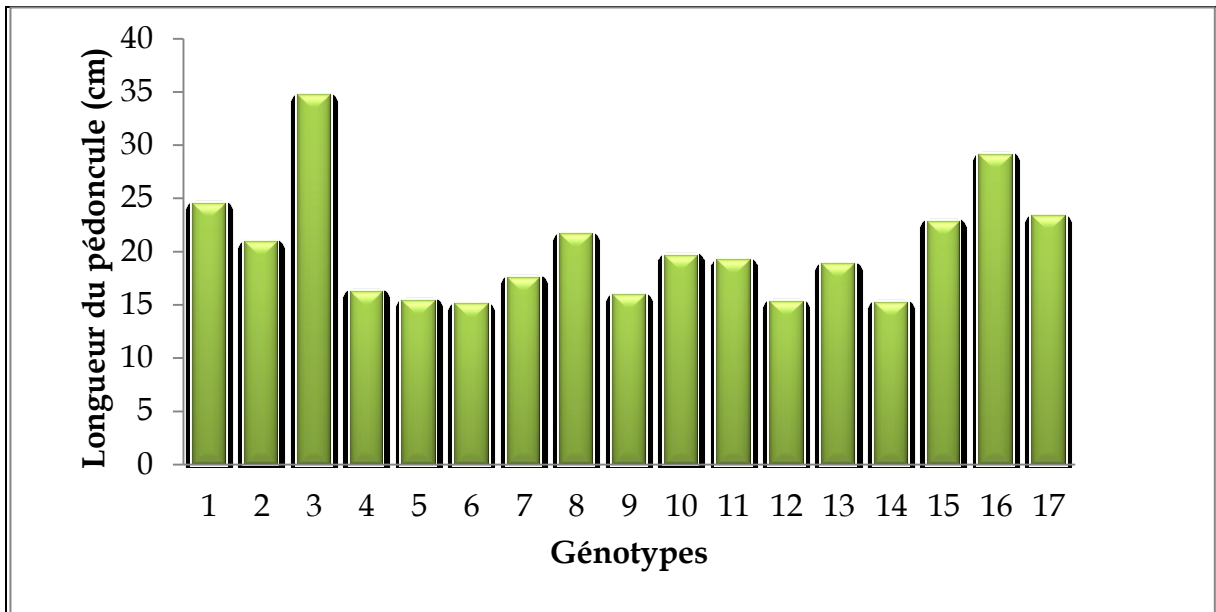
La majorité des variétés de blés cultivées en Algérie sont à paille longue. L'agriculture Algérien recherche des variétés à paille longue à cause de leur rentabilité en paille, servant pour l'alimentation du bétail. Mekliche (1983), a trouvé une liaison positive entre le rendement et la hauteur de la paille. Les plantes courtes sont plus productives que les plantes à paille hautes en raison des taux de tallage importants chez les plantes courtes. Nizam Uddin et Marshall (1989) ont mentionné que la réduction du rendement, sous stress hydrique, est plus importante chez les variétés naines que chez les variétés hautes, pour un même niveau de précocité. Bouzerzour (1993), a montré que les variétés de blé à paille courte sous stress sévères en fin de cycle, ont une bonne adaptation et une meilleure productivité que les blés hauts et tardifs.

### **3.2. Longueur du pédoncule**

#### **3.2.1. En plein champs**

Les résultats relatifs à la longueur du pédoncule des plants en plein champs évalués à la maturité, durant les campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015 sont présentés au niveau de la figure 25.





**Figure 25:** Longueurs moyennes en plein champs du pédoncule des différents génotypes

La longueur moyenne du pédoncule chez les différents génotypes pendant les deux années d'expérimentation a été de 20.28 cm. La valeur maximale est enregistrée chez le génotype N°3 CND (34.71cm), suivie des génotypes VT, LD357, SH-3, WH, MIN/COM/DUC et SORA dont les longueurs des pédoncules ont atteint respectivement 29.11cm, 24.51cm, 23.26cm, 22.78cm, 21.56cm et 20.84cm. Les autres génotypes ont présenté des longueurs des pédoncules variant de 15.18cm pour le génotype LLAR à 19.62cm pour le génotype SIG. Le génotype N°6 MIN/PLA a enregistré la plus faible longueur (15.02cm). L'analyse de la variance des longueurs des pédoncules des génotypes étudiés a montré des différences très hautement significative ( $p < 0.001$ ) indiquant ainsi une forte variabilité génétique au sein du germoplasme (Annexe9). Aussi, trois (03) groupes homogènes ont été identifiés:

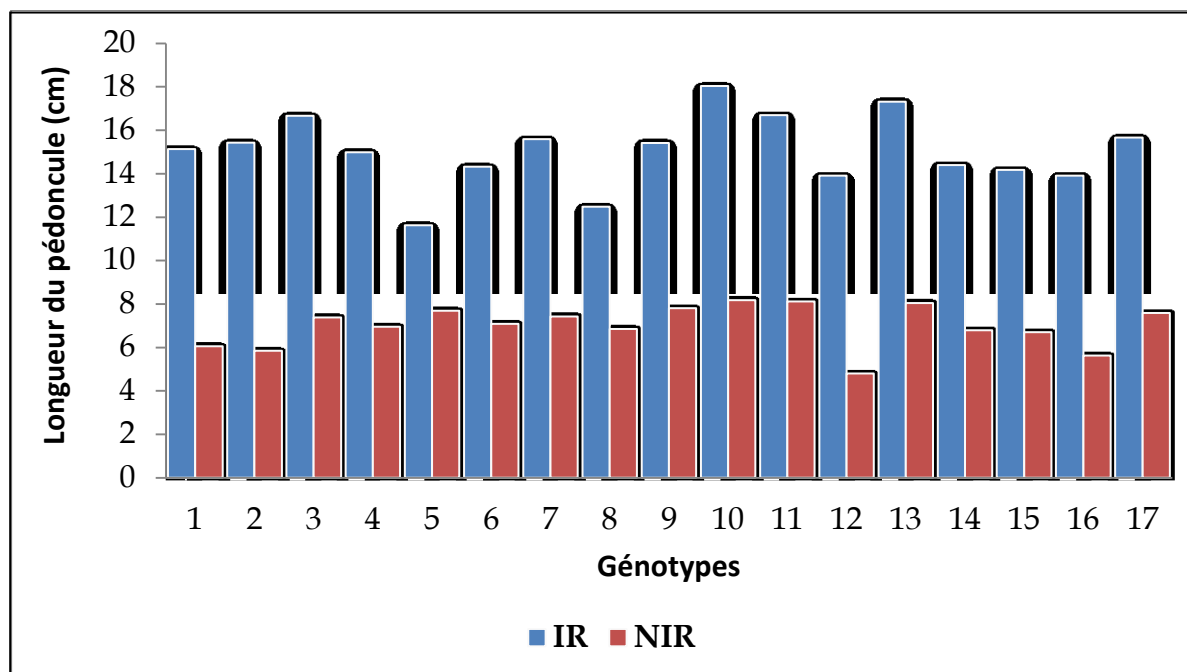
**Groupe1:** composé des génotypes MIN/PLA, LLAR, ALTA, BM et BCR.

**Groupe 2:** composé des génotypes MIN/COM, PLATA, TAR, LDN7, SIG, SORA, MIN/COM/DUC, WH, SH-3.

**Groupe 3:** composé des génotypes LD357, VTet CND.

### 3.2.2. En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs aux longueurs des pédoncules en conditions irriguées (IR) et non irriguées (NIR) sont présentés dans la figure 26.



**Figure 26:** Longueur du pédoncule des différents génotypes enregistrée en conditions irriguées (IR) et sèches (NIR).

Les valeurs moyennes mesurées ont varié d'une manière prononcée entre les différents génotypes testés en conditions irriguées et sèches. La figure 26 montre qu'en conditions irriguées, les longueurs du pédoncule des plants varie de 11.62cm chez la variété N°5 à 18.03cm chez la variété N°10 SIG. Tandis qu'en conditions de stress hydrique, la longueur du pédoncule des plants varie de 5.84cm chez la variété N°2 SORA à 8.18cm chez la lignée N°10 SIG. En conditions irriguées et sèches, les valeurs moyennes de la longueur du pédoncule des différents génotypes sont respectivement de l'ordre de 15.04cm et de 7.00cm. Ainsi, en conditions de stress hydrique, la longueur du pédoncule a été fortement affecté ( $p < 0.001$ ) soit une réduction de l'ordre de 53.46%.

L'analyse de la variance a montré, aussi, des différences génotypiques importantes ( $p < 0.01$ ) (Annexe 10). Aussi, 05 groupes ont été identifiés et qui sont :

**Groupe 1:** composé uniquement du génotype ALTA.

**Groupe 2:** composé des génotypes BM, MIN/COM/DUC et VT.

**Groupe 3:** composé des génotypes WH, LD357, LLARet SORA.

**Groupe 4:** composé des génotypes MIN/PLAet MIN/COM.

**Groupes 5:** composé des génotypes PLATA, BCR, SH-3, CND, LDN7, TARet SIG.

La longueur du pédoncule de l'épi est proportionnelle à la quantité d'eau absorbée par la plante durant le cycle de développement, (Annichiarico,1993). Le rôle de ce paramètre s'explique par les quantités d'assimilés stockés dans cette partie de la plante qui sont

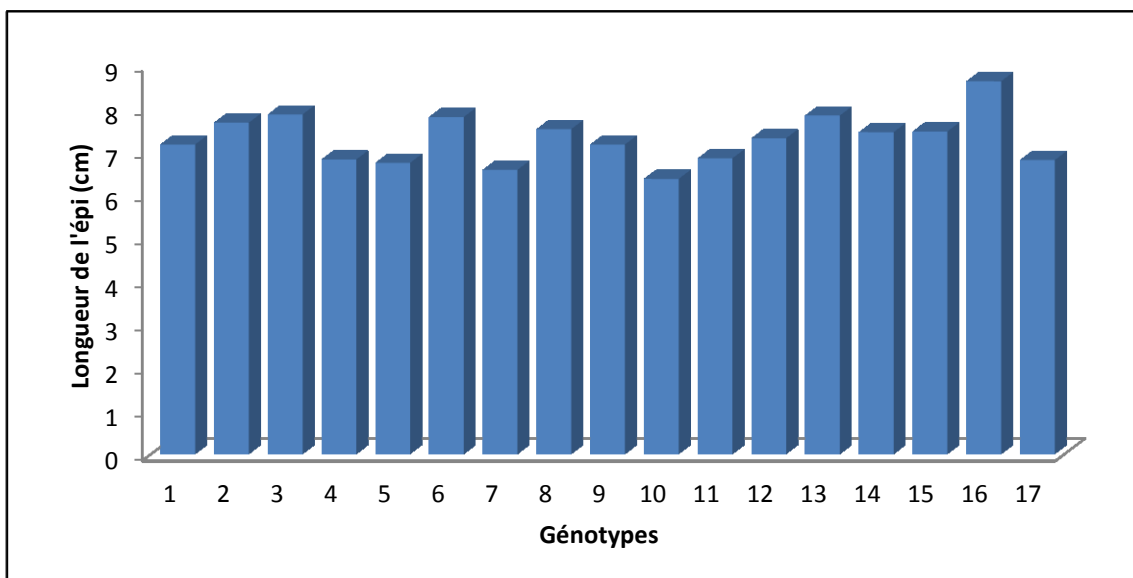
susceptibles d’être transportés vers le grain en conditions de déficit hydrique de fin de cycle (Gâte *et al.*,1992).

La longueur du pédoncule est un caractère affecté variétal. Ce paramètre a souvent été proposé comme un critère de sélection des génotypes tolérants au déficit hydrique (Fisher et Turner, 1978, Fisher et Maurer,1978). Toutefois, ce caractère a, selon plusieurs auteurs, un déterminisme génétique plus complexe que la hauteur de la plante. Un col de l’épi long constitue une protection contre la contamination de l’épi par les spores de *Septoria* à partir des dernières feuilles (Wardlaw,1967).

### 3.3. Longueur de l’épi

#### 3.3.1. En plein champs

Les résultats relatifs à la longueur des épis en plein champs, évaluées à la maturité, durant les campagnes agricoles 2013/3104 et 2014/2015 sont représentés par la figure 27.



**Figure 27:** Longueur moyenne de l’épi chez les différents génotypes en plein champs.

La longueur moyenne de l’épi chez les différents génotypes pendant les deux années expérimentales a été de 7.29cm. La valeur maximale a été enregistrée chez le génotype N°16 VT (8.62cm), suivie des génotypes CND, TAR, MN/PLA, SORA, MIN/COM/DUC, WH, LLAR, ALTA, BCR et LD357 qui ont respectivement les longueurs d’épi de l’ordre de 7.85cm , 7.83cm, 7.79cm, 7.66cm, 7.51cm, 7.46cm, 7.44cm, 7.3cm, 7.15cm et 7.15cm. Les autres génotypes ont présenté des longueurs moyennes des épis variant de 6.57cm pour le génotype PLATA à 6.83cm pour le génotype LDN. Le génotype N°10 SIG a enregistré la plus faible longueur (6.36cm).

L'analyse de la variance a montré des différences très hautement significative ( $p < 0.001$ ) indiquant ainsi une forte variabilité génétique au sein du germoplasme (Annexe 11). Quatre (04) groupes homogènes ont été identifiés:

**Groupe 1:** SIG, PLATA, BM, SH-3, MIN/COM, LDN7, LD357, BCR et ALTA.

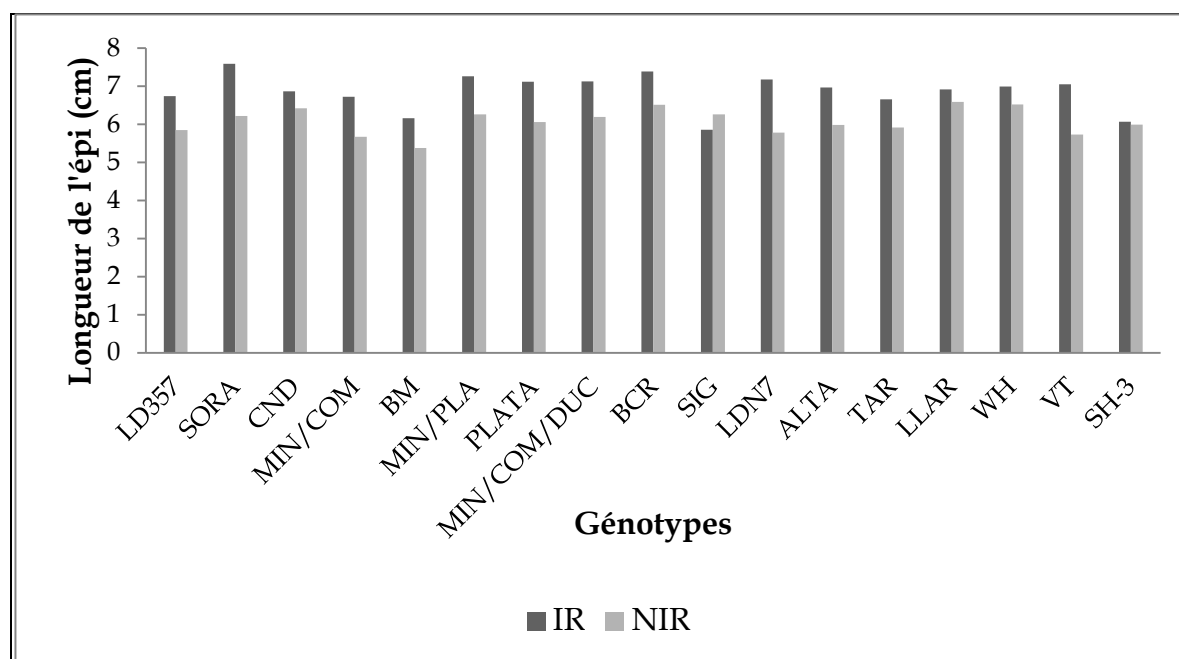
**Groupe 2:** LLAR, WH et MIN/COM/DUC.

**Groupe 3:** SOR, MIN/PLA, TAR et CND.

**Groupe 4:** VT.

### 3.3.2. En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs à la longueur de l'épi en conditions irriguées (IR) et sèches (NIR) sont présentés dans la figure 28.



**Figure 28:** Longueur de l'épi chez les différents génotypes en conditions irriguées (IR) et sèches (NIR)

La figure 28 montre qu'en conditions irriguées, la longueur des épis a fluctué de 7.59cm chez le génotype SORA à 6.07cm chez le génotype SH-3. Tandis qu'en conditions sèches, la longueur des l'épi a variée de 5.38cm chez BM à 6.59cm pour le génotype LLAR. Les valeurs moyennes de la longueur des épis des différents génotypes a été 6.85cm en conditions irriguées contre 6.10cm en conditions sèches. Ce paramètre a diminué de manière très hautement significative en conditions sèches ( $p < 0.001$ ) soit une réduction de l'ordre de 10.94 %.

L'analyse de la variance a montré des différences significative entre les génotypes ( $p < 0.05$ ) (Annexe 12).

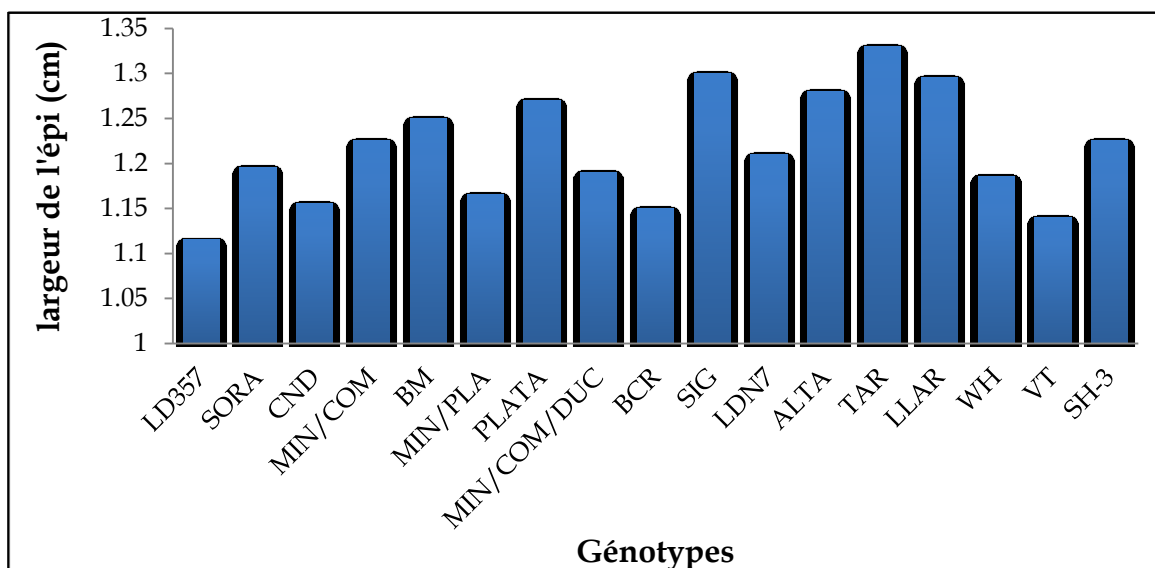
La longueur des épis est un caractère variétal peu influencé par les variations du milieu, elle est en fonction des disponibilités hydriques du sol durant le cycle végétatif (Jonard, 1964). Selon Monneveux et This, (1997), l'épi est un facteur déterminant dans la tolérance au stress hydrique, par le rôle de l'épi dans la photosynthèse et dans la transpiration. Chez le blé dur, la photosynthèse de l'épi participe, relativement, plus au remplissage du grain que la feuille étandard du fait de la sénescence de cette dernière (Johnson et Moss, 1976, Bammoun, 1997, Gate *et al.*, (1993).

Ce paramètre est, aussi, un indice de rendement, parce qu'il participe à la formation du grain (Febrero *et al.*, 1990). Plusieurs auteurs ont trouvé une corrélation positive entre le rendement en grain et la longueur de l'épi (Kahali, 1995), Delecolle et Gurnard, 1980). Cependant Triboi et Ollier, (1990) ont montré un faible rendement en grains chez les populations à épis longs, cela peut être expliqué par la stérilité de leurs épillets, tandis que les rendements élevés des populations à épis courts s'explique par une fertilité élevée des épillets.

Achouri (1985) a trouvé que la longueur des épis est une fonction inverse de la densité de semis.

### 3.4. Largeur de l'épi

Les résultats relatifs à la largeur des épis en plein champs, évaluée à la maturité, durant les campagnes agricoles 2013/3104 et 2014/2015 sont présentés dans la figure 29.



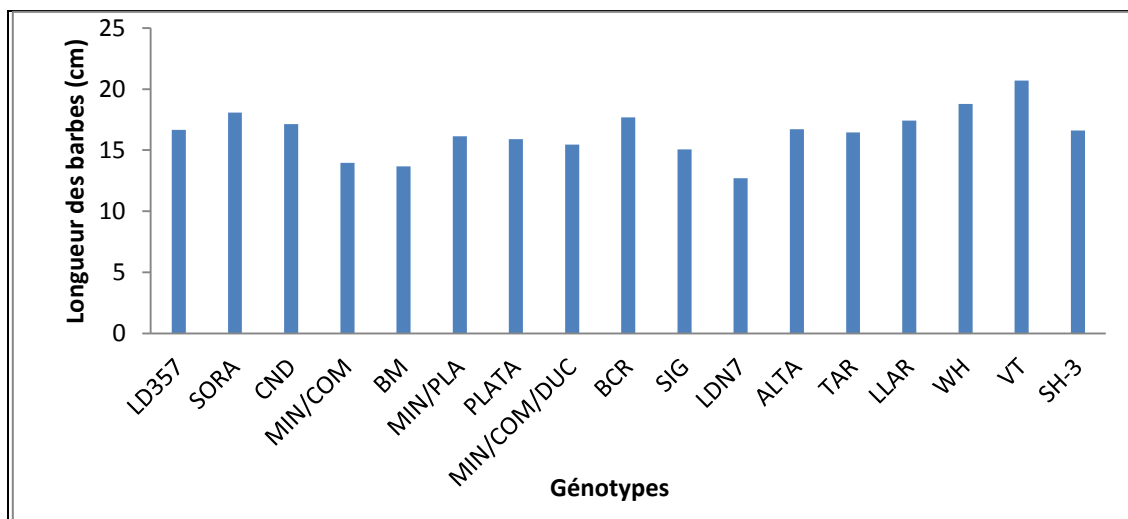
**Figure 29:** Largeurs moyennes des épis des 17 génotypes conduits en plein champs pour les deux campagnes agricoles.

La largeur moyenne des épis des différents génotypes pendant les deux années d'expérimentation a été de 1.21cm. La valeur maximale a été enregistrée chez le génotype TAR avec une largeur de 1.33cm. Les autres génotypes ont présenté des largeurs variant de 1.14cm pour le génotype VT à 1.29cm pour le génotype LLAR. le génotype N°1 LD357 a enregistré la plus faible valeur (1.11cm).

L'analyse de la variance a montré des différences génotypiques significative ( $p < 0.05$ ) (Annexe 13).

### 3.5. Longueur des barbes

Les résultats relatifs à la longueur des barbes en plein champs, évaluée à la maturité, durant les campagnes agricoles 2013/3104 et 2014/2015 sont présentés dans la figure 30.



**Figure 30:** Longueur moyenne des barbes des 17 génotypes conduits en plein champs durant les campagnes agricoles 2013/3104 et 2014/2015.

La longueur moyenne des barbes des différents génotypes pendant les deux années d'expérimentation a été de 16.42cm. La valeur maximale a été enregistrée chez le génotype VT avec 20.71cm suivie des génotypes WH, SORA, BCR, LLAR, CND, ALTA, LD357, SH-3, TAR et MIN/PLA qui ont respectivement présenté des longueurs de l'ordre de 18.78cm, 18.09cm, 17.67cm, 17.41cm, 17.13cm, 16.71cm, 16.65cm, 16.6cm, 16.44cm et 16.13cm. Les autres génotypes ont présenté des longueurs allant de 13.68cm pour le génotype BM à 15.91cm pour le génotype PLATA. Le génotype LDN7 a enregistré la plus faible longueur (12.71cm).

Les résultats ont révélé des différences très hautement significatives entre les différents génotypes étudiés (Annexe 14). Six (06) groupes homogènes ont été identifiés:

**Groupe1:** composé des génotypes suivants: LDN7, BM et MIN/COM.

**Groupe 2:** composé des géotypes: SIG, MIN/COM/DUC et PLATA.

**Groupe 3:** compose uniquement du géotype MIN/PLA.

**Groupe 4:** composé des géotypes TAR, SH-3, LD357, ALTA et CND.

**Groupe 5:** composé des géotypes LLA, BCR et SORA.

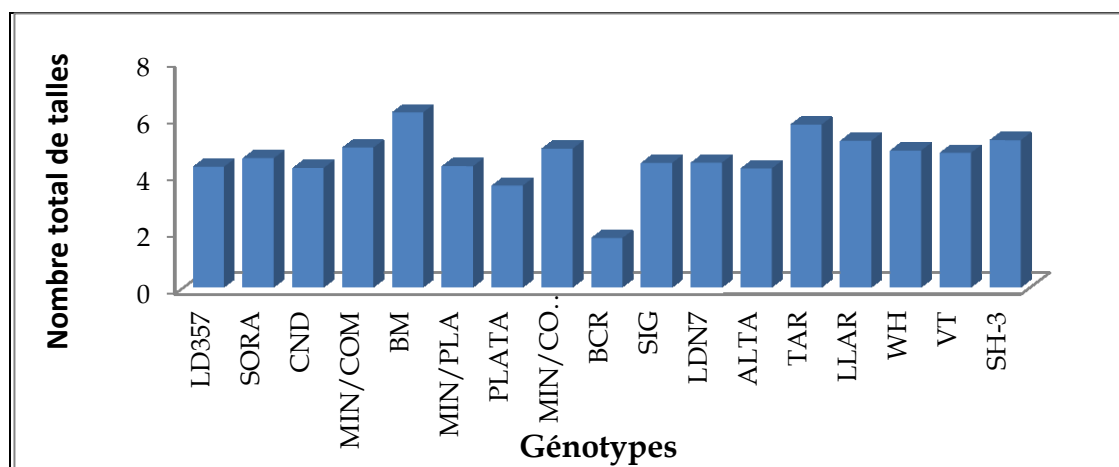
**Groupe 6:** composé des géotypes WH et VT.

La longueur des barbes est un paramètre lié à la tolérance au déficit hydrique (Ali Dib *et al.*, 1990, Hadjichristo Doulou, 1985 in Mazouz, 2006). Grignac (1965) a indiqué que les blés barbus sont les plus résistants au déficit hydrique. De même, Nemmar (1990), a signalé que la présence des barbes chez les céréales augmente l'efficacité d'utilisation de l'eau et l'élaboration de la matière sèche. Selon (Weyrchi, 1995), les barbes sont des feuilles rudimentaires ayant une fonction photosynthétique. Fokar *et al.* (1998), a indiqué que la photosynthèse est moins sensible à l'action inhibitrice des hautes températures chez les géotypes barbus comparativement aux géotypes glabres. D'autres travaux ont confirmés le rôle des barbes dans le remplissage du grain en conditions de déficit hydrique (Grignac, 1965; Ali Dib *et al.*, 1990). Selon Teich (1982), les géotypes barbus sont recherchés surtout dans les zones à climat sec et chaud, alors que les géotypes sans barbes sont prédominants dans les régions tempérées et humides. La longueur des barbes et le rendement a été trouvée fortement corrélée.

### 3.6. Nombre de talles Total

#### 3.6.1. En plein champs

Les résultats relatifs au nombre total de talles en plein champs durant les campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015 sont présentés dans la figure 31.



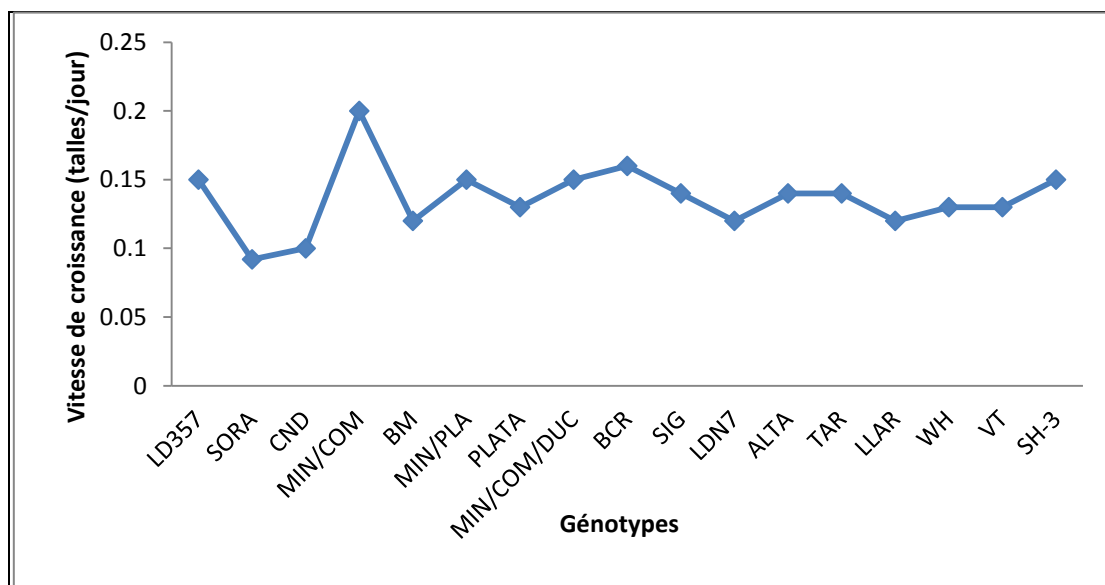
**Figure 31:** nombre total moyen de talles en plein champs chez les 17 géotypes enregistré durant les campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015.

Le nombre total de talles moyen des 17 géotypes a été de 4.26 talle par plant. La valeur maximale a été enregistrée chez géotype N°5 BM (6.17) suivie des géotypes MIN/COM, MIN/COM/DUC, WH, VT, SORA, LDN7, SIG, MIN/PLATA, LD357, CDN et ALTA qui ont présenté, respectivement, un nombre total de talles par plant de l'ordre de 4.92, 4.88, 4.82, 4.74, 4.55, 4.4, 4.39, 4.27, 4.25, 4.21 et 4.19. Les autres géotypes ont présenté des nombres variant de 5.74 pour TAR à 3.59 pour PLATA. Le géotype N°9 BCRA enregistrée la plus faible valeur (1.74 talles par plant).

L'analyse de la variance a mis en évidence des différences génotypiques significatives ( $p < 0.05$ ) indiquant ainsi une variabilité génétique au sein du germoplasme (Annexe 15).

La Figure 32 a montré que le géotype N°4 MIN/COM possède la plus grande vitesse de croissance (0.2 talles/j). Les autres géotypes ont des vitesses voisines allant de 0.1 talles/j pour le géotype CND à la vitesse 0.16 talles/j pour le géotype BCR. La plus faible vitesse a été de 0.09 talles/j, enregistrée chez le géotype SORA.

Davidson et Chevalier (1987) ont trouvé que la vitesse d'apparition des talles est fonction de l'intensité du signal hydrique auquel la plante est exposée.

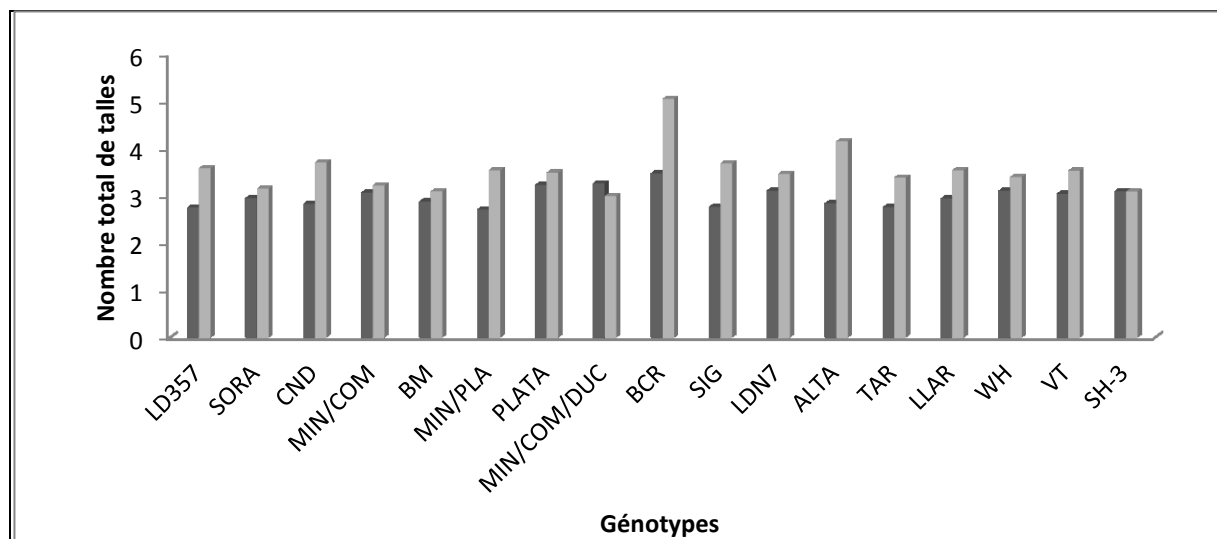


**Figure 32:** Vitesse de croissance des talles chez les 17 Géotypes.

### 3.6.2. En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs au nombre total de talles des plants pour le germoplasme étudié en conditions irriguées (IR) et sèches (NIR), évalués à la maturité, sont présentés à la figure 33.





**Figure 33:** Nombre de talles total chez les 17 génotypes en conditions irriguées et s-ches

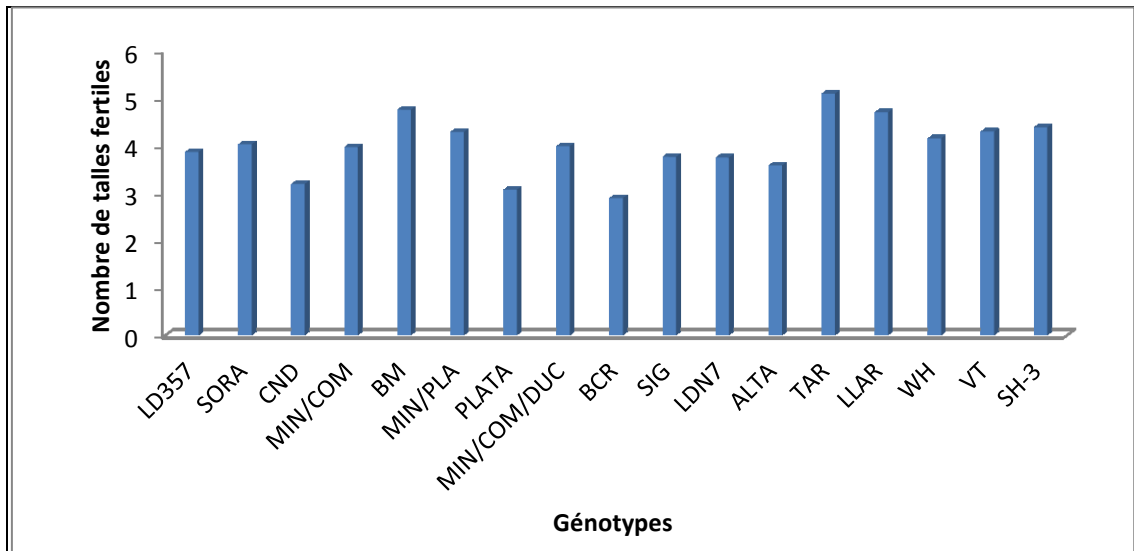
En conditions irriguées, le nombre total de talles a variée de 5.06 chez le génotype N°9 BCR à 2.99 chez le génotype N°8 MIN/COM/DUC. Tandis qu’en conditions sèches, le nombre total de talles à variée de 3.48 chez le génotype BCR à 2.71 chez le génotype MIN/PLA. Le nombre total moyen de talles produit en conditions irriguées a été de 3.54 tandis qu’en conditions sèches, il a été de 2.99 talles par plant. Ce paramètre a diminué d’une manière très hautement significative sous stress hydrique ( $p < 0.001$ ) soit une réduction de 15.54%.

L’analyse de la variance a montré des différences génotypiques significatives ( $p < 0.05$ ) avec présence d’interaction entre les génotypes et les régimes hydriques, ce qui implique des comportements différents des génotypes en présence d’une contrainte hydrique. (Annexe 16).

### 3.7. Nombre de talles fertiles

#### 3.7.1. En plein champs

Les résultats relatifs au nombre de talles fertiles des plants en plein champs durant les campagnes agricoles 2013/3104 et 2014/2015 sont présentés dans la figure 34.



**Figure 34:** Nombre de talles fertiles moyen chez les 17 génotypes pour les deux campagnes agricoles.

Le nombre moyen de talles fertiles des différents génotypes a été de 3.99 talles par plant. La valeur maximale a été enregistrée chez le génotype TAR (5.1 talles) suivie des génotypes BM, LLAR, SH-3, VT, MIN/PLA, WH et SORA qui ont, respectivement, un nombre de talles fertiles par plant de l'ordre de 4.76, 4.71, 4.38, 4.3, 4.29, 4.15 et 4.03. Les autres génotypes ont présenté un nombre de talles fertiles variant de 3.07 pour PLATA à 3.97 pour MIN/COM. Le génotype BCR a enregistré la plus faible valeur (2.9 talles par plant). L'analyse de la variance a montré l'existence de différences génotypiques significatives ( $p < 0.05$ ) (Annexe 16).

### 3.7.2. En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs au nombre total de talles fertiles par plant des génotypes en conditions irriguées (IR) et de stress hydrique (NIR) sont présentés à la figure 35.

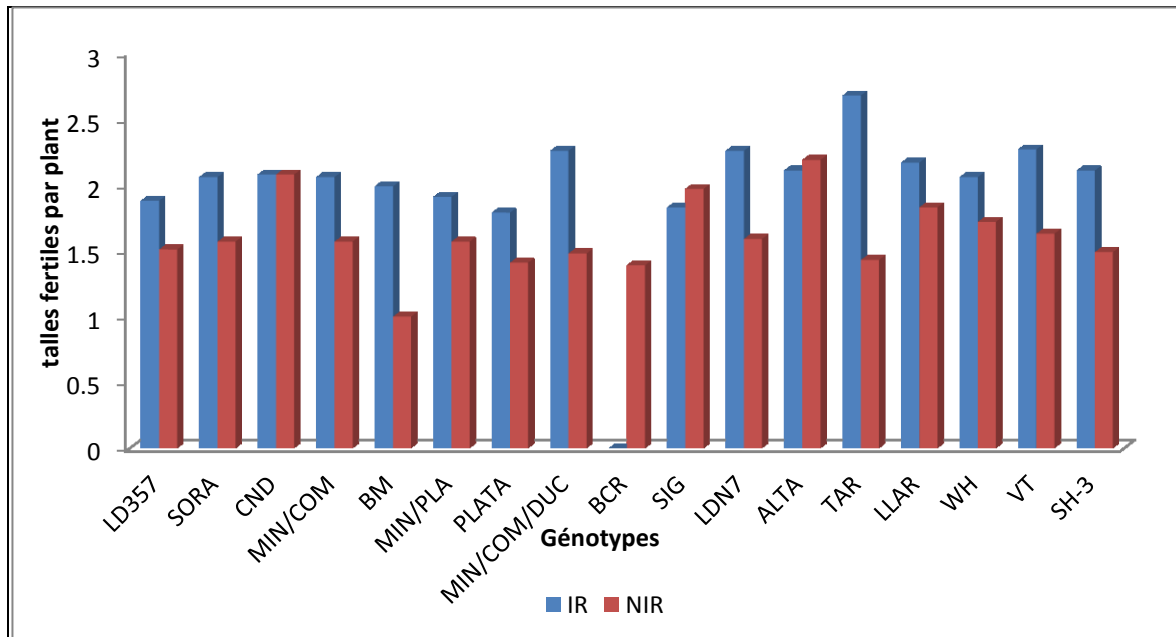


Figure 35: Nombre de talles fertiles chez les 17 géotypes en conditions semi-contrôlées.

La figure 35 reprend le nombre de talles fertiles moyen produit par les 17 géotypes en conditions irriguées et sèches. En conditions irriguées, le nombre de talles fertiles par plant a variée de 2.68 chez le géotype TAR à 1.57 chez le géotype BCR. Tandis qu'en conditions de stress hydrique le nombre de talles fertiles a variée de 2.19 chez la lignée ALTA à 1.00 chez la variété BM. On remarque que le nombre de talles fertiles moyen produit en conditions irriguées a été de 2.06 tandis qu'en conditions de stress hydrique il n'a été que de 1.61. Ce paramètre a diminué d'une manière très hautement significative sous stress hydrique ( $p < 0.001$ ) soit de 21.84%. L'analyse de la variance a montré l'existence de différences génotypiques significatives ( $p < 0.05$ ) avec présence d'interaction entre les géotypes et les régimes hydrique (Annexe 18). Quatre (04) groupes homogènes ont été identifiés:

**Groupe 1:** composé, seulement, de deux géotypes: BM et TAR.

**Groupe 2:** composé des géotypes PLATA, LD357 et MIN/PLA.

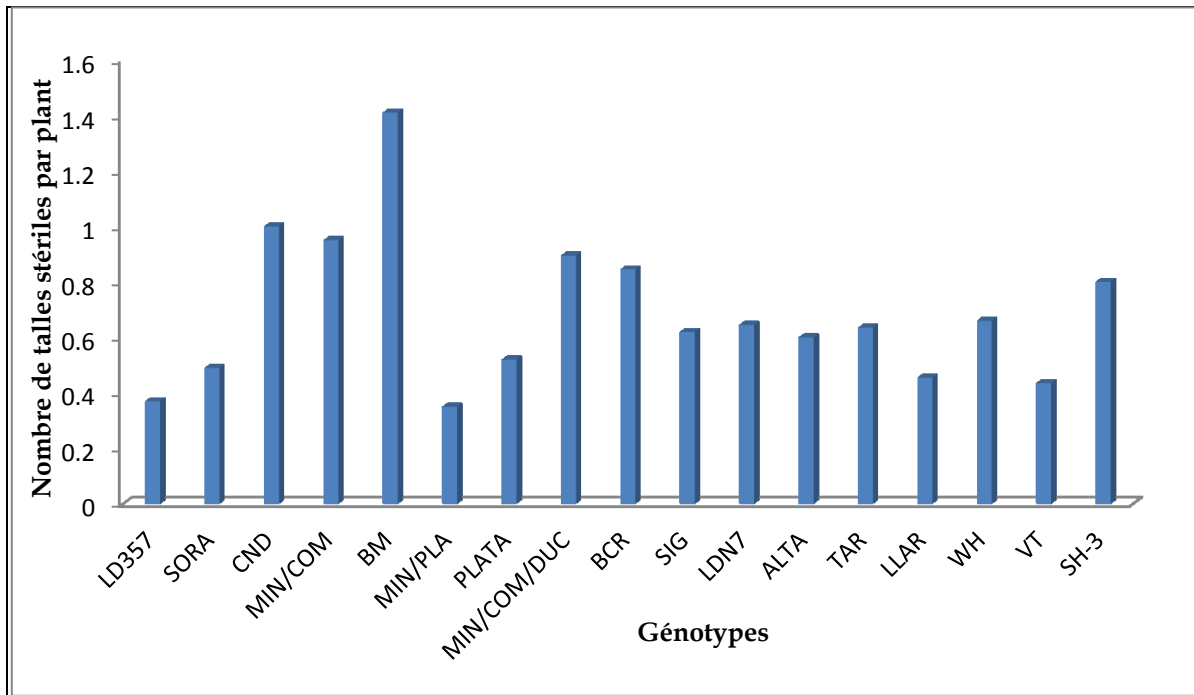
**Groupe 3:** composé des géotypes SH-3, SORA, MIN/COM, MIN/COM/DUC, WH et SIG.

**Groupe 4:** composé des géotypes LDN7, VT, LLAR, BCR, CND et ALTA.

### 3.8. Nombre de talles stériles

#### 3.8.1 En plein champs

La figure 36 reprend les résultats relatifs au nombre de talles stériles par plant produit en en plein champs durant les campagnes agricoles 2013/3104 et 2014/2015.

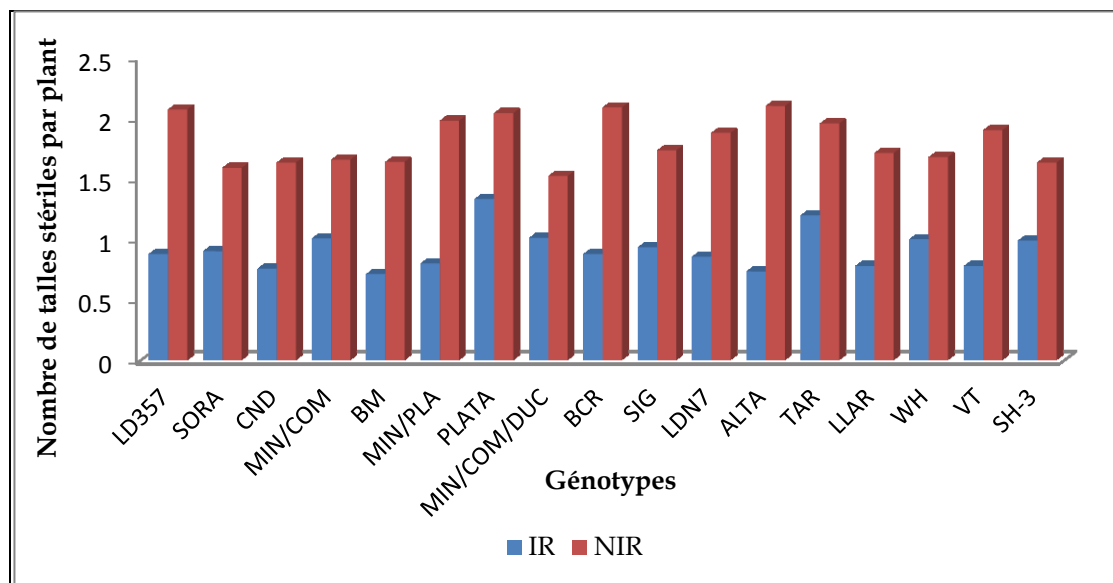


**Figure 36:** Nombre Moyen de talles stériles par plant chez les 17 génotypes produit en plein champs durant les campagnes agricoles 2013/3104 et 2014/2015.

L'analyse de la variance a montré un effet non significatif entre les génotypes ainsi qu'entre les deux années (Annexe 19). Le nombre de talles stériles moyen des différents génotypes est de 0.67 talles par plant. La valeur maximale a été enregistrée chez le génotype BM (1.41). Les autres génotypes présentent un nombre de talles stériles par plant variant de 0.37 pour LD357 à 1.00 pour CND. Le génotype MIN/PLA a enregistré la plus faible valeur (0.35 talles par plant).

### 3.8.2. En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs au nombre total de talles stériles par plant des différents génotypes produit en conditions irriguées (IR) et de stress hydrique (NIR) sont représentés par la figure 37.



**Figure 37:** Nombre de talles stériles chez les 17 génotypes en conditions irriguées (IR) et de stress hydriques (NIR)

En conditions irriguées, le nombre de talles stériles a varié de 1.33 talles par plant chez le génotype PLATA à 0.73 chez le génotype ALTA. En conditions de stress hydrique, ce nombre a été plus élevé. Il a 2.09 chez le génotype BCR à 1.52 chez le génotype MIN/COM/DUC. En moyenne, le nombre de talles stériles produit en conditions d’irriguées a été de 0.91 tandis qu’en conditions de stress hydrique il a été de 1.81. Ce paramètre a augmenté d’une manière très hautement significative sous stress hydrique ( $p < 0.001$ ) soit une réduction de 49.72%. L’analyse de la variance a montré l’absence de différence entre les génotypes ainsi que l’interaction entre les génotypes et les régimes hydriques (Annexe 20).

Le tallage est un caractère variétal qui, en conditions favorables, pourrait renseigner sur le potentiel des variétés (Bennaceur *et al.*, 1997). Grandcourt et Prats (1971) ont constaté que ce paramètre peut être considéré comme une composante qui affecte indirectement le rendement. L’importance de tallage épi se dirige sur le choix des génotypes dans le cadre de l’amélioration des plantes (Hucl et Backer, 1989; Davidson et Chevalier, 1990). Benbelkacem *et al.*, (1984) ont constaté qu’une augmentation importante du nombre de talles herbacées engendre une augmentation du nombre de talles épis, mais aussi une mortalité plus élevée.

### 3.9. Biomasse en matière fraîche

La figure 38 reprend les résultats relatifs à la biomasse de la matière fraîche aérienne et racinaire des plants du germoplasme étudié en conditions irriguées (IR) et de stress hydrique (NIR).

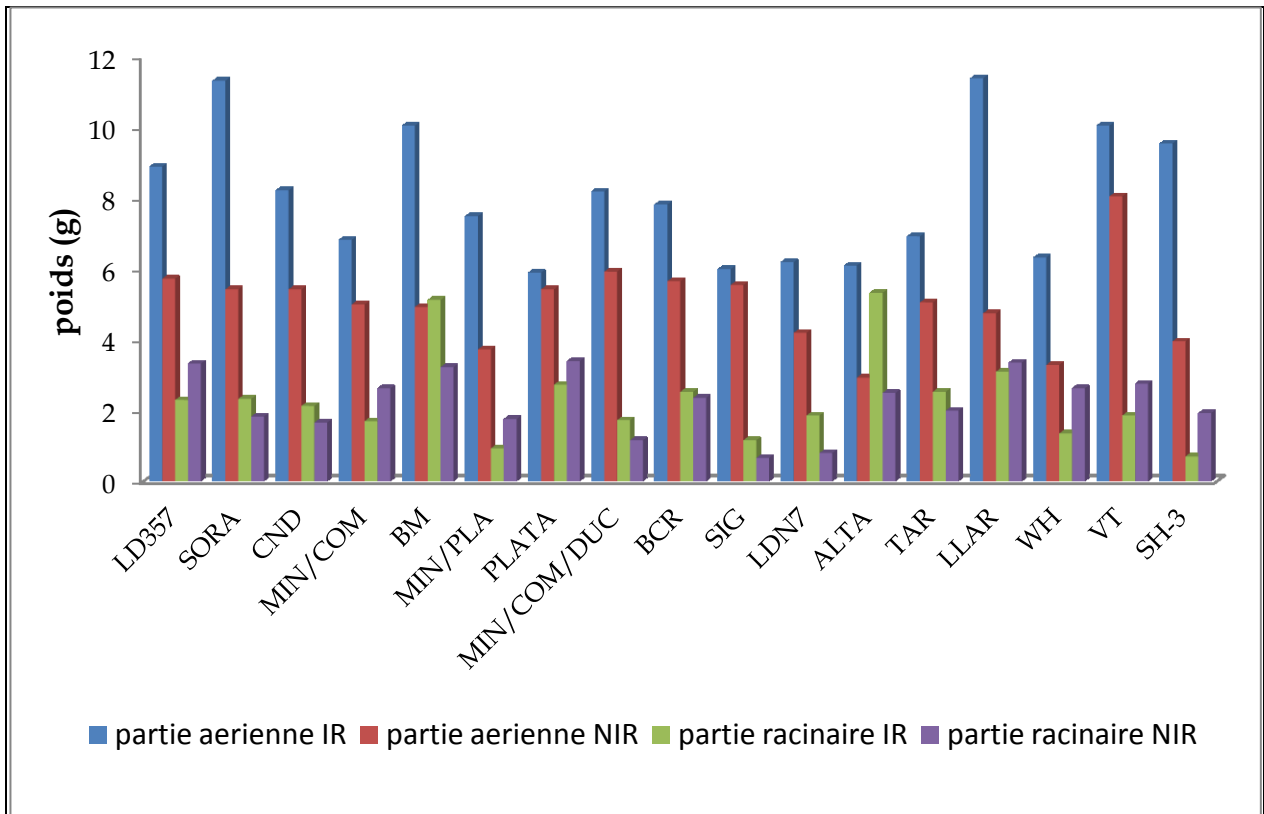


Figure 38: Biomasse en matière fraîche de la partie aérienne et sous terrain de différents génotypes en conditions irriguées et sèches (g/plant)

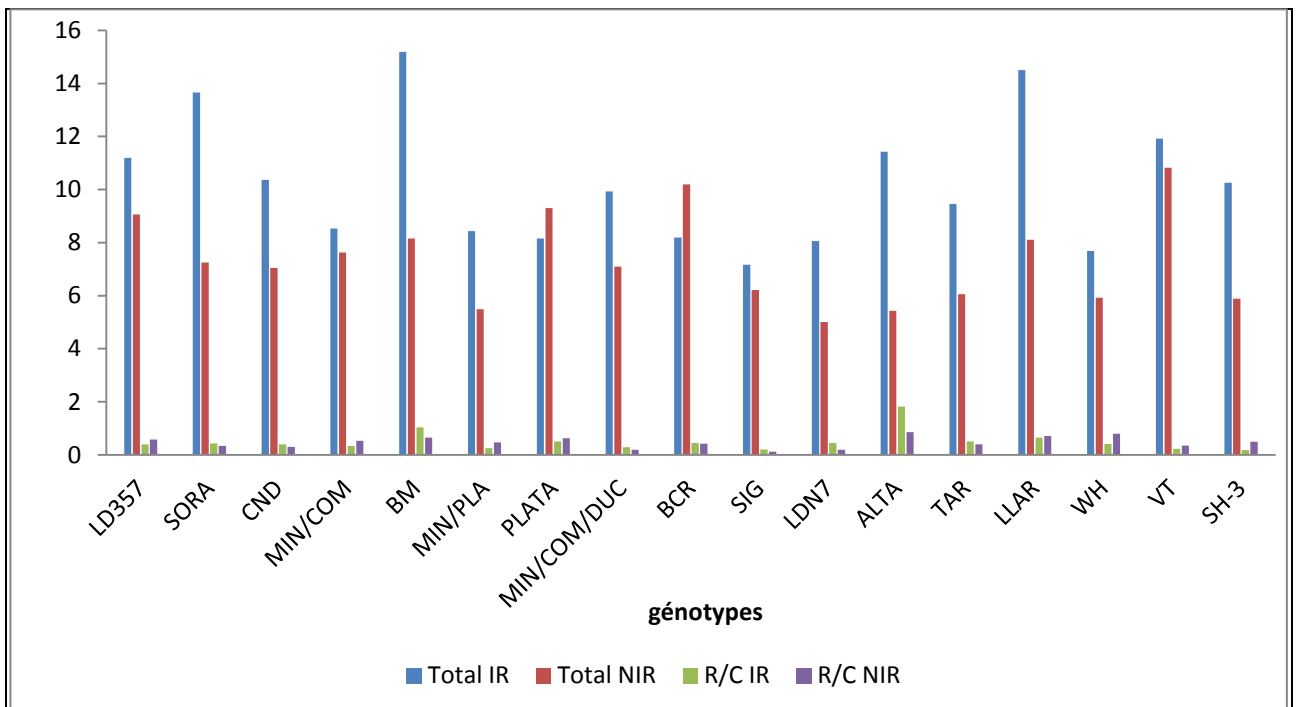


Figure 39: Total de la biomasse en matière fraîche ainsi que le rapport R/C des différents génotypes en conditions irriguées et sèches.

L'analyse de la variance pour la biomasse aérienne fraîche indique un effet génotypique très hautement significatif ( $p < 0.001$ ) et hautement significative ( $p < 0.01$ ) des traitements hydriques ainsi que leur interaction avec les génotypes. L'analyse a montré que tous les génotypes accusent une réduction de leur partie aérienne en présence de la contrainte hydrique. La plus faible réduction revient au génotype VT avec une réduction de l'ordre de 9.43% et la plus élevée est enregistrée par le génotype ALTA avec 67.08% de réduction et le génotype WH avec un taux de réduction évalué à 63.03% (Annexe 21).

Concernant la partie racinaire, l'analyse de la variance indique un effet très hautement significatif des génotypes, traitements que leur interaction. La figure 38 montre que les génotypes ont eu des comportements différents, ceci implique l'existence de stratégies adaptatives opportunes à chacun d'entre eux. Les diminutions du poids frais racinaire ont été constatées sous stress hydrique pour les génotypes suivants: SORA, CND, BM, MIN/COM/DUC, BCR, SIG, ALTA, TAR et LDN7, elles oscillent entre 6.71% à 56.98% respectivement pour BCR et LDN7.

Pour les augmentations racinaires, elles s'opèrent chez les génotypes suivants: LD357, MIN/COM, MIN/PLA, PLATA, LLAR, WH, VT et SH-3, elles varient de +8.39% à +175.71% respectivement pour LLAR et SH-3.

Pour la matière fraîche totale, nous enregistrons pour tous les génotypes une diminution sous stress hydrique sauf une faible augmentation pour les génotypes: PLATA et BCR (Figure 39).

Concernant le rapport R/C, l'analyse de variance ne donne de signification que pour l'interaction génotypes-régime hydrique.

Ces résultats confirment ceux trouvés par Hsiao (1973) qui note que lors d'un déficit hydrique la plante réagit par une diminution de la partie aérienne.

### **3.10. Biomasse en matière sèche**

Les résultats relatifs à la biomasse de la matière sèche de la partie aérienne et de la partie sous terrain (racinaire) des différents plants issus du germoplasme étudié en conditions irriguées et de stress hydrique sont présentés au niveau de la figure 40.

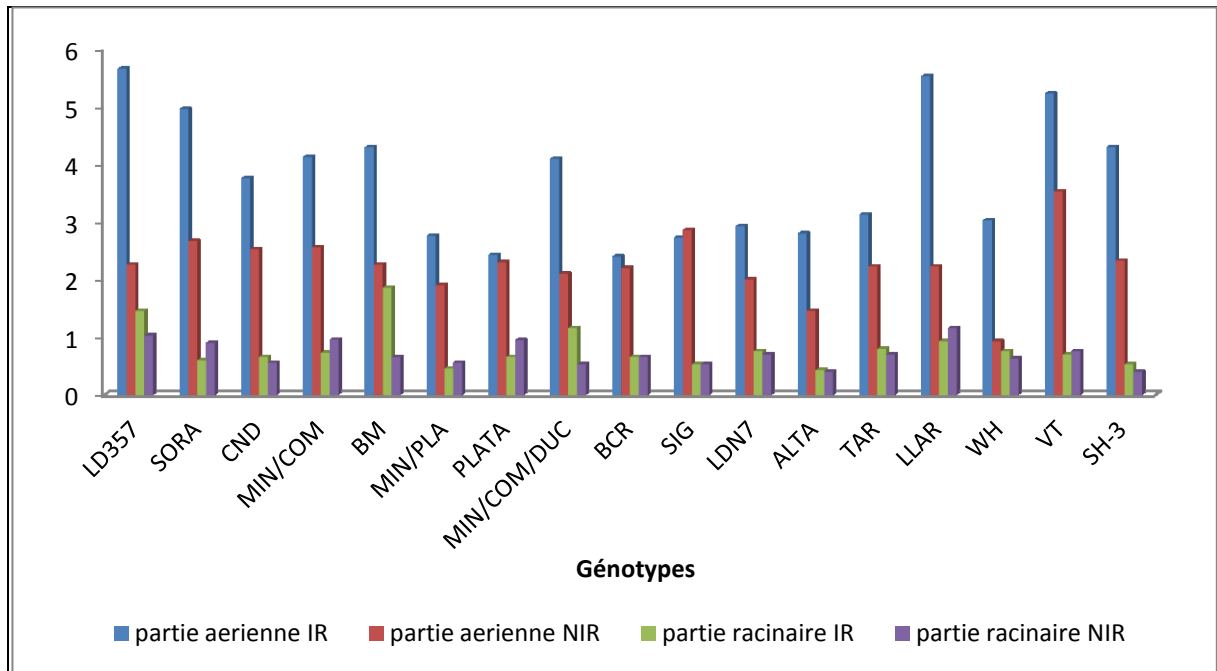


Figure 40: Biomasse en matière sèche de la partie aérienne et sous terraine des différents géotypes en conditions irriguées et de stress hydrique

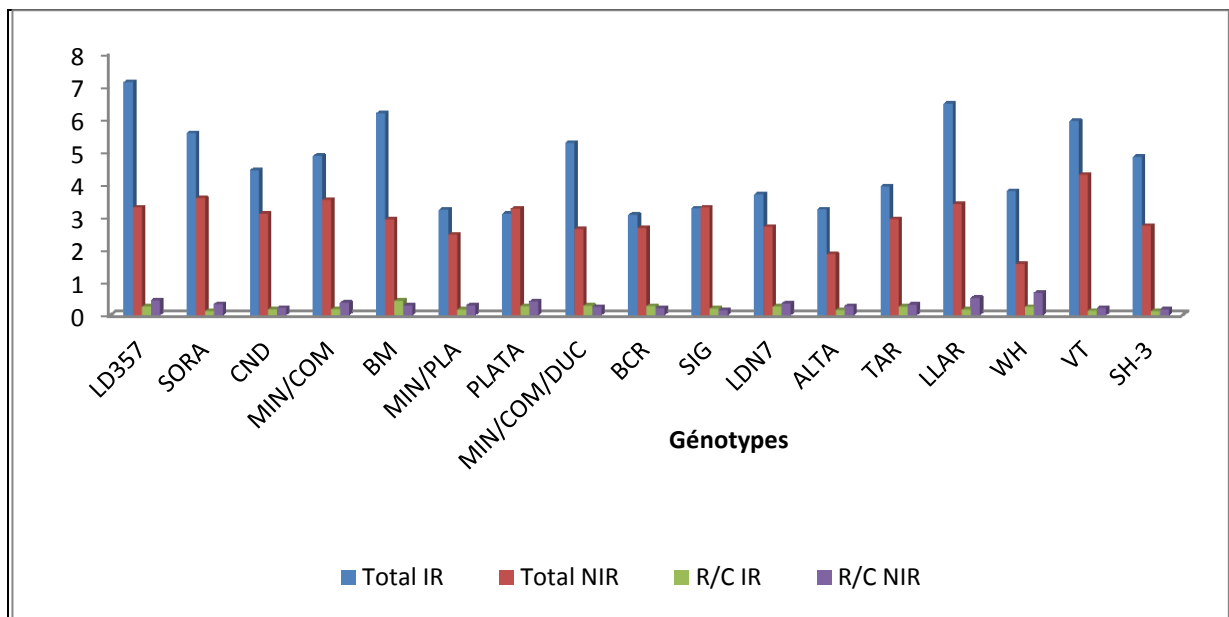


Figure 41: Total de la biomasse en matière sèche ainsi que le rapport R/C des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.

L'analyse de la variance pour la partie aérienne sèche indique un effet très hautement significative aussi bien pour les géotypes, les régimes hydriques que pour l'interaction géotypes-régimes hydriques. Tous les géotypes accusent une réduction de leur partie aérienne sous stress hydrique, la plus faible réduction revient au géotype PLATA avec environ 5.35% et la plus élevée revient au géotype LD357 avec 60.07% (Annexe 22).



En ce qui concerne la partie racinaire, l'analyse de la variance indique un effet non significative aussi bien pour les génotypes, les régimes hydriques que pour leurs interactions. Nous ne notons pas de grands écarts de la matière sèche racinaire entre les génotypes. Ceci signifie, probablement, que les génotypes ayant enregistré un gain de matière sèche racinaire cas de SH-3, WH, VT, MIN/COM, PLATA, MIN/PLA et LLAR, les cellules des racines sont restées turgides et ont permis d'atténuer les effets du stress hydrique imposé en affichant une quasi similitude des matières sèches des traitements hydriques.

En ce qui concerne la matière sèche totale, nous enregistrons pour tous les génotypes une diminution sous stress hydrique sauf une très faible augmentation pour les génotypes: PLATA (5%) et SIG (0.9%), Le taux de diminution de la matière sèche a variée de 13% pour les BCR et 53.79% pour LD357 (Figure 41).

L'analyse de la variance a montré, aussi, que le rapport R/C présente un effet non significatif pour les génotypes et l'interaction génotypes\*régimes hydriques, et un effet significatif pour le régime hydrique. Il indique que la croissance racinaire a été dans bien des cas moins affectée que celle de la partie aérienne sous l'effet du stress hydrique.

Les résultats obtenus pour la matière sèche reflètent en partie ceux de la matière fraîche. Les génotypes ayant enregistré un gain de matière sèche racinaire, les cellules de leurs racines sont restées turgides et ont permis d'atténuer les effets du stress hydrique imposé en affichant une quasi similitude des matières sèches des deux traitements hydriques (irriguée et non irriguée).

Nos résultats sont en accord avec ceux rapportés par Zhang et al, 2003 et Bousba., 2006b qui ont montré que lorsque le stress devient sévère, la production de la matière sèche ralentit. Tahri *et al.*, (1997) ont montré que plusieurs sélectionneurs et physiologistes ont utilisé la capacité de l'accumulation de la matière sèche dans le criblage de génotypes résistants au déficit hydrique.

### **3.11. Etude foliaire**

#### **3.11.1. En plein champs**

Les résultats relatifs à la surface, la longueur et la largeur foliaire des différents plants en plein champs durant la campagne agricole 2014/2015 sont représentés dans la figure 42.

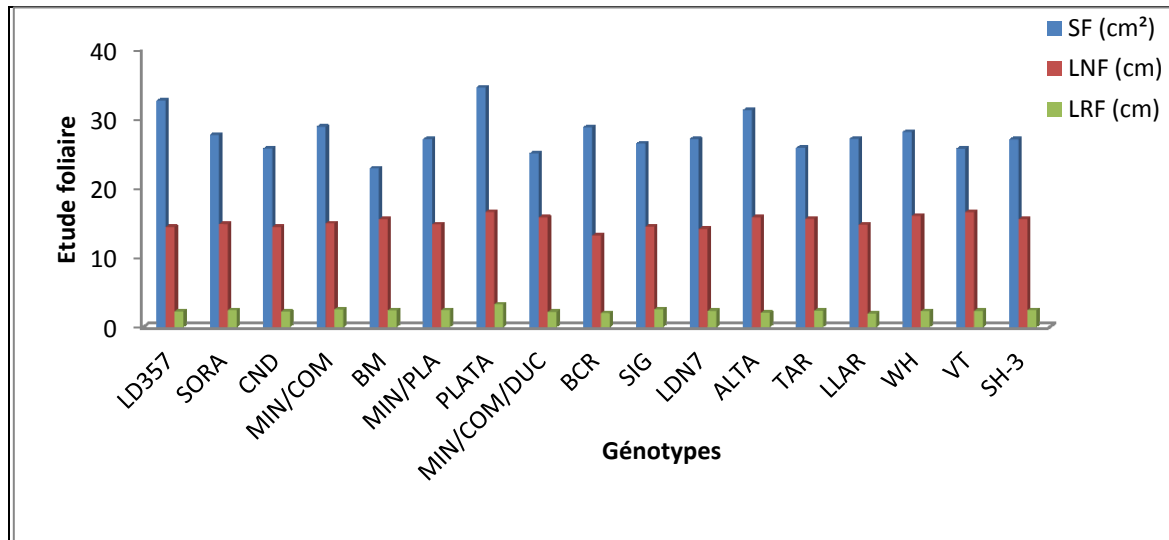


Figure 42: Etude foliaire des 17 génotypes en plein champs.

La surface moyenne de la feuille étandard (SF) des différents génotypes a été de 1cm<sup>2</sup>. La valeur maximale a été enregistrée chez le génotype PLATA (34.45cm<sup>2</sup>). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs variant de 25.64cm<sup>2</sup> pour VT à 32.58cm<sup>2</sup> pour LD357. Le génotype BM a enregistré la plus faible valeur (22.84 cm<sup>2</sup>).

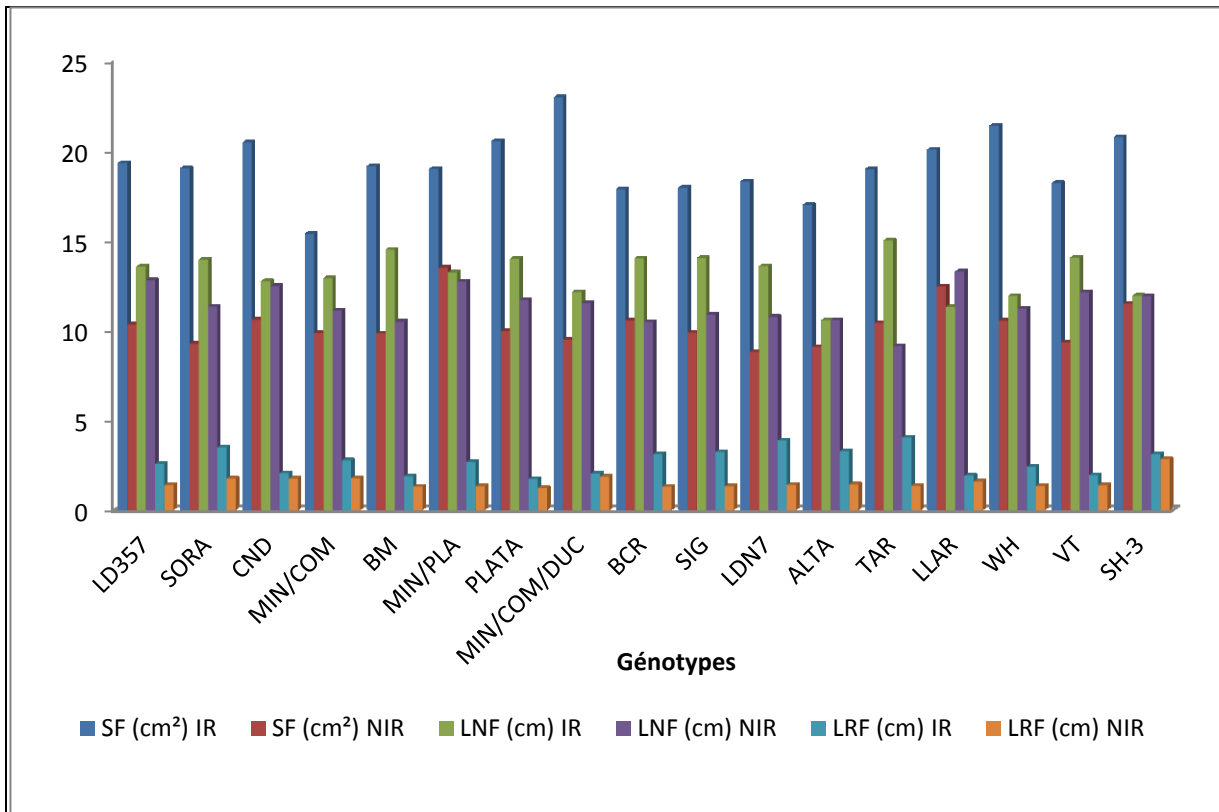
La longueur moyenne de la même feuille étandard complètement déployée (LNF) des différents génotypes a été de 15.12cm. La valeur maximale a été enregistrée chez le génotype PLATA (16.57cm). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs voisines allant de 16.54cm pour VT à 14.11cm pour LD7. La plus faible longueur a été enregistrée chez le génotype BCR (13.16cm).

Concernant la largeur moyenne des feuilles des différents génotypes (LRF), elle a été de l'ordre de de 2.53cm. La plus grande valeur a été enregistrée chez PLATA (3.27 cm), tandis que la plus petite valeur a été enregistrée chez LLAR (1.93cm).

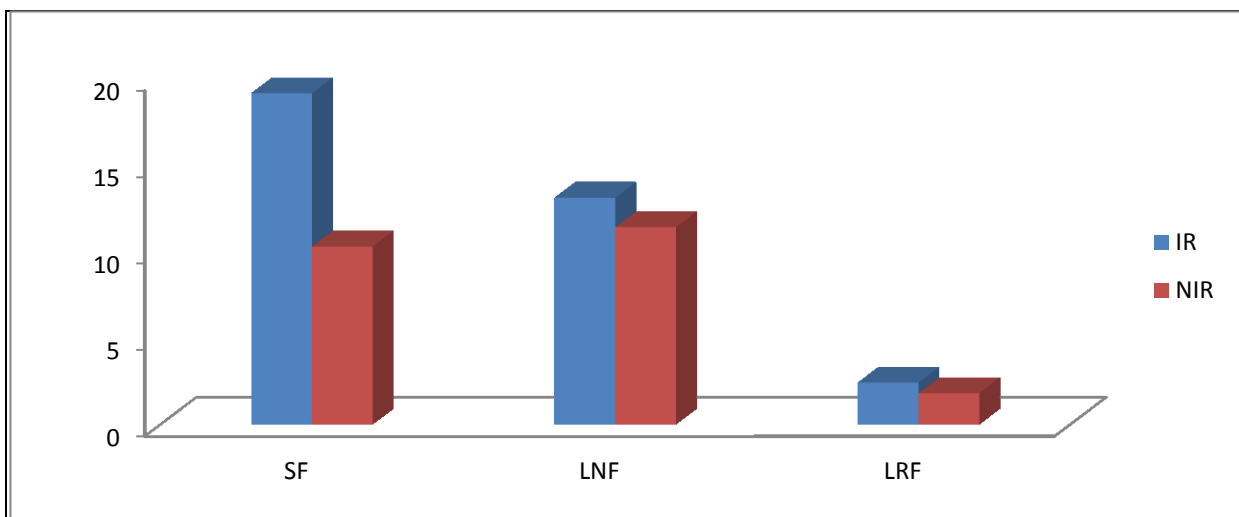
L'analyse de la variance de la feuille étandard à montré l'absence de différence entre les génotypes concernant la surface ainsi que la longueur. Pour la largeur, des différences significatives (p0.05) ont été mises en évidence (Annexe 23a).

### 3.11.2. En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs à la surface, la longueur et la largeur foliaire des différents plants en conditions irriguées et de stress hydrique sont reprises au niveau de la figure 43.



**Figure 43:** La surface foliaire, la longueur foliaire et la largeur foliaire chez 17 génotypes en conditions irriguées et de stress hydrique.



**Figure 44:** Taux de régression de la surface, longueur et largeur foliaire en conditions irriguées et de stress hydrique.

En conditions irriguées, la surface moyenne de la feuille étandard des différents génotypes a été de 19.17cm<sup>2</sup>, tandis que sous stress hydrique, la surface fortement affectée (p<0.001). Les chiffres indiquent une largeur moyenne en conditions de stress hydrique de l'ordre de 10.30cm<sup>2</sup>, soit une réduction évaluée à 46.27%. En conditions irriguées, la valeur

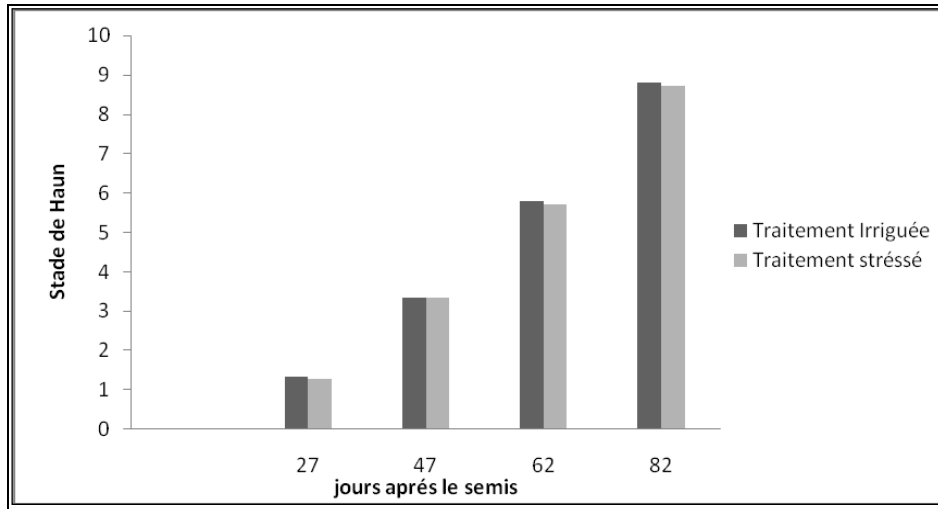
maximale a été enregistrée chez le génotype MIN/COM/DUC (22.95cm<sup>2</sup>). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs variant de 21.37cm<sup>2</sup> pour WH à 16.96cm<sup>2</sup> pour ALTA. Le génotype MIN/COM a enregistré la plus faible valeur (15.35 cm<sup>2</sup>). Alors qu'en conditions de stress la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype MIN/PLATA (13.47cm<sup>2</sup>). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs allant de 12.42cm<sup>2</sup> pour LLAR à 9.24cm<sup>2</sup> pour SORA. Le génotype ALTA a enregistré la plus faible valeur (9.07cm<sup>2</sup>) (Annexe 23b).

Les effets génotypiques et les interactions « génotypes – régime hydriques » sont absents pour la surface foliaire de la dernière feuille complètement déployé (Annexe 23c).

Pour la longueur moyenne de la même feuille étandard des différents génotypes, elle est passée de 13.12cm à 11.42cm respectivement en conditions irriguées et de stress hydrique, avec un taux de régression évalué à 12.95%. En conditions irriguées, la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype TAR (14.99cm). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs allant de 14.48cm pour BM à 11.29cm pour LLAR. La plus faible longueur a été enregistrée chez le génotype ALTA (10.55cm). Sous stress hydrique, la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype LLAR (13.25cm). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs voisines allant de 12.77cm pour LD357 à 10.46cm pour BCR. Le génotype TAR a enregistré la plus faible valeur (9.11cm). L'effet variétal est absent contrairement aux effets du régime hydrique ainsi que de son interaction avec les génotypes où des différences très hautement significatives ( $p < 0.0001$ ) ont été mises en évidence (Annexe 23b et Annexe 23c).

En ce qui concerne la largeur moyenne de la même feuille étandard des différents génotypes, elle est passée de 2.42cm à 1.82cm respectivement en conditions irriguées et de stress hydrique, avec un taux de régression de 24.79% (Figure 44). En irrigations irriguées, la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype TAR (4.03cm). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs variant de 3.86cm pour LDN7 à 1.87cm pour BM. La plus faible largeur a été enregistrée chez le génotype PLATA (1.72cm). Sous stress hydrique la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype SH-3 (2.82cm). Les autres génotypes ont enregistré des valeurs allant de 1.22cm pour PLATA à 1.76cm pour MIN/COM. Le génotype TAR a enregistré la plus faible valeur (9.11cm). Le comportement des génotypes ont été similaires. Cependant, des effets très hautement significatifs ( $p < 0.0001$ ) du « régime hydrique » ainsi que son interaction avec les génotypes ont été mis en évidence par l'analyse de la variance.

Pour se qui est du développement foliaire, la figure 45 reprend l'évolution moyen des stades de Haun en conditions irriguées et sèches (Annexe 24a).



**Figure 45:** Stades moyens de Haun des 17 génotypes de blé dur en conditions irriguées et sèches.

On remarque un léger décalage du développement foliaire sous stress hydrique. Les effets d'interactions « régime hydriques - génotypes » sont absents ( $p > 0.05$ ) quelque soit la durée du stress, tandis que les génotypes diffèrent significativement ( $p < 0.05$ ) entre eux en présence d'un stress sévère (Annexe 24b).

Le statut du développement foliaire a été, d'une façon générale, peu affecté par le stress hydrique. Ces résultats sont en accord avec ceux obtenus par Lawlor *et al.*, (1981) et Semiani M., (1997). Ce dernier a montré que les effets du stress hydrique se manifestent surtout sur les processus de croissance et que les processus de développement sont associés à la somme des températures. Les stades de Haun (1973) intègrent, à la fois, la croissance et le développement. Nos résultats ont montré que le développement foliaire, mesuré par la méthode de Haun, a été peu sensible au stress hydrique, il ne rend, donc, pas compte des différences de sensibilité variétale à la sécheresse.

La surface foliaire est un caractère morphologique d'adaptation au déficit hydrique (Blum, 1988) et un déterminisme important de la transpiration. Une des premières réactions des plantes au déficit hydrique est de réduire leur surface foliaire (Lebon *et al.*, 2004, Blum, 1996). Cette diminution est une des réponses des végétaux à la déshydratation, elle contribue à la conservation des ressources en eau, ce qui permet la survie de la plante (Lebon *et al.*, 2004). Aussi la réduction de la surface foliaire, conditionne la résistance à la sécheresse, en milieux variables, cette régression de la surface foliaire peut avoir des effets bénéfiques en réduisant la surface évaporante et celle soumise à la radiation solaire. Cette réduction est un moyen pour le contrôle des pertes d'eau. Cette stratégie permet à la plante des économies en eau qui seront utilisées pour la survie au cours du stress et de s'adapter aux environnements

peu favorables. Wolfe *et al.*, (1992), ont remarqué, aussi, que la réduction de la surface foliaire, suite à la réduction de l'élongation cellulaire, est l'une des conséquences du déficit hydrique. Granier *et al.*, (2000) ont rapporté que les feuilles des plantes soumises au déficit hydrique atteignent habituellement des tailles finales plus petites par rapport aux témoins. Cependant, Johnson *et al.*, (1983) suggèrent que les plantes à surface foliaire plus grande sont tolérantes à la déshydratation en maintenant un potentiel hydrique élevé. La durée de vie de la feuille étendard estimée par l'évolution de sa surface verte apparaît comme révélateur du niveau de fonctionnement de l'appareil photosynthétique en présence de déficit hydrique (Austin, 1987; Chartzoulakisa *et al.*, 2002, Monneveux, 1991). Selon Abbassenne (1997), une variété, avec une faible surface foliaire, est capable de faire un bon rendement grâce à une meilleure efficacité d'utilisation de l'énergie lumineuse par unité de surface foliaire.

L'autre type d'adaptation foliaire, développée par les plantes face à une contrainte hydrique, est l'enroulement de la feuille. Chez le blé l'enroulement foliaire observé chez certaines variétés résistantes peut être considéré comme un indicateur de perte de turgescence en même temps qu'un caractère d'évitement de la déshydratation (Amokrane *et al.*, 2002). O'tool *et al.*, (1980), ont montré que l'enroulement des feuilles entraîne une diminution de 40% à 60% de sa transpiration.

### 3.12. Etude racinaire

Les résultats relatifs à la profondeur maximale des racines des différents génotypes étudiés en conditions irriguées et de stress hydrique sont présentés à la figure 46.

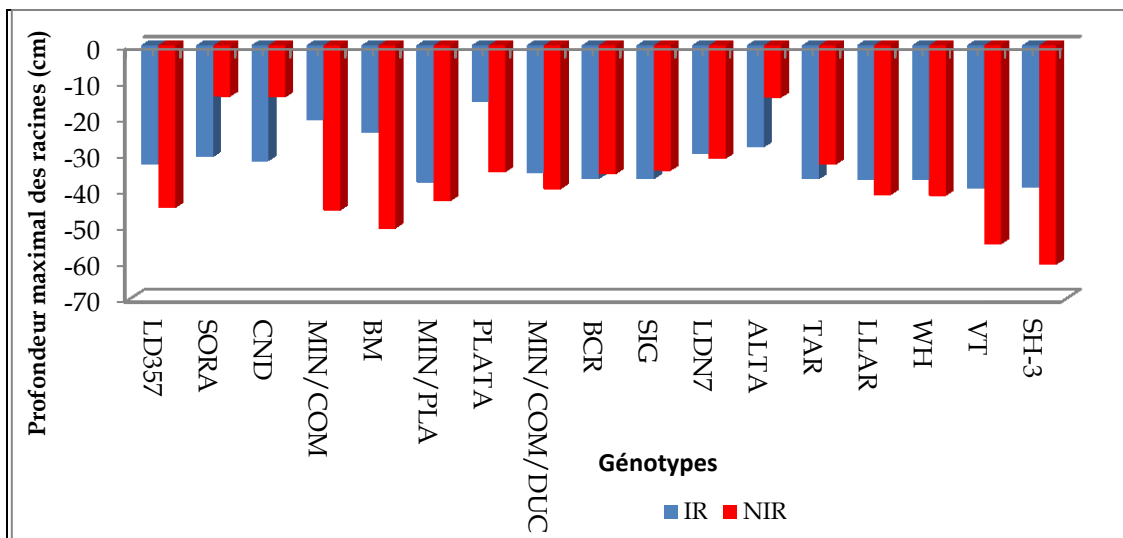


Figure 46: Profondeur maximale du système racinaire de 17 génotypes en conditions irriguées et de stress hydrique.

L'étude du système racinaire a montré que la profondeur d'enracinement a varié d'un génotype à un autre et d'un régime hydrique à un autre. En conditions irriguées, le système d'enracinement le plus long correspondant au génotype VT (39.66 cm) tandis que le plus court correspond à PLATA (15.66 cm). Les autres génotypes ont un système d'enracinement variant entre 20.53 cm pour MIN/COM à 39.33 cm pour SH-3.

En conditions de stress hydrique, la profondeur maximale des racines est plus importante chez la plus part des génotypes. Elle a variée de 60.7 cm pour la variété SH-3 à 14.16 cm pour le génotype SORA. L'analyse de la variance a mis en évidence des effets « génotypiques » et « d'interaction génotypes – régime hydrique » très hautement significatifs ( $p < 0.001$ ). Les effets significatifs du « régime hydrique » ont été, également, mis en évidence (Annexe 25). Quatre groupes homogènes ont été identifiés :

Le premier groupe a été composé de 05 génotypes : ALTA, SORA, CND, BCR et PLATA.

Le deuxième groupe composé des génotypes LDN7 et MIN/COM.

Le troisième groupe composé des génotypes TAR, BM, SIG, MIN/COM/DUC, LD3571, LLAR, WHVT et MIN/PLA.

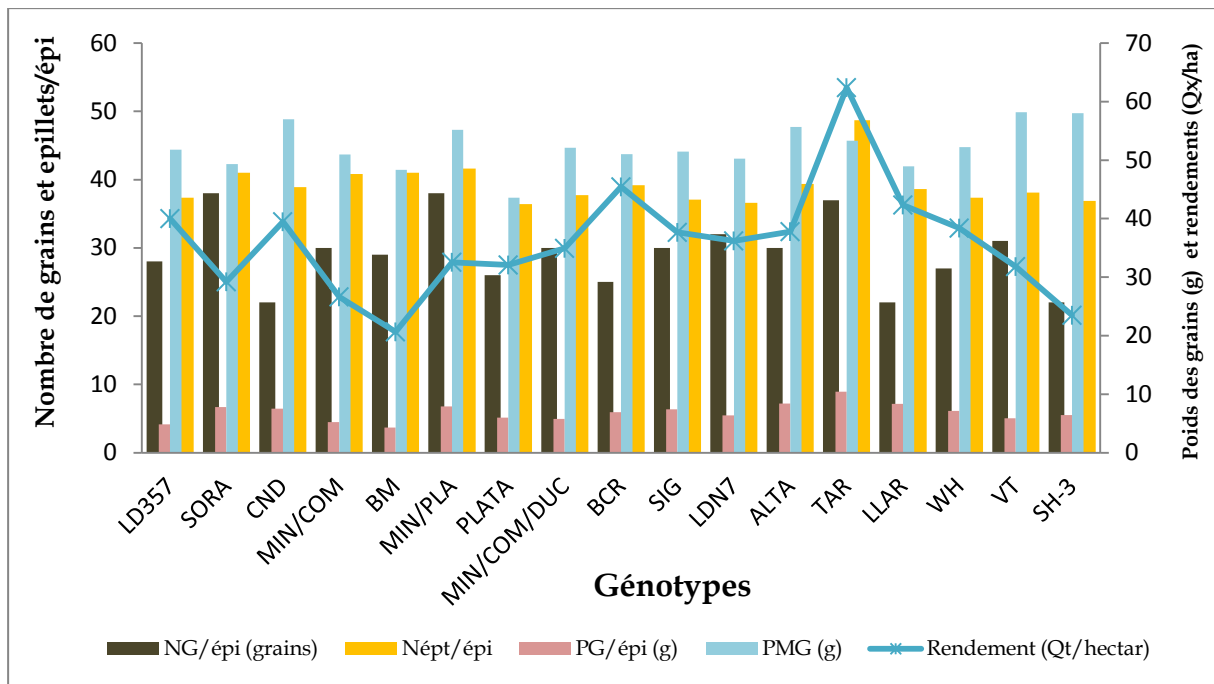
Le quatrième groupe est composé, uniquement, du génotype SH-3.

Les racines sont affectées d'avantage que les autres organes de la plante par un déficit hydrique (Cruiziat, 1974). Le développement du système racinaire joue un rôle important dans l'alimentation hydrique et minérale de la plante surtout en zones sèches où les quantités d'eau absorbées sont directement liées à la dynamique de croissance des racines qui peut être considérée comme un facteur important de variabilité inter et intra spécifique de la tolérance à la sécheresse (Hurd, 1974; Richards et Passiorat, 1981).

#### **4. Etude du rendement et ses composantes**

##### **4.1. En plein champs**

Les résultats relatifs au nombre de grains/épi, poids des grains/épi, poids de 1000 grains, nombre d'épillets par épi et le rendement des différents génotypes en conditions de champs, évalués à la maturité, durant la campagne agricole 2013/3104 sont présentés au niveau de la figure 47.



**Figure 47:** Nombre de grains par épi, nombre d'épillets par épi, poids de grains par épi (g), poids de 1000 grains (g), et le rendement (Qx/ha) de 17 génotypes en conditions du champ.

Le maximum de grains par épi a été enregistré chez les génotypes SORA et MIN/PLA (38 grains) suivie des génotypes TAR, LDN7, VT, ALTA, SIG, MIN/COM/DUC et MIN/COM avec, respectivement, 37, 32, 31, 30, 30, 30 et 30 grains par épi. Les autres génotypes ont produit un nombre de grains par épi variant de 25 grains pour le génotype BCR à 29 grains pour le génotype BM. Les plus faibles valeurs (22 grains) ont été enregistrées chez les génotypes LLAR et CND.

Pour ce qui est du poids des grains par épi, la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype TAR (10.41g) suivie des génotypes ALTA (8,41 g), LLAR (8,35 g), MIN/PLA (7,94 g), SORA (7,79 g), CND (7,56 g), SIG (7,44 g), WH (7 g), BCR (6,95 g), SH-3 (6,45 g), LDN7 (6,38 g), PLATA (5,98 g), VT (5,92 g), MIN/COM/DUC (5,76 g), MIN/COM (5,24 g) et LD357 (4,83 g). Le plus faible poids a été enregistré chez le génotype BM (4.3 g).

Quant au poids de 1000 grains, il a varié de 58.2 g pour le génotype VT à 43.58 g pour le génotype PLATA. Les génotypes BM, LLAR, SORA, LDN7, MIN/COM, BCR, SIG, LD357, MIN/COM/DUC, WH, TAR, MIN/PLA, ALTA, CND et SH-3 ont enregistré, respectivement, 48.35, 48.93, 49.3, 50.25, 50.95, 51, 51.46, 51.8, 52.1, 52.2, 53.3, 55.15, 55.66, 56.96 et 58 g par épi.

En ce qui concerne le nombre d'épillets par épi, la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype TAR (48.7 épillets par épi), tandis que la valeur minimale a été enregistrée



chez le génotype PLATA avec 36.4 épillets. Le reste des génotypes présentent des valeurs voisines.

La moyenne des rendements des 17 génotypes pour la campagne 2013/2014 a été de 35.93 Qt/hectare. La valeur maximale a été enregistrée chez TAR 62.38 Qt/h suivie des génotypes BCR, LLAR et LD357 avec, respectivement, 45.42, 42.33 et 40 Qt/h. viennent ensuite les génotypes CND, WH, ALTA, SIG, LDN7, MIN/COM/DUC, MIN/PLA, PLATA et VT avec, respectivement, des rendements de l'ordre de 39.46, 38.38, 37.77, 37.65, 36.2, 34.92, 32.54, 32.08 et 31.8 Qt/ha. Le plus faible rendement a été enregistré chez BM (20,65 Qt/h). Cinq groupes homogènes ont été identifiés :

**Groupe 1:** Composé des génotypes SORA, MIN/COM, BM et SH-3.

**Groupe 2:** Composé des génotypes: VT, MIN/PLA, PLATA, MIN/COM/DUC, LDN7, CND, SIG, ALTA et WH.

**Groupe 3:** Composé des génotypes LD357 et LLAR.

**Groupe 4:** Composé, uniquement, du génotype BCR.

**Groupe 5:** Composé, uniquement, du génotype TAR.

L'analyse de la variance des caractères étudiés a révélé l'existence de différences significatives entre les génotypes pour les poids des grains/épi, poids de 1000 grains, le nombre d'épillets/épi et les rendements. Toutefois, le nombre de grains par épi ne semble pas être affecté par le génotype (Annexe 26).

#### **4.2. En conditions semi-contrôlées**

Les résultats relatifs au nombre de grains/épi, poids de 1000 grains et le nombre d'épi/pot en conditions irriguées et de stress hydrique, évalué à la maturité, sont repris au niveau de la figure 48.

En conditions irriguées, le nombre moyen de grains/épi a été de 18.07 grains/épi contre 13.61 grains sous conditions de stress hydrique. Le nombre de grains/épi a été réduit fortement ( $p < 0.05$ ) en présence de la contrainte hydrique, soit une réduction évaluée à 24.68 %. En conditions irriguées; le NG/épi varie de 9.05 grains pour BM à 28.63 grains pour SORA. Tandis qu'en conditions sèches le NG/épi est plus faible, il a variée de 6.84 grains chez le génotype LLAR à 22 grains chez le génotype SH-3.

Pour le poids moyen de 1000 grains (PMG), en conditions irriguées, il a variée de 50.39 g pour VT à 131.74 g pour MIN/COM/DUC. En condition de stress hydrique; le PMG a variée de 37.61 g chez le génotype SH-3 à 82.46 g chez le génotype LDN7. On remarque que le PMG moyen en conditions irriguées a été de 80.34 g contre 61.10 g en conditions sèches.

Ainsi, l'analyse statistique a montré le PMG a été fortement affecté par la contrainte hydrique. Les réductions enregistrées ont été évaluées à 23.95%.

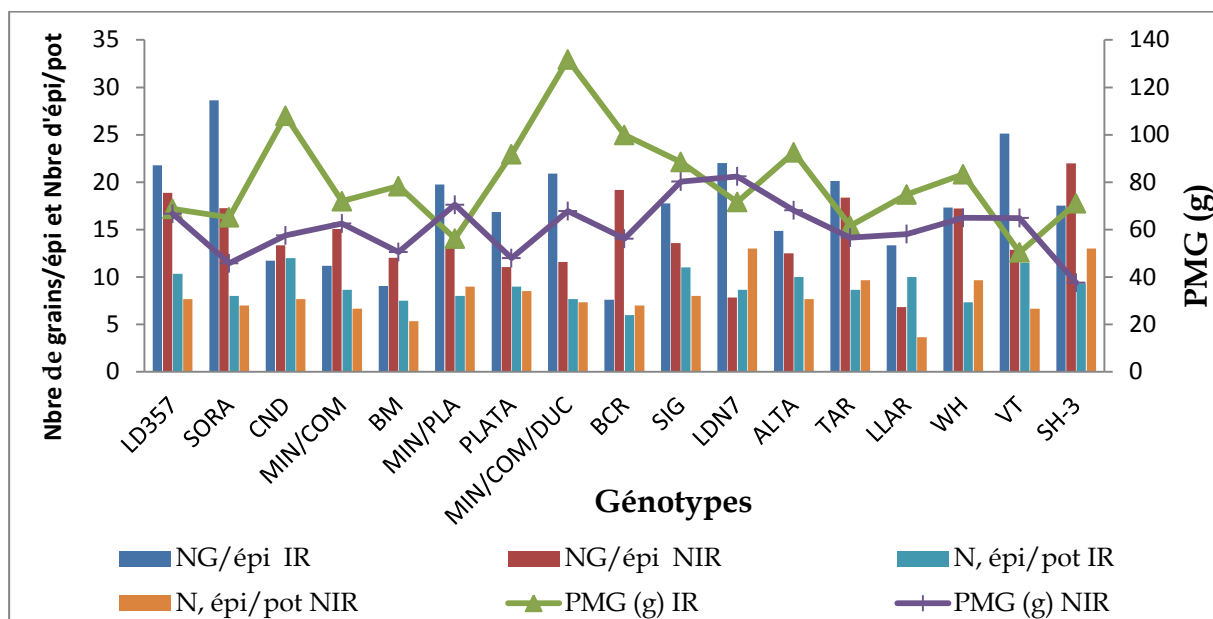


Figure 48: Nombre de grains /épi, poids de 1000 grains et le nombre d'épi par pot pour 17 génotypes en conditions irriguées et sèches.

Concernant le nombre d'épi par pot, en condition irriguées, il varie de 13 épis pour LDN7 et SH-3 à 6 épis pour le génotype BCR. En présence de la contrainte hydrique, ce nombre a été réduit à 3 épis pour LLAR à 9.33 épis chez SH-3. Le nombre d'épis moyen en conditions irriguées a été de 9.65 épis contre 7.48 épis en conditions de stress hydrique soit un taux de réduction de 22.59 %. L'analyse de la variance a révélée des effets génotypiques significatifs ( $p < 0.05$ ) pour le nombre de grains/épi, le PMG et le nombre d'épis, avec présence d'interactions pour le nombre de grains /épis (Annexe 27).

Selon Freeze et Bacon (1990), les composantes du rendement ont une action interdépendante et sont en mesure de se compenser les unes les autres afin de stabiliser le rendement en fonction du changement des conditions environnantes.

Le nombre de grain par épi est fortement sensible au manque d'eau (Elfalah *et al.*, 1991). D'après Bouzerzour et Oudine, (1989), sous conditions de stress (sécheresse et hautes températures), le nombre de grains par épi aura des difficultés à exprimer son potentiel. Le nombre de grains potentiels est déterminé au cours de la phase de floraison. Il est à noter aussi que la densité de semis affecte significativement ce paramètre.

Le nombre de grains par épis est selon, Fisher(1985 b), surtout sensible aux variations de nutrition pendant les semaines de croissance active de l'épi. Selon Jonard (1980), le nombre de grains par épi est influencé par des facteurs trophiques dont l'azote est l'un des principaux

éléments. Une carence en azote au moment de la fécondation réduit le nombre de grains par épi tout en augmentant le nombre de fleurs avortées (Gâte,1995). Slafer et Rawson (1994) indiquent qu'un faible poids des grains associé à un nombre élevé de grains/m<sup>2</sup> n'est pas seulement dû à une faible quantité d'assimilats par grain, mais, c'est le résultat d'un nombre élevé de grains/épi avec un faible potentiel du poids du grain. Couvreur (1984), Nachit (1986) et Hamada (2002) ont montré que le nombre de grains par épi joue un rôle très important dans la variabilité de rendement (75%) et dépend de la fertilité des épillets.

Le poids de mille grains est un paramètre très important. Il est utilisé dans la sélection des variétés pour caractériser la grosseur et la densité des grains. Selon Benbelkacem et Kellou, (2000), le poids de mille grains est, généralement, peu maîtrisable, car il est fortement lié aux effets de l'environnement et de la nutrition azotée au moment de la formation et du remplissage des grains. Le manque d'eau en fin de cycle (cas fréquent dans nos conditions expérimentales) combiné aux températures élevées entraînent une diminution du poids de mille grains par altération de la vitesse et / ou de la durée de remplissage (Triboi, 1990, Triboi *et al.*, 1995).

Le nombre de grain/épi et le PMG sont les composantes principales du rendement. Elles sont influencés par les caractéristiques variétales (Belaid,1986). Plusieurs auteurs ont montré qu'au cours de la montaison, le manque d'eau affecte le rendement suite à la diminution du taux de fertilité, ce qui réduit le nombre de talles fertiles et le nombre de grains par épi (Eck, 1986; Boulassel, 1998; Nasr, 1994). Mohamed Ali (1990) note que le stress hydrique pénalise la fertilité de l'épi et réduit, par conséquent, le nombre de grains par épi. Fisher (1973) note, aussi, que la contrainte hydrique peut également conduire à une réduction des rendements sans effets apparents sur la morphologie de l'épi par l'induction d'une stérilité male. Le déficit hydrique du printemps a un effet qui se manifeste surtout sur le nombre de grains par épi (Ben Abdallah et Ben Salem 1993, Larbi, A *et al.*, 2000). Ainsi que, Le rendement augmente avec l'augmentation du nombre de grains (Rang *et al.*, 1998).

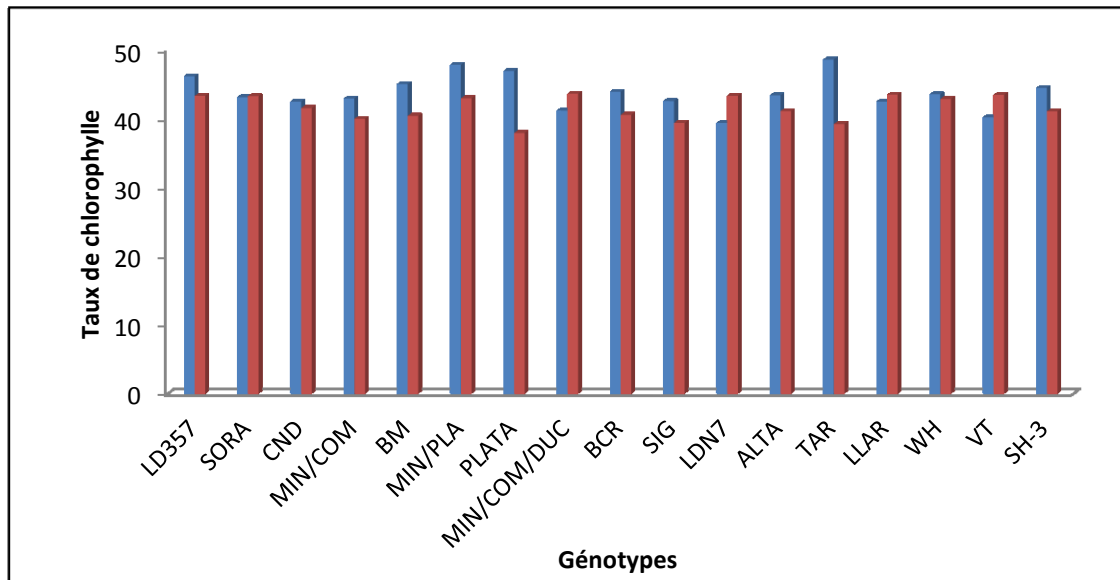
Le nombre d'épis par plant est surtout lié au nombre de talles par plante (Shanahan *et al.*,1985). Erroux (1974) indique que la pénurie d'eau et d'éléments nutritifs entraînent un avortement des épillets de la base et du sommet de l'épi. Selon Fonesca et Patterson (1968), la stérilité des épillets terminaux dépend du peuplement pieds et du coefficient de tallage, elle est, aussi, fortement influencée par la densité du semis, le pourcentage de la levée et les caractéristiques variétales. Selon Gate *et al.*, (1992), le nombre d'épis peut subir une forte diminution si le déficit hydrique intervient durant la phase épiaison.

## 5. Etude physiologique

### 5.1. Taux de chlorophylle (Unité de SPAD)

#### 5.1.1. En plein champs

Les résultats relatifs au taux de chlorophylle des plants en plein champs, évalués durant les campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015, sont repris dans la figure 49.

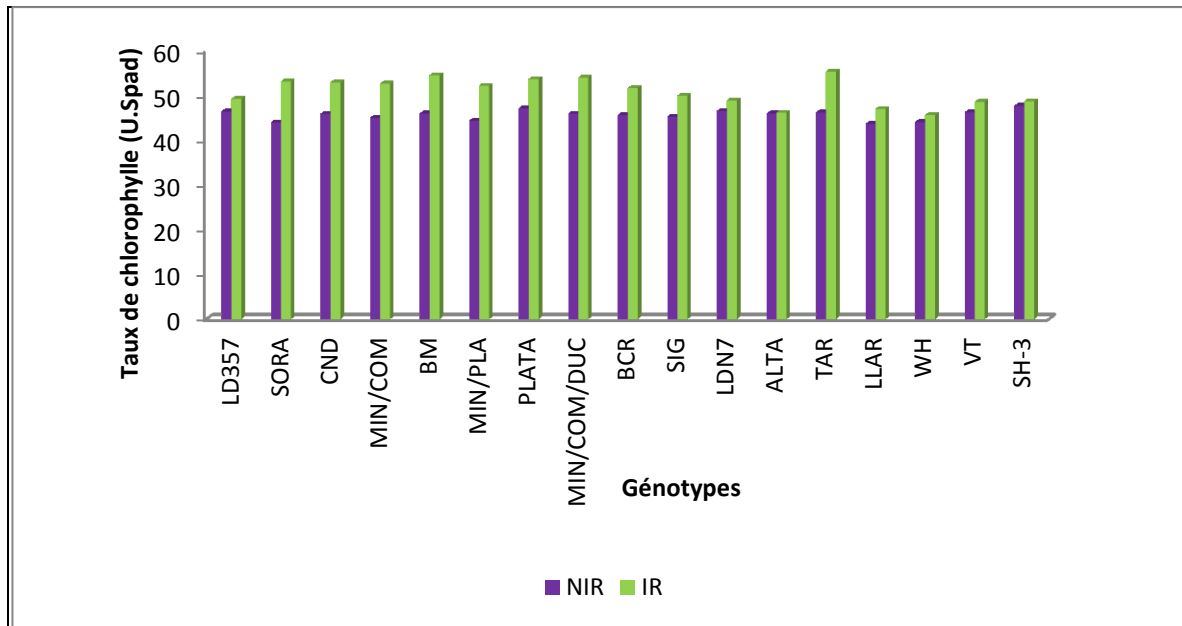


**Figure 49:** Taux de la chlorophylle chez les 17 génotypes en plein champs durant les campagnes agricoles 2013/2014 et 2014/2015.

Le taux de la chlorophylle moyen des différents génotypes pendant la première campagne est de 43.78 U.Spad. La valeur maximale est enregistrée chez MIN/PLA (47.85 U.Spad). Les autres génotypes ont présenté des valeurs variant de 46.93 pour PLATA à 40.2U.Spad pour VT. Le génotype LDN7 a enregistré la plus faible valeur (39.38 U.Spad). Pour la deuxième année expérimentale, le taux de chlorophylle moyen des génotypes a été de l'ordre de 41.62 U.Spad. La plus haute valeur a été enregistrée chez LLAR (43.49 U.Spad) tandis que la plus faible valeur a été enregistrée chez PLATA (37.92U.Spad). Les autres génotypes ont présenté des taux variant de 43.47 U.Spad pour VT à 39.21 U.Spad pour TAR. L'analyse de la variance a révélée l'absence de différences ( $p > 0.05$ ) génotypiques, tandis que les effets année ainsi que l'interaction année-génotypes ont été significatives ( $p < 0.05$ ) (Annexe 28). Ceci implique que les génotypes se comportent différemment lorsque les conditions du milieu changent.

5.1.2. En conditions semi-contrôlées

Les résultats relatifs au taux de chlorophylle des différents génotypes en conditions irriguées et de stress hydrique sont présentés au niveau de la figure 50.



**Figure 50:** Taux moyen de chlorophylle chez les 17 génotypes en conditions irriguées (IR) et de stress hydrique (NIR).

La Figure 50 montre que le taux moyen de chlorophylle des différents génotypes en conditions irriguées est de 50.77 U.Spad. En conditions de stress hydrique, ce taux a été réduit significativement ( $p < 0.05$ ) à 45.58 U.Spad, soit un taux de réduction de l'ordre de 10.22%. En conditions irriguées, la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype TAR (55.27 U.Spad). Les autres génotypes ont enregistrées des valeurs variant de 54.47 U.Spad pour BM à 46.1 U.Spad pour ALTA. Le génotype WH a enregistré la plus faible valeur (45.57 U.Spad). En conditions de stress hydrique, la valeur maximale a été enregistrée chez le génotype SH-3 (47.62 U.Spad). Les autres génotypes ont enregistrées des valeurs variant de 47.08 U.Spad pour PLATA à 43.97 U.Spad pour WH. Le génotype LLAR a enregistré la plus faible valeur (43.6 U.Spad).

L'analyse de la variance a montrée que les effets génotypiques et d'interaction « génotypes \* régimes hydriques » sont absent ( $p > 0.05$ ) (Annexe 29).

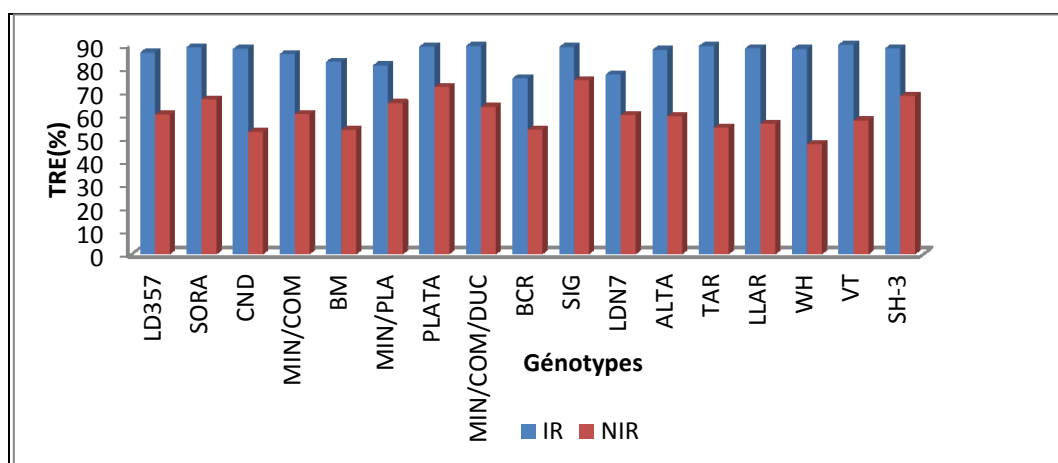
Ces résultats confirment les observations de Mokhtar *et al.*, 2009; Chaum et Kirdmanee, 2008 et Rong-hual *et al.*, 2006, qui ont montré que le manque d'eau induit une chute de la teneur en chlorophylle dans les feuilles. La chute des teneurs en chlorophylle est la conséquence de la réduction de l'ouverture des stomates visant à limiter les pertes en eau par évapotranspiration et par augmentation de la résistance à l'entrée du CO<sub>2</sub> atmosphérique

nécessaire à la photosynthèse (Bousba *et al.*, 2009). Par contre l'augmentation des teneurs en chlorophylle est la conséquence de la réduction de la taille des cellules foliaires sous l'effet d'un stress hydrique qui engendre une plus grande concentration (Siakhène, 1984). La teneur des feuilles en chlorophylle est un facteur important dans la détermination du taux de la photosynthèse et de la production de la matière sèche (Ghosh *et al.*, 2004), elle peut être influencée par beaucoup de facteurs tels que l'âge des feuilles, la position des feuilles, et les facteurs environnementaux tels que la lumière, la température et la disponibilité en eau (Hikosaka *et al.*, 2006).

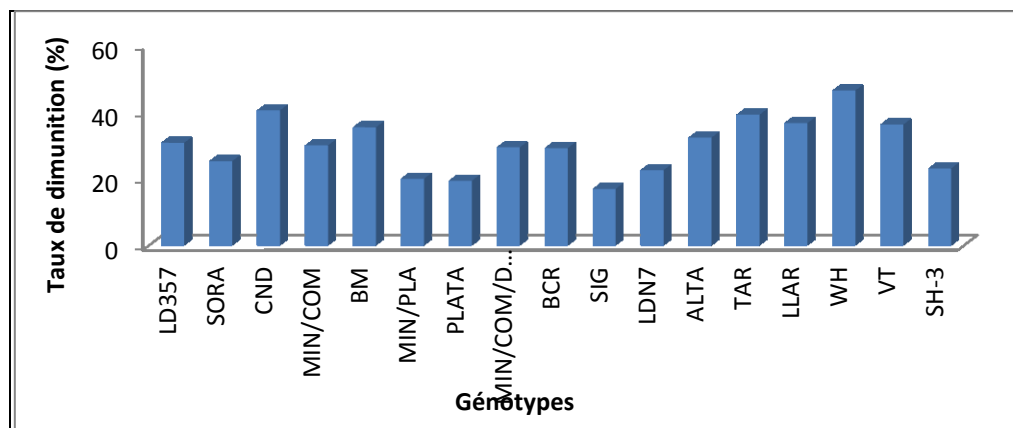
## 5.2. Teneur relative en eau

### 5.2.1. En conditions semi-contrôlées

Les résultats concernant la teneur relative en eau des feuilles (TRE%) des différents génotypes étudiés en conditions irriguées et de stress hydrique durant la campagne agricole 2014/2015 sont présentés au niveau de la figure 51.



**Figure 51:** Teneur relative en eau des feuilles (TRE %) chez 17 génotypes en conditions irriguées et de stress hydrique. Campagne agricole 2014/2015.



**Figure 52:** Taux de diminution de la TRE% en conditions de stress hydrique.

La figure 51 reprend la teneur relative en eau des feuilles (TRE %) des 17 géotypes en conditions irriguées et sèches. La TRE (%) a été trouvée significativement plus importante en conditions irriguées ( $p < 0.05$ ). En conditions de stress hydrique, la teneur relative en eau varie de 52.4 % chez le géotype CND à 71.8 % chez le géotype PLATA. Tandis qu'en conditions irriguées, la TRE (%) varie de 75.5% chez le géotype BCR à 89.9% chez le géotype VT. On a remarqué que la TRE (%) moyenne en conditions irriguées a été de 86.1% tandis qu'en conditions de stress hydrique il n'a été que de 60.1%. Ce paramètre a diminué d'une manière très hautement significative sous stress hydrique ( $p < 0.001$ ) soit un taux de réduction de l'ordre de 30.20%.

L'analyse de la variance a montré l'absence de différences entre les géotypes ainsi que leurs interactions avec les traitements hydriques ( $p > 0.05$ ) (Annexe 30).

La figure 52 montre le taux de régression de la TRE(%) des différents géotypes sous stress hydrique. La valeur maximale a été enregistrée chez WH (46.40%) tandis que la plus faible valeur a été enregistrée chez SIG (16.95%).

La teneur relative en eau est un paramètre qui décrit la capacité de la plante à se maintenir hydratée en conditions déficitaires (Pirzad. A et 2011). Etant donné que, la TRE (%) est plus facile et moins coûteuse à mesurer, elle représente un critère plus approprié pour la mesure du stress hydrique comparativement au potentiel hydrique foliaire (Merah, 2001). Clark et Mac-Caig, 1982, ont attiré l'attention sur l'utilisation de la TRE(%) comme indicateur de l'état hydrique de la plante sous stress. La TRE (%) des feuilles de blé dur diminue proportionnellement avec la réduction d'eau contenue dans le sol (Bajji *et al.*, 2001, Halder et Burrage, 2003). Scofield *et al.*, (1988) a noté, aussi, que la diminution de la TRE (%) est plus prononcée chez les variétés sensibles que chez les variétés résistantes. Selon Slafer et Andrade, 1990, la diminution de la TRE (%) est due à la fermeture des stomates à cause de l'élévation de la température. Rasio *et al.*, (1987), Ait Kaki et Brinis, (1997), travaillant sur le blé, ont montré que les effets du stress hydrique sur la turgescence relative ne sont apparents que si la restriction est sévère. Pirzad. A., (2011) et Semiani M., (1994) ont montré que le maintien de valeurs assez élevées de la TRE(%), en condition de stress hydrique peut résulter de deux mécanismes d'adaptation: maintien d'une élasticité élevée des tissus, ou une diminution de la pression osmotique. D'autre part, Matin *et al.*, (1989) ont montré que les géotypes qui maintiennent une TRE(%) élevée en présence d'une contrainte hydrique sont des géotypes tolérants. Nemmar, (1983) et Brinis, (1995) sont parvenus à la même conclusion.

Egalement, certains résultats ont montré qu'il y a une variation génétique significative des TRE (%) chez les blés avec une haute héritabilité. Aussi, la TRE(%) est considérée comme un outil de criblage vis-à-vis de la sécheresse (Schonfeld *et al.*, 1988). Ce résultat a été également annoncé par Teulat *et al.*, (1997) qui ont signalé que la TRE(%) peut être utilisée comme une technique de criblage dans des programmes de sélection pour la tolérance à la sécheresse.

### 5.3. Dosage de la proline

La figure 53 reprend les résultats relatifs à la teneur en proline dans les feuilles des différents plants issus du germoplasme étudié en conditions irriguées et de stress hydrique.

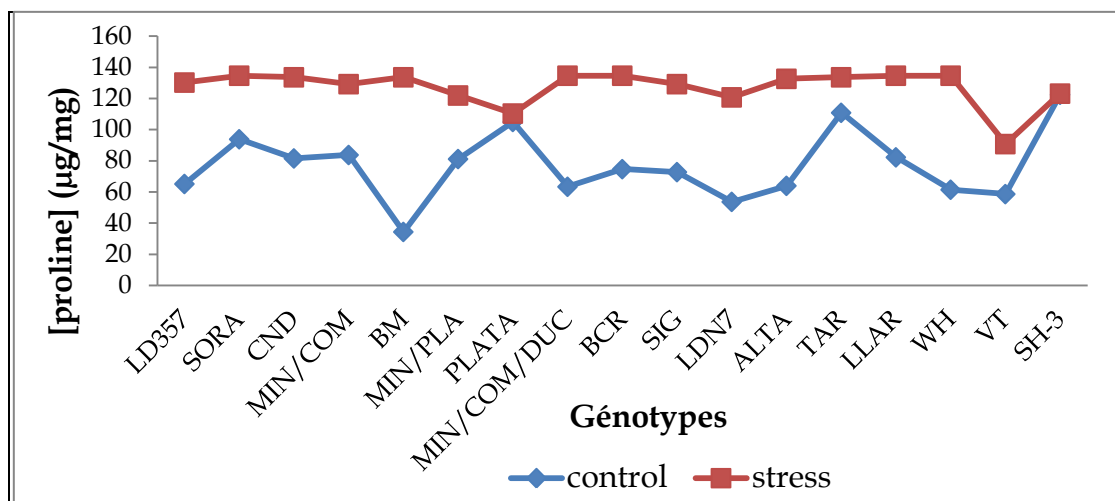


Figure 53: Concentration de la proline chez les 17 génotypes de blé durs en conditions irriguées et de stress hydrique.

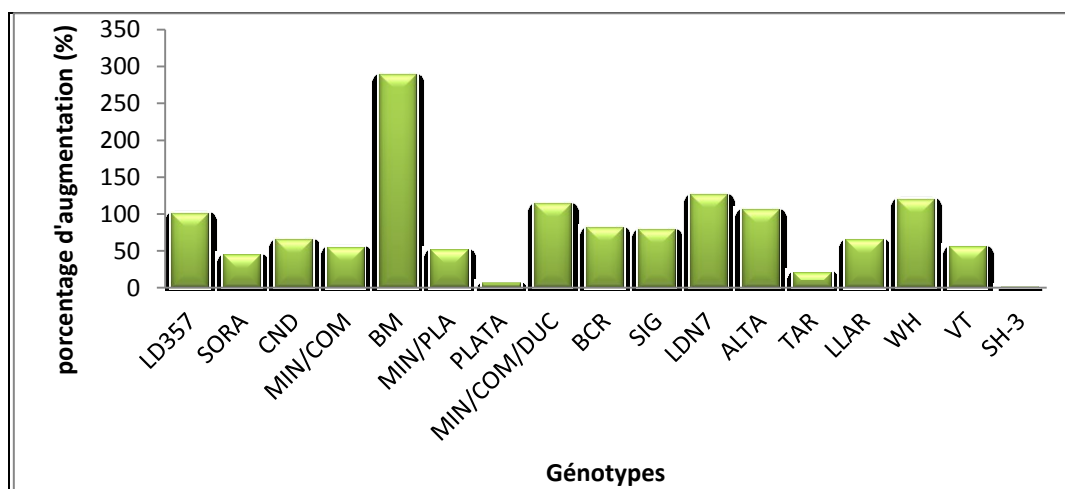


Figure 54: Pourcentage d'augmentations de la proline sous stress hydrique chez 17 génotypes de blés durs.



La figure 53 montre une accumulation de la proline sous stress hydrique, alors qu'en conditions irriguées, la concentration est faible. Le taux d'accumulation de la proline varie d'un génotype à un autre (figure 54). Le classement des génotypes selon leur aptitude à accumuler la proline en conditions non irriguées a mis en évidence 04 groupes:

**Groupe 1:** composé, uniquement, du génotype BM. Le taux d'accumulation de la proline enregistré chez ce génotype a été de 288%.

**Groupe 2:** composé des génotypes LD357, MIN/COM/DUC, LDN7, ALTA. et WH.

**Groupe 3:** considéré comme un groupe intermédiaire, composé des génotypes avec un taux d'accumulation de la proline moyen : CND, MIN/COM, MIN/PLA, BCR, SIG, LLAR, VT, SORA et TAR.

**Groupe 4:** composé des génotypes ayant un taux d'accumulation très faible : PLATA (5%) et SH-3 (0.57%).

Les effets génotypes, régime hydrique ainsi que les interactions génotypes-traitements hydriques ont été trouvés très hautement significative ( $p < 0.001$ ). L'accumulation de la proline, considéré comme étant un excellent marqueur de résistance au stress hydrique, a augmenté significativement sous stress hydrique ( $p < 0.05$ ). Les augmentations moyennes ont été évaluées à 39.46% (Annexe 31).

L'accumulation de la proline a été démontrée chez plusieurs espèces et dans plusieurs situations de stress (hydrique, thermique) comme étant un osmolyte intervenant dans les mécanismes de protection durant les stress abiotiques (Al-Rumaih and Al-Rumaih, 2008). L'une des causes principales de cette accumulation est l'augmentation des sucres solubles (Hexoses), (Takemurat. *et al.*, 2000; Ghasempour, H. *et al.*, 2007; Hare *et al.*, 1998). Plus le niveau de stress appliqué augmente plus les teneurs en proline deviennent plus marquées. Ce résultat est confirmé par la plus part des chercheurs, citant les travaux de Monneveux et Nemmar (1986), Bellinger *et al.*, (1991), Gorham (1993) et Savouré *et al.*, 1995. Il est aussi confirmé chez différentes espèces de blé dur (Nouri, 2002) ainsi que chez la luzerne (Hireche, 2006). Plusieurs études ont démontré, aussi, que l'accumulation de la proline, sous conditions défavorables (Sivaramakrishnan *et al.*, 1988) reflète le caractère de résistance au stress hydrique (Greenway and Munns, 1988). Selon Quian *et al.*, (2001). L'accumulation de la proline sous stress hydrique contribue au développement de la résistance par le maintien des cellules en turgescence. En effet, pour maintenir des pressions osmotiques élevées suite aux chutes du potentiel hydrique causée par le stress hydrique (El Mourid, 1988; Bousba, 2006b; SzabadosL. and Savouré A., 2010), les plantes accumulent un certain nombre d'osmoticums tels que la proline, les carbohydrates et la betaine (Wang *et al.*, 2003; Sankar *et*

*al.*, 2007 et Safarnejad, 2008) qui, en association avec d'autres facteurs tels que la réduction de la transpiration par la fermeture des stomates et la réduction de la surface foliaire (Karrou *et al.*, 2001; Chaums. et Kirdmanee C., 2008), permettent de garder la turgescence et le volume cytosolique aussi élevé que possible (Monneveux and Nemmar, 1986; Bouzoubaa *et al.*, 2001; Wang *et al.*, 2003).

## 6. Interactions de l'ensemble des variables étudiées

### 6.1. En plein champs

#### 6.1.1. Première année d'étude (2013/2014)

Une analyse en composantes principales a été effectuée sur une matrice de données des 20 variables mesurées sur les 17 génotypes étudiées. Les calculs réalisés donnent à chaque fois, les caractéristiques des 16 axes principaux, sur lesquels notre information est dispersée. Seuls les premiers axes principaux (1, 2, 3 et 4), ayant une contribution moyenne des différentes variables, c'est-à-dire à la moyenne arithmétique de toutes les valeurs propres, ont été retenus. Les axes retenus serviront, par la suite, à l'étude de la distribution des génotypes et des variables dans des plans à deux dimensions. L'information fournie par les axes 1, 2, 3 et 4 est de 19.21%, 17.28%, 15.23% et 12.21% respectivement (soit 63.82% de la variation total) (Tableau 12).

**Tableau 12:** Les valeurs propres, les pourcentages de variation expliquée par chaque axe

	Valeur propre	% total de variance	cumul valeur propre	Cumul %
1	3.84	19.21	3.84	19.21
2	3.45	17.28	7.29	36.49
3	3.025	15.13	10.32	51.61
4	2.44	12.21	12.76	63.82

#### a. Matrice de corrélation des variables

L'analyse des corrélations entre les paramètres mesurés montre qu'il y a des liaisons positives et négatives entre ces paramètres variant d'une faible à une forte corrélation (Tableau 13). Ainsi il apparaît que:

- La durée d'épaison (DE) est fortement et négativement corrélée à la variable nombre total des talles (NTT) avec  $r = 0.71$  et moyennement et négativement corrélée aux variables longueur foliaire (LNF) avec  $r = 0.51$  et largeur foliaire (LRF) avec  $r = 0.53$ .

- La longueur du pédoncule (LP) est positivement corrélée aux variables longueur des barbes (LB) ( $r = 0.48$ ) et le poids de 1000 grains (PMG) ( $r = 0.55$ ) et négativement corrélé à la variable largeur de l'épi (LRE) ( $r = 0.57$ ).
- La longueur de l'épi (LE) est fortement et positivement corrélée aux variables longueur des barbes (LB) ( $r = 0.76$ ) et poids de 1000 grains (PMG) ( $r = 0.62$ ).
- La largeur de l'épi (LRE) est moyennement et positivement corrélée à la variable poids de grains par épi (PG\_EPI) ( $r = 0.54$ ).
- La longueur des barbes (LB) est moyennement et positivement corrélée au poids de 1000 grains (PMG) avec  $r=0.51$ , et négativement corrélée à la variable talles sans épis (TSE) avec  $r=0.60$ .
- Le nombre total de talles (NTT) est moyennement et positivement corrélé à la longueur foliaire (LNF) avec un  $r=0.50$ .
- Le nombre de grains par épi (NG\_EPI) est moyennement est positivement corrélé au nombre d'épillets par épi (NEPT\_EPI) avec un  $r=0.57$ .
- Le poids de grains par épi (PG\_EPI) est fortement et positivement corrélé au rendement (RDT) avec  $r=0.70$ , et moyennement et positivement corrélé à la variable nombre d'épillets par épis (NEPT\_EPI) avec  $r=0.55$ .
- Le nombre d'épillets par épis (NEPT\_EPI) est positivement et moyennement corrélé à la variable chlorophylle (CH) avec  $r=0.53$ .

**Résultats et Discussion**

**Tableau 13:** Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.

	DE	E1CM	HP	LP	LE	LRE	LB	NTT	V	TE	TSE	SF	LNF	LRF	NG_ÉPI	PG_ÉPI	PMG	NÉPT_ÉPI	RDT	CH	
DE	1,00																				
E1CM	-0,07	1,00																			
HP	0,06	0,01	1,00																		
LP	-0,18	0,45	-0,10	1,00																	
LE	0,04	0,10	-0,08	0,43	1,00																
LRE	0,03	-0,36	0,35	<b>-0,57</b>	-0,20	1,00															
LB	0,22	0,32	-0,16	<b>0,48</b>	<b>0,76</b>	-0,21	1,00														
NTT	<b>-0,71</b>	-0,31	0,04	0,02	-0,06	0,14	-0,30	1,00													
V	-0,02	0,44	-0,02	-0,01	0,10	-0,23	0,05	-0,15	1,00												
TE	-0,15	-0,42	-0,23	-0,23	0,36	-0,02	0,19	0,36	0,08	1,00											
TSE	0,16	-0,35	0,29	-0,27	-0,45	0,20	<b>-0,60</b>	0,16	-0,26	-0,33	1,00										
SF	-0,19	0,43	-0,26	-0,10	-0,30	-0,03	0,06	-0,30	0,05	-0,27	-0,33	1,00									
LNF	<b>-0,51</b>	0,01	-0,20	0,10	0,11	0,18	0,17	<b>0,50</b>	-0,04	-0,03	0,01	0,06	1,00								
LRF	<b>-0,53</b>	0,13	0,14	-0,03	-0,45	0,07	-0,29	0,15	-0,06	-0,24	0,02	0,37	0,41	1,00							
NG_ÉPI	-0,24	-0,19	0,10	-0,25	0,32	0,16	-0,02	0,21	0,23	0,39	-0,24	-0,15	0,08	0,13	1,00						
PG_ÉPI	0,17	0,18	0,34	-0,05	0,40	<b>0,54</b>	0,36	-0,16	0,25	0,07	-0,44	-0,07	-0,08	-0,25	0,27	1,00					
PMG	0,00	-0,01	-0,15	<b>0,55</b>	<b>0,62</b>	-0,19	<b>0,51</b>	0,14	0,21	0,38	-0,20	-0,33	0,05	-0,44	-0,01	0,23	1,00				
NÉPT_ÉPI	0,06	-0,29	0,47	-0,24	0,35	0,40	0,00	0,01	0,24	0,14	-0,05	-0,31	0,00	-0,11	<b>0,57</b>	<b>0,55</b>	0,09	1,00			
RDT	0,25	0,35	0,03	0,02	0,29	0,25	0,22	-0,42	0,39	-0,15	-0,41	0,08	-0,23	-0,33	0,11	<b>0,70</b>	0,06	0,47	1,00		
CH	-0,29	-0,16	0,30	-0,28	0,02	0,40	-0,04	-0,14	0,10	-0,02	-0,15	0,30	0,11	0,36	0,22	0,25	-0,16	<b>0,53</b>	0,25	1,00	

**b. Etude des variables**

D'après la figure 55, l'axe 1, expliquant 19.21% de l'information, est formé, principalement, par la longueur foliaire (LNF) et les talles sans épis (TSE) du coté positif, la longueur des barbes (LB), longueur de l'épi (LE), poids de milles grains (PMG), poids des grains par épis (PG/épis) et le rendement du coté négatif.

Les variables hauteur des plantes (HP), largeur des épis (LRE), nombre de grains/épis (NG/EPI), nombre d'épillets par épis (Nept/épi) et le taux de la chlorophylle (Ch) déterminent l'axe 2 du coté négatif, et la variable longueur du pédoncule (LP) du coté positif avec un taux d'information de 17.28%.

L'axe 3 avec un taux d'information de 15,23%, est formé de l'épi 1cm (E1cm), la vitesse de croissance (V), la surface foliaire (SF), la largeur foliaire (LRF) du coté positif et de la variable talles avec épi (TE) du coté négatif (Figure 56).

Quant à l'axe 4, il détermine la date d'épiaison (DE) du coté négatif et du nombre de talles total (NTT) du coté positif avec un taux d'information de 12.21% (Figure 57).

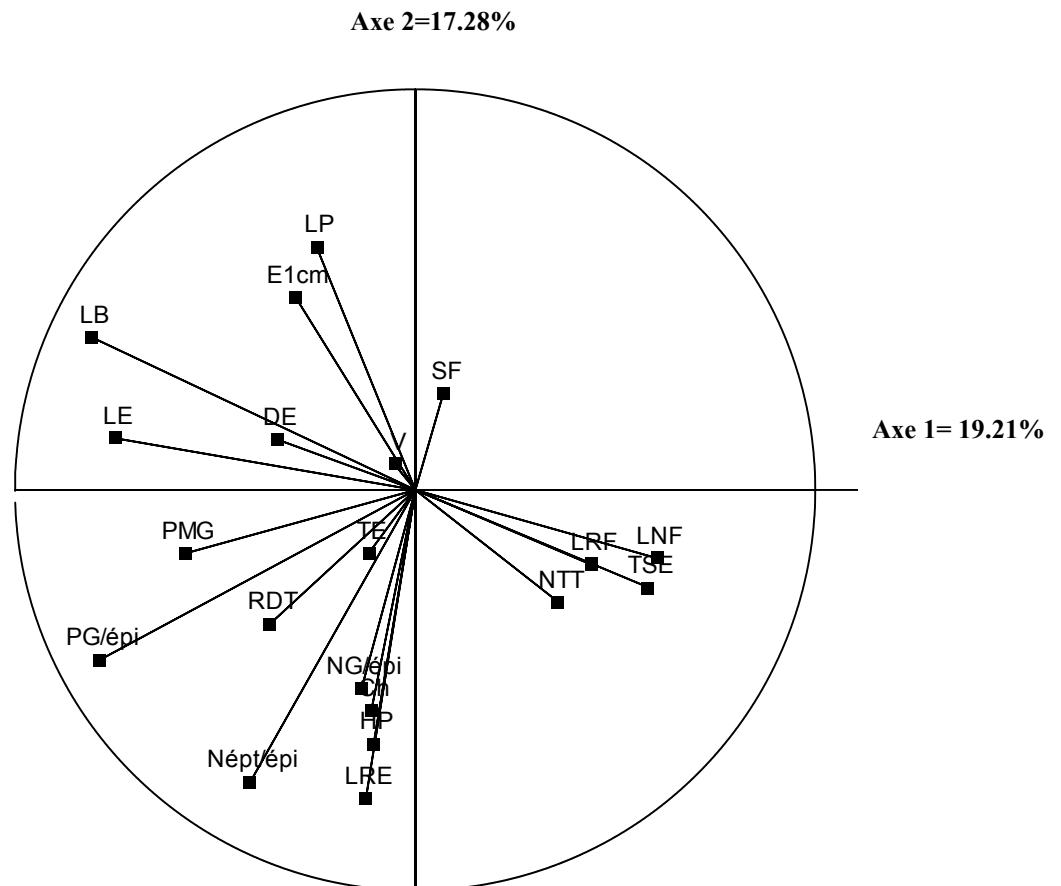


Figure 55: Cercle des corrélations plan 1/2

Axe 3= 17.28%

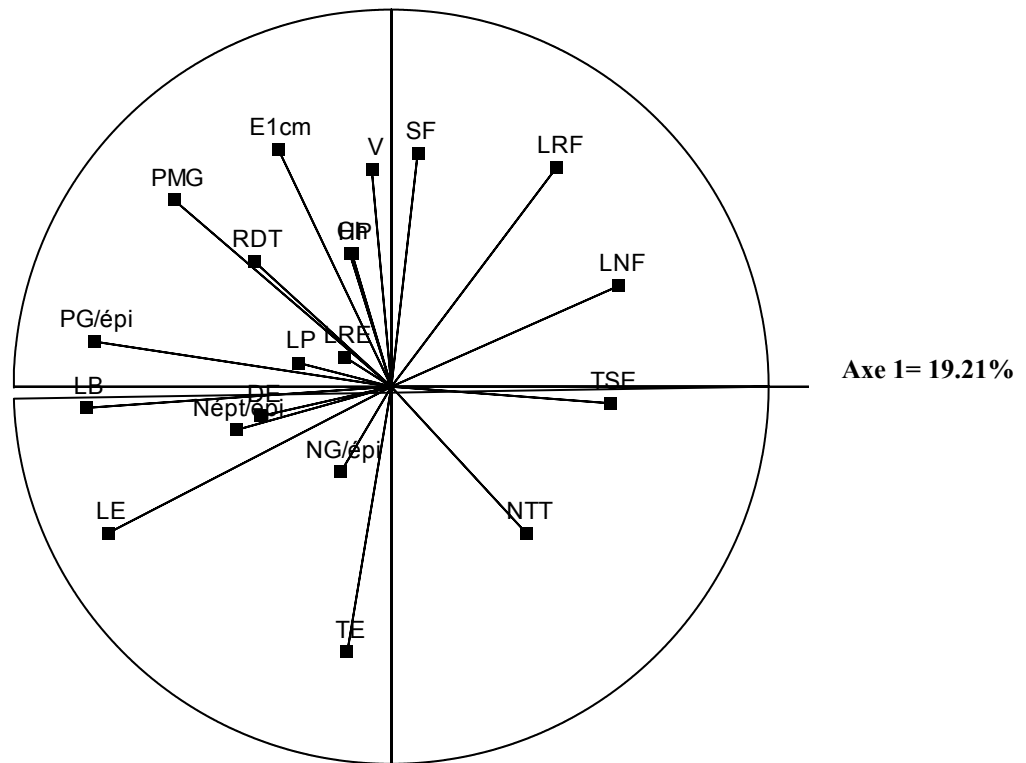


Figure 56: Cercle des corrélations plan 1/3

Axe 4 : 12.21%

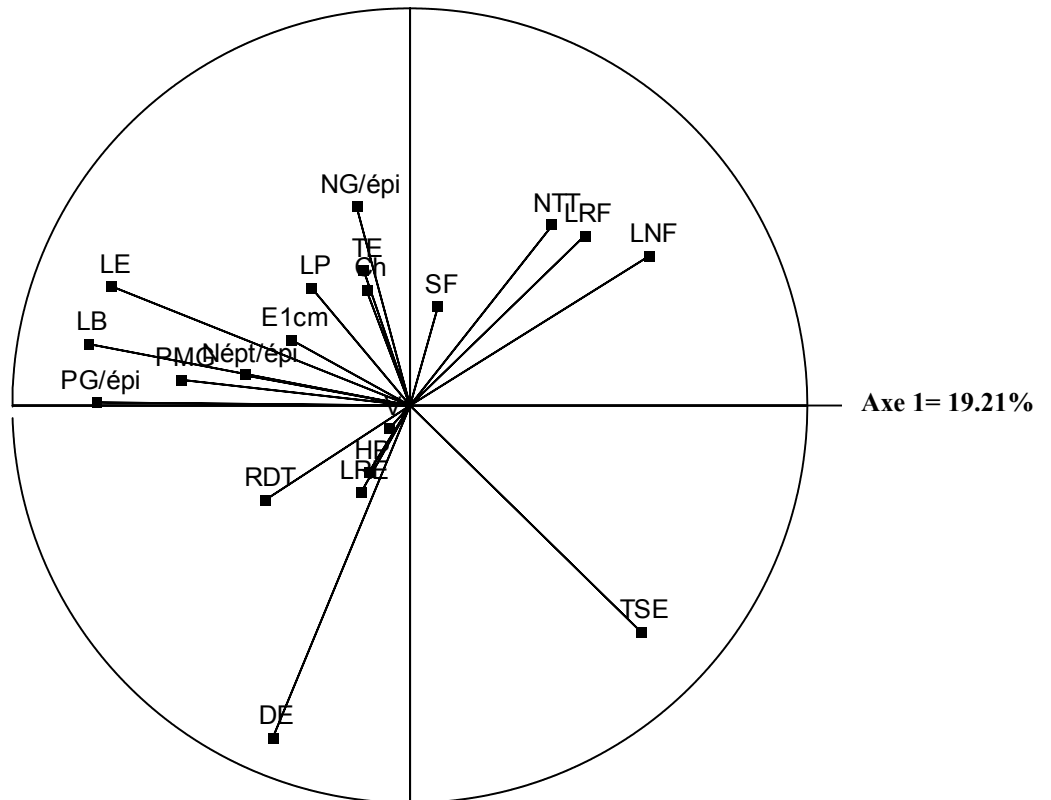


Figure 57: Cercle de corrélation plan 1/4.

**c. Etude des individus**

La représentation graphique des génotypes dans le plan 1-2 (Figure 58) permet de distinguer que: Les génotypes 2 (SORA), 12 (ALTA) et 14 (LLAR) se situent du côté négatif de l'axe 1 et se distinguent par une longueur des barbes (LB), longueur de l'épi (LE), poids de milles grains (PMG), poids des grains par épis (PG/épis) et un rendement importants. A l'opposé, soit du côté positif de l'axe 1, se trouvent les génotypes 4 (MIN/COM), 5 (BM), 10 (SIG) et 11 (LDN7) qui sont moins performants pour les variables précédentes. Ils sont caractérisés par une longueur foliaire (LNF) et un nombre de talles sans épis (TSE) plus important.

Du côté négatif de **l'axe 2**, le génotype 13 (TAR) se caractérise par une hauteur des plantes (HP), une largeur des épis (LRE), un nombre de grains/épis (NG/EPI), un nombre d'épillets par épis (Nept/épi) et un taux de la chlorophylle (Ch) très élevés.

Du côté positif de ce même axe, les génotypes 1 (LD357), 3 (CND), 15 (WH), 16 (VT) et 17 (SH-3) se caractérisent par une longueur du pédoncule (LP) très élevée mais aussi par une hauteur des plantes (HP), une largeur des épis (LRE), un nombre de grains/épis (NG/EPI), un nombre d'épillets par épis (Nept/épi) et un taux de la chlorophylle (Ch) moins élevés.

Du côté positif de **l'axe 3**, le génotype 7 (PLATA) est caractérisé par une longueur de l'épi 1cm (E1cm), une vitesse de croissance (V), une surface foliaire (SF) et une largeur foliaire (LRF) très élevés. Du côté négatif du même axe, le génotype 8 (MIN/COM/DUC) est moins performant pour les variables précédentes (Figure 59).

Pour ce qui est de **l'axe 4**, du côté positif, le génotype 6 (MIN/PLA) se caractérise par un nombre total des talles (NTT) très élevé et une date d'épiaison (DE) plus courte, à l'opposé de cet axe soit du côté négatif, le génotype 9 (BCR) se caractérise par une date d'épiaison plus longue est nombre total des talles (NTT) moins élevé (Figure 60).

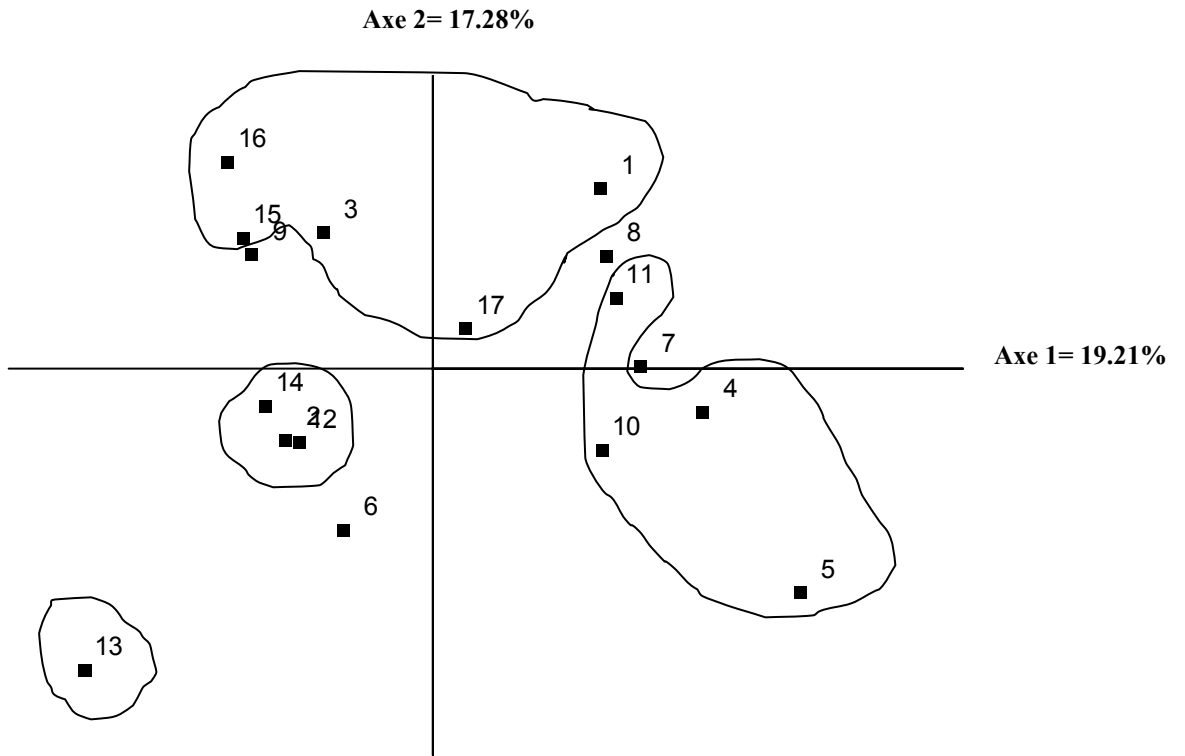


Figure 58: Répartition des génotypes étudiés sur le plan 1/2

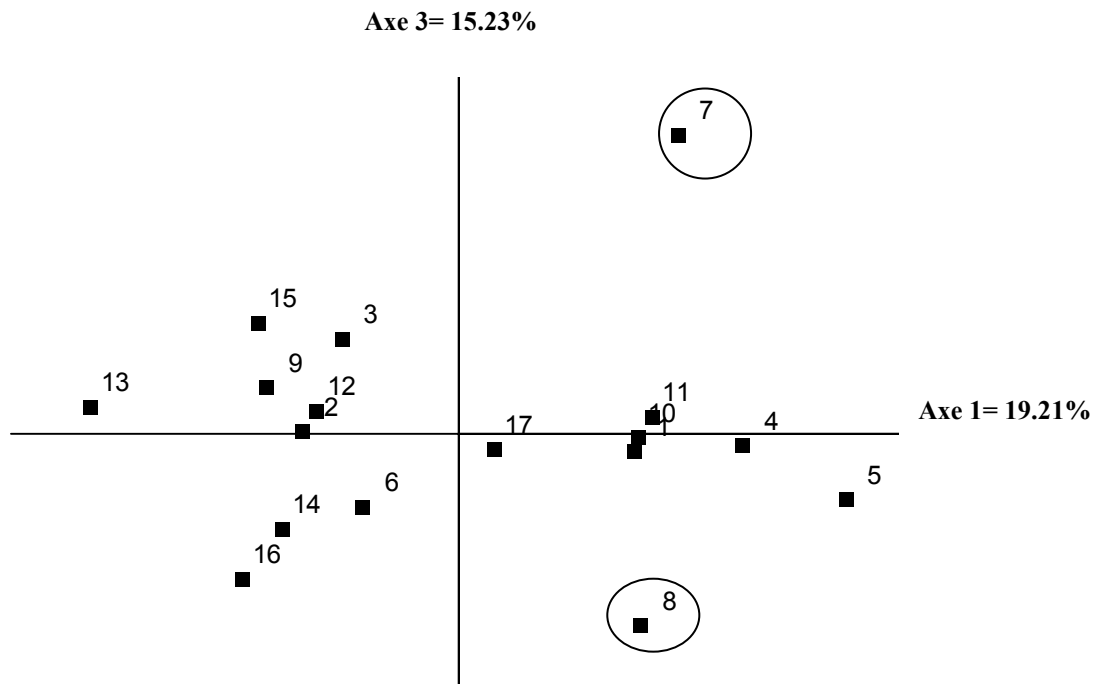


Figure 59: Distribution des génotypes étudiés sur le plan 1/3





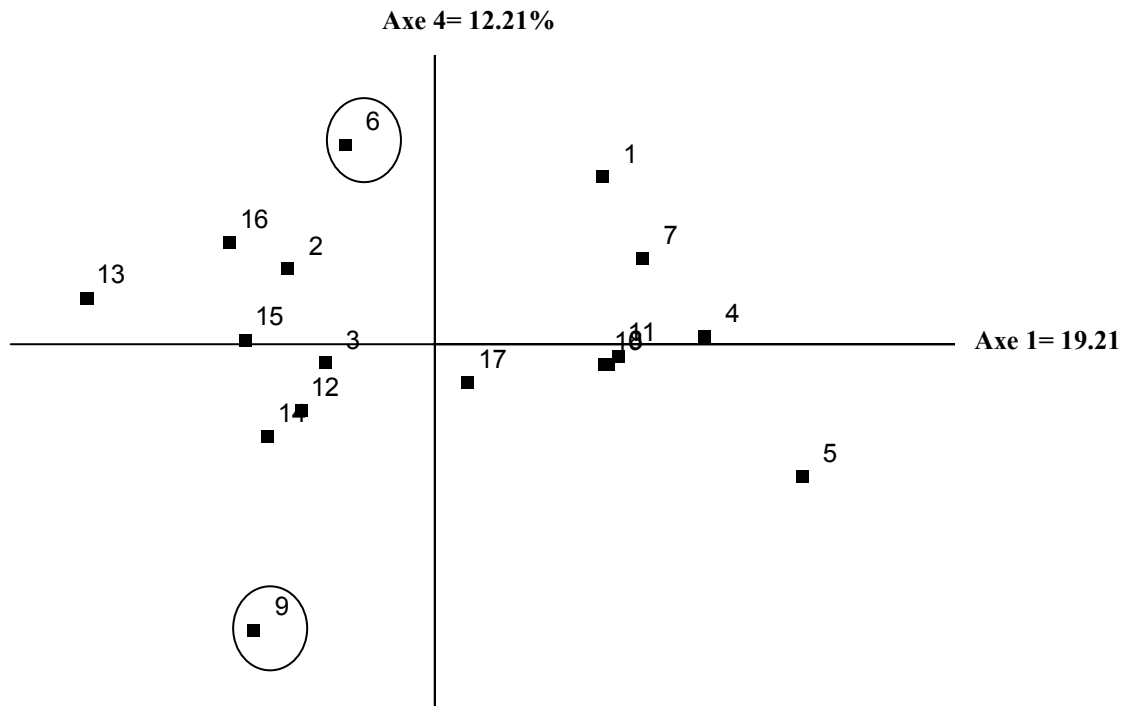


Figure 60: Distribution des génotypes sur le plan 1/4

### 6.1.2. Deuxième année d'étude (2014/2015)

#### a. Matrice de corrélation des variables

L'analyse des corrélations entre les paramètres mesurés montre qu'il y a des liaisons positives et négatives entre ces paramètres variant d'une faible à une forte corrélation (Tableau 14). Ainsi il apparaît que:

- La hauteur totale des plants (HP) est moyennement et positivement corrélée à la variable largeur de l'épi (LRE) avec  $r=0.49$ .
- La largeur de l'épi (LRE) est moyennement et négativement corrélée à la variable taux de chlorophylle (Ch) avec  $r=0.52$ .
- Le nombre total des talles (NTT) est très fortement et positivement corrélé à la variable talles avec épis (TE) avec un  $r=0.97$ , et moyennement corrélé à la variable talles sans épis (TSE) avec  $r=0.51$ .

**Tableau 14:** Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.

	HP	LP	LE	LRE	LB	NTT	TE	TSE	Ch
HP	1,00								
LP	0,02	1,00							
LE	-0,11	0,46	1,00						
LRE	<b>0,49</b>	-0,34	-0,24	1,00					
LB	-0,12	0,40	0,63	-0,35	1,00				
NTT	0,45	0,06	0,16	0,39	0,00	1,00			
TE	0,37	-0,03	0,16	0,44	0,02	<b>0,97</b>	1,00		
TSE	0,44	0,34	0,03	0,01	-0,09	<b>0,51</b>	0,29	1,00	
Ch	-0,43	0,30	0,46	<b>-0,52</b>	0,27	0,00	0,03	-0,13	1,00

**b. Etude des variables**

L'information fournie par les axes retenus 1, 2 et 3 est de 33.47%, 22.49% et 15.22% respectivement (soit 71.18% de la variation totale) (Tableau 15).

**Tableau 15:** Valeur propres et les pourcentages de variation expliqué par chaque axe

	Valeur propre	% total de variance	cumul valeur propre	Cumul %
1	3.01	33.47	3.01	33.48
2	2.02	22.49	5.04	55.96
3	1.37	15.22	6.41	71.18

D'après la figure 61, **l'axe 1** expliquant 33.47% de l'information, est formé principalement par la longueur de l'épi (LE) du coté positif. La hauteur des plants (HP), la largeur de l'épi (LRE), le nombre total des talles (NTT) et le nombre de talles avec épi (TE) du coté négatif. Les variables longueur du pédoncule (LP), longueur des barbes (LB) et le taux de la chlorophylle (Ch) déterminent **l'axe 2** du coté négatif avec un taux d'information de 22.49%. **L'axe 3** avec un taux d'information de 15,22%, détermine le nombre de talles sans épis du coté négatif (Figure 62).

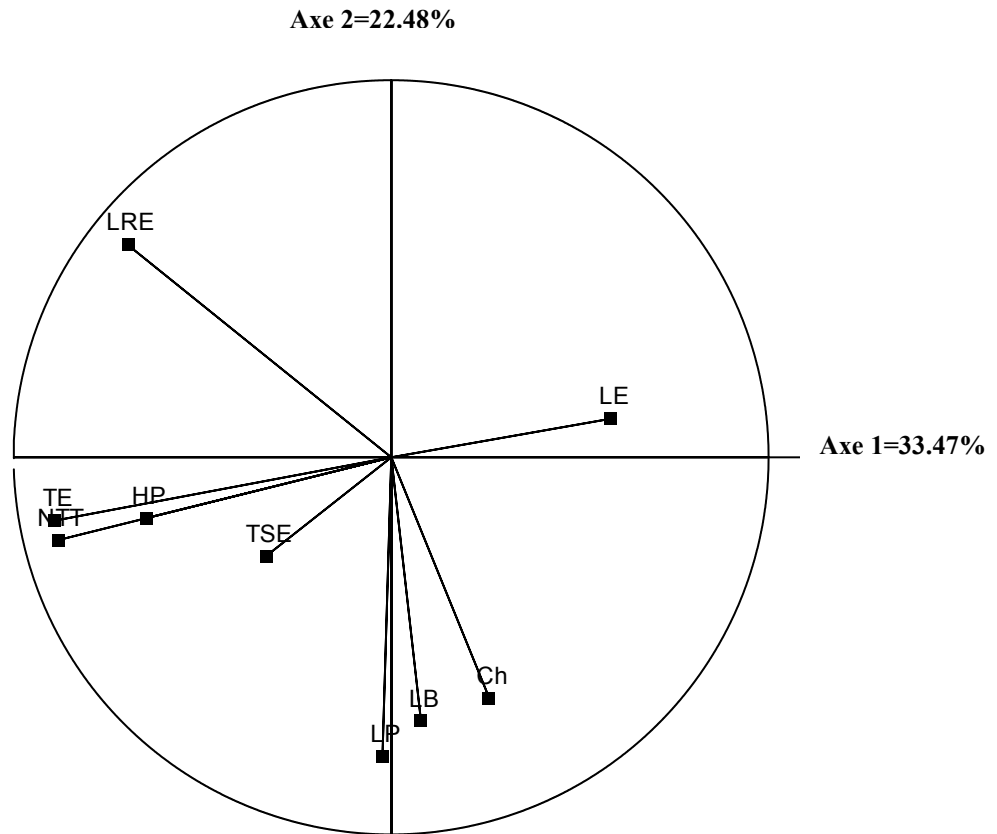


Figure 61: cercle de corrélation sur le plan 1/2

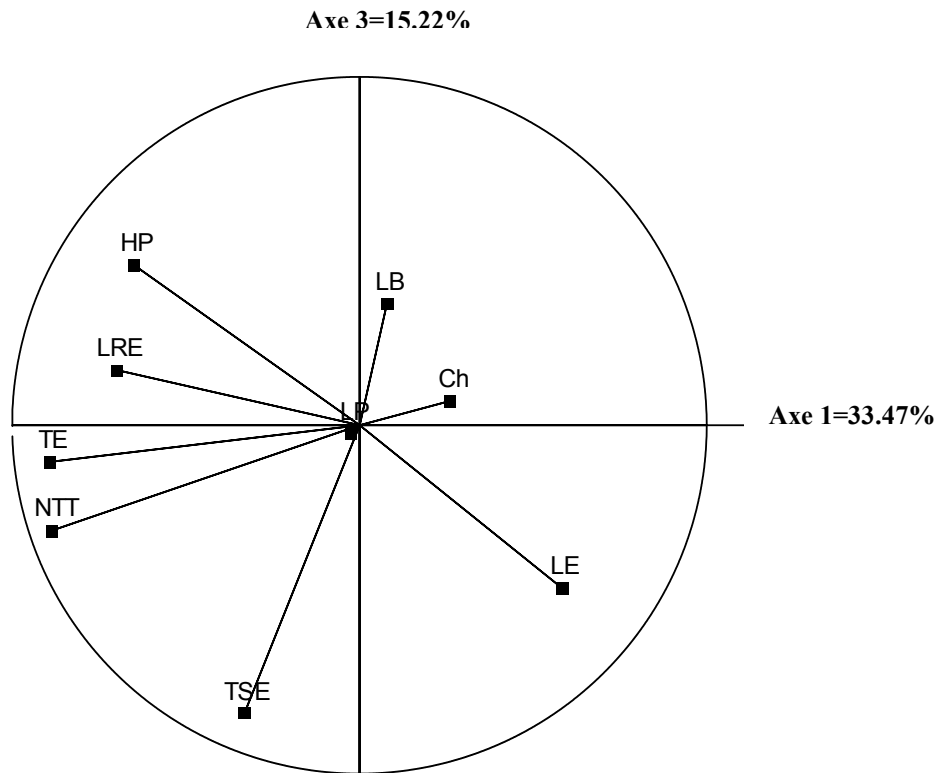


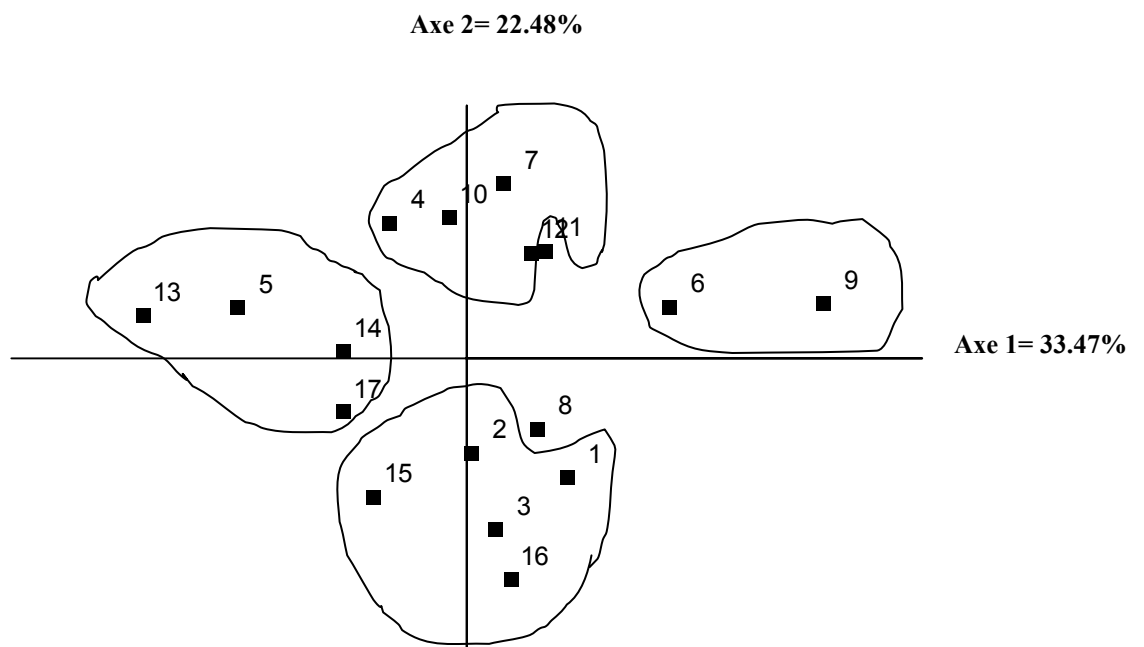
Figure 62: Cercle de corrélation sur le plan 1/3

**c. Etude des individus**

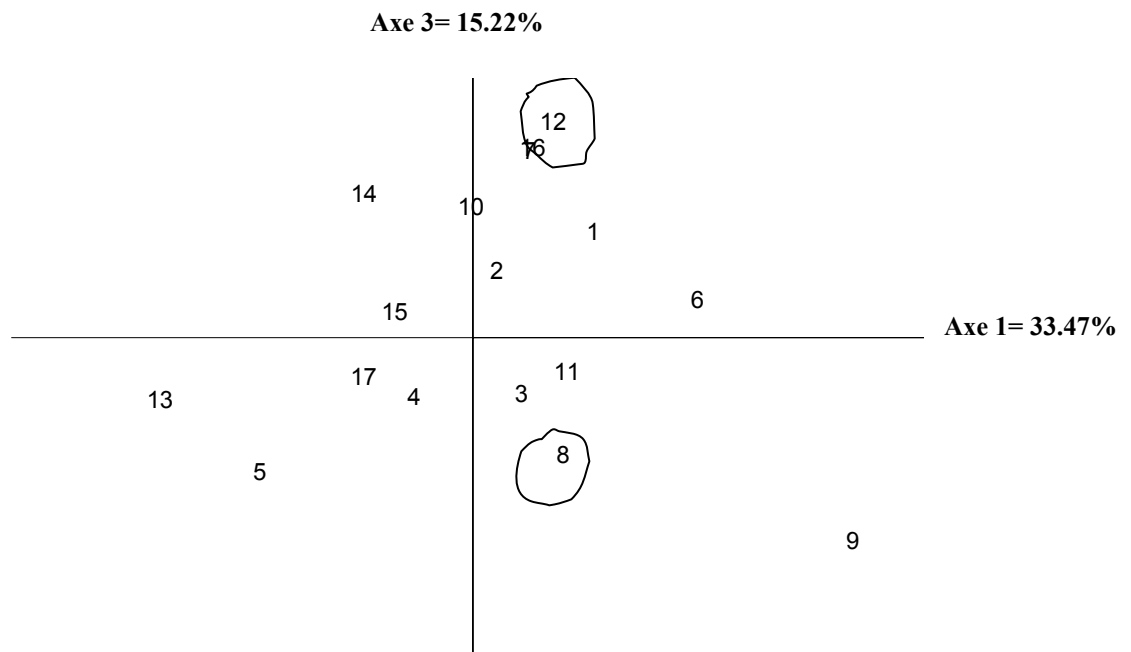
La représentation graphique des génotypes dans le plan 1-2 (Figure 63) permet de distinguer que: Les génotypes 14 (LLAR), 5 (BM), 13 (TAR) et 17 (SH-3) se situent du coté négatif de l'axe 1 et se distinguent par une hauteur des plants (HP), une largeur de l'épi (LRE), un nombre total des talles (NTT) et un nombre de talles avec épi (TE) importants. A l'opposé, soit du coté positif de l'axe 1, se trouvent les génotypes 6 (MIN/PLA) et 9 (BCR) qui sont moins performants pour les variables précédentes. Ils sont caractérisés par une longueur de l'épi (LE) importante.

Du coté négatif de l'axe 2, les génotypes 1 (LD357), 2 (SORA), 3 (CND), 16 (VT) et 15 (WH) se caractérisent par une longueur du pédoncule (LP), un taux de la chlorophylle (Ch) et une longueur des barbes (LB) très élevés. Du coté positif de cet même axe, les génotypes (MIN/COM), 7 (PLATA), 10 (SIG) et 11 (LDN7) se caractérisent par une longueur du pédoncule (LP), un taux de la chlorophylle (Ch) et une longueur des barbes (LB) moins élevés.

Pour l'axe 3 le génotype 8 (MIN/COM/DUC) se caractérise par un nombre de talles sans épis (TSE) très élevé, en opposé le génotype 12 (ALTA) se caractérise par un TSE moins élevé (Figure 64).



**Figure 63:** distribution des génotypes sur le plan 1/2



**Figure 64** : Distribution des géotypes dans le plan 1/3

## 6.7. En conditions semi-contrôlées

### 6.7.1. Irrigation normal (témoins)

#### a. Matrice de corrélation

L'analyse des corrélations entre les paramètres mesurés montre qu'il y a des liaisons positives et négatives entre les différents paramètres variant d'une faible à une forte corrélation (Tableau 16). Ainsi il apparaît que:

- La hauteur totale des plants (HP) est moyennement et négativement corrélée à la variable surface foliaire (SF) avec  $r=0.53$  et à la variable poids de milles grains (PMG) avec  $r=0.62$ .
- La longueur du pédoncule (LP) est moyennement et négativement corrélée à la variable masse de la sèche des racines (MSSR) avec  $r=0.53$ , et moyennement et positivement à la variable largeur foliaire (LRF) avec  $r=0.58$ .
- Le nombre total des talles (NTT) est moyennement et négativement corrélé à la variable talle avec épis (TE) avec  $r=0.5$ , et à la variable teneur relative en eau des feuilles (TRE%) avec  $r=0.49$ .

- le nombre de talles sans épis (TSE) est moyennement et négativement corrélé à la variable profondeur maximale des racines (PMR) avec un  $r=0.49$ .
- la masse de matière fraîche aérienne (MSFA) est fortement et positivement corrélée à la variable masse de matière sèche aérienne MSSA avec un  $r=0.82$ .
- la masse de matière fraîche racinaire (MSFR) est moyennement et négativement corrélée à la variable proline (Pr) avec un  $r=0.65$ .
- la surface foliaire (SF) est moyennement et positivement corrélée à la variable poids de milles grains (PMG) avec  $r=0.59$ .
- le nombre de grains par épi (NG/épi) est moyennement et positivement corrélé à la variable nombre d'épillets par épi (N.epit/epi) avec  $r=0.57$ .

**Résultats et Discussion**

**Tableau 16:** Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.

	HP	LP	LE	NTT	TE	TSE	MSFA	MSFR	MSSA	MSSR	SF	LNF	LRF	Dvp F	PMR	NG/épi	PMG	N.épi	Ch	TRE	Pr	
<b>HP</b>	1.00																					
<b>LP</b>	0.24	1.00																				
<b>LE</b>	0.19	-0.15	1.00																			
<b>NTT</b>	0.41	0.22	0.27	1.00																		
<b>TE</b>	-0.10	0.04	-0.05	-0.50	1.00																	
<b>TSE</b>	-0.17	0.29	-0.08	-0.25	0.11	1.00																
<b>MSFA</b>	-0.22	-0.37	0.06	-0.25	0.09	-0.37	1.00															
<b>MSFR</b>	0.33	-0.43	0.00	0.21	0.01	-0.21	0.11	1.00														
<b>MSSA</b>	-0.22	-0.32	-0.06	-0.43	0.24	-0.28	0.83	0.03	1.00													
<b>MSSR</b>	-0.11	-0.54	-0.25	-0.32	0.03	-0.04	0.35	0.40	0.46	1.00												
<b>SF</b>	-0.53	-0.23	0.05	-0.37	0.13	0.25	0.20	-0.22	0.12	0.23	1.00											
<b>LNF</b>	0.26	0.29	-0.06	-0.01	-0.04	0.31	0.00	-0.09	-0.09	0.24	-0.20	1.00										
<b>LRF</b>	0.11	0.59	0.00	0.17	0.26	0.07	-0.29	-0.12	-0.33	-0.39	-0.42	0.18	1.00									
<b>Dvp F</b>	-0.14	0.40	0.00	-0.22	0.18	0.31	0.03	-0.46	0.01	-0.39	0.07	0.07	0.47	1.00								
<b>PMR</b>	-0.03	-0.06	0.13	0.05	0.01	-0.49	0.09	-0.40	-0.07	-0.24	0.03	-0.06	0.12	-0.04	1.00							
<b>NG/épi</b>	0.41	0.24	-0.34	-0.38	0.29	-0.06	0.01	0.03	0.16	-0.15	-0.23	-0.03	0.08	0.26	0.01	1.00						
<b>PMG</b>	-0.62	-0.28	0.00	-0.22	0.43	0.14	0.00	-0.20	0.01	-0.01	0.59	-0.39	-0.17	0.14	0.04	-0.43	1.00					
<b>N.épi</b>	-0.08	0.42	-0.35	-0.21	0.29	-0.14	-0.06	-0.29	0.17	-0.25	0.04	-0.25	0.11	0.41	-0.08	0.57	0.08	1.00				
<b>Ch</b>	-0.41	0.14	-0.32	-0.02	0.08	0.34	-0.22	0.04	-0.13	0.10	0.09	0.20	0.05	0.10	-0.36	-0.03	0.15	0.38	1.00			
<b>TRE</b>	-0.21	0.02	-0.26	-0.49	0.39	0.31	0.17	-0.06	0.38	-0.08	0.33	-0.22	-0.27	0.11	-0.25	0.35	0.30	0.24	0.00	1.00		
<b>Pr</b>	-0.16	0.18	-0.14	-0.31	0.10	0.27	0.26	-0.66	0.19	0.14	0.35	0.42	-0.14	0.35	0.15	-0.04	0.17	0.10	-0.04	-0.05	1.00	

**b. Etude des variables**

L'information fournie par les axes retenus 1, 2, 3, 4 et 5 est de 18.89%, 16.95%, 11.94%, 10.55% et 9.60% respectivement (soit 67.95% de la variation totale) (Tableau 17).

**Tableau 17:** Valeurs propres et pourcentages de variation expliqués par chaque axe

	Valeur propre	% total de variance	cumul valeur propre	Cumul %
1	3.96	18.89	3.96	18.88
2	3.56	16.95	7.53	35.84
3	2.51	11.94	10.03	47.78
4	2.22	10.55	12.25	58.34
5	2.02	9.60	14.27	67.95

D'après la figure 65, **l'axe 1**, expliquant 18.89% de l'information, est formé, principalement, par la hauteur des plants (HP) et le nombre total des talles (NTT) du coté négatif. Ce même axe est formé du nombre de talles avec épi (TE), de la masse de la matière fraîche aérienne (MSFA), de la masse de la matière sèche aérienne (MSSA), de la surface foliaire (SF), du poids de milles grains (PMG) et de la teneur relative en eau des feuilles (TRE%) du coté positif. La longueur de l'épi (LE) du coté positif. La hauteur des plants (HP), la largeur de l'épi (LRE), le nombre total des talles (NTT) et le (TE) du coté négatif.

Les variables longueur du pédoncule (LP), largeur foliaire (LRF), développement foliaire (DVP F) et le nombre d'épillets par épi (N.ept/epi) déterminent **l'axe 2** du coté positif avec un taux d'information de 16.95%.

**L'axe 3** avec un taux d'information de 11.94%, détermine le nombre de grains par épi (NG/epi) du coté positif (Figure 66).

Quant à **l'axe 4** avec un taux d'information de 10.56%, il détermine la longueur de l'épi (LE) et la profondeur maximale des racines (PMR) du coté négatif, le nombre de talles sans épi (TSE) et taux de chlorophylle (Ch) du coté positif (Figure 67).

Pour **l'axe 5** il détermine, du coté positif, les variables longueur foliaire et proline avec un taux d'information de 9.60% (Figure 68).



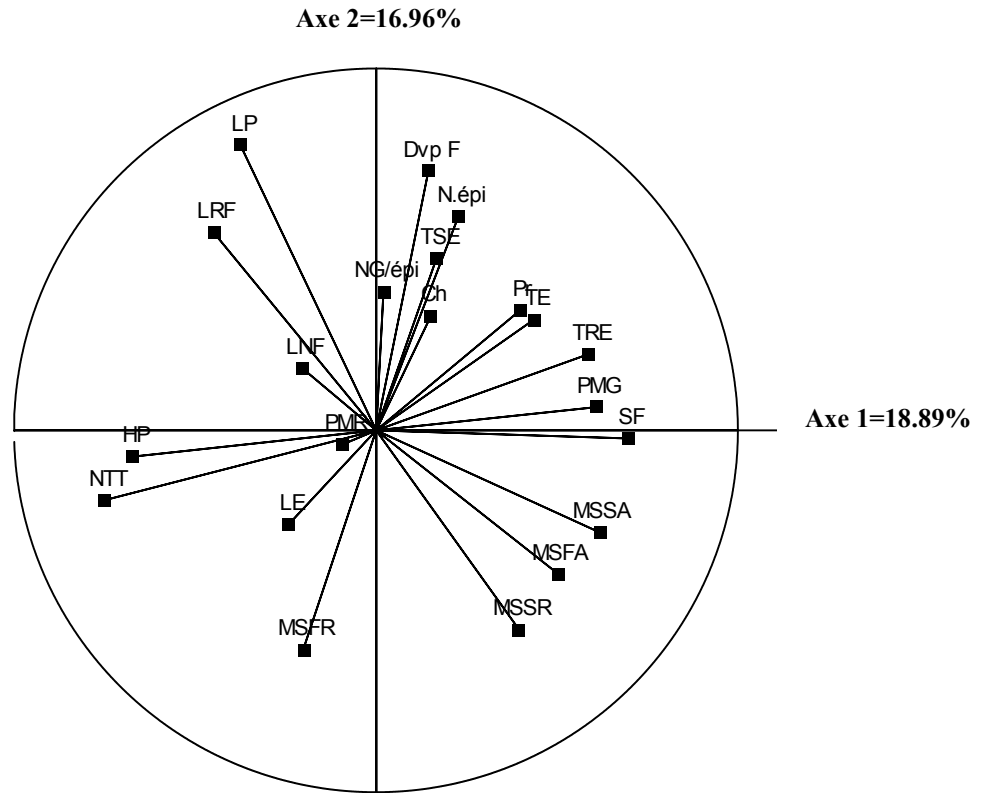


Figure 65: Cercle des corrélations des variables plan 1/2

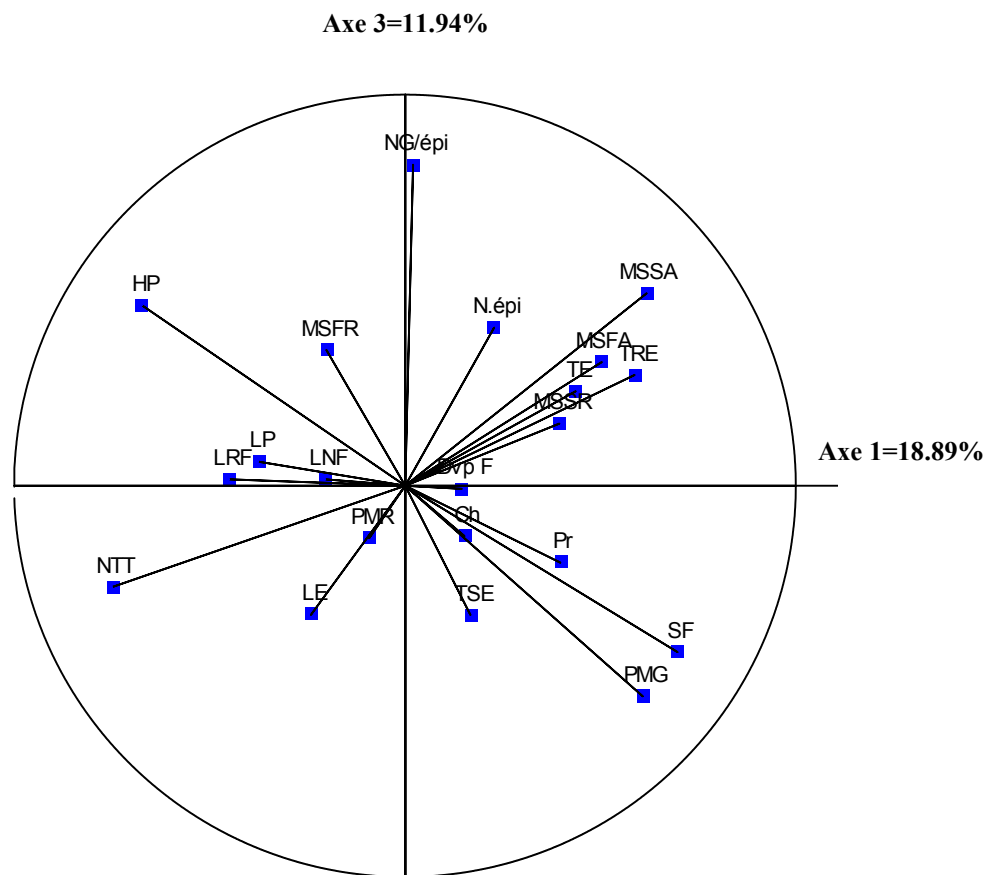


Figure 66: cercle des corrélations sur le plan 1/3

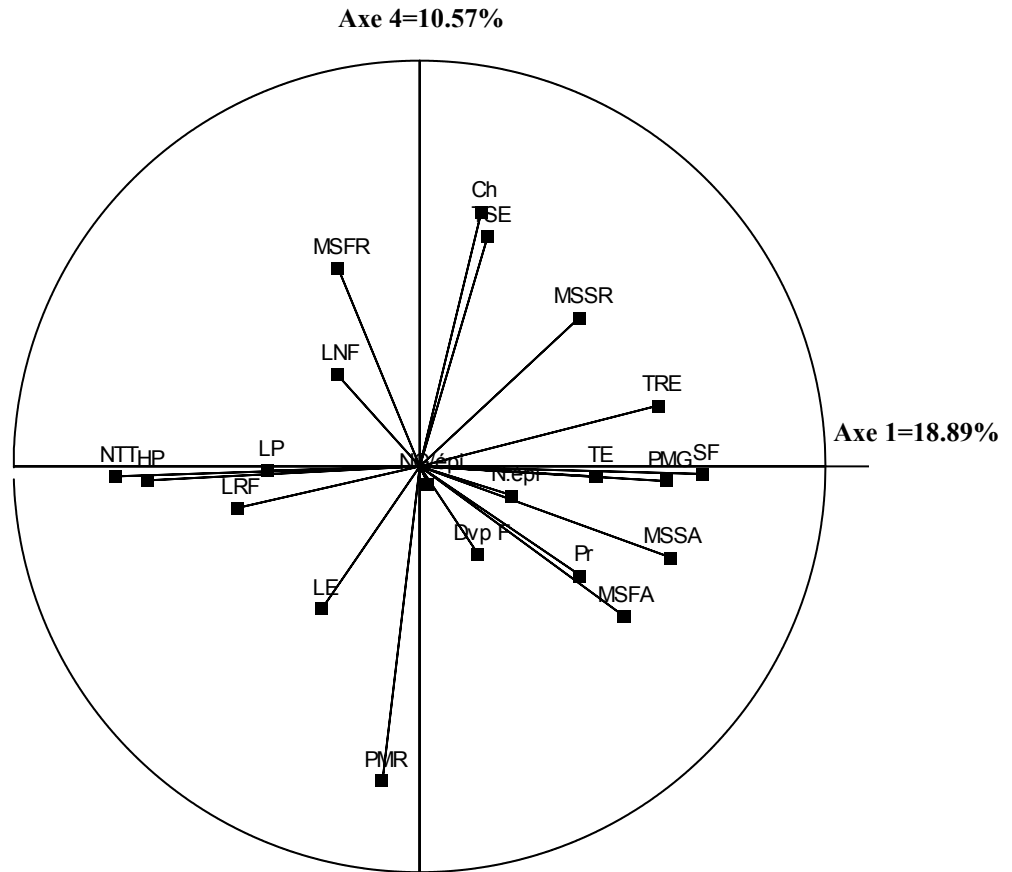


Figure 67: cercle des corrélation plan 1/4

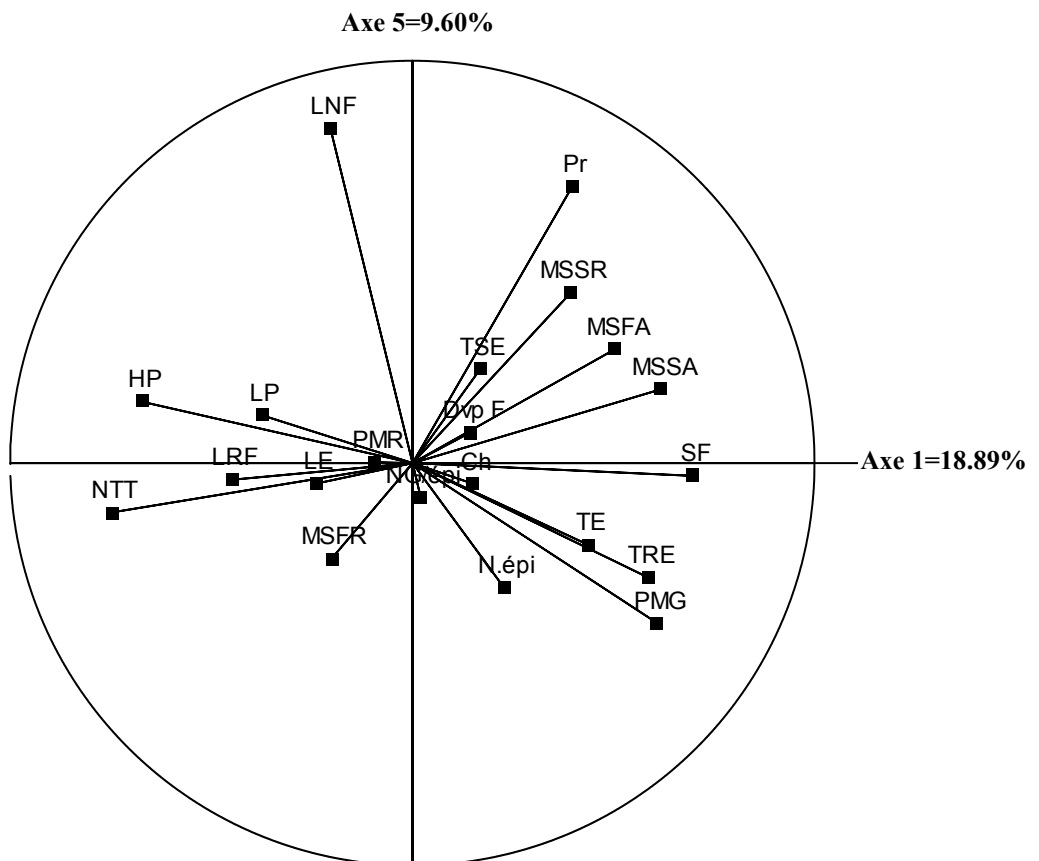


Figure 68: Cercle des corrélations plan 1/5

**c. Etude des individus**

La représentation graphique des génotypes dans le plan 1-2 (Figure 69) permet de distinguer que: les génotypes 4 (MIN/COM) et 9 (BCR) se situent du côté négatif de l'axe 1 et se distinguent par une hauteur des plants (HP) et un nombre total des talles (NTT) importants. A l'opposé, soit du côté positif de l'axe 1, se trouvent les génotypes 8 (MIN/COM/DUC) et 16 (VT) qui sont moins performants pour les variables précédentes. Ils sont plutôt caractérisés par un nombre de talles avec épi (TE), une masse de matière fraîche aérienne (MSFA), une masse de matière sèche aérienne (MSSA), une surface foliaire (SF), un poids de milles grains (PMG) et une teneur en eau des feuilles (TRE%) importants.

Du côté positif de **l'axe 2**, les génotypes 11 (LDN7), 13 (TAR), 10 (SIG) et 17 (SH-3) se caractérisent par une longueur du pédoncule (LP), une largeur foliaire (LRF), un développement foliaire (DVP F) et un nombre d'épillets par épi (N.ept/épi) très élevés. Du côté négatif de ce même axe, le génotype 5 (BM) est moins performant pour les variables précédentes. Il se caractérise plutôt par une masse de matière sèche racinaire (MSSR) et une masse de matière fraîche racinaire (MSFR) importantes.

Pour l'axe 3, le génotype 1 (LD357) se caractérise par un nombre de grains par épi (NG/épis) très élevé (Figure 70).

Du côté négatif de l'axe 4, les génotypes 2 (CND), 6 (MIN/PLA), 14 (LLAR) et 15 (WH) se caractérisent par une longueur de l'épi (LE), une profondeur maximale des racines (PMR) importantes. A l'opposé, du côté positif du même axe, le génotype 7 (PLATA) est moins performant pour les variables précédentes, il se caractérise par un nombre de talles sans épis (TSE) et un taux de chlorophylle (Ch) important (Figure 71).

Du côté négatif de l'axe 5, les génotypes 3 (CND) et 12 (ALTA) se caractérisent par une longueur foliaire et une teneur en proline très faibles (Figure 72).

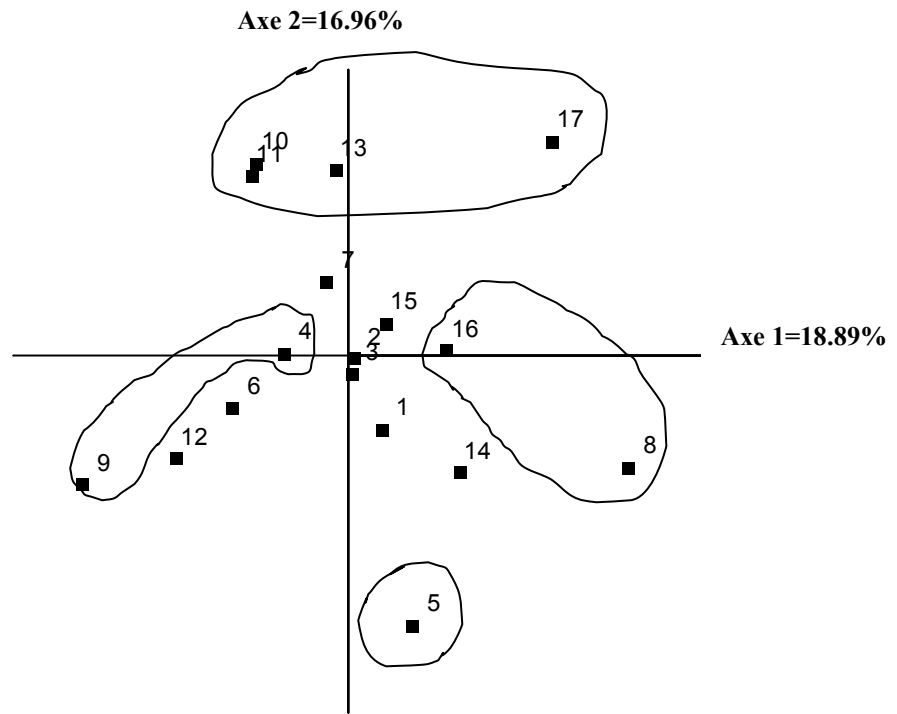


Figure 69: Distribution des génotypes sur le plan 1/2

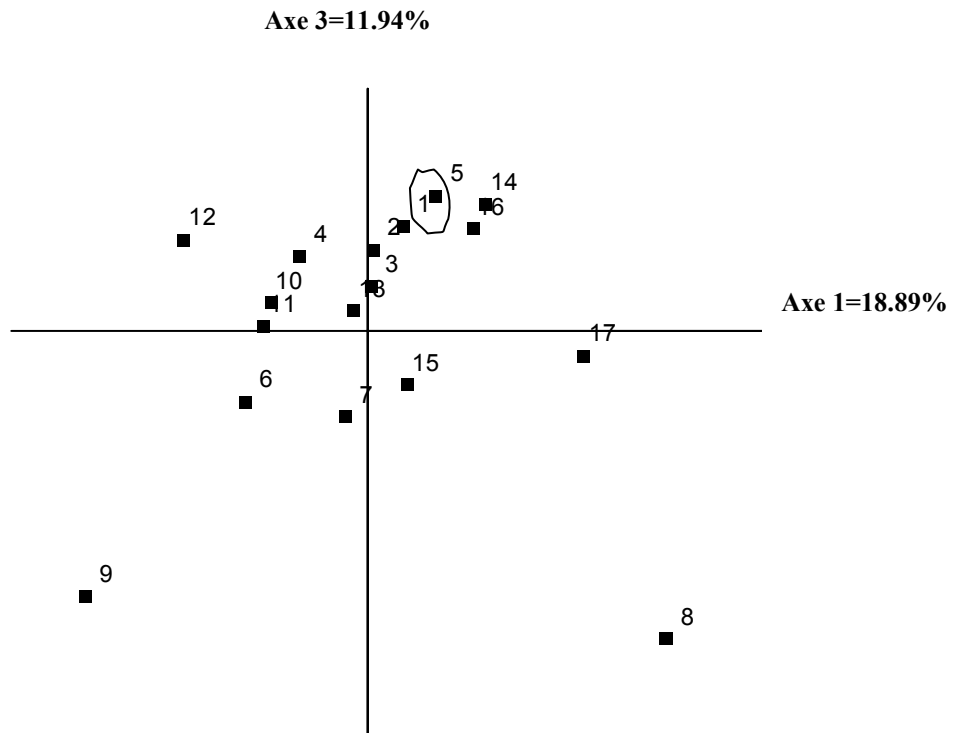


Figure 70: Distribution des génotypes sur le plan 1/3

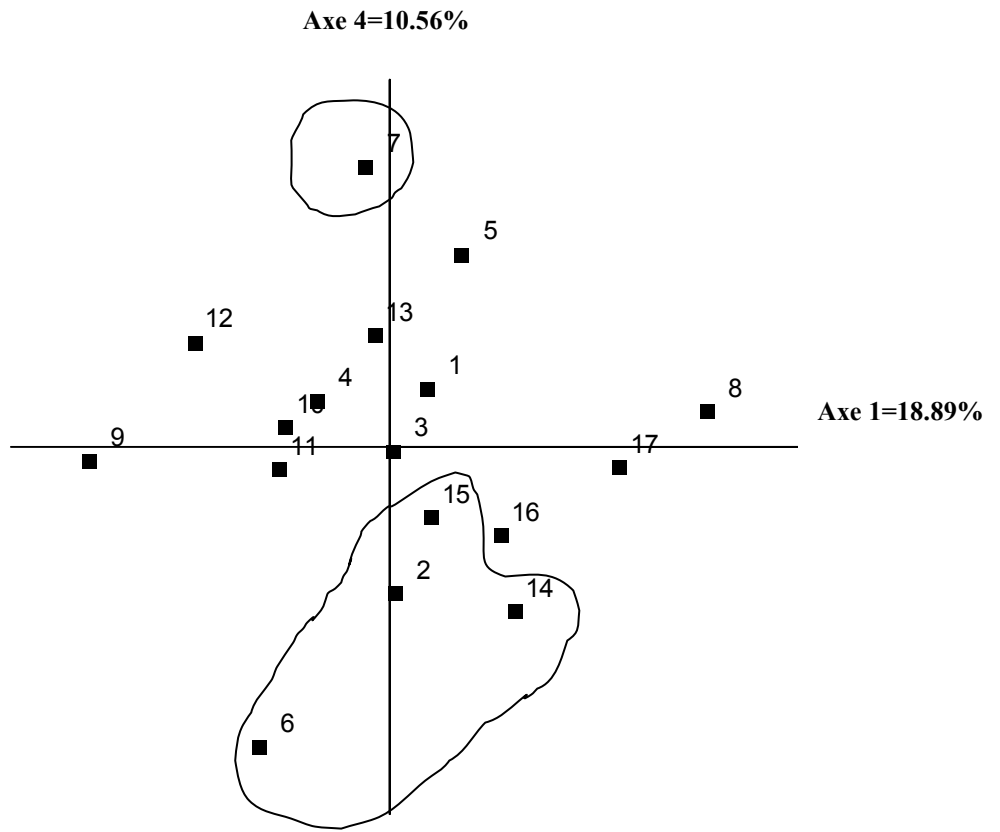


Figure 71: distribution des génotypes sur le plan 1/4

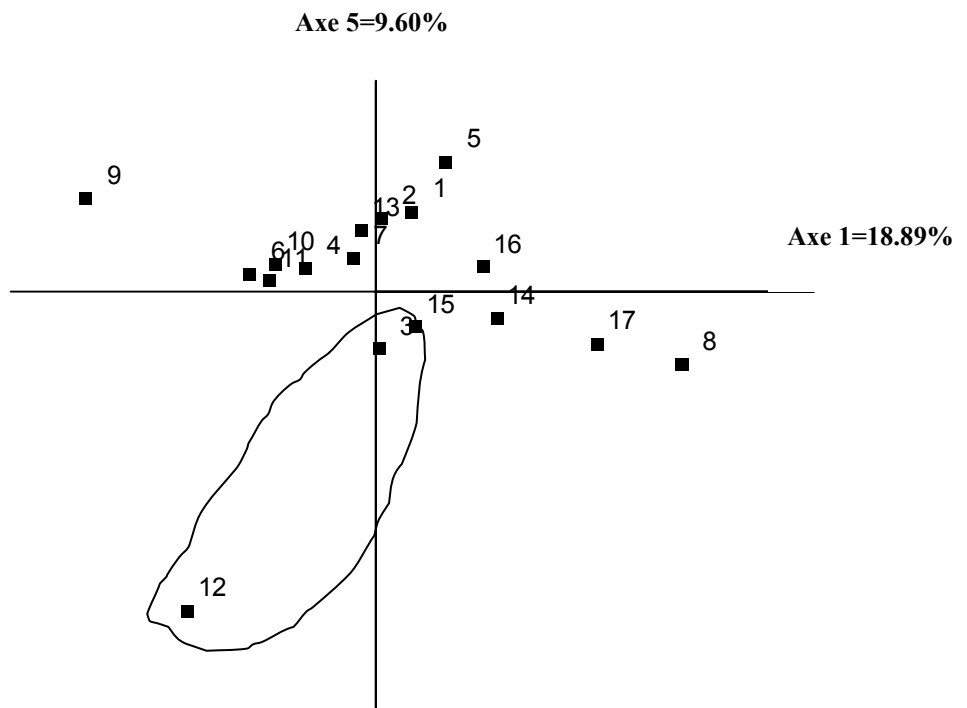


Figure 72: Distribution des génotypes sur le plan 1/5

## **6.7.2. Irrigation contrôlée (stressée)**

### **a. Matrice de corrélation**

L'analyse des corrélations entre les paramètres mesurés montre qu'il y a des liaisons positives et négatives entre les différents paramètres variant d'une faible à une forte corrélation (**Tableau 18**). Ainsi il apparaît que:

- La hauteur totale des plants (HP) est moyennement et positivement corrélée à la variable nombre de grains par épi (NG/épi) avec  $r=0.49$  et très fortement liée à la variable poids de milles grains (PMG) avec  $r=0.99$ .
- Le nombre total des talles (NTT) est moyennement et négativement corrélé à la variable nombre de grains par épi (NG/épi) avec  $r=0.65$ .
- La variable nombre de talles avec épis (TE) est moyennement et négativement corrélée à la variable taux de chlorophylle (Ch) avec  $r=0.54$ .
- Le nombre de talles sans épis est moyennement et négativement corrélé à la variable largeur foliaire (LRF) avec  $r=0.54$ .
- La masse de matière fraîche aérienne (MSFR) est fortement est positivement liée à la masse de matière sèche aérienne (MSSA) avec  $r=0.84$ .
- La masse de matière fraîche racinaire (MSSR) est moyennement est positivement corrélée à la variable masse de matière sèche racinaire (MSSR) avec un  $r=0.58$ , et négativement corrélée à la variable nombre d'épillets par épi (N.ept/épi).
- La surface foliaire (SF) est positivement et moyennement corrélée aux variables longueur foliaire (LNF) avec  $r=0.52$  et proline (Pr) avec  $r=0.5$ .
- La largeur foliaire (LRF) est moyennement et positivement corrélée à la variable développement foliaire (Dvp F) et négativement corrélée à la variable nombre de grains par épi (NG/épi) avec  $r=0.52$ .

**Résultats et Discussion**

**Tableau 18:** Matrice des coefficients de corrélations des différentes variables analysées.

	HP	LP	LE	NTT	TE	TSE	MSFA	MSFR	MSSA	MSSR	SF	LNF	LRF	Dvp F	PMR	NG/épi	PMG	N.épi	Ch	TRE	Pr	
HP	1.00																					
LP	0.05	1.00																				
LE	-0.05	0.03	1.00																			
NTT	-0.25	0.14	0.18	1.00																		
TE	0.16	-0.36	0.47	-0.31	1.00																	
TSE	0.37	-0.15	-0.06	-0.04	0.03	1.00																
MSFA	-0.23	-0.03	-0.17	0.18	-0.22	-0.04	1.00															
MSFR	0.29	-0.37	-0.17	0.05	-0.28	0.29	0.07	1.00														
MSSA	0.03	0.05	-0.29	-0.06	-0.09	-0.13	0.84	-0.07	1.00													
MSSR	0.12	-0.13	-0.03	0.03	-0.21	0.08	0.33	0.58	0.25	1.00												
SF	0.20	0.19	0.45	-0.24	-0.01	0.04	-0.29	0.16	-0.18	0.06	1.00											
LNF	-0.06	-0.31	0.31	-0.13	0.23	-0.12	0.14	0.26	0.16	0.34	0.52	1.00										
LRF	-0.14	0.02	0.01	0.15	0.02	-0.54	-0.13	-0.20	0.11	-0.26	0.14	0.22	1.00									
Dvp folaire	0.22	-0.18	-0.09	-0.16	0.32	-0.08	-0.22	-0.06	0.10	-0.22	0.06	0.20	0.53	1.00								
PMR	0.03	0.10	-0.44	-0.09	-0.41	-0.23	0.12	0.25	0.17	0.09	0.26	0.28	0.28	0.17	1.00							
NG/épi	0.49	-0.21	-0.21	-0.65	0.29	0.15	-0.10	0.23	0.03	0.36	-0.06	0.06	-0.52	0.11	0.02	1.00						
PMG	0.99	0.05	-0.03	-0.21	0.17	0.35	-0.24	0.27	0.01	0.07	0.20	-0.07	-0.10	0.27	0.08	0.45	1.00					
N.épi	0.04	0.27	-0.09	-0.10	0.01	0.31	-0.21	-0.49	-0.13	-0.50	-0.03	-0.31	0.14	0.27	-0.05	-0.12	0.05	1.00				
Ch	-0.40	0.42	-0.25	0.01	-0.54	-0.16	0.34	-0.12	0.32	0.05	-0.06	-0.30	-0.06	-0.21	-0.12	-0.16	-0.46	0.19	1.00			
TRE	-0.13	0.10	-0.07	-0.07	0.04	0.00	0.10	-0.32	0.36	-0.04	-0.03	0.14	0.22	0.40	0.12	-0.09	-0.15	0.35	0.16	1.00		
Pr	0.20	-0.03	-0.08	-0.27	0.05	0.26	-0.27	-0.19	-0.03	-0.37	0.50	0.25	0.06	0.38	0.26	0.09	0.22	0.41	-0.06	0.30	1.00	

**b. Etude des variables**

L'information fournie par les axes retenus 1, 2, 3, 4 et 5 est de 17.78%, 15.18%, 12.26%, 11.52% et 9.10% respectivement (soit 65.83% de la variation total) (Tableau 19).

**Tableau 19:** Valeurs propres et pourcentages de variation expliqué par chaque axe.

	Valeur propre	% total de variance	cumul valeur propre	Cumul %
1	3.73	17.78	3.73	17.77
2	3.18	15.18	6.92	32.95
3	2.57	12.26	9.49	45.21
4	2.41	11.52	11.91	56.73
5	1.91	9.10	13.82	65.83

D'après la figure 73, **l'axe 1** expliquant 17.78% de l'information, est formé principalement par la hauteur des plants (HP), le nombre de talles sans épis (TSE), du poids de milles grains (PMG) et du nombre de grains par épi (NG/épi) du coté négatif. Ce même axe est formé du nombre total des talles (NTT), du taux de chlorophylle (Ch) et de la masse de substance fraîche aérienne (MSFA) du coté positif.

La masse de la matière fraîche racinaire (MSFR) et de la masse de la matière sèche racinaire (MSSR) déterminent **l'axe 2** du coté positif avec un taux d'information de 15.18%. En opposé, du coté négatif, il détermine les variables largeur foliaire (LRF), le développement foliaire (DVP F), le nombre d'épillets par épi (N.épt/épi) et le taux d'accumulation de proline (Pr).

**L'axe 3** avec un taux d'information de 12.26%, détermine la teneur relative en eau des feuilles (TRE%), la masse de la matière sèche aérienne (MSSA) et la profondeur maximale des racines (PMR) du coté positif (Figure 74).

Quant à **l'axe 4**, avec un taux d'information de 11.52%, il détermine la longueur de l'épi (LE) et la longueur foliaire (LNF) du coté positif (Figure 75).

Pour **l'axe 5** il détermine, du coté positif, le nombre de talles avec épi (TE), et du coté négatif du même axe, les variables surface foliaire (SF) et la longueur du pédoncule (LP) avec un taux d'information de 9.10% (Figure 76).



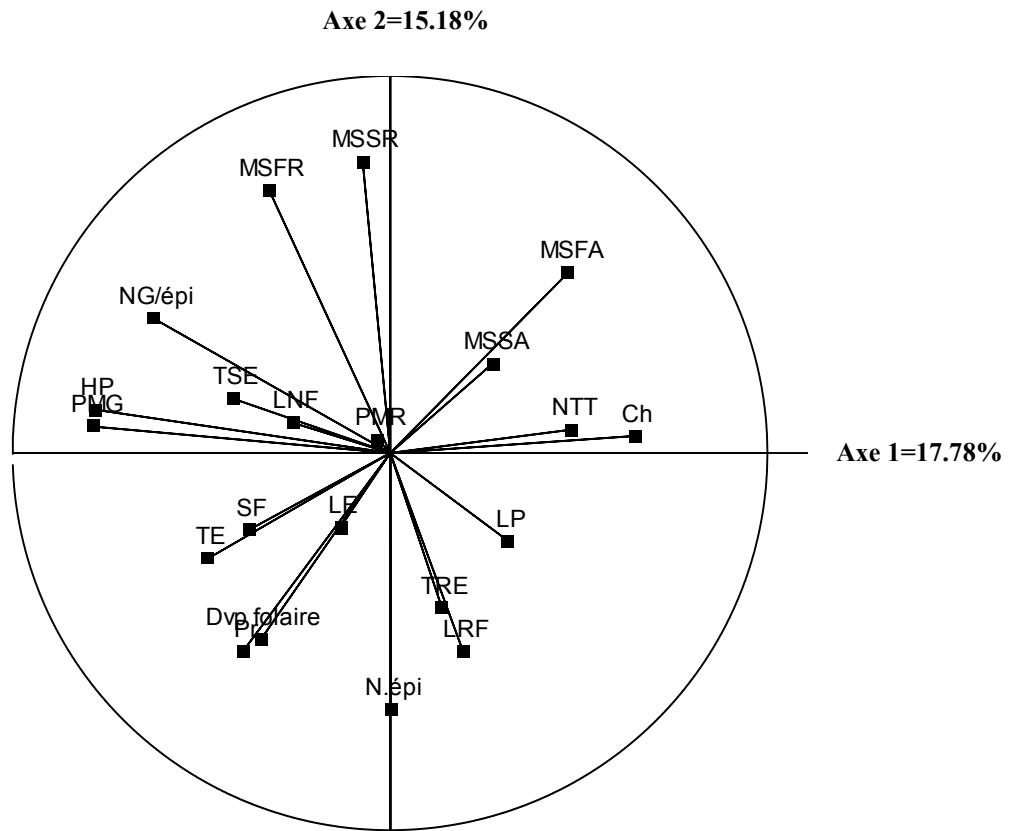


Figure 73: Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/2.

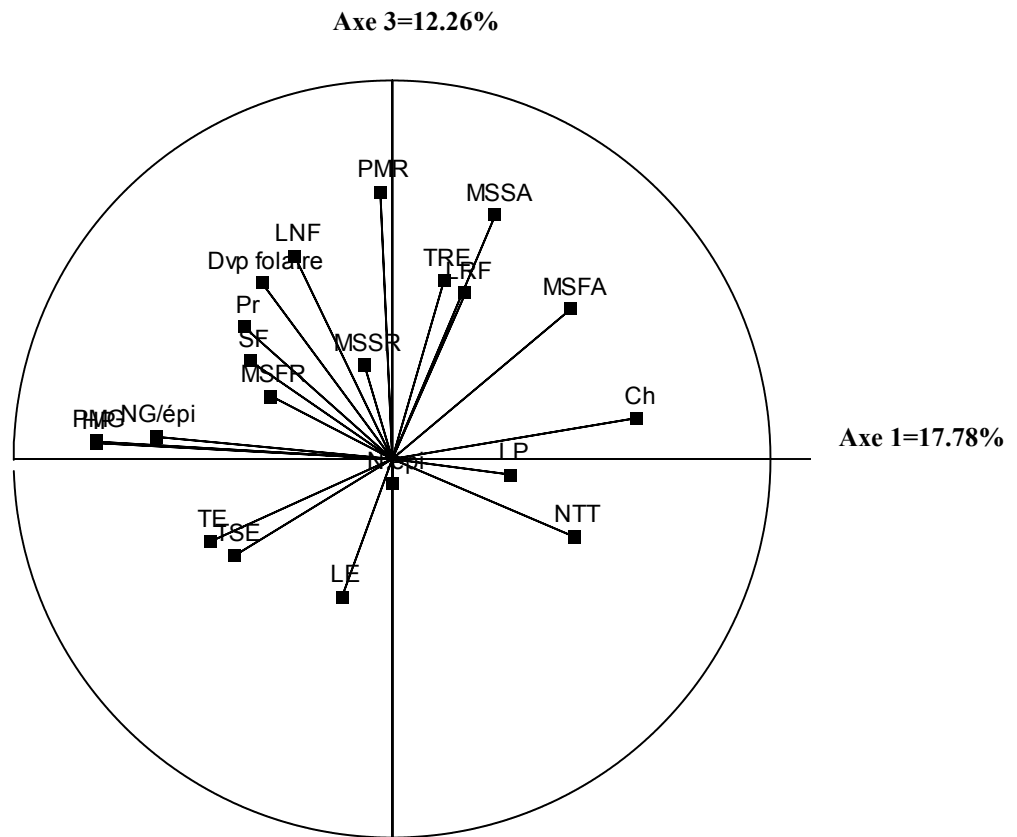


Figure 74: Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/3.

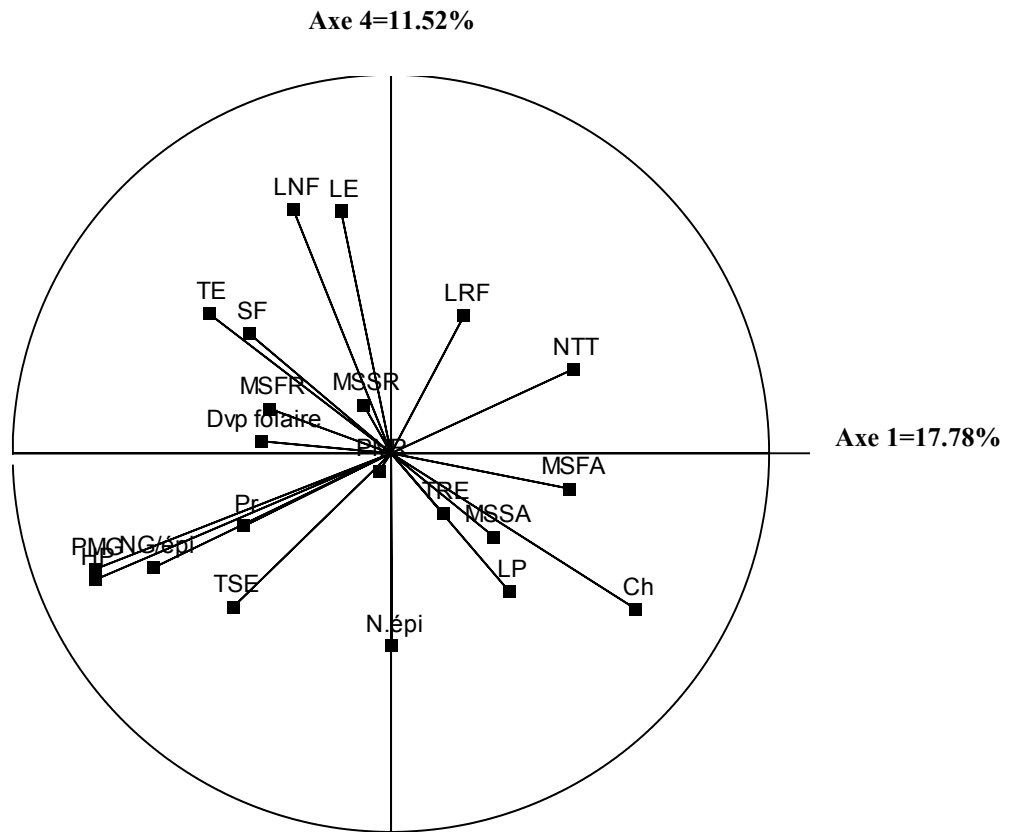


Figure 75: Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/4.

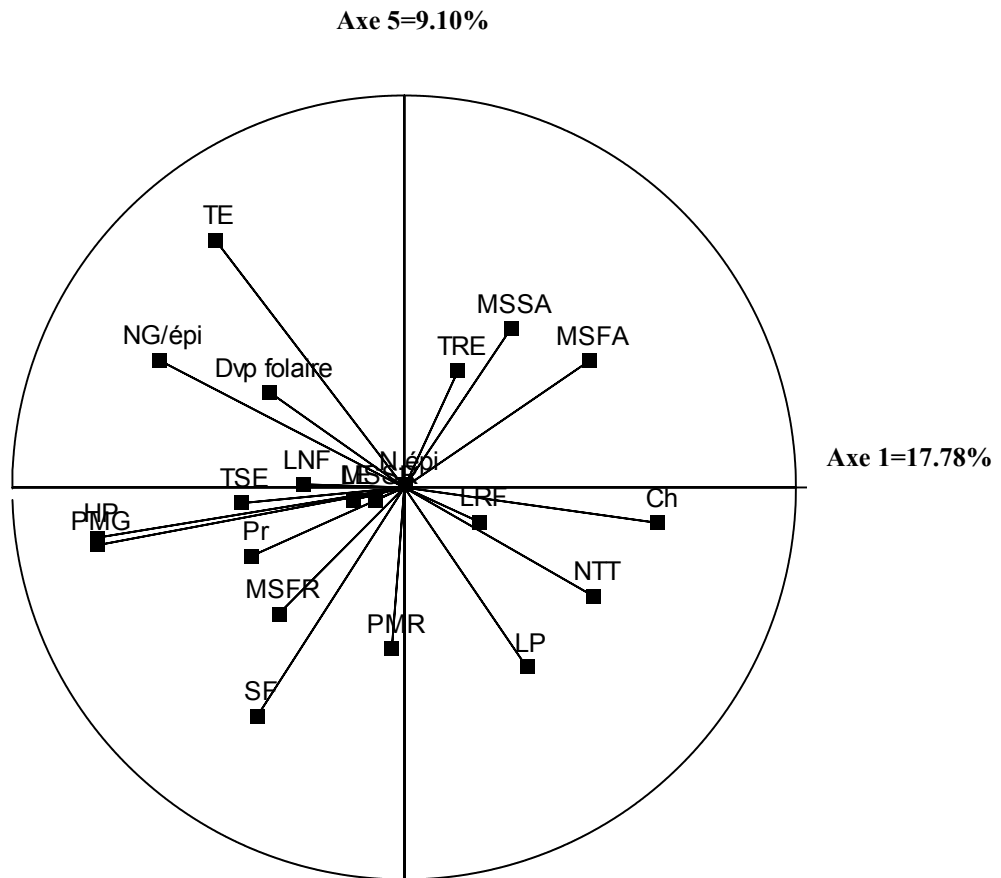


Figure 76: Cercle des corrélations des variables sur le plan 1/5.



**c. Etude des individus**

La représentation graphique des génotypes dans le plan 1-2 (Figure 77) permet de distinguer que: le génotype 8 (MIN/COM/DUC) se situe du côté positif de l'axe 1 et se distinguent par un nombre total des talles (NTT), du taux de chlorophylle (Ch) et d'une masse de matière fraîche aérienne (MSFA) importants. A l'opposé, soit du côté négatif de l'axe 1, se trouvent le génotype 12 (ALTA) qui est moins performant pour les variables précédentes. Il est plutôt caractérisé par une hauteur des plants (HP), un nombre de talles sans épis (TSE), un poids de milles grains (PMG) et un nombre de grains par épi (NG/épi) importants.

Du côté positif de l'axe 2, les génotypes 1 (LD357), 4 (MIN/COM) et 5 (BM) se caractérisent par une masse de la matière fraîche racinaire (MSFR) et de la masse de la matière sèche racinaire (MSSR) importantes. Du côté négatif de ce même axe, les génotypes 6 (MMIN/PLA) et 17 (SH-3) sont moins performants pour les variables précédentes. Ils se caractérisent, plutôt, par une largeur foliaire (LRF), un développement foliaire (DVP F), un nombre d'épilletts par épi (N.épt/épi) et un taux d'accumulation de proline (Pr) très élevés.

Pour l'axe 3 le génotype 16 (VT) se caractérise par une teneur relative en eau (TRE), une masse de matière sèche aérienne (MSSA) et une profondeur maximale des racines (PMR) importantes du côté positif. Les génotypes 9 (BCR) et 15 (WH) sont moins performants pour les variables précédentes (Figure 78).

Du côté positif de l'axe 4, le génotype 14 (LLAR) se caractérise par une longueur de l'épi (LE) et une longueur foliaire (LNF) importantes. Du côté négatif de cet axe les génotypes 7 (PLATA), 11 (LDN7) et 13 (TAR) sont moins performants pour les variables précédentes (Figure 79).

Du côté positif de l'axe 5, les génotypes 2 (SORA), 3 (CND) et 10 (SIG) se caractérisent par un nombre de talles avec épi (TE) important et une surface foliaire (SF) et une longueur du pédoncule (LP) faible (Figure 80).

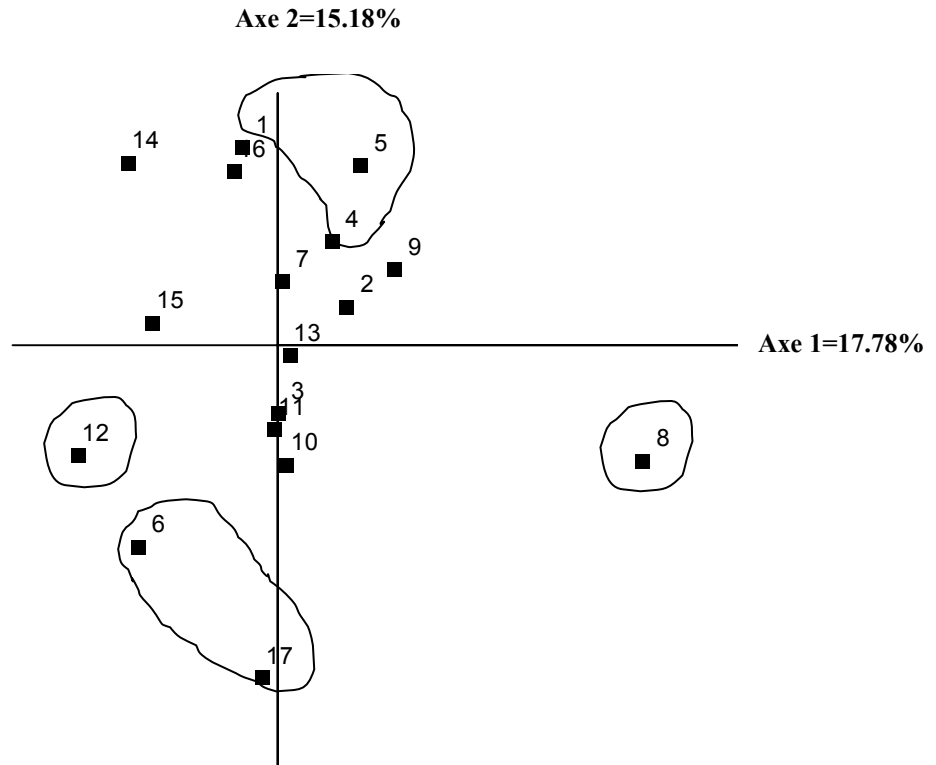


Figure 77: Distribution des individus sur le plan 1/2.

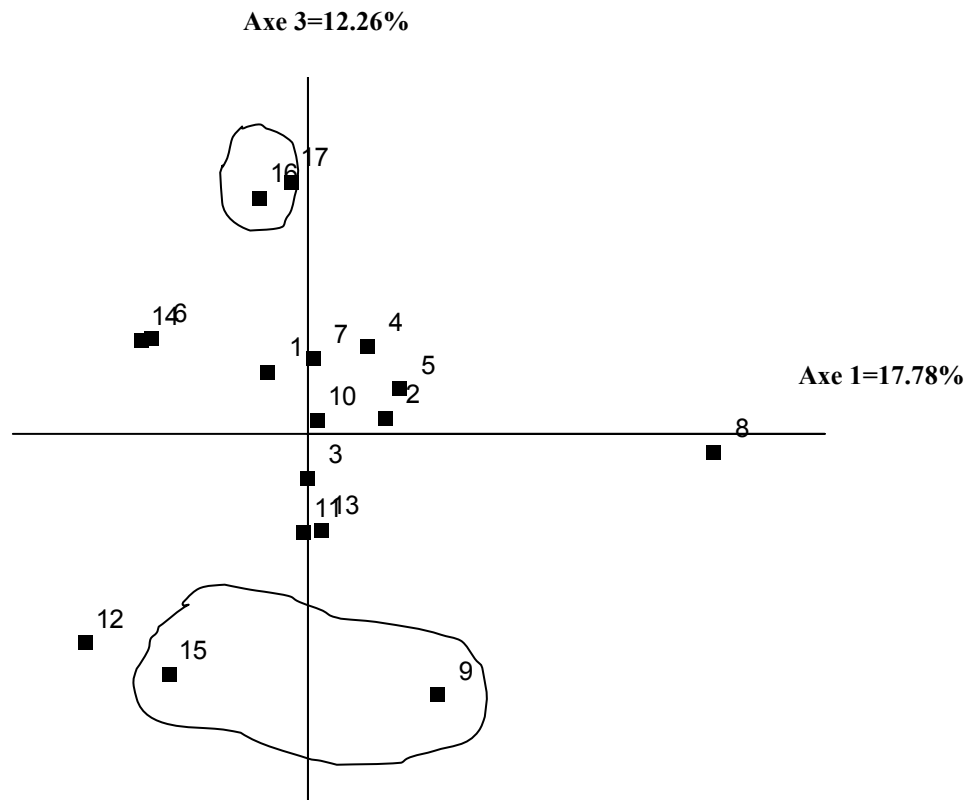


Figure 78: Distribution des individus sur le plan 1/3



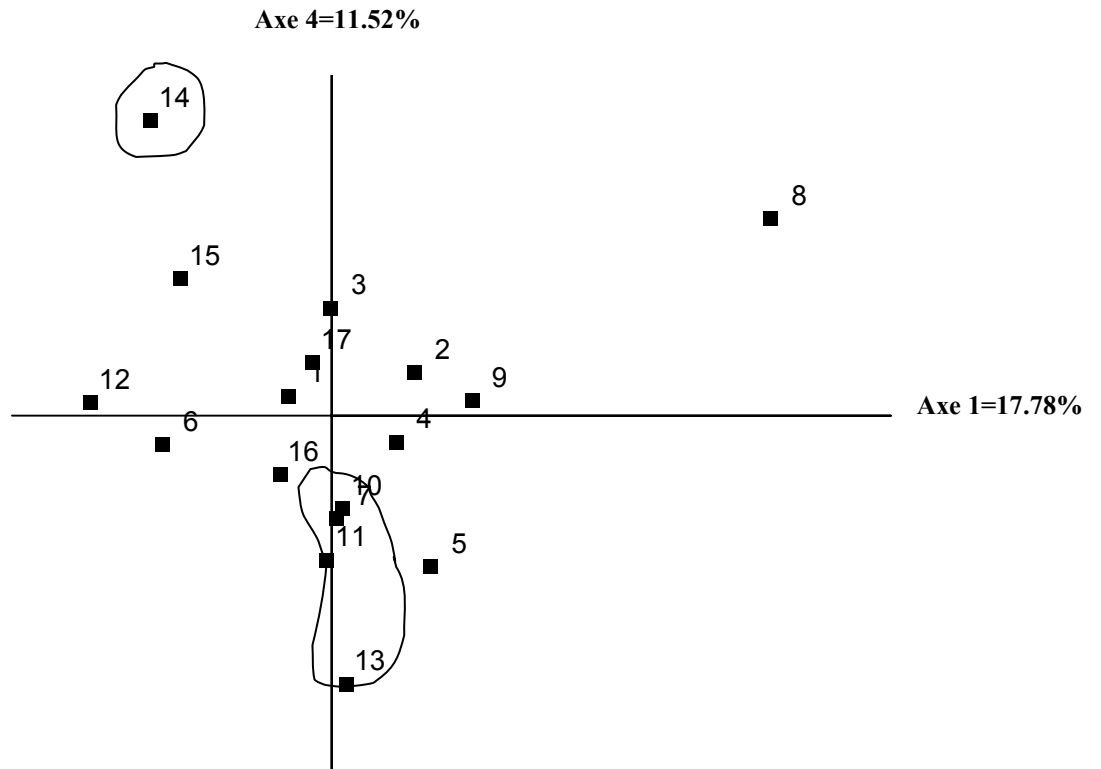


Figure 79: Distribution des individus sur le plan 1/4

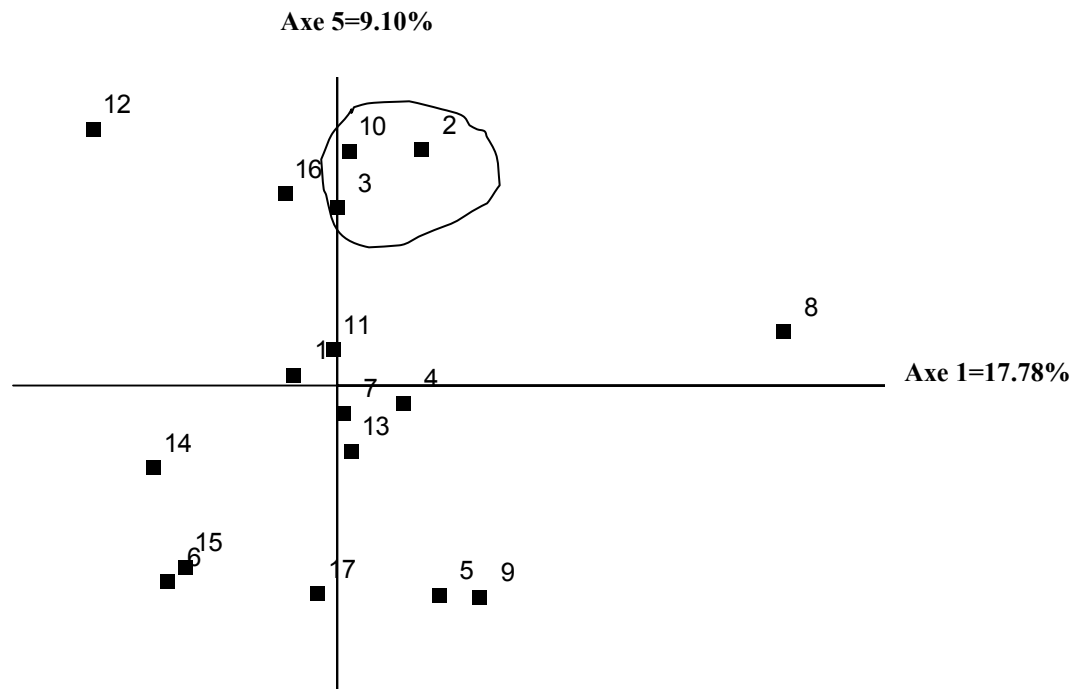


Figure 80: Distribution des individus sur le plan 1/5

## 7. Analyse moléculaire

### 7.1. Quantification et pureté d'ADN

La visualisation des gels agarose par transéliminateur montre que la qualité de l'ADN est bonne, aussi, la quantité d'ADN est suffisante (grosse bande et foncée) pour la suite du travail. Cependant la présence des smires chez quelques échantillons est notée (contaminations ARN). Le tableau 20, représente la quantification de l'ADN extrait des 17 géotypes étudiés et le rapport DO<sub>260</sub> / DO<sub>280</sub>.

**Tableau 20:** Quantification d'ADN extrait par spectrophotométrie.

N°	Géotypes	(ADN) µg/ml	DO <sub>260</sub> / DO <sub>280</sub>	(ADN) YILD
1	LD357	38,4	1,85	3,45
2	SORA	55,4	1,92	4,99
3	CND	169,8	1,27	15,28
4	MIN/COM	56,5	1,8	5,09
5	BM	41,1	1,77	3,69
6	MIN/PLA	44,1	1,82	3,97
7	PLATA	98,9	1,33	8,90
8	MIN/COM/DUC	46,7	1,85	4,20
9	BCR	27,4	2,02	2,46
10	SIG	39	1,4	3,51
11	LDN7	45	1,9	4,05
12	ALTA	52,3	1,91	4,71
13	TAR	49	1,4	4,41
14	LLAR	71,5	1,34	6,44
15	WH	42,6	1,78	3,83
16	VT	53,5	1,79	5,26
17	SH-3	41,9	1,88	3,77

La pureté de l'ADN a été vérifiée par le rapport DO<sub>260</sub> / DO<sub>280</sub>. La valeur de cette mesure varie entre 1.77 et 2.02 pour les géotypes: LD357, SORA, MIN/COM, BM, MIN/PLA, MIN/COM/DUC, BCR, LDN7, ALTA, WH, VT et SH-3, ce qui montre un bon degré de pureté de l'ADN. Tandis que pour le reste des géotypes (CND, PLATA, SIG, TAR et LLAR) la valeur de ce rapport est inférieur à 1.7. Ce résultat dénote une présence d'ARN dans notre ADN mais cela ne va pas affecter le bon déroulement de l'amplification de d'ADN.

### 7.2. Polymorphisme et diversité génétique

L'analyse des gels acrylamide montre la présence du polymorphisme pour certains marqueurs microsatellites et absence d'amplification pour d'autres. La synthèse des profils

électrophorétiques ainsi que la taille des différents allèles pour chaque marqueur microsatellite (SSR) et chaque génotype sont représentées en Annexe 32.

### **Caractérisation des fragments par amorce**

#### **1. WMC167**

L'amorce WMC167 révèle 8 bandes allant de 130 pb à 240 pb, toutes ces bandes sont polymorphes. L'amorce a amplifiée chez l'ensemble des génotypes sauf chez les génotypes LDN7, ALTA et TAR.

Les génotypes LD357, SORA, CND, MIN/COM, MIN/PLA, PLATA, MIN/COM/DUC, BCR, LLAR, WH et VT ont montré deux (02) niveaux alléliques à double dose. Le génotype BM a présenté 4 niveaux alléliques à simple dose quant au génotype SIG, il a présenté 3 niveaux alléliques, une bande à double dose et d'autres andes à simple dose.

#### **2. WMC177**

L'amorce WMC177 à amplifié chez l'ensemble des cultivars et elle a révélé 7 bandes polymorphe allant de 170 pb à 240 pb.

Les cultivars: LD357, SORA, CND, MIN/COM, BM, MIN/PLA, PLATA, ALTA et WH montrent deux (02) niveaux alléliques à double dose.

Les cultivars MIN/COM/DUC, TAR, LLAR et SH-3 présentent trois niveaux alléliques. Les cultivars: BCR, SIG, LDN7 et VT présentent une seule bande à quatre doses.

#### **3. Xgwm11**

L'amorce Xgwm11 à amplifié chez l'ensemble des cultivars sauf les cultivars SORA, ALTA et VT. Ce marqueur révèle 7 bandes polymorphes allant de 170 pb à 260 pb.

Les cultivars MIN/COM, MIN/COM/DUC, LDN7 et SH-3 présentent deux allèles à double doses. Tandis que le cultivar TAR présente trois allèles dont une bande à double dose à un poids moléculaire 180 pb, les deux autres bandes sont à simple dose avec des poids moléculaires 170 pb et 190 pb.

#### **4. Xgwm6**

Ce marqueur révèle 10 bandes polymorphes allant de 150 pb à 270 pb. Cette amorce à amplifie chez l'ensemble des cultivars sauf les variétés MIN/COM, MIN/COM/DUC, ALTA, WH et VT qui ne présentent aucun polymorphisme.

Les cultivars LD357, SORA, CND, MIN/PLA, PLATA, SIG, LDN7, TAR et LLAR montrent deux (02) niveaux alléliques à double doses. Les cultivars: BM, BCR et SH-3 présentent 3 niveaux alléliques.

### **5. WMC63**

Quant à l'amorce WMC63, elle révèle la présence de 9 allèles; 7 allèles sont polymorphes (235 pb, 230 pb, 195 pb, 180 pb, 175 pb, 160 pb et 150 pb) et 2 non polymorphes qui sont de tailles 190 pb et 210 pb. Cette amorce a amplifié chez l'ensemble des cultivars. Les cultivars MIN/COM/DUC et SH-3 présentent trois niveaux alléliques. Les cultivars: SIG, LDN7 et ALTA présentent 04 niveaux alléliques à simple doses, tandis que les autres génotypes présentent 02 niveaux alléliques à double doses.

### **6. Xgwm408**

En ce qui concerne l'amorce Xgwm408, elle révèle la présence de 8 allèles polymorphes allant de 135 pb à 250 pb. Les cultivars : SORA, MIN/COM/DUC et TAR ne présentent aucun polymorphisme. Les cultivars CND, PLATA et SH-3 présentent un seul niveau alléliques. Les cultivars LD357, BM, BCR, SIG, ALTA et WH présentent deux niveaux alléliques à double dose. Le reste des cultivars présentent trois allèles.

### **7. Xgwm135**

Le marqueur Xgwm135, révèle la présence de 6 allèles polymorphes allant de 115 pb à 175 pb. Les cultivars SORA, CND, SIG et LDN7 ne présentent aucun polymorphisme. Les cultivars WH et VT présentent un seul niveau alléliques. Pour le cultivar MIN/COM/DUC présente trois allèles à différents poids moléculaires et différents doses. Les autres cultivars présentent deux niveaux alléliques à double doses.

### **8. WMC54**

Le marqueur WMC54, révèle la présence de 10 allèles polymorphes, dont le poids moléculaires varie de 130 pb à 270 pb. Les cultivars CND, ALTA et WH ne présentent aucun polymorphisme. Les cultivars LD357, BM, LLAR et VT présentent un seul niveau alléliques, pour les cultivars MIN/COM, MIN/PLA, PLATA, BCR, SIG et LDN7 présentent deux allèles à deux niveaux alléliques à double doses. Le reste des cultivars présentent trois niveaux alléliques.

### **9. Xgwm251**

Ce marqueur SSRs présentent 06 allèles polymorphes allant de 100 pb à 195 pb. Les cultivars SORA, BM, MIN/PLA, LDN7, ALTA, TAR et LLAR ne présentent aucun polymorphisme. Pour les cultivars LD357, MIN/COM, PLATA, BCR, WH et VT présentent un seul niveau alléliques à tétra-doses, tandis que pour le cultivar SIG présente trois niveaux alléliques. Le reste des cultivars présentent deux niveaux alléliques à double doses.



**10. Xgwm148**

Cette amorce présente 06 allèles polymorphes allant de 130 pb à 180 pb. Ce marqueur à amplifié chez l'ensemble des cultivars. On note la présente d'un seul allèle chez les cultivars LD357, SORA, BM, PLATA, LDN7 et SH-3, trois allèles chez le cultivar WH et 04 allèles chez le cultivar TAR. Le reste des cultivars présentent deux allèles à double doses.

**11. Xcfa2114**

Cette amorce présente 03 allèles polymorphes allant de 200 pb à 260 pb. Elle à amplifié chez l'ensemble des cultivars. On remarque la présence de deux allèles chez les cultivars SORA, MIN/COM/DUC, SIG, LDN7, ALTA et TAR, tandis que le reste des cultivars présentent un seul niveau alléliques.

**12. WMC166**

Ce marqueur moléculaire à développé 07 allèles polymorphes allant de 200 pb à 345 pb. Les cultivars LD357, CND, MIN/COM et BCR ne présentent aucun polymorphisme. Les cultivars BM, TAR, LLAR et WH présente un seul niveau alléliques à tétra-doses, les cultivars LDN7, et VT présentent trois niveaux alléliques, les cultivars MIN/COM/DUC et ALTA présentent 04 niveaux alléliques à simple doses. Les restes des cultivars présentent 02 niveaux alléliques à double doses.

L'ensemble des 12 loci SSRs employés dans notre étude ont révélés au total la présence de 88 allèles pour l'ensemble des cultivars, dont la taille varie de 100 à 345 pb, avec un nombre d'allèles par microsatellite qui oscille entre 3 à 10 (Tableau 22), soit d'une moyenne de 7.16 allèles/locus. Le nombre d'allèles pour l'ensemble des marqueurs pour chaque cultivar varie de 15 allèles pour le cultivar N° 3 (CND) à 25 allèles pour les cultivars 8 (MIN/COM/DUC) et 17 (SH-3). Le nombre d'individus correspondant à chaque allèle et à chaque marqueur sont représenté aussi dans le Tableau 22.

**Tableau 21:** Nombre d'allèles détecté, taille des différents locus et nombre d'individus  
Correspondant à chaque allèle.

Locus	Nombre d'allèles	Tailles (pb)	Allèles									
			A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
WMC167	8	130-240	1	2	10	1	9	4	1	2		
WMC177	7	170-240	1	1	5	10	1	10	6			
Xgwm11	7	170-260	4	4	1	1	5	3	2			
Xgwm6	10	270-150	2	1	5	1	3	6	5	2	1	1
WMC63	9	150-235	1	1	17	2	17	1	1	1	1	
Xgwm408	8	135-250	1	8	1	1	2	9	2	6		
Xgwm135	6	115-175	8	2	1	1	2	11				
WMC54	10	130-270	1	1	1	3	5	1	8	2	2	3
Xgwm251	6	100-195	1	1	1	2	8	2				
Xgwm148	6	130-180	9	3	3	1	8	7				
Xcfa2114	3	200-260	13	3	7							
WMC166	8	240-345	1	7	1	2	7	4	5			

La représentation graphique de chaque génotype pour l'ensemble des marqueurs permet une meilleure illustration. Pour un génotype donné chaque couleur correspond à un niveau allélique. L'allèle le plus fréquent de chaque locus est représenté en rouge; les autres allèles sont représentés par d'autres couleurs comme l'indique la figure 81. L'allèle nul est représenté sans couleur.

En général, une certaine homogénéité alléliques est notée pour les génotypes SORA, SIG, LDN7 et VT. Pour les restes des génotypes (LD357, CND, MIN/COM, BM, MIN/PLA, PLATA, MIN/COM/DUC, BCR, ALTA, TAR, LLAR, WH et SH-3), les couleurs sont beaucoup plus variables (Figure 81).

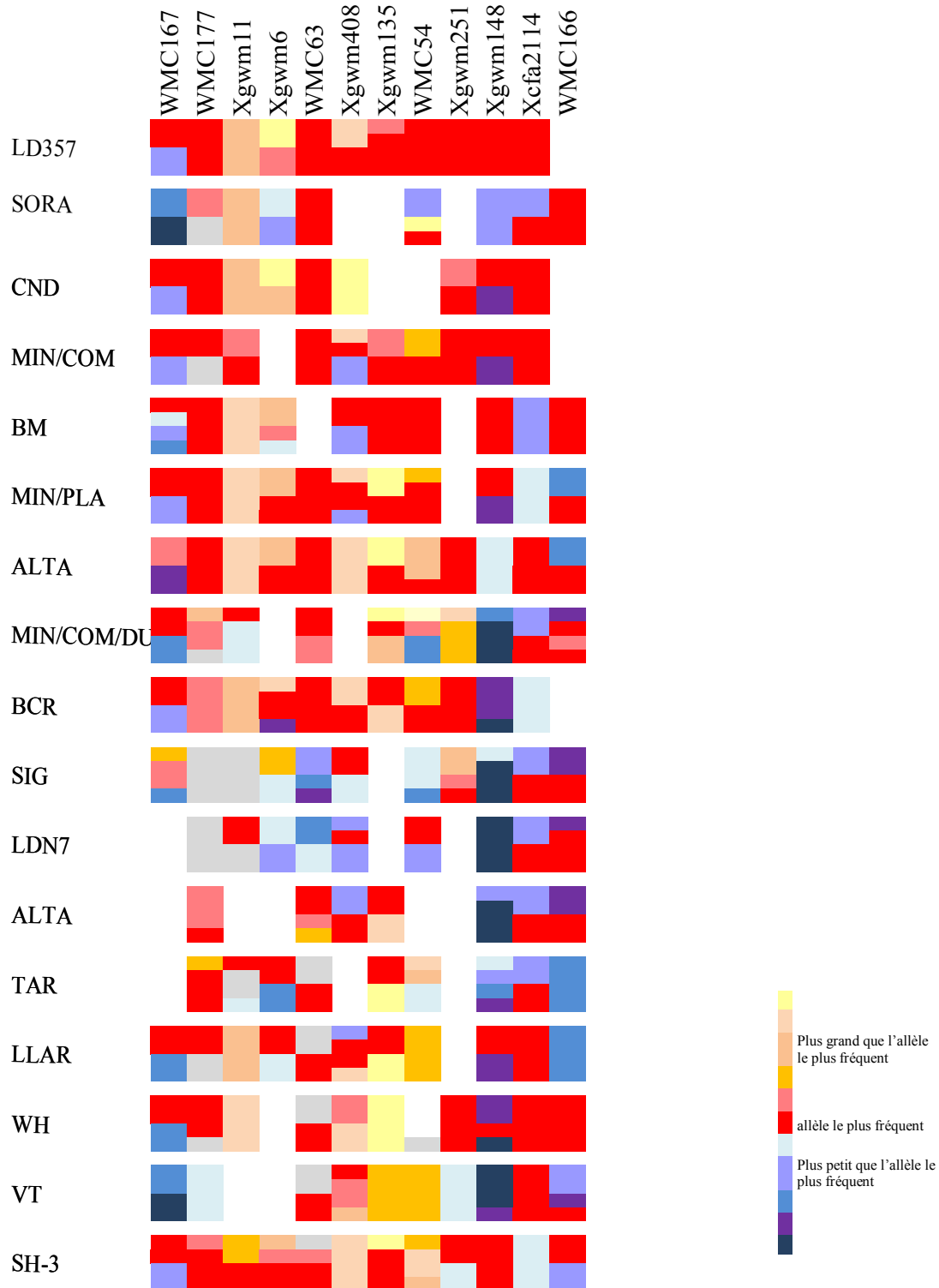


Figure 81: Représentation graphique des 17 génotypes.

### 7.3. Similarité génétique et analyse du cluster

#### 7.3.1. Similarité génétique

Une matrice de similarité génétique a été calculée, selon la méthode de Nei et Li (1979), entre chaque paire des 17 génotypes pour l'ensemble des marqueurs microsatellites. La valeur de similarité minimale a été notée entre les lignées MIN/PLA et LLAR (0.29) alors que la maximale (0.96) a été observé entre 02 paires de génotypes soit: le génotype MIN/PLA avec le génotype SIG et la variété BM avec VT (Tableau 23).

**Tableau 22:** Matrice de distance génétique entre chaque paire des 17 génotypes.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
2	0.81	<sup>1</sup>														
3	0.42	0.71	<sup>1</sup>													
4	0.4	0.85	0.48	<sup>1</sup>												
5	0.56	0.81	0.77	0.69	<sup>1</sup>											
6	0.65	0.81	0.65	0.46	0.46	<sup>1</sup>										
7	0.6	0.85	0.67	0.56	0.69	0.48	<sup>1</sup>									
8	0.9	0.65	0.88	0.73	0.85	0.85	0.85	<sup>1</sup>								
9	0.46	0.77	0.58	0.42	0.81	0.46	0.65	0.81	<sup>1</sup>							
10	0.9	0.67	0.83	0.92	0.88	<b>0.96</b>	0.88	0.73	0.92	<sup>1</sup>						
11	0.9	0.5	0.88	0.83	0.75	0.83	0.92	0.75	0.92	0.5	<sup>1</sup>					
12	0.81	0.69	0.81	0.67	0.71	0.69	0.79	0.63	0.75	0.77	0.58	<sup>1</sup>				
13	0.81	0.65	0.79	0.73	0.77	0.63	0.65	0.71	0.79	0.81	0.67	0.6	<sup>1</sup>			
14	0.5	0.65	0.52	0.42	0.63	<b>0.29</b>	0.58	0.81	0.48	0.85	0.77	0.67	0.54	<sup>1</sup>		
15	0.58	0.81	0.5	0.4	0.77	0.56	0.52	0.73	0.6	0.88	0.9	0.65	0.77	0.56	<sup>1</sup>	
16	0.85	0.73	0.79	0.65	<b>0.96</b>	0.79	0.83	0.73	0.77	0.79	0.81	0.69	0.83	0.67	0.65	<sup>1</sup>
17	0.6	0.9	0.71	0.58	0.65	0.46	0.6	0.79	0.56	0.98	0.92	0.85	0.75	0.6	0.69	0.81

#### 7.3.2. Analyse du Cluster

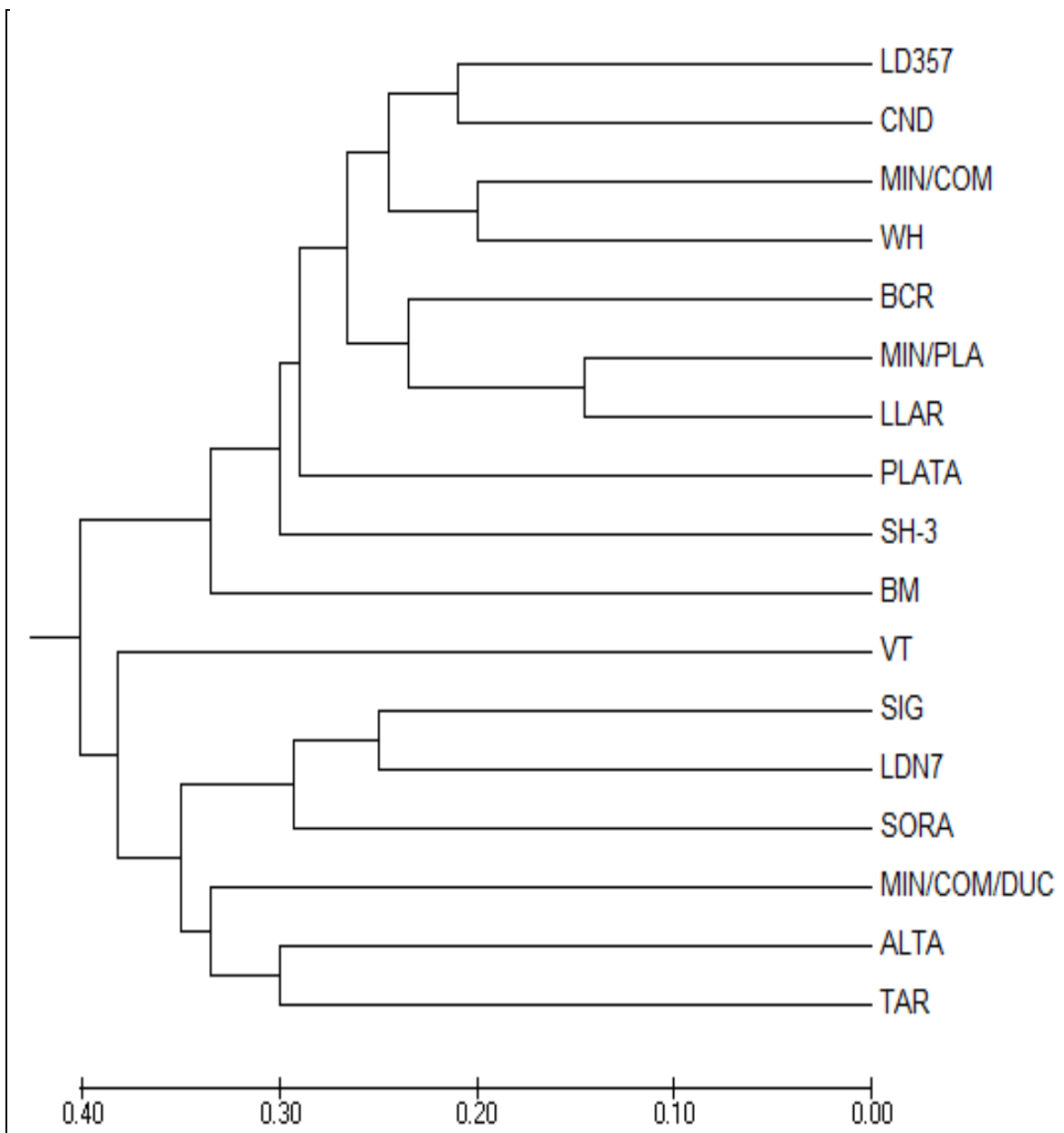
A partir de la matrice de similarité génétique, nous avons effectué une analyse cluster selon la procédure UPGMA pour les 17 génotypes.

Le dendrogramme résultant de cette analyse suggère la présence d'une diversité génétique dans notre germoplasme étudié (Figure 82).

En découpant ce dendrogramme à 0.37, nous avons dégagé deux principaux groupes. Ce point de coupure est choisi de manière subjective.

Le Groupe 1: est composé de 05 sous groupes, le premier sous groupe est composé des génotypes TAR et ALTA, le deuxième est composé uniquement du génotype MIN/COM/DUC, le troisième sous groupe est composé uniquement de SORA, le quatrième sous groupe est composé des génotypes LDN7 et SIG des génotypes, quant au cinquième sous groupe, il est composé uniquement de la variété VT.

Le Groupe 2: est composé de 07 sous groupes ; le premier est composé uniquement du génotype BM, le deuxième, il est composé aussi uniquement du génotype SH-3, le troisième est composé aussi d'un seul génotype PLATA. Le quatrième sous groupe est composé des génotypes LLAR et MIN/PLA, pour le cinquième groupe, il est composé uniquement de BCR, le sixième groupe est composé de deux génotypes WH et MIN/COM, le dernier groupe est composé de CND et LD357.



**Figure 82:** Dendrogramme résultant d'une analyse de cluster UPGMA de 17 génotypes.

#### **7.4. Associations marqueur - phénotype**

Sur les 12 marqueurs microsatellites utilisés, sauf 08 microsatellites ont été associés d'une manière significative avec une partie des traits étudiés (phénologiques, morphologiques et physiologiques) soit: la date d'épiaison (DE), le taux de chlorophylle (Ch), la hauteur des plants (HP), la largeur foliaire (LRF), la longueur du pédoncule (LP), le nombre d'épillets par épi (Népit/épi), le nombre de talles total (NTT), le poids de grains par épi (PG/épi) et le rendement (RDT) (Tableau 23).

Un marqueur moléculaire est caractérisé par son action sur le caractère étudié. Cette action peut être évaluée par le calcul de la part de la variation phénotypique  $R^2$ . Un  $R^2$  de 0,54 signifie que 54% de la variation phénotypique est due au marqueur moléculaire. L'environnement est un facteur important, il peut avoir une incidence importante sur l'effet des marqueurs. Ils peuvent apparaître, disparaître ou avoir des effets différents en fonction des lieux et des années. Environ 30% des QTLs identifiés présenteraient une interaction avec l'environnement (Asins, 2002). Nos résultats montrent que le coefficient de détermination  $R^2$  varie entre 66.21% à 93.39% de la variation phénotypique (Tableau 23).

**Tableau 23:** Corrélations des marqueurs avec les différents variables étudiés.

Marqueur	Chromosome	Variabes	Nombre de locis	Probabilité	R <sup>2</sup> (%)
<b>WMC54_7</b>	3B	Taux de chlorophylle (Ch)	01	0.0156*	81.78
WMC54_8				0.0172*	
WMC54_10				0.0049**	
<b>Xgwm6_2</b>	4B	Date d'épiaison (DE)	01	0.0011**	86.11
<b>Xgwm251_1</b>	4B	Hauteur de la plante (HP)	01	0.002**	68.20
<b>Xgwm408_1</b>	5B	Longueur du pédoncule (LP)	02	0.001**	88.55
<b>Xgwm251_2</b>	4B			0.0093**	73.17
Xgwm251_4				0.0012**	
Xgwm251_6				0.0090**	
<b>WMC167_1</b>	2B	Largeur foliaire (LRF)	02	0.025*	73.19
WMC167_2	0.0009***				
<b>Xgwm148_2</b>	2B			0.0171*	67.91
<b>WMC177_2</b>	2A	Nombre d'épillets/épi (Nept/épi)	02	0.0011**	73.78
<b>Xgwm148_3</b>	2B			0.0054**	68.03
<b>Xgwm6_2</b>	4B	Nombre de talles totales (NTT)	01	0.0002***	93.39
<b>Xgwm148_3</b>	2B	Poids de grains/épi (PG/épi)	01	0.0201*	70.11
Xgwm148_5				0.0430*	
<b>Xgwm11_2</b>	1B	Rendements (RDT)	03	0.0461*	73.49
Xgwm11_6				0.0416*	
Xgwm11_7				0.0484*	
<b>Xgwm6_1</b>	4B			0.0071**	91.75
Xgwm6_3				0.0319*	
Xgwm6_5				0.0374*	
Xgwm6_9				0.0032**	
<b>Xgwm148_5</b>	2B	0.0378*	66.21		

Les probabilités de signifiante sont indiquées en symbole : \*P < 0.05, \*\* P < 0.01, \*\*\* P < 0.001.

#### **7.4.1. Le taux de chlorophylle (Ch)**

Le marqueur SSRs WMC54 est significativement associé avec le taux de la chlorophylle ( $p < 0.05$ ) localisé sur le chromosome 3B avec 81.78% de variation phénotypique total (Tableau 23). Cette variation est enregistré chez les génotypes 1 (LD357), 2 (SORA), 4 (MIN/COM), 5 (BM), 6 (MIN/PLA), 7 (PLATA) et 9 (BCR) (allèle 180pb), chez les génotypes 10 (SIG) (allèles 170pb et 130 pb), le génotype 13 (TAR) (allèle 170pb) et le génotype 8 (MIN/COM/DUC) (130pb). Ces résultats sont en accord avec ceux rapportés par Bousba *et al.*, 2013.

#### **7.4.2. La date d'épiaison (DE)**

Le marqueur SSRs Xgwm6 est significativement associé avec la date d'épiaison (DE) ( $p < 0.01$ ) localisé sur le chromosome 4B avec 86.11% de variation phénotypique total (Tableau 23). Cette variation est enregistré chez les génotypes 9 (BCR) (allèle 230 pb). Diab *et al.*, 2008 ont montré l'existence sur le chromosome 4B de plusieurs gènes de résistance a la sécheresse tel que les (XBM816640, XBM816848 et XBM816121). Aussi plusieurs recherches antérieurs ont mis en évidence l'importance de cette région du chromosome 4B, pour la tolérance à la sécheresse chez le blé dur, vu La présence des loci Loxmjt et Lox11-1, gènes codant pour la lipoxygénase, ces gènes co-segrent avec les Qtls des traits morphophysiologiques. La lipoxygénase est une enzyme qui a été isolé des plantes lors d'un stress hydrique (Bell and Mullet, 1991). Cependant le rôle physiologique de gène de lipoxygénase n'a pas été bien déterminé, plusieurs études montrent sa corrélation avec la tolérance a la sécheresse ce qui laisse suggérer son rôle dans la tolérance à la sécheresse chez le blé dur. De cet effet, cette région peut être utilisée en programme d'amélioration pour la tolérance à la sécheresse chez le blé dur.

#### **7.4.3. Caractères morphologiques**

Le marqueur moléculaire Xgwm251 est significativement associé à la hauteur de la plante (HP) ( $p < 0.01$ ) et à la longueur du pédoncule (LP) ( $p < 0.01$ ) localisé sur le chromosome 4B avec respectivement 68.20% et 73.17% de variation phénotypique (Tableau 23). Cette variation est enregistré chez le génotype 8 (MIN/COM/DUC) (allèle 195 pb) pour la hauteur de la plante, tandis que pour la longueur du pédoncule, la variation phénotypique est enregistré chez le génotype 10 (SIG) (allèle 180pb), les génotypes 3 (CND) et 10 (SIG) (allèles 150) et chez les génotypes 16 (VT) et 17 (SH-3) (allèle 100pb).



Le marqueur moléculaire Xgwm408 est aussi significativement associé à la longueur du pédoncule (LP) ( $p < 0.01$ ) localisé sur le chromosome 5B avec 88.55% de variation phénotypique enregistré chez le génotype 3 (CND) (allèle 250pb).

Le marqueur moléculaire WMC167 est significativement associé à la largeur foliaire (LRF) ( $p < 0.01$ ), localisé sur le chromosome 2B avec 73.19% de variation phénotypique enregistré chez le génotype 10 (SIG) (allèle 240) et les génotypes 7 (PLATA) et 10 (SIG) (allèle 200). Ce résultat est en accord avec ceux rapportés par Bousba R. *et al.*, 2013. Ils ont trouvé que ce marqueur est lié à la surface foliaire.

Le marqueur microsatellite Xgwm148 est aussi significativement associé à la variable largeur foliaire (LRF) ( $p < 0.05$ ), localisé sur le chromosome 2B avec 67.91% de variation phénotypique enregistré chez les génotypes 1 (LD357), 4 (MIN/COM), 6 (MIN/PLA), 7 (PLATA), 9 (BCR), 14 (LLAR), 15 (WH) et 17 (SH-3) (allèle 200).

#### **7.4.4. Rendements et composantes du rendement**

Le marqueur microsatellite Xgwm148 est aussi significativement associé à la variable nombre d'épillets par épi (Nept/épi) ( $p < 0.01$ ), au poids de grains par épi (PG/épi) ( $p < 0.05$ ) et au rendement (RDT) avec respectivement 68.03%, 70.11% et 66.21% de variation phénotypique. Cette variation est enregistrée chez le génotype 16 (VT) (allèle 180) et chez les génotypes 16 (VT) et 15 (WH) (allèle 160) respectivement pour les caractères Nept/épi, PG/épi et RDT.

Le marqueur WMC177 est significativement associé au nombre d'épillets par épi (Nept/épi) ( $p < 0.01$ ), il est localisé sur le chromosome 2A avec 73.78% de variation phénotypique enregistré chez le génotype 13 (TAR) (230pb). Les résultats obtenus dans ce marqueur sont comparables avec ceux obtenus par plusieurs recherches antérieures, montrant la localisation des gènes et Qtls de tolérance aux conditions du milieu sur les chromosomes 2A.

Bousba R. *et al.*, 2013, ont trouvé que ce marqueur est lié aux paramètres de rendements.

Le marqueur Xgwm11 est significativement associé au rendement (RDT) ( $p < 0.05$ ), localisé sur le chromosome 1B avec 73.49% de variation phénotypique enregistrée chez les génotypes 1 (LD357), 3 (CND), 9 (BCR) et 14 (LLAR) (allèle 250pb), 10 (SIG), 11 (LDN7) et 13 (TAR) (allèle 180pb) et les génotypes 8 (MIN/COM/DUC) et 13 (TAR) (allèle 170pb).

Certains marqueurs sont associés à un seul caractère tel que le marqueur WMC54, WMC177, Xgwm408, WMC167 et le Xgwm11, tandis que d'autres sont associés à la variation de plusieurs caractères à la fois, tel que le marqueur Xgwm6 qu'est impliqué dans la variation des traits suivants date d'épiaison (DE), nombre de talles total (NTT) et le rendement (RDT),

le marqueur Xgwm251 est impliqué dans la variation de la hauteur de la plante (HP) et la longueur du pédoncule (LP), Ces deux locus sont localisé sur le chromosome 4B. Le marqueur SSRs Xgwm148 localisé sur le chromosome 2B, est impliqué dans la variation des traits suivants; le rendement (RDT), le nombre d'épillets par épi (Nept/épi), poids de grains par épi (PG/épi) et la largeur foliaire (LRF). Un caractère quantitatif est le résultat de l'expression de plusieurs gènes qui influencent partiellement le caractère (De Vienne et Causse, 1998). (Roy et al, 2006, Xiaoqing Y et al, 2011). Plus il ya des gènes impliqués et plus l'influence de chaque gène sur le caractère ciblé sera susceptible d'être faible. Quand seuls quelques gènes affectent le caractère, la détection de QTL sera plus facile que quand de nombreux gènes sont impliqués car les effets individuels seront plus élevés (Doerge *et al.*, 1997, Kearsy et Farquhar, 1998). Ces résultats sont en accord avec ceux rapportés par Börner *et al.*, 2002, qui ont identifiés 88 gènes majeurs, contrôlant la réduction de la hauteur de la plante, positionnés sur le chromosome 4B et 7B détectés par Quarrie *et al.*, 2005 and 2006).

D'autres QTLs décrits dans la littérature situés au niveau des mêmes régions chromosomiques, ont été détecté. Diab *et al.*, 2008 ont localisés des QTLs et des gènes candidats de tolérance à la sécheresse sur les chromosomes 1B, 2A, 3B, 4B et 5B associés avec les caractères physiologiques.

# CONCLUSION

L'introduction de nouvelles variétés en céréaliculture dans les essais expérimentaux étaient la prélude de l'intensification et de la diversification des grandes cultures en Algérie. Notre travail a consisté à l'étude du comportement de 17 génotypes de blé dur à travers les aspects phénologiques, morphologiques, physiologiques et biochimiques complété par un marquage moléculaire et une étude d'association dont le but est de déterminer la génétique de la variation phénotypique de cette espèce, dans les conditions de la Mitidja et sous stress hydrique.

Pour l'étude du comportement des génotypes dans les conditions de la Mitidja, les résultats ont montrés que le génotype MIN/PLA se distingue par une durée d'épiaison la plus courte contrairement au génotype BCR qui se traduit par la durée d'épiaison la plus longue. Les génotypes SORA, ALTA et LLAR se distinguent par une longueur des barbes (LB), longueur de l'épi (LE), poids de milles grains (PMG), poids des grains par épis (PG/épis) et un rendement très importants. Le génotype TAR se caractérise par une hauteur des plantes (HP), une largeur des épis (LRE), un nombre de grains/épis (NG/EPI), un nombre d'épillets par épis (Nept/épi) et un taux de la chlorophylle (Ch) très élevé. La lignée PLATA est caractérisée par une vitesse de croissance (V) et une surface foliaire (SF) plus élevé.

Pour l'étude du comportement des 17 génotypes en conditions semi-contrôlées, les résultats ont montrés que l'effet du stress hydrique sur les fonctions morphologiques et physiologiques des plantes de blé dur se traduit par une baisse significative de la hauteur des plantes (HP), la longueur du pédoncule (LP), la longueur de l'épi (LE), la surface foliaire (SF), le nombre de talles total (NTT), la partie de la matière fraîche total (MSFT), la matière sèche total (MSST), le poids de milles grains PMG, le taux de chlorophylle (Ch), la teneur relative en eau (TRE%). Par contre une augmentation significative de la profondeur maximale des racines est observée sous stress hydrique.

Le statut du développement foliaire a été, d'une façon générale, peu affecté par le stress hydrique. Ces résultats sont en accord avec ceux obtenus par Lawlor *et al.*, (1981) et Semiani M. (1997).

La caractérisation biochimique des plantes de blé permet de distinguer les plantes les plus tolérantes à la sécheresse. Ainsi, pour garder le potentiel de turgescence aussi élevé que possible, les variétés de blé dur étudiées ont accumulé de la proline à l'intérieur de leurs cellules. Cette augmentation de la concentration a été observée nettement chez la variété BM. La plus faible accumulation a été enregistré chez les lignées PLATA et SH-3.

La variabilité phénotypique expliquée par les effets des gènes a été étudiée grâce aux approches statistiques de la génétique d'association. Cette étude a permis de mettre en évidence une association significative entre le phénotype et les marqueurs moléculaires utilisés. Certains marqueurs sont associés à un seul caractère tel que les marqueurs WMC54 associé significativement à la chlorophylle, WMC177 associé significativement au nombre d'épillets par épi, Xgwm408 associé significativement à la longueur du pédoncule, WMC167 associé significativement à la largeur foliaire et Xgwm11 associé significativement au rendement, tandis que d'autres sont associés à la variation de plusieurs caractères à la fois, tel que le marqueur Xgwm6 qui est impliqué dans la variation des traits suivants date d'épiaison (DE), nombre de tiges total (NTT) et le rendement (RDT), le marqueur Xgwm251 est impliqué dans la variation de la hauteur de la plante (HP) et la longueur du pédoncule (LP), Ces deux locus sont localisés sur le chromosome 4B. Le marqueur Xgwm148 localisé sur le chromosome 2B, est impliqué dans la variation des traits suivants: le rendement (RDT), le nombre d'épillets par épi (Nept/épi), poids de grains par épi (PG/épi) et la largeur foliaire (LRF).

En perspective, pour mieux comprendre les mécanismes qui permettent à une plante de s'adapter à son environnement abiotique, il est nécessaire de mettre les variétés à pousser dans des sols autres que son origine. Aussi, on espère pouvoir utiliser un nombre beaucoup plus élevé de marqueurs microsatellites SSRs de façon à couvrir tout le génome de cette espèce pour identifier le maximum de gènes responsables de chaque caractère phénotypique.

# **ANNEXES**

## 1a : Dispositif expérimental au champs

<b>Bloc1</b>	<b>Bloc 2</b>	<b>Bloc3</b>
<i>Cultivars</i>	<i>Cultivars</i>	<i>Cultivars</i>
11	11	10
15	4	2
4	2	14
2	15	4
17	3	9
5	1	3
13	6	1
7	13	12
10	9	15
3	8	7
9	7	16
12	10	17
8	5	5
14	14	11
16	12	6
1	16	8
6	17	13

**1b : Dispositif expérimental en conditions semi-contrôlées**

Bloc1		Bloc2		Bloc3	
Traitement stressé	Traitement irrigué	Traitement stressé	Traitement irrigué	Traitement irrigué	Traitement stressé
1	17	1	15	16	9
14	2	8	10	3	10
6	7	14	12	6	11
4	16	3	6	12	13
9	11	5	13	1	7
5	15	6	17	10	3
3	5	2	3	11	14
17	8	10	7	17	5
7	10	12	14	15	15
16	1	11	5	14	1
11	4	15	9	2	12
2	14	17	2	8	17
13	13	4	11	4	4
15	6	9	4	7	8
12	12	16	16	9	2
10	9	7	1	13	6
8	3	13	8	5	16

**2: Préparation du gel agarose 1%**

Agar.....1g.

TBE 0.5X..... 100 ml.

10micrl.....BET.



### 3: Extraction d'ADN

#### a. Préparation du lysat:

1. Prélever le matériel végétal au stade 02 feuilles;
2. Broyer 100 mg de feuilles fraîches dans l'azote liquide;
3. Ajouter de 15  $\mu$ l du SDS 20% et 15  $\mu$ l RNase A et incuber à 55°C pendant 15mn pour compléter la lyse.



*Broyage des feuilles récupéré dans l'azote liquide.*

4. Centrifuger le lysat à une vitesse élevée pendant 5mn et transférer le surnageant vers de nouveaux tubes eppendorfs;
5. Ajouter 100  $\mu$ l du buffer de précipitation (fournis par le kit), bien mélanger à l'aide d'un vortex ensuite incuber dans la glace pendant 5mn;
6. Centrifuger pendant 5 mn;
7. Transférer 250  $\mu$ l du surnageant (lysat clair) vers de nouveaux tubes et ajouter 375  $\mu$ l de binding buffer (fournis par le kit).



*Ajout du buffer de Précipitation.*

#### b. Purification de l'ADN:

Mettre la solution obtenu dans l'étape 7 (préparation du lysat) dans les tubes spin cartridge (fournis par le kit) et centrifuger pendant 30 s à 10000 xg;

2. Placer les spins cartridge dans les tubes de lavage;



*centrifugation*

3. Ajouter 500  $\mu$ l de la solution de lavage (W4) et centrifuger à 10000 xg pendant 30 s;
4. Jeter le liquide du tube de lavage et placer la colonne de nouveau dans le tube;
5. Ajouter 500  $\mu$ l de la solution de lavage (w5) et centrifuger à 10000 xg pendant 30 s;
6. Jeter le liquide du tube de lavage et placer la colonne de nouveau dans le tube;
7. Répéter les deux dernières opérations encore 1 fois;
8. Centrifuger les tubes à vitesse maximale pendant 2 mn, à fin d'éliminer les résidus de la solution de lavage W5.

*c. Elution de l'ADN:*

1. Placer le spin cartridge dans un nouveau tube et ajouter 100  $\mu$ l de buffer d'élution (E1);
2. Incuber à température ambiante pendant 1 mn et centrifuger à vitesse maximale pendant 1 mn.

Le tube d'élution contient de l'ADN purifiée. A fin de vérifier la qualité d'ADN (présence ou absence), les échantillons extraits sont déposés dans des puits sur gel d'agarose à 1% pour une migration électrophorétique, la révélation a été réalisé sous exposition ultra violet à l'aide d'un transéliminateur (Macro vue, UV 20, Hofer).

Pour ce qui est de la quantification de l'ADN, elle a été réalisé par l'utilisation d'un Biophotomètre (eppendorf biophotometer plus), la lecture a été effectuée à une DO égale à 260 nm. Pour la pureté de notre ADN, elle a été évalué par la mesure de la DO à 280 nm et le calcul du rapport  $DO_{260} / DO_{280}$  par le même appareil.

**4: Composition du TBE10X**

Tris bas.....107.81 g  
EDTA (Na<sub>2</sub>H<sub>2</sub>O).....7.45g  
Complété avec de l'eau distillée jusqu'à 1 litre.

**5: Préparation du persulfate d'ammonium à 10% (APS 10%)**

Persulfate d'ammonium.....1g.  
Eau ultra pure.....10 ml.

**6: Dates du semis, épiaison, floraison, la durée d'épiaison et l'analyse de la variance de la durée d'épiaison en plein champs durant la campagne 2014/2015.**

N°	Génotypes	Semis	épiaison	Floraison	Semis-épiaison (jours)
1	LD357	17/11/2014	10/03/2015	20/03/2015	114
2	SORA	17/11/2014	17/03/2015	20/03/2015	121
3	CND	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
4	MIN/COM	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
5	BM	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
6	MIN/PLA	17/11/2014	10/03/2015	20/03/2015	<b>114</b>
7	PLATA	17/11/2014	10/03/2015	20/03/2015	<b>114</b>
8	MIN/COM/DUC	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
9	BCR	17/11/2014	30/03/2015	04/04/2015	<b>134</b>
10	SIG	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
11	LDN7	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
12	ALTA	17/11/2014	16/03/2015	20/03/2015	120
13	TAR	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
14	LLAR	17/11/2014	18/03/2015	20/03/2015	122
15	WH	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
16	VT	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
17	SH-3	17/11/2014	15/03/2015	20/03/2015	119
Effet génotypes		41.92*			

**7: Résultats de l'analyse de la variance pour la hauteur des plants pour les en plein champs**

N°	Génotypes	Hauteurs des plans (cm)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	70.23	69,66	2.89***	3.36NS	0.25NS	8.09	9.2	2.86
02	SORA	80.40	80,44						
03	CND	82.53	83,55						
04	MIN/COM	76.78	77,77						
05	BM	<b>84.42</b>	<b>85,77</b>						
06	MIN/PLA	77.64	67						
07	PLATA	75.73	75,66						
08	MIN/COM/DUC	<b>64.38</b>	<b>67,27</b>						
09	BCR	75.15	75,55						
10	SIG	78.53	77,88						
11	LDN7	75.90	75						
12	ALTA	75.56	73,77						
13	TAR	81.23	81,22						
14	LLAR	77.30	78,33						
15	WH	76.18	76,11						
16	VT	70.71	70,83						
17	SH-3	74.60	72,38						
	Moyenne	<b>76.31</b>	<b>75.8</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV (%)= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année : Effet interaction entre la variété et l'année, \*\*\*très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS : Non Significative.

## 8: Analyse de la variance pour la hauteur des plants en conditions semi-contrôlées.

N°	Géotypes	Hauteurs des plants (cm)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	62,74	43,36	1.58*	251.07***	0.55NS	8.68	9.9	3.07
02	SORA	66,08	<b>41,64</b>						
03	CND	62,26	45,86						
04	MIN/COM	<b>69,35</b>	48,79						
05	BM	60,53	<b>54,31</b>						
06	MIN/PLA	62,84	47,47						
07	PLATA	61,9	48,34						
08	MIN/COM/DUC	<b>56,84</b>	44,11						
09	BCR	63,42	45,92						
10	SIG	63,41	47,74						
11	LDN7	64,91	51,49						
12	ALTA	61,64	41,87						
13	TAR	65,12	47,25						
14	LLAR	62,25	42,41						
15	WH	61,74	43,60						
16	VT	63,41	45,10						
17	SH-3	59,43	44,25						
	Moyenne	<b>62.82</b>	<b>46.09</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS à 5% : la plus petite différence significatif à 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \* différence significative, \*\*\*très hautement significative (p<0.001), NS : Non Significative.

**9: Résultats de l'analyse de la variance pour la longueur du pédoncule des plants pour les différents génotypes en plein champs.**

N°	Variétés	Longueur du pédoncule (cm)		F. Test			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	24.3	24.72	3.18***	0.0NS	0.05NS	8.59	36.7	1.77
02	SORA	21.46	20.22						
03	CND	<b>34.97</b>	34.44						
04	MIN/COM	16.15	16.27						
05	BM	<b>14.16</b>	16.61						
06	MIN/PLA	15.93	<b>14.11</b>						
07	PLATA	18.15	16.88						
08	MIN/COM/DUC	19.85	23.27						
09	BCR	16.08	15.72						
10	SIG	19.68	19.55						
11	LDN7	18.77	19.56						
12	ALTA	16.15	14.44						
13	TAR	18.69	18.89						
14	LLAR	14.91	15.44						
15	WH	23.06	22.5						
16	VT	29.54	<b>28.67</b>						
17	SH-3	23.61	22.91						
<i>Moyenne</i>		<b>20.32</b>	<b>20.25</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV (%)= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année : Effet interaction entre la variété et l'année, \*\*\*très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS : Non Significative.

**10: Analyse de la variance pour la longueur du pédoncule des plants en condition semi-contrôlées.**

N°	Génotypes	Longueur du pédoncule (cm)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	15.13	6.05	2.47**	543.46***	1.09NS	2.01	15.8	0.71
02	SORA	15.43	5.84						
03	CND	16.66	7.38						
04	MIN/COM	14.99	6.95						
05	BM	<b>11.62</b>	7.69						
06	MIN/PLA	14.32	7.09						
07	PLATA	15.59	7.43						
08	MIN/COM/DUC	12.48	6.85						
09	BCR	15.42	7.80						
10	SIG	<b>18.03</b>	<b>8.18</b>						
11	LDN7	16.70	8.12						
12	ALTA	13.91	<b>4.80</b>						
13	TAR	17.32	8.05						
14	LLAR	14.40	6.79						
15	WH	14.18	6.70						
16	VT	13.91	5.62						
17	SH-3	15.66	7.59						
Moyenne		<b>15.04</b>	<b>7.00</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\*différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), \*\*différence hautement significative ( $p < 0.01$ ). NS: Non Significative.

**11: Résultats d'analyse de la variance pour la longueur de l'épi des plants en plein champs.**

N°	Variétés	Longueur de l'épi (cm)		Test. F			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	7.25	7.06	2.37***	0.0NS	0.24NS	1.0513	12.5	0.91
02	SORA	7.7	7.62						
03	CND	7.82	7.88						
04	MIN/COM	<b>6.4</b>	7.22						
05	BM	6.79	6.67						
06	MIN/PLA	8.19	7.39						
07	PLATA	6.31	6.83						
08	MIN/COM/DUC	7.35	7.67						
09	BCR	7.31	7,00						
10	SIG	6.39	<b>6.33</b>						
11	LDN7	6.78	6.89						
12	ALTA	7.38	7.22						
13	TAR	7.82	7.83						
14	LLAR	7.32	7.56						
15	WH	7.44	7.47						
16	VT	<b>8.56</b>	<b>8.67</b>						
17	SH-3	6.98	6.61						
<i>Moyenne</i>		<b>7.28</b>	<b>7.29</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année : Effet interaction entre la variété et l'année, \*\*\*Différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS : Non Significative.



**12: Analyse de la variance pour la longueur de l'épi des plants en conditions semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	Longueur de l'épi (cm)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	6.74	5.85	1.50 *	29.70***	0.77NS	0.798	10.7	0.28
02	SORA	<b>7.59</b>	6.22						
03	CND	6.87	6.42						
04	MIN/COM	6.72	5.67						
05	BM	6.16	<b>5.38</b>						
06	MIN/PLA	7.26	6.26						
07	PLATA	7.12	6.06						
08	MIN/COM/DUC	7.13	6.19						
09	BCR	7.39	6.51						
10	SIG	<b>5.86</b>	6.26						
11	LDN7	7.18	5.78						
12	ALTA	6.97	5.98						
13	TAR	6.66	5.92						
14	LLAR	6.92	<b>6.59</b>						
15	WH	6.99	6.52						
16	VT	7.05	5.73						
17	SH-3	6.07	5.99						
Moyenne		<b>6.85</b>	<b>6.10</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation,\* différence significative, \*\*\*différence très hautement significative (p<0.001), NS : Non Significative.

**13: Résultats de l'analyse de la variance pour la largeur de l'épi des plants en plein champs.**

N°	Génotypes	Largeur de l'épi (cm)		Test. F			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	<b>1.13</b>	<b>1.1</b>	1.52*	0.01NS	0.28NS	0.15	10.5	0.05
02	SORA	1.21	1.18						
03	CND	1.14	1.17						
04	MIN/COM	1.15	1.3						
05	BM	1.26	1.24						
06	MIN/PLA	1.22	1.11						
07	PLATA	1.25	1.29						
08	MIN/COM/DUC	1.2	1.18						
09	BCR	1.19	1.11						
10	SIG	<b>1.29</b>	1.31						
11	LDN7	1.16	1.26						
12	ALTA	1.32	1.24						
13	TAR	1.32	<b>1.34</b>						
14	LLAR	1.27	1.32						
15	WH	1.16	1.21						
16	VT	<b>1.13</b>	1.15						
17	SH-3	1.23	1.22						
	<i>Moyenne</i>	<b>1.21</b>	<b>1.21</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année : Effet interaction entre la variété et l'année, \*différence significative ( $p < 0.05$ ), NS : Non Significative.

**14: Résultats de l'analyse de la variance pour la longueur des barbes des plants en plein champs.**

N°	Génotypes	Longueur des barbes (cm)		Test. F			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	16.37	16.94	5.70***	0.03NS	0.37NS	2.3	12.1	0.81
02	SORA	17.85	18.33						
03	CND	17.15	17.11						
04	MIN/COM	14.37	13.56						
05	BM	<b>13.68</b>	13.67						
06	MIN/PLA	17.15	15.11						
07	PLATA	15.55	16.27						
08	MIN/COM/DUC	15.13	15.77						
09	BCR	17.8	17.55						
10	SIG	15.37	14.78						
11	LDN7	14.02	<b>11.39</b>						
12	ALTA	17.03	16.38						
13	TAR	16.5	16.38						
14	LLAR	17.05	17.77						
15	WH	18.35	19.22						
16	VT	<b>20.34</b>	<b>21.07</b>						
17	SH-3	16.87	16.33						
	Moyenne	<b>16.50</b>	<b>16.33</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année : Effet interaction entre la variété et l'année, \*\*\*différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS: Non Significative.

**15: Résultats d'analyse de la variance pour le nombre de talles total des plants en plein champs.**

N°	Variétés	Nombre de talles total		Test. F			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	4.17	4.33	1.78*	0.02NS	1.32NS	1.40	26.1	0.49
02	SORA	4.10	5.00						
03	CND	3.97	4.44						
04	MIN/COM	5.07	4.78						
05	BM	<b>5.44</b>	6.89						
06	MIN/PLA	4.65	3.89						
07	PLATA	3.73	3.44						
08	MIN/COM/DUC	4.77	5.00						
09	BCR	<b>0.37</b>	<b>3.11</b>						
10	SIG	4.77	4.00						
11	LDN7	4.57	4.22						
12	ALTA	4.71	3.67						
13	TAR	4.14	<b>7.33</b>						
14	LLAR	4.77	5.56						
15	WH	3.97	5.67						
16	VT	4.92	4.56						
17	SH-3	4.70	5.67						
	<i>Moyenne</i>	<b>4.42</b>	<b>4.80</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année: Effet interaction entre la variété et l'année, \*Différence significative ( $p < 0.05$ ), NS: Non Significative.

**16: Résultats de l'analyse de la variance pour le nombre de talles total des plants pour les différents géotypes en conditions semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	Talles total (talle/plant)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	3.586	2.756	1.65*	11.04***	2.03*	0.629	16.7	0.22
02	SORA	3.156	2.956						
03	CND	3.711	2.833						
04	MIN/COM	3.222	3.069						
05	BM	3.097	2.881						
06	MIN/PLA	3.544	<b>2.711</b>						
07	PLATA	3.492	3.233						
08	MIN/COM/DUC	<b>2.997</b>	<b>3.267</b>						
09	BCR	<b>5.056</b>	3.478						
10	SIG	3.69	2.767						
11	LDN7	3.467	3.111						
12	ALTA	4.156	2.844						
13	TAR	3.389	2.761						
14	LLAR	3.544	2.944						
15	WH	3.400	3.111						
16	VT	3.533	3.044						
17	SH-3	3.094	3.100						
Moyenne		<b>3.54</b>	<b>2.99</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\*différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS : Non Significative.

**17: Analyse de la variance pour le nombre de talles fertiles pour les plants des différents géotypes en plein champs.**

N°	Géotypes	Nombre de talles fertiles		Test. F			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	3.86	3.88	1.63*	0.02NS	1.35NS	1.32	28.6	0.466
02	SORA	3.76	4.3						
03	CND	<b>3.06</b>	3.33						
04	MIN/COM	4.17	3.77						
05	BM	3.63	5.89						
06	MIN/PLA	<b>5.02</b>	3.56						
07	PLATA	3.03	3.11						
08	MIN/COM/DUC	3.87	4.11						
09	BCR	3.57	<b>2.22</b>						
10	SIG	3.97	3.56						
11	LDN7	3.83	3.67						
12	ALTA	3.73	3.44						
13	TAR	3.76	<b>6.44</b>						
14	LLAR	4.30	5.11						
15	WH	3.53	4.78						
16	VT	4.49	4.11						
17	SH-3	4.1	4.67						
	Moyenne	<b>3.86</b>	<b>4.12</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année: Effet interaction entre la variété et l'année, NS: Non Significative.

**18: Analyse de l'analyse de la variance pour le nombre de talles fertiles des plants en conditions semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	Talles fertiles (talle/plant)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	1.88	1.51	1.80*	43.56***	1.72*	0.39	11.5	0.14
02	SORA	2.06	1.57						
03	CND	2.08	2.08						
04	MIN/COM	2.06	1.57						
05	BM	1.99	<b>1.00</b>						
06	MIN/PLA	1.91	1.57						
07	PLATA	1.79	1.41						
08	MIN/COM/DUC	2.26	1.48						
09	BCR	<b>1.57</b>	1.39						
10	SIG	1.83	1.97						
11	LDN7	2.26	1.59						
12	ALTA	2.11	<b>2.19</b>						
13	TAR	<b>2.68</b>	1.43						
14	LLAR	2.17	1.83						
15	WH	2.06	1.72						
16	VT	2.27	1.63						
17	SH-3	2.11	1.49						
Moyenne		<b>2.06</b>	<b>1.61</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*significative (p<0.05), \*\*\*différence très hautement significative (p<0.001), NS : Non Significative.

**19: Analyse de la variance pour le nombre de talles stérile des plants pour les différents géotypes en plein champs.**

N°	Variétés	Nombre de talles stériles		Test. F			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	<b>0.3</b>	0.44	1.33NS	0.03NS	0.61NS	0.76	99.4	0.27
02	SORA	0.33	0.66						
03	CND	0.9	<b>1.11</b>						
04	MIN/COM	0.9	1						
05	BM	<b>1.82</b>	1						
06	MIN/PLA	0.36	<b>0.33</b>						
07	PLATA	0.7	0.33						
08	MIN/COM/DUC	0.9	0.89						
09	BCR	0.8	0.89						
10	SIG	0.8	0.44						
11	LDN7	0.73	0.56						
12	ALTA	0.98	0.22						
13	TAR	0.38	0.89						
14	LLAR	0.47	0.44						
15	WH	0.43	0.89						
16	VT	0.43	0.44						
17	SH-3	0.6	1						
	Moyenne	<b>0.65</b>	<b>0.68</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année: Effet interaction entre la variété et l'année, NS: Non Significative.



**20: Analyse de la variance pour le nombre de talles stérile des plants pour les différents génotypes en conditions semi-contrôlées.**

N°	Génotypes	Talles stériles (talle/plant)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	0.878	2.072	0.68NS	128.6***	0.58NS	0.46	29.3	0.16
02	SORA	0.900	1.589						
03	CND	0.756	1.633						
04	MIN/COM	1.006	1.656						
05	BM	0.8	1.639						
06	MIN/PLA	0.71	1.978						
07	PLATA	<b>1.333</b>	2.042						
08	MIN/COM/DUC	1.011	<b>1.522</b>						
09	BCR	0.878	<b>2.089</b>						
10	SIG	0.933	1.733						
11	LDN7	0.856	1.878						
12	ALTA	<b>0.733</b>	2.100						
13	TAR	1.197	1.956						
14	LLAR	0.778	1.711						
15	WH	1.000	1.678						
16	VT	0.778	1.900						
17	SH-3	0.989	1.633						
Moyenne		<b>0.91</b>	<b>1.81</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\*Différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS : Non Significative.

## 21: Biomasse de la matière fraîche en conditions semi-contrôlées.

N°	Génotypes	Partie aérienne		Partie racinaire		Total		R/C	
		MSFV(g)		MSFR(g)		IR	NIR	IR	NIR
		IR	NIR	IR	NIR				
01	LD357	8,9	5.73	2.3	3.33	11.2	9.06	0.4	0.58
02	SORA	11,33	5.42	2,33	1.83	<b>13.66</b>	7.25	0.42	0.34
03	CND	8,23	5.43	2,13	1.66	10.36	7.05	0.39	0.31
04	MIN/COM	6,83	5	1,7	2.63	8.53	7.63	0.34	0.53
05	BM	10,06	4.93	<b>5,13</b>	3.23	15.19	8.16	<b>1.04</b>	0.65
06	MIN/PLA	7.5	3.73	0,93	1.76	8.43	5.49	0.25	0.47
07	PLATA	<b>5,9</b>	5.43	2,73	<b>3.4</b>	8.16	9.3	0.5	0.58
08	MIN/COM/DUC	8,2	5.93	1,73	1.16	9.93	7.09	0.29	0.20
09	BCR	7.83	5.66	2,53	2.36	8.19	10.19	0.45	0.42
10	SIG	6	5.55	1,16	<b>0.66</b>	<b>7.16</b>	6.21	0.19	<b>0.12</b>
11	LDN7	6,2	4.2	1,86	0.8	8.06	<b>5</b>	0.44	0.19
12	ALTA	6,1	<b>2.93</b>	5,33	2.5	11.43	5.43	1.80	<b>0.85</b>
13	TAR	6,93	5.06	2,53	2	9.46	6.06	0.5	0.39
14	LLAR	<b>11,4</b>	4.75	3,1	3.36	14.5	8.11	0.65	0.71
15	WH	6,33	3.29	1.35	2.63	7.69	5.92	0.41	0.79
16	VT	10,06	<b>8.06</b>	1,86	2.76	11.92	<b>10.82</b>	0.23	0.34
17	SH-3	9,56	3.96	<b>0.7</b>	1.93	10.26	5.89	<b>0.17</b>	0.49
Effet géotypes		15.9***		88.64***		22.10***		18.25NS	
Effet eau		343.23**		116.59***		259.10***		189NS	
Inter Gén*eau		18.22**		72.37***		13.92***		*	
CV (%)		10.4		11.8		8.9		11.05	
PPDS 5%		1.22		0.3121		1.38		1.02	

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, MSFV: Masse de substance fraîche du végétal, MSFR : Masse de substance fraîche des racines, R/C : MSFR/MSFV, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à un niveau de 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Gén\*Eau: Effet interaction entre les génotypes et le traitement d'irrigation, \*\*\*différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS: Non Significative.

## 22: Biomasse de la matière sèche en conditions semi-contrôlées.

N°	Géotypes	Partie aérienne		Partie racinaire		Total		R/C	
		MSSV(g)		MSSR(g)		IR	NIR	IR	NIR
		IR	NIR	IR	NIR				
01	LD357	<b>5,66</b>	2.26	1.46	1.03	<b>7.12</b>	3.69	0.25	0.45
02	SORA	4,96	2.67	0.6	0.9	5.66	3.57	0.14	0.34
03	CND	3,76	2.53	0,66	0.56	4.42	3.09	0.18	0.22
04	MIN/COM	4,13	2.56	0,73	0.96	4.86	3.52	0.18	0.38
05	BM	4,3	2.26	<b>1,86</b>	0.66	6.16	2.92	<b>0.43</b>	0.29
06	MIN/PLA	2,76	1.9	0,46	0.86	3.22	<b>4.66</b>	0.16	0.45
07	PLATA	2,43	2.3	0,66	0.95	3.09	3.25	0.27	0.41
08	MIN/COM/DUC	4,1	2.1	1,16	0.53	5.26	2.63	0.28	0.25
09	BCR	<b>2,4</b>	2.2	0,66	0.66	<b>3.06</b>	2.86	0.27	0.2
10	SIG	2,73	2.86	0,53	0.53	3.26	3.39	0.19	0.15
11	LDN7	2,93	2	0,76	0.7	3.69	2.7	0.26	0.35
12	ALTA	2,8	1.46	<b>0,43</b>	0.4	3.23	1.87	0.15	0.27
13	TAR	3,13	2.23	0,8	0.7	3.93	2.93	0.25	0.31
14	LLAR	5,53	2.23	0,93	<b>1.16</b>	6.46	3.39	0.17	<b>0.52</b>
15	WH	3,03	<b>0.93</b>	0,76	0.43	3.79	<b>1.36</b>	0.25	0.46
16	VT	5,23	<b>3.53</b>	0,7	0.76	5.93	4.29	0.13	0.22
17	SH-3	4,3	2.33	0,53	<b>0.3</b>	4.83	2.63	<b>0.12</b>	<b>0.13</b>
Effet géotypes		17.80***		1.8NS		33.49***		NS	
Effet eau		276.64***		4.03NS		442.38***		*	
Inter Gén*eau		9.57**		1.43NS		29.55***		NS	
CV (%)		12.3		21.7		8.6		15.3	
PPDS 5%		0.7		0.82		0.58		1.23	

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, MSSV: Masse de substance sèche du végétal, MSSR : Masse de substance sèche des racines, R/C : MSFR/MSFV, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à un niveau de 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Gen\*Eau: Effet interaction entre les géotypes et le traitement d'irrigation, \*\*\*très hautement significative (p<0.001), NS: Non Significative.

**Annexe 23a: Analyse de la variance pour l'étude foliaire des plants pour les différents géotypes en plein champs**

N°	Variétés	Surface foliaire (SF) (cm <sup>2</sup> )	Longueur foliaire (LNF) (cm)	Largeur foliaire (LRF) (cm)	Test. F			PPDS 5%			CV (%)			SE		
					SF	LNF	LRF	SF	LN F	LRF	SF	LN F	LRF	SF	LNF	LRF
01	LD357	32.58	14,39	2.25	0.79 NS	1.41 NS	1.56 *	9.28	2.2	0.68	20.1	8.7	17.3	3.22	0.76	0.23
02	SORA	27.64	14,81	2.43												
03	CND	25.68	14,39	2.23												
04	MIN/COM	28.81	14,93	2.53												
05	BM	<b>22.84</b>	15,51	2.41												
06	MIN/PLA	27.03	14,79	2.44												
07	PLATA	<b>34.45</b>	<b>16,57</b>	<b>3.27</b>												
08	MIN/COM/ DUC	25	15,77	2.17												
09	BCR	28.73	<b>13.16</b>	2.01												
10	SIG	26.42	14,44	2.55												
11	LDN7	27.04	14,11	2.32												
12	ALTA	31.21	15.78	2.05												
13	TAR	25.78	15.56	2.35												
14	LLAR	27.06	14.72	1.93												
15	WH	28.09	16.02	2.29												
16	VT	25.64	16.54	2.31												
17	SH-3	27.01	15.51	2.44												
	<i>Moyenne</i>	<b>27.70</b>	<b>15.12</b>	<b>2.53</b>												

**23b: Résultats relatif à l'étude foliaire des plants pour les différents géotypes en condition semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	Surface foliaire (SF) (cm <sup>2</sup> )		Longueur foliaire (LNF) (cm)		Largeur foliaire (LRF) (cm)	
		IR	NIR	IR	NIR	IR	NIR
01	LD357	19.29	10.31	13.53	12.77	2.55	1.372
02	SORA	19.00	9.24	13.91	11.31	3.473	1.737
03	CND	20.43	10.58	12.72	12.45	2.042	1.737
04	MIN/COM	<b>15.35</b>	9.84	12.88	11.10	2.750	1.755
05	BM	19.12	9.82	14.48	10.47	<b>1.872</b>	1.298
06	MIN/PLA	18.97	<b>13.47</b>	13.20	12.70	2.653	1.303
07	PLATA	20.51	9.95	13.96	11.69	1.725	<b>1.218</b>
08	MIN/COM/DUC	<b>22.95</b>	9.47	12.12	11.51	2.020	1.838
09	BCR	17.84	10.54	13.99	10.46	3.103	1.291
10	SIG	17.92	9.87	14.01	10.86	3.217	1.302
11	LDN7	18.27	<b>8.79</b>	13.56	10.74	3.865	1.393
12	ALTA	16.96	9.07	<b>10.55</b>	10.56	3.262	1.415
13	TAR	18.95	10.40	<b>14.99</b>	<b>9.11</b>	<b>4.027</b>	1.337
14	LLAR	20.04	12.42	11.29	<b>13.25</b>	1.905	1.575
15	WH	21.37	10.52	11.90	11.21	2.390	1.325
16	VT	18.18	9.32	14.03	12.12	1.930	1.363
17	SH-3	20.74	11.47	11.92	11.89	3.098	<b>2.822</b>
	Moyenne	<b>19.17</b>	<b>10.30</b>	<b>13.12</b>	<b>11.42</b>	<b>2.419</b>	<b>1.814</b>

Surface foliaire (SF), Longueur foliaire (LNF), Largeur foliaire (LRF), IR=Irrigué, NIR= non Irrigué.

**23c: Résultats de l'analyse de la variance pour l'étude foliaire des plants pour les différents géotypes En conditions semi-contrôlées.**

Paramètres	F test			CV(%)	PPDS 5%	SE
	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
SF (cm <sup>2</sup> )	1.24NS	297.81***	0.82NS	17.6	2.99	1.49
LNF (cm)	1.11NS	33.93***	2.44***	12.0	1.70	2.4
LRF (cm)	1.13NS	9.77***	2.65***	46.2	1.13	0.79

Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\*Différence très hautement significative (p<0.001), NS : Non Significative.

**24a: Stades moyens de Haun de 17 géotypes de blé dur en conditions semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	S.HAUN 47		S.HAUN 62		S.HAUN82	
		IR	NIR	IR	NIR	IR	NIR
1	LD357	3.46	3.27	5.73	5.52	8.69	8.40
2	SORA	3.38	3.42	5.74	5.56	9.17	8.77
3	CND	3.23	3.22	5.78	5.80	<b>8.31</b>	8.84
4	MIN/COM	3.46	3.42	5.57	5.80	8.62	8.56
5	BM	3.45	3.22	<b>5.37</b>	<b>5.38</b>	8.41	8.51
6	MIN/PLA	3.18	3.33	5.78	5.77	8.66	8.73
7	PLATA	<b>3.12</b>	<b>3.48</b>	5.79	5.82	8.91	9.03
8	MIN/COM/DUC	3.40	3.42	5.94	5.88	8.68	8.62
9	BCR	3.33	<b>3.15</b>	5.58	5.80	8.68	<b>8.16</b>
10	SIG	<b>3.55</b>	3.40	5.79	5.58	9.03	8.63
11	LDN7	3.22	3.28	6.11	<b>6.09</b>	9.22	8.79
12	ALTA	3.42	3.27	5.77	5.63	8.63	9.09
13	TAR	3.40	3.42	5.62	6.00	8.87	8.73
14	LLAR	3.32	3.18	5.69	5.68	8.84	8.87
15	WH	3.30	3.45	5.77	5.59	8.94	8.48
16	VT	3.23	3.45	6.11	5.94	8.96	8.88
17	SH-3	3.22	3.23	<b>6.23</b>	5.91	<b>9.27</b>	<b>9.35</b>
Moyenne		<b>3.33</b>	<b>3.33</b>	<b>5.78</b>	<b>5.75</b>	<b>8.82</b>	<b>8.73</b>

**24b: Analyse de la variance du développement foliaire en conditions semi-contrôlées.**

jours après semis	47			62			82		
	F.test	CV	PPDS 5%	F.test	CV	PPDS 5%	F.test	CV	PPDS 5%
Effet RH	0.02NS	2.1	0.06	0.88NS	1.3	0.07	1.06*	2.2	0.16
Effet Var	1.36NS		0.19	5.81*		0.21	1.88*		0.47
RH*Var	1.41NS		0.27	1.52NS		0.29	0.85NS		0.66

RH=Régime Hydrique, F.obs= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS: la plus petite différence significative, NS= non significatif, \* Significatif.

**25: Résultats de l'analyse de la variance de la profondeur maximale des racines des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	PMR (cm)	
		IR	NIR
01	LD357	33	45
02	SORA	30,83	14.16
03	CND	32	14.33
04	MIN/COM	20,53	45.67
05	BM	24	50,66
06	MIN/PLA	37,83	43.06
07	PLATA	<b>15.66</b>	35
08	MIN/COM/DUC	35.33	39.8
09	BCR	35,66	<b>11.66</b>
10	SIG	37	35.66
11	LDN7	30	31.33
12	ALTA	28,16	14.5
13	TAR	37	33
14	LLAR	37.1	41,33
15	WH	37,16	41.6
16	VT	<b>39,66</b>	55
17	SH-3	39,33	<b>60.7</b>
Effet géotypes		5.92***	
Effet eau		2.17*	
Inter Gén*eau		5.45***	
CV (%)		9.59	
SE		1.64	
PPDS 5%		24.7	

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, PMR: Profondeur maximale des racines (cm), CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à un niveau de 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Gen\*Eau: Effet interaction entre les géotypes et le traitement d'irrigation, \* différence significative ( $p < 0.05$ ), \*\*\*différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS: Non Significative.

**26: Résultats de l'analyse de la variance du rendement et ses composantes des plants en plein champs.**

N°	Cultivars	NG/épi (grains)	PG/épi (g)	PMG (g)	Népt/épi	Rendement (Qt/h)
01	LD357	28	4.83	51.8	37.36	40
02	SORA	38	7.79	49,3	41	29,21
03	CND	<b>22</b>	7.56	56,96	38.9	39,46
04	MIN/COM	30	5.24	50.95	40.8	26,63
05	BM	29	<b>4.3</b>	48.35	41.03	<b>20,65</b>
06	MIN/PLA	38	7.94	55.15	41.62	32,54
07	PLATA	26	5.98	<b>43,58</b>	<b>36.4</b>	32,08
08	MIN/COM/ DUC	30	5.76	52.1	37.73	34,92
09	BCR	25	6.95	51	39.19	45,42
10	SIG	30	7.44	51.46	37.07	37,65
11	LDN7	<b>32</b>	6.38	50.25	36.6	36,2
12	ALTA	30	8.41	55,66	39.35	37,77
13	TAR	37	<b>10.41</b>	53,3	<b>48.7</b>	<b>62,38</b>
14	LLAR	22	8.35	48,93	38.6	42,33
15	WH	27	7.14	52,2	37.37	38,38
16	VT	31	5.92	<b>58.2</b>	38.12	31,8
17	SH-3	22	6.45	58	36.87	<b>23,48</b>
	Effet variété	0.76NS	1.07*	2.81***	1.41*	21.66***
	CV (%)	22.1	36.8	26.5	11	9.6
	SE	6.1	1.46	4.00	3.53	2.66
	PPDS 5%	17.57	4.21	17.57	7.19	5.44

NG/épi: Nombre de grains/épi, PG/épi: Poids des grains/épi, PMG: poids de 1000 grains, CV (%): coefficient de variation, Népit/épi: Nombre d'épillet par épi, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, \* différence significative, \*\*\* différence très hautement significative, NS: Non Significative.



**27: Résultats de l'analyse de la variance pour le nombre de grains/épi des plants en conditions semi-contrôlées.**

N°	Cultivars	NG/épi (grains)		PMG (g)		N. épi/pot	
		IR	NIR	IR	NIR	IR	NIR
01	LD357	21,78	18,89	68,74	66,70	10.33	7.66
02	SORA	<b>28,63</b>	17,26	65,19	45,78	8	7
03	CND	11,71	13,36	108	57,55	12	7.66
04	MIN/COM	11,17	15,05	71,96	62,57	8.66	6.67
05	BM	<b>9,05</b>	12,04	78,29	50,54	7.5	5.33
06	MIN/PLA	19,77	13,22	56,19	70,48	8	9
07	PLATA	16,86	11,06	91,79	47,97	9	8.5
08	MIN/COM/ DUC	20,92	11,6	<b>131,74</b>	67,82	7.66	7.33
09	BCR	19.2	7.61	99,91	56,15	<b>6</b>	7
10	SIG	17,75	13,59	88,52	80,28	11	8
11	LDN7	22,02	7,85	71,66	<b>82,46</b>	<b>13</b>	8.66
12	ALTA	14,85	12,49	92,57	68,16	10	7.66
13	TAR	20,12	18,38	61,66	56,62	8.66	<b>9.67</b>
14	LLAR	13,36	<b>6,84</b>	74,8	58,14	10	<b>3.67</b>
15	WH	17,34	17,23	83,35	64,97	9.67	7.33
16	VT	25,11	12,88	<b>50,39</b>	64,92	11.5	6.67
17	SH-3	17,53	<b>22</b>	71,09	<b>37,61</b>	<b>13</b>	9.33
Effet variété		0.09*		1.03*		1.29*	
Effet Eau		0.98**		0.89**		1.57***	
Effet inter Var*Eau		1.54*		0.54NS		1.04NS	
CV (%)		14.5		11.7		12.6	
SE		5.85		1.89		1.7	
PPDS 5%		11.79		3.78		1.16	

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, NG/épi: Nombre de grains/épi, PMG: poids de 1000 grains, CV (%): coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\*très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS: Non Significative.

**28: Analyse de la variance pou le taux de la chlorophylle chez les différents génotypes étudié en plein champs.**

N°	Variétés	Taux de chlorophylle (U.SPAD)		Test. F			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		2013/2014	2014/2015	Effet Variété	Effet Année	Effet inter Var*Année			
01	LD357	46.17	43.31	0.71NS	13.18*	1.84*	5.483	7.9	1.38
02	SORA	43.1	43.28						
03	CND	42.48	41.54						
04	MIN/COM	42.95	39.98						
05	BM	45.03	40.42						
06	MIN/PLA	47.85	42.97						
07	PLATA	46.93	<b>37.92</b>						
08	MIN/COM/DUC	41.2	<b>43.63</b>						
09	BCR	43.92	40.56						
10	SIG	42.57	39.38						
11	LDN7	<b>39.38</b>	43.34						
12	ALTA	43.38	41.11						
13	TAR	<b>48.6</b>	39.21						
14	LLAR	42.47	43.49						
15	WH	43.56	42.88						
16	VT	40.2	43.47						
17	SH-3	44.47	41.08						
Moyenne		<b>43.78</b>	<b>41.62</b>						

F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significative au niveau 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Année: Effet interaction entre la variété et l'année, \* différence significative, NS: Non Significative.

**29: Résultats de l'analyse de la variance pour le taux de chlorophylle des différents géotypes en conditions semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	Taux de chlorophylle (U.Spad)		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		NIR	IR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	46.35	49.18	1.36NS	53.79***	1.10NS	5.830	7.4	1.46
02	SORA	43.92	53.08						
03	CND	45.83	52.85						
04	MIN/COM	44.93	52.60						
05	BM	45.90	54.47						
06	MIN/PLA	44.30	52.12						
07	PLATA	47.08	53.62						
08	MIN/COM/DUC	45.88	53.92						
09	BCR	45.57	51.60						
10	SIG	45.18	49.90						
11	LDN7	46.47	48.82						
12	ALTA	45.90	46.10						
13	TAR	46.13	<b>55.27</b>						
14	LLAR	<b>43.60</b>	46.90						
15	WH	43.97	<b>45.57</b>						
16	VT	46.18	48.50						
17	SH-3	<b>47.62</b>	48.63						
	Moyenne	<b>45.58</b>	<b>50.77</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à un niveau de 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\* différence très hautement significative ( $p < 0.001$ ), NS : Non Significative.

**30: Résultats de l'analyse de la variance pour la teneur relative en eau (TRE%) en condition semi-contrôlées.**

N°	Génotypes	TRE%		F. Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	86.5	59.9	0.77NS	101.29***	0.52NS	5.16	17.9	2.59
02	SORA	88.8	66.4						
03	CND	88.1	52.4						
04	MIN/COM	85.9	60.1						
05	BM	82.6	53.3						
06	MIN/PLA	81.0	64.8						
07	PLATA	89.1	71.8						
08	MIN/COM/DUC	89.3	63.1						
09	BCR	75.5	53.4						
10	SIG	88.9	<b>74.7</b>						
11	LDN7	<b>77.1</b>	59.7						
12	ALTA	87.6	59.2						
13	TAR	89.3	54.3						
14	LLAR	88.4	56.0						
15	WH	88.0	<b>47.2</b>						
16	VT	<b>89.9</b>	57.3						
17	SH-3	88.3	67.9						
	Moyenne	<b>86.1</b>	<b>60.1</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS 5%: la plus petite différence significatif à un niveau de 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\*très hautement significative ( $p < 0.05$ ), NS: Non Significative.

**31: Résultats d'analyse de la variance pour la teneur en proline en conditions semi-contrôlées.**

N°	Géotypes	[proline] (µg/mg)		F.Test.			PPDS 5%	C.V (%)	SE
		IR	NIR	Effet Variété	Effet Eau	Effet inter Var*Eau			
01	LD357	65,2	130,3	3.44***	238.86***	3.52***	18.92	16.1	6.7
02	SORA	93,9	134,7						
03	CND	81,6	133,7						
04	MIN/COM	83,8	129,3						
05	BM	<b>34,4</b>	133,7						
06	MIN/PLA	81,2	122						
07	PLATA	105	110,4						
08	MIN/COM/ DUC	63,4	134,7						
09	BCR	74,7	<b>134,7</b>						
10	SIG	72,8	129,3						
11	LDN7	53,7	120,8						
12	ALTA	64	132,7						
13	TAR	110,9	133,7						
14	LLAR	82,3	134,7						
15	WH	61,5	134,7						
16	VT	58,7	<b>90,8</b>						
17	SH-3	<b>122,5</b>	123,2						
Moyenne		<b>77.04</b>	<b>127.26</b>						

IR=Irrigué, NIR= non Irrigué, F. Test= Test de Fisher, CV= coefficient de variation, PPDS5%: la plus petite différence significatif à un niveau de 5%, SE: Erreur standard, Effet inter Var\*Eau: Effet interaction entre la variété et le traitement d'irrigation, \*\*\*très hautement significative (p<0.001).

**32: Analyse du polymorphisme des 17 géotypes de blé dur par l'utilisation des SSRs.**

Amorces	Bandes	PM (pb)	Géotypes																	
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	
WMC167	1	240	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-		
	2	200	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-		
	3	155	+	-	+	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	+	
	4	150	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	5	145	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-	+	+	-	+	
	6	140	-	+	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-
	7	135	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	8	130	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
WMC177	1	240	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	2	230	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	
	3	210	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	+
	4	190	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+
	5	185	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	6	180	+	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+
	7	170	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-
Xgwm11	1	260	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	
	2	250	+	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-
	3	220	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
	4	200	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	5	190	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	+
	6	180	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-
	7	170	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-
Xgwm6	1	270	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2	230	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	3	220	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
	4	210	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
	5	200	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
	6	190	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	+
	7	180	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-
	8	170	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
	9	160	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
	10	150	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
WMC63	1	235	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
	2	230	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
	3	210	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	4	195	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
	5	190	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	6	180	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
	7	175	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
	8	160	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
	9	150	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
Xgwm408	1	250	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2	200	+	-	-	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	+	+	-	+	
	3	180	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
	4	170	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
	5	160	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-
	6	150	+	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-
	7	140	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-
	8	135	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-

Xgwm135	1	175	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	
	2	170	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	
	3	160	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	4	150	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
	5	120	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	6	115	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	-	-	-	+
WMC54	1	270	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	2	260	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	3	225	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	
	4	220	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	
	5	200	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	-	
	6	190	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	7	180	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	
	8	170	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	
	9	140	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
	10	130	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
Xgwm251	1	195	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	2	180	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	
	3	165	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	4	150	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
	5	130	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+
	6	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+
Xgwm148	1	180	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	
	2	170	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	
	3	160	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-
	4	155	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	5	150	-	-	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-
	6	130	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	-
Xcfa2114	1	260	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	
	2	240	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	
	3	200	-	+	-	-	+	-	-	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	
WMC166	1	345	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	2	320	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	+	
	3	300	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
	4	295	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+
	5	290	-	+	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	-
	6	280	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-
	7	240	-	+	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-
	8	200	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-

1. LD357, 2. SORA, 3. CND, 4. MIN/COM, 5. BM, 6. MIN/PLA, 7. PLATA, 8. MIN/COM/DUC, 9. BCR, 10. SIG, 11. LDN7, 12. ALTA, 13. TAR, 14. LLAR, 15. WH, 16. VT, 17. SH-3.

# Comparative Study of Proline Accumulation of some Varieties of Durum Wheat (*Triticum durum Desf.*) under Water Stress Conditions

Yasmina SEMIANI<sup>\*</sup>, Marie Stella. BRADEA<sup>1</sup>, Abdelkader BENBELKACEM<sup>2</sup>, Mohammed SEMIANI<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Blida 1 University,

<sup>2</sup>Research Division in Biotechnology and Plant Breeding Division (INRAA),

<sup>3</sup>Research Division in Bioclimatology and Agricultural Hydraulic (INRAA).

\* corresponding author: semiani\_y@yahoo.fr

Bulletin UASVM series Agriculture 73(2)/2016

Print ISSN 1843-5246; Electronic ISSN 1843-5386

DOI 10.15835/buasvmcn-agr:12425

## ABSTRACT

Proline accumulation, as a marker of resistance to the abiotic constraints, was evaluated on seventeen genotypes of Durum wheat (*Triticum Durum Desf*) under water stress conditions. An experiment was implemented at INRAA research station located at Baraki, Algiers. The experimental design adopted is that of split plot design with water regime (irrigated and non irrigated treatments) as main plots and varieties as sub plots and three repetitions. Proline accumulation was significantly increased under water stress ( $p < 0.01$ ). There was differences between varieties and their interaction with water regimes ( $p < 0.001$ ) and 04 groups were identified. When plants are subjected to water stress they increase their rate of proline, this enables to improve the capacity of the cell to maintain its turgor pressure at low water potential.

**Keywords:** durum wheat (*Triticum durum Desf.*), proline accumulation, resistance, water stress.

## INTRODUCTION

Environmental stresses, including drought stress are one of the first factors in limiting plant growth and crop productivity (Wang *et al.*, 2003). It affects strongly the arid and semi arid zones, characterized by low and irregular rainfall and high temperatures.

In Mediterranean areas, especially in Algeria, durum wheat (*Triticum durum Desf.*) is an important crop. Wheat production is not sufficient to meet the demand of a growing population. The average consumption is estimated at more than 190 Kg/years per person, where a total requirement is around 7.3 million tons for a population more than 38.7 million. The average production is estimated at 21 million quintals, resulting in coverage of imports of around 69%. The cost of these imports amounted to more than 1.5 billion dollars. This situation affects the economical situation of the country. The primary

constraint affecting this crop production is water scarcity.

Several studies showed that under water stress, plants adopt many strategies for adaptation which differ from one species to another and that involve a large combination of morphological, physiological and biochemical factors (Monneveux & Belhassen, 1997).

To maintain a high osmotic pressure in the cell after the fall of the water potential caused by water stress (El Mourid, 1988 ; Casals, 1996), plants accumulate some osmoticums such as proline, which seems played a major role. Its accumulation in many plants under water stress was highlighted, in particular in barley by Savitskaya (1967) and in durum wheat by Tyankova (1967) and by Vlasyuk *et al.* (1968).

Proline accumulation is a common physiological response in many plants in response to a wide range of biotic and abiotic stresses.



Proline accumulation has been reported to occur after salt, drought, high temperature, low temperature, heavy metal, pathogen infection, anaerobiosis, nutrient deficiency, atmospheric pollution and UV irradiation (Hare and Cress 1997; Saradhi et al. 1995; Siripornadulsil et al. 2002.). SINGH et al. (1973) noted that in cereals,

eventually in durum wheat under water stress conditions, proline accumulation even more important than genotypes are more resistant.

The present study aims to evaluate the affect of water stress on proline accumulation in some cultivars of Durum Wheat (*Triticum durum* Desf.).

**Tab. 1.** List of the genotypes studied

N°	Varieties or lines	Pedigree	Origin
1	LD357E/2*TC60//J069/3/FGO/4/GTA/5/SRN_1/6/...	CDSS04Y00755T- 0TOPB-12Y-0M- 06Y-1M-1Y-0B	Rép1-11
2	SORA/2*PLATA_12/3/SORA/2*PLATA_12//SOMAT_3/4/AJALA_13/...	CDSS02B00849T- 0TOPB-0Y-0M-7Y- 2M-04Y-0B	Rép1-15
3	CND/VEE//CELTA/3/PATA_2/6/ARAM_7//CREX/ALLA/5/ENTE/...	CDSS02B00429S- 0M-9Y-06Y-1M- 1Y-0B	Rép1-21
4	MINIMUS/COMB DUCK_2//CHAM_3/3/RCOL*2/4/...	CDSS02B01108T- 0TOPB-0Y-0M-5Y- 4M-04Y-0B	Rép1-09
5	Beni Mestina	Témoin	Témoin
6	MINIMUS_6/PLATA_16//IMMER/3/SOOTY_9/...	CDSS02B00396S- 0M-4Y-06Y-4M- 1Y-0B	Rép1-03
7	PLATA_7//ILBOR_1//SOMAT_3/3/CABECA_2/PATKA_4//ZHONG ZUO/.	CDSS04Y00053S- 13Y-0M-06Y-4M- 1Y-0B	Rép1-16
8	MINIMUS/COMB DUCK_2//CHAM_3/3/RCOL*2/4/SOMAT_4/INTER_8	CDSS02B01108T- 0TOPB-0Y-0M-5Y- 4M-04Y-0B	Rép1-19
9	BCRIS/BICUM//LLARETA INIA/3/DUKEM_12/2*RASCON_21/4/...	CDSS04Y00362S- 27Y-0M-06Y-4M- 1Y-0B	Rép1-13
10	Sigus	Témoin	Témoin
11	LDN7D(7A)/3*ASCONCHI/3/SORA/2*PLATA_2*PLATA_12//...	CDSS04Y01137T- 0TOPB-24Y-0M- 06Y-1M-1Y-0B	Rép1-24
12	ALTAR84/STINT//SILVER_45/3GUANAY/4GREEN_14//YAV_10/...	CDSS04Y00341S- 11Y-0M-06Y-3M- 1Y-0B	Rép1-01
13	TARRO_1/2*YUAN_1//AJALA_13/YAZI/3/SOMAT_3/PHAX_1//...	CDSS02B01143T- 0TOPB-0Y-0M-7Y- 4M-04Y-0B	Rép1-18
14	LLARETA INIA/4/SKEST//HUI/TUB/3/SILVER/5/LHNKE/ RASCON//...	CDSS02B00574S- 0M-12Y-06Y-2M- 1Y-0B	Rép1-14
15	Waha	Témoin	Témoin
16	Vitron	Témoin	Témoin
17	Echams	Témoin	Témoin

## MATERIALS AND METHODS

### Field experiment

The experiment was carried out during the growing season of 2013-2014 at National Institute of Agronomic Research of Algeria (Long: 3°6'E, lat: 36°41'N, alt: 18m above sea level). Twelve lines selected from the international trials of CIMMYT (Mexico) and five varieties originated from Algeria were sown in pot culture (five seedling per pot) and in a greenhouse. Each pot contained 5Kg of mixture of organic matter, clay silt soil and sand (1:1:1). The characteristics of the varieties studied are presented in table 1.

The experimental design adopted, in this experiment, is that of a split plot design with two water regimes as main plot and 17 varieties as sub plots and three replications. The water stress treatment was imposed when the 6<sup>th</sup> leaf started to appear by stopping the irrigation, followed by a hydration period. The control plants were irrigated every two days.

**Proline determination.** Proline colorimetric determination proceeded according to Troll and Lindsley (1955) method modified by Magne and Laher (1992). Leaves were collected and etuvé at 65°C for 48 Hours. 50mg of Dry weight were homogenized with 1ml of distilled water and kept in water bath for 30mn. Then centrifuged at 13000xg for 15mn and supernatant was separated. One millilitre of the extract was taken

and 2ml of acid ninhydrine reagent were added and placed in a water bath at 100°C for 30mn. The chromophore was extracted with 3 ml of toluene and its absorbance at 520 nm was determined in a spectrophotometer (SHIMADZU). The proline content is expressed in µg/mg of dry weight basis. The method was calibrated for each determination with standard proline solutions.

**Statistical analysis:** The results were analyzed by using GenStat Discovery, version4, ANOVA two-way (in randomized blocks).

## RESULTS AND DISCUSSION

The results show an increase of proline accumulation under stress conditions.

While under well watered conditions (control), proline content in different genotypes remains low (Fig. 1).

The behavior of different genotypes under water stress showed variability in the accumulation of this amino acid „proline“. We have classified the cultivars according to their aptitude to accumulate proline; 04 groups were identified (Fig. 2).

1) The variety N5 = Beni Mestina was characterized by high accumulation of proline 133.7 µg/mg of dry matter and with a percentage increase of 288 % under water stress conditions.

2) Genotypes characterized by an average accumulation of proline which were between

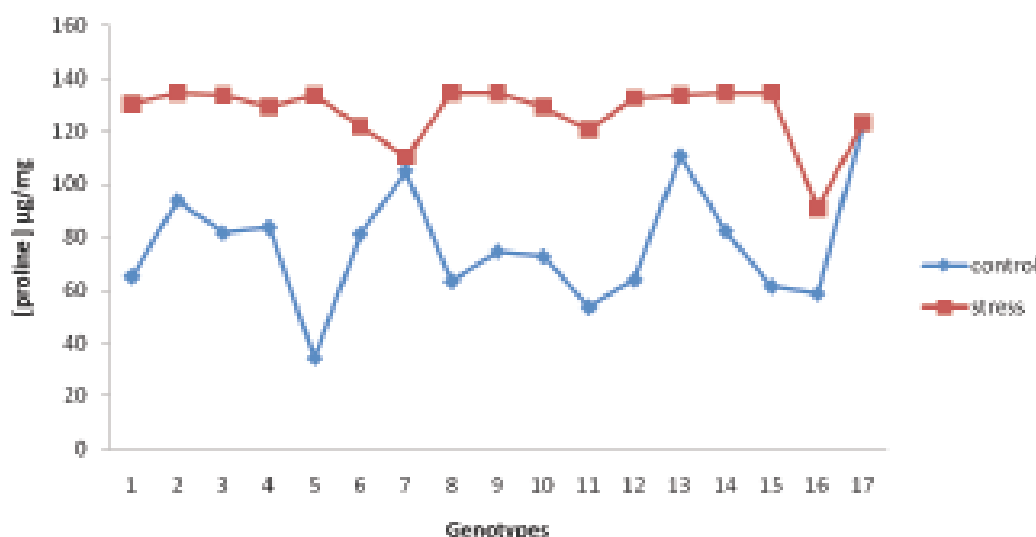


Fig. 1. The proline content of last leave under watred and stress conditions on some genotypes of Durum Wheat (*Triticum durum Desf.*).

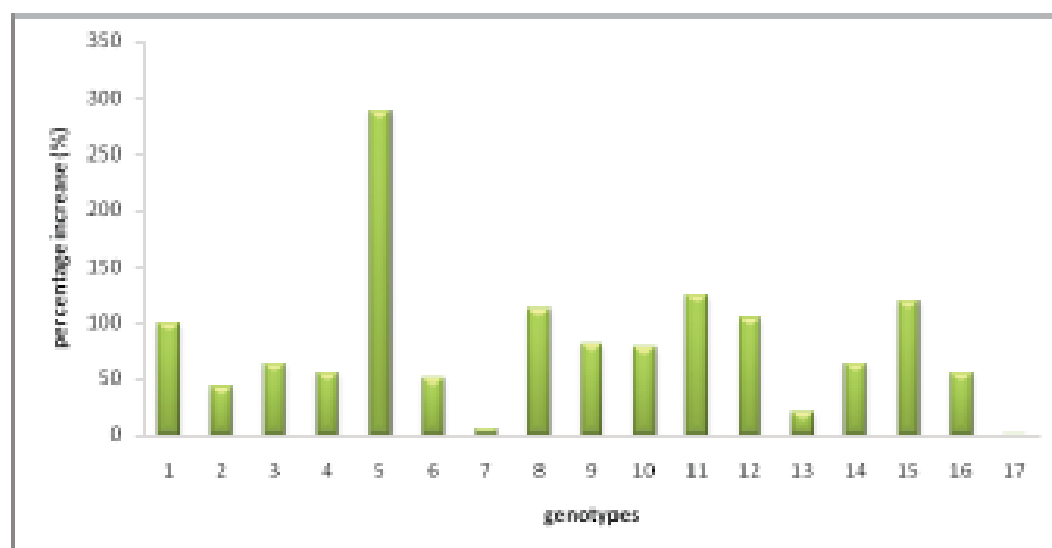


Fig. 2. The percentage increase of proline content under water stress conditions, on some genotypes of Durum Wheat (*Triticum durum* Desf.).

100  $\mu\text{g}/\text{mg}$  and 200  $\mu\text{g}/\text{mg}$  are: 1, 8, 11, 12 and 15.

3) An intermediate group was identified according to their aptitude to accumulated proline and which were between 6  $\mu\text{g}/\text{mg}$  and 100  $\mu\text{g}/\text{mg}$  are: 3, 4, 6, 9, 10, 14, 16, 2 and 13.

4) Genotypes characterized by very reduced accumulation of proline (<6  $\mu\text{g}/\text{mg}$ ) under water stress conditions, was about 110.4  $\mu\text{g}/\text{mg}$  (5.14 %) and 123.2  $\mu\text{g}/\text{mg}$  (0.57 %) respectively for PLATA\_1//SOMAT\_3/3CABECA\_2/PATKA\_4//ZHONG ZUO/. Line and Echams variety.

The results showed that variability within cultivars ( $p < 0.003$ ) and differences between treatments ( $p < 0.001$ ) were significant. Under stress conditions, proline accumulation was highest. Proline accumulation which is often considered as an excellent marker of resistance to stress hydrique, increased significantly ( $p < 0.01$ ) under water stress conditions (Tab. 2). The results showed that Beni Mestina variety is highly

resistant with a production rate of 133.7  $\mu\text{g}/\text{mg}$  (288%) while PLATA\_1 // SOMAT\_3 / 3CABECA\_2 / PATKA\_4 // ZHONG ZUO / . line and the Echams variety are sensitive with rate of accumulation proline respectively 110.4  $\mu\text{g}/\text{mg}$  (5.14%) and 123.2  $\mu\text{g}/\text{mg}$  (0.57%) under water stress conditions. The others cultivars of germoplasm studied are resistant.

Proline accumulation has been demonstrated in many species and in different situations of stress (osmotic, water and heat) as osmolyte involved in protective mechanisms during abiotic stress (Al-Rumaih and Al-Rumaih, 2008).

Increasing the amount of proline is positively related to the fall of the water level in the plants. This result is confirmed by several scientific research, mentioning those of Monneveux et Nemmar (1986), Bellinger *et al.* (1991) et Gorham (1993).

Many studies report that proline accumulated in plants under unfavorable conditions (Sivaramakrishnan *et al.*, 1988) which reflects the character of resistance to water stress (Greenway

Tab. 2. Analysis of variance for proline determination.

	Effect of genotypes		Effect of water		Interaction Gen*Water	
	F	Pr	F	Pr	F	Pr
Proline content	324.45	0.003	3.41	<.001	3.49	<.001

and Munns , 1988). According Quien *et al.* (2001), accumulation proline under water stress contributes to the development of resistance by maintaining cell turgor, created by osmotic adjustment.

### CONCLUSION

At conclusion, the study showed that our germoplasm of durum wheat is resistant with the exception of two genotypes PLATA\_1 SOMAT\_3/3CABECA\_4//ZHONG ZUO/. Line and Echams variety are sensitive. All genotypes have developed the same strategy which is the proline accumulation under water stress, except that they differ by the production rate of this amino acid. Proline accumulation can be a real biochemical mechanism of resistance to water deficit in durum wheat.

### REFERENCES

1. Al-Rumaih MM, Al-Rumaih MM (2008). Influence of ionizing radiation on antioxidant enzymes in three species of *Trigonella*. *Am. J. Environ. Sci.*, 4:151-156.
2. Berlinger Y, Benzouad A, Larher F (1991). Physiological significance of proline accumulation, a trait of use to breeding for stress tolerance. In: Acevedo, E, Conesa, A.P, Monneveux, P and Srivastava, J.P. (Eds). *Physiology-Breeding of winter cereals for stressed Mediterranean environments*. Montpellier, France, 55:449-458.
3. Casals ML (1996). Introduction des mécanismes de résistance à la sécheresse dans un modèle dynamique de croissance et de développement du blé dur. Thèse de Doctorat de l'INRA Paris Grignon.
4. El Mourid M (1988). Performance of wheat and barley cultivars under different soil moisture regimes in semi arid region. Ph.D. dissertation, Iowa State University Ames USA.
5. El Mourid M, Karrou M, El Gharous M (1996). La recherche en aridoculture respectueuse de l'environnement. *Al Awamia*, 92:69-81.
6. Gorham J (1993). Stress tolerance and mechanisms behind tolerance in barley. In: *Agronomical and physiological characterization of different barley genotypes to salt stress*. Settat 1993, meeting.
7. Greenway H. & R. Munns. (1988). Mechanisms of salt tolerance in non halophytes. *Annual Review of Plant Physiology*, 25:149-190.
8. Hare PD, Cress WA (1997). Metabolic implications of stress induced proline accumulation in plants. *Plant Growth Regulation*, 21:791-802.
9. Magne C, Laher F (1992). Hight sugar content of extracts interferes with colorimetric determination of amino acids and free proline. *Anal. Biochem.*, 200:115-118.
10. Monneveux P, Nemmar M (1986). Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez le blé tendre (*T aestivum* L.) et chez le blé dur (*T durum* Desf.). Etude de l'accumulation de la proline au cours du cycle de développement. *Agronomie*, 6(6):583-590.
11. Qian YL, Wilhelm SJ, Marcum KB (2001). Comparative Responses of Two Kentucky Bluegrass Cultivars to Salinity Stress. *Crop Science*, 41 :1895-1900.
12. Savitskiy NN (1967). Problem of accumulation of free proline in barley plant under conditions of soil water deficiency. *Fiziol. Rast.*, 14:737-739.
13. Singh TN, Flagg LG, Aspinall D (1973a). Stress metabolism I: Nitrogen metabolism and growth in barley plant during water stress. *Aust. J. Biol. Sci.*, 26 :45-56.
14. Sivaramakrishnan S, Pattal V, Flower G, Paleg LG (1988). Proline accumulation and nitrate reductase activity in contrasting sorghum lines during mid season drought stress. *Plant Physiol.*, 74 :418-426.
15. Tyankova LA (1967). Effects of L.A.A. and 2,4-D on free and bound amino acids in wheat plants recovering after brief drought treatments. *Field Crop Abstr.*, 1531(20):3.
16. Vlasjuk PA, Shmatkol G, Rubanyuk EA (1968). Role of the trace elements zinc and boron in amino acid metabolism and drought resistance of winter wheat. *Fiziol. Rast.*, 15:281-287.
17. Wang WX, Brak T, Vinocur B, Shoemaker O, Altman A (2003). Abiotic resistance and chaperones: possible physiological role of SP1, a stable and stabilizing protein from *Populus*. In: Vasil IK (ed), *Plant biotechnology 2000 and beyond*. Kluwer, Dordrecht.

**REFERENCES**  
**BIBLIOGRAPHIQUES**

1. **Abbassenne F., Bouzerzour H., Hachemi L.,** 1997. Phénologie et production du blé dur (*Triticum durum Desf*) en zones semi-aride. Annales Agronomie INA, **18** :24 -36 .
2. **Acevedo E., Craufaurd P.Q., Austin R.B. et Perez Marco P.,** 1991. Traits associated with high grain yield in barley in low rainfall environments. J. Agri. Sci. Aamb., **116**: 23-26.
3. **Achouri.,** 1985: **Fertilisation azotée et densité de peuplement d'une variété de blé dur dans la Mitidja.**
4. **Ait-Abdallah-Djennadi F., Dekkiche N., Ghalem-Djender Z.,Oumdjekane K.,** 2010. cultures et couts de production des grandes cultures. Ed : *ITGC, Alger.6p.*
5. **Ait Kaki Y. et Brinis S.,** 1997. Tolérance au déficit hydrique chez le blé dur Stratégie adaptative, amélioration et stabilité du potentiel génétique. Rev. Sci et Tech., **178**: 25-31.
6. **Ali Dib T., Monneveux Ph., Arauss J.,** 1990. Breeding durum wheat for draught tolerance proc – Inter symp. – Bulgaria – Albena . Agri acad: 224-240.
7. **Ali Dib T.,** 1992. Contribution à l'étude de la tolérance à la sécheresse chez le blé dur, étude de la diversité des caractères phénologiques d'adaptation. Thèse de Doctorat en Sciences Agronomiques ENSA. Montpellier (France), 253p.
8. **Al-Rumaih MM., Al-Rumaih MM.,** (2008). Influence of ionizing radiation on antioxidant onzymes in there species of Trigonelle. Am. J. Enviren. Sci., 4:151-156.
9. **Amokrane A., Bouzerzour H., Benmahammed A., Djekoun A.,** 2002. Caractérisation des variétés locales, syriennes et européennes de blé dur évaluées en zone semi-aride d'altitude. Sciences et Technologie, Université Mentouri Constantine. Numéro special D, 33-38.
10. **Annichiarico P. et Pecetti L. (1993).** Contribution of some agronomic traits to durum wheat performance in dry Mediterranean region of northern Syria. Agro., **13**: 25-124.
11. **Annichiarico P., Abdellaoui Z., Kelkouli M. et Zerargui H.,** 2005. Grain yield, straw yield and economic value of tall and semi-dwarf durum wheat cultivars in Algeria. J.Afr Sci. **143**: 57-64.
12. **Araus J.L., Alegre L., Ali Dib T., Benlaribi M. et Monneveux P.** 1991. Epidermal and stomatal conductance in seedings of durum wheat landraces and varieties. In physiology Breeding of Winter Cereals for Stressed Mediterranean Environments. INRA Montpellier ed., les colloques, **55**: 225-231.
13. **Asins M.J.,** 2002. Present and future of quantitative trait locus analysis in plant breeding. Plant breeding 121-281-291.

14. **Austin R.B. et Jones H.G.**, 1975. The physiology of wheat—Annual Report-Plant breeds inst. Cambridge inst. England, pp: 327-355.
15. **Austin R.B.**, 1987. Some crop characteristics of wheat and their influence on yield and water use. In: Drought tolerance in winter cereals (JP Srivastava, E Porceddu, E Acevedo, S Varma, eds) John Wiley and Sons, UK, 321-326
16. **Auriau P.**, 1978: **Sélection pour le rendement en fonction du climat chez le blé dur. Ann Argon d'El-Harrach. Vol 8 N°2 ,1-14.**
17. **Bagga A.K., Ruwali K.N., Asana R.D.**, 1970. Comparison of responses of some Indian and semi-dwarf Mexican wheats to unirrigated cultivation. Indian J Agric Sci 40, 421-427.
18. **Bajji M., Kinet JM., Lutts S.**, 2001. Water deficit effects on solute contribution to osmotic adjustment as a function of leaf ageing in three durum wheat (*Triticum durum* Desf) cultivars performing differently in arid conditions. Plant Sci. **160**: 669-681.
19. **Bammoune A.**, 1997. Contribution à l'étude de quelques caractères morphophysiologiques, biochimiques et moléculaires chez 13 variétés de blé dur, *Triticum turgidum* ESP *durum*, pour l'étude de la tolérance à la sécheresse dans la région des hauts plateaux de l'ouest algérien. Thèse de Magistère Institut des sciences de la nature, université des sciences et de la technologie Houari Boumediene, 96p.
20. **Barr H.J., Valencia J.I., Plaut W.**, (1968). On temporal autonomy of DNA replication in a chromosome translocation. J. Cell Biol. **39**: 8a.
21. **Belaid D.**, 1986: Aspect de la céréaliculture algérienne. OPU. Alger. 126 p.
22. **Bell E., Mullet J.E.**, 1991. Lipoxygenase gene expression is modulated in plants by water deficit, wounding, and methyl jasmonate. Mol. Gen. Genet. 230: 456-462.
23. **Belhassen, E., This, D., Monneveux, P.**, 1995. L'adaptation génétique face aux contraintes de sécheresse. Cahiers Agricultures. 4 : 251 – 61.
24. **Bellinger, R.G., Ravlin, F.W. & McManus, M.L.**, (1989) Forest edge effects and their influence on gypsy-moth (Lepidoptera, Lymantriidae) egg mass distribution. Environmental Entomology, 18, 840– 843.
25. **Bellinger Y., Bensaoud A. & Larher F.**, 1991. Physiological significance of proline accumulation, a trait of use to breeding for tress tolerance. Colloque Physiology-Breeding of winter Cereals for Stressed Mediterranean Environments, Montpellier (France). *Les colloques* .55. (éd). Inra. Paris.
26. **Benaissa R.**, 2013. Production de blé des prévisions optimistes. In conférences de presse sur l'agriculture, 23 JUIL 2013 ». Eds. L'ECONEWS. Algérie.

27. **Benalia S.**, 2014. **Journal de l'expression** <http://www.lexpressiondz.com/actualite/187165-la-facture-s-est-enballee-en-2013.html>.
28. **Benbelkacem, A., Mekni, M.S. et Rasmusson, D.C.**, 1984. Breeding for high tiller number and yield in barley. *Crop Sci.*, 24: 968-972.
29. **Benbelkacem A. et Kellou K.**, 2000. Evolution du progrès génétique chez quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) cultivées en Algérie. Symposium blé 2000 enjeux et stratégie. Pp192.
30. **Benbelkacem A., Kellou K.**, 2001. Évaluation du progrès génétique chez quelques variétés de blé dur (*Triticum turgidum* L. var. durum) cultivées en Algérie. *Options méditerranéennes*, 6: 105-10.
31. **Bennaceur M., Chorfi M., Rahmoune C., El Jaafri S. et Opaul R.**, 1997. Potentialités de production de quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au Magreb. *Rev.Sci.Technol.Univ.Constantine*, n°8,69-74.
32. **Bengeston G., Larson S. et Lilienberg G.**, 1978. Effect of water stress on cuticular transpiration rate and amount and composition of epicuticular wax in seedling of six out varieties. *Physiol. Plant*, 44: 319-324.
33. **Benlarabi, M. and Monneveux, Ph.**, (1988). Etude comparée du comportement en situation de déficit hydrique de deux variétés algériennes de blé dur (*Triticum durum* Desf.) adaptées à la sécheresse. *C.R Acad. Agric. France.*, 74 (5), pp. 73-83.
34. **Ben Abdallah N. et Ben Salem M.**, 1993. Paramètres morphologiques de sélection pour la résistance à la sécheresse des céréales. In: MONNEVEUX P. et BEN SALEM M. Eds, Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale. Montpellier, 15-17. INRA. Les Colloques, pp: 173-190.
35. **Bensari M., Calme S.J. and Viala G.**, 1990. Répartition du carbone fixé par photosynthèse entre l'amidon et le saccharose dans la feuille de soja : influence d'un déficit hydrique: *Plant phisiol. Biochimie*. 28 : 113-124 p.
36. **Bergareche C., Llusia J., Febrero A., Bort J. & Araus J.L.**, 1993. Effect of water stress on proline and nitrate content of barley relationships with osmotical potential, carbon isotope ratio and grain yield. Colloque Diversité génétique et amélioration variétale. Montpellier (France). *Les colloques*.64. (éd). Inra. Paris
37. **Bertheau Y., Darrasse A., Jouan B., Kotoujansky A., Priou S.**, 1993. Amplification Enzymatique *in vitro* D'ADN Et Ses Applications. *In Le Progres Genetique Passe-t-il*



- Par Le Repérage Et L'inventaire Des Gènes., Edit : AUPELF-UREE John Libbey Eurotext. P; 3-22.
- 38. Blum A.**, 1985. Photosynthesis and transpiration in leaves and ears of wheat and barley varieties. *J. exp. Bot.*, **36**: 432-440.
- 39. Blum A.**, 1988. Plants breeding for stress environments. Boca Raton, 4, CRC, Press. Floride, USA. 223p.
- 40. Blum A.**, 1996. Crop responses to drought and the interpretation of adaptation. *Plant Growth Regulation*, **20**:135-148.
- 41. Bonjean A.**, 2001. Histoire de la culture des céréales et en particulier celle du blé tendre. In S. le Perchec, P. Guy, A. Fraval : Agriculture et biodiversité des plantes, dossier de l'environnement de l'INRA, n°21, 29-37.
- 42. Borner G.H., Sherrier D.J., Stevens T.J., Arkin I.T., Dupree P.**, 2002. Prediction of glycosylphosphatidylinositol-anchored proteins in Arabidopsis: a genomic analysis. *Plant Physiol*129: 486-499.
- 43. Boyeldieu J.**, 1999. Encyclopédie des techniques agricoles : production végétale-Blé Tendre-Ed : Paris.20-20.
- 44. Boyer J.S.**, 1982. Plant productivity and environment. *Sci*, New series. **218**: 443 - 448 p.
- 45. Bozzini A.**, 1988. Origin, distribution, and production of durum wheat in the world. In Fabriani G. et C. Lintas (éd). Durum: Chemistry and Technology. AACCC (Minnesota), Etats-Unis, pp: 1-16.
- 46. Boulelouah N.**, 2002. Analyse de la variabilité génotypique de l'absorption de l'azote chez le blé tendre. DEA.INA. Paris Grignon, 33p.
- 47. Bousba Ratiba, Djekoun Abdelhamid, Duraa Susan et Ykhlef N.**, 2013. Caractérisation moléculaire et association marqueur SSR phénotype pour la tolérance au stress hydrique chez le blé dur (*Triticum durum* Desf) in European Scientific Journal, edition vol.9, No.12 ISSN: 1857 – 7881 (Print) e - ISSN 1857- 7431.
- 48. Bousba R., Djekoun A., Benbelkacem AEK., Kacem N.S. et Ykhlef N.**, 2011. Osmoregulation et osmoprotection des cellules foliaires de blé dur (*Triticum durum* Desf) sous condition de deficit hydrique. Congrès International sur l'Aide à l'Agriculture Algérienne, UBMAAnnaba.
- 49. Bousba R., Djekoun A. and Ykhlef N.** 2006b. Physiological traits and growth responses of durum wheat (*Triticum durum* Desf) to water deficit . 1st international Egyptian -Jordanian Conference. 261-264.

50. Bousba R., M. Baum, A. Djekoun, S. Labadidi, A. Djighly, A. Benbelkacem, M. labhilili, F., Gaboun and Ykhlef N., 2012a. screening for Drought Tolerance Using Molecular Markers and Phenotypic Diversity in Durum Wheat Genotypes. *W A SJ* 16 (9): 1219-1226.
51. Bousba R., Ykhlef N. & Djekoun A., 2009. Water use efficiency and flag leaf photosynthetic in response to water deficit of durum wheat (*Triticum durum* Desf). *World Journal of Agricultural Sciences* 5. 5: 609 -616 p.
52. Bousba R., M. Baum, A. Djekoun, S. Labadidi, A. Djighly, A. Benbelkacem, M. labhilili, F. Gaboun and N. Ykhlef, 2012b. association analysis of drought tolerance in durum wheat using simple sequence repeat (SSR) markers and phenotypic data. 1ere journée scientifique du département des sciences agronomiques Univ Ferhat abbas Sétif.
53. Bouzerzour H., Oudina M., 1989. Association de certains caractères morphologiques au rendement grain chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.) en conditions semi-arides. *Ann. Inst. Nat. Agron. El Harrach*, 13(1): 157-167.
54. Bouzerzour H., Benmahammed A., 1994. Environmental factors limiting barley grain yield in the high plateaus of eastern Algeria. *Rachis*, 12: 11-14.
55. Bouzerzour H. et Hafsi M., 1993. Diagnostic du comportement variétal du blé dur dans les hautes plaines sétifiennes. In : Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale. Montpellier, France. Ed. INRA, Paris, 64: 205-215.
56. Bouzerzour H., Monneveux P., 1992. Analyses des facteurs de stabilité du rendement de l'orge dans les conditions des hauts plateaux algériens. A l'occasion des colloques n°64: Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne : Diversité génétique et amélioration des variétés, (Montpellier, France, 15-17 décembre 1992). Eds. Ben Salem M et Monneveux P. Ed. INRA, Paris 1993. pp 205-15.
57. Brancourt-Hulmel M., 2000. Sélection variétale et milieu Sélection pour l'adaptation au milieu et prise en compte des interactions génotype/milieu. Dossier : Agriculture, recherche et Territoire, 7(6): 504-11.
58. Breck T.G., Baenziger S. et Morris R., 1992. Chromosomal location of quantitative trait loci affecting stability of six traits, using reciprocal chromosome substitutions. *Crop. Sci.* 32: 628-633.
59. Brini F., Hanin M., Lumbreras V., Irar S., Pages M., Masmoudi K., 2007. Functional characterization of DHN-5, a dehydrin showing a differential

- phosphorylation pattern in two Tunisian durum wheat (*Triticum durum* Desf.) varieties with marked differences in salt and drought tolerance. *Plant Science* **172**:20–28.
- 60. Brinis L.**, 1995. Effet du stress hydrique sur quelques mécanismes morphologiques, physiologiques et biochimiques. Traits d'adaptation et déterminisme génétique chez le blé dur- Thèse de Doctorat – Univ. Annaba.
- 61. Brisson N.**, 1996. Bien remplir le grain. Sécheresse : la tolérance variétale. Colloque perspectives blé dur. Toulouse Labège, 152p.
- 62. Campalans A., Messeguer R., Goday A. and Pagès M.**, 1999. Plant responses to drought, from ABA signal transduction events to the action of the induced proteins. *Plant Physiol. Biochem.* **37. 5**: 327 - 340 p.
- 63. Cattiveli L., Baldi P., Crosatti N. et Di Fonzo N.**, 2002. Chromosome regions and stress related sequences involved in resistance to abiotic stress in Triticeae. *Plant Molecular Biology*, **48**: 649-665.
- 64. Chaker A., Brinis L.**, 2005. Etude de l'impact de deux chocs thermiques (froid à 10°C et chaleur à 40°C) sur l'intégrité membranaires du blé dur. *Céréaliculture N°44*– 1er trimestre: 30-35.
- 65. Chantret N., Salse J., Sabot F., Rahman S., Bellec A., Laubin B., Dubois I., Dossat C., Sourdille P., Joudrier Ph., Gautier M.F., Cattolico L., Beckert M., Aubourg S., Weissenbach J., Caboche M., Bernard M., Leroy Ph and Chalhoub B.**, 2005. Molecular Basis of Evolutionary Events That Shaped the Hardness Locus in Diploid and Polyploid Wheat Species (*Triticum* and *Aegilops*). communique de presse. Paris, le 4 avril 2005 / INRA - CNRS – Université Evry – Genoscope-CNS –Géno plante – Genopole.
- 66. Chartzoulakisa K., Patakasb A., Kofidisc G., Bosabalidisc A., Nastoub A.**, 2002. Water stress. affects leaf anatomy, gas exchange, water relations and growth of two avocado cultivars. *Scientia Horticulturae* **95** : 39–50.
- 67. Cha-um S. et Kirdmane C.**, 2008. Effect of osmotic stress on proline accumulation, photosynthetic abilities and growth of sugarcane plantlets (*saccharum officinarum* L.) *Pak. J. Bot.*, **40**(6): 2541-2552.
- 68. Chennafi, H., Aïdaoui, A., Bouzerzour, H. & Saci, A.**, 2006. Yield reponse of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) cultivar Waha to deficit irrigation under semiarid growth conditions. *Asian J. Plant Sci.*, (5): 854-860.

69. **Chorfi A.**, 1992. Réactions physiologiques de *Hordeum vulgare* L. cv keys au chlorure de sodium en relation avec l'excès ionique. Thèse de doctorat, Gembloux, Faculté des sciences agronomiques, 116p
70. **Christmann A., Moes D., Himmelbach A., Yang Y., Tang Y., Grill E.**, 2006. Integration of Abscisic Acid Signalling into Plant Responses. *Plant Biology* **8**:314–325.
71. **CIC.**, 2002. International Grains Council. 2002. World Grains Statistics, pp 13-17.
72. **Clarke J.M., Norvell W.A., Clarke F.R. et Buckley T.W.**, 2002. Concentration of cadmium and other elements in the grain of near-isogenic durum lines. *Can. J. Plant Sci. /Revue canadienne de phytotechnie*, **82**: 27-33.
73. **Clement Grancourt et Prats.**, 1971. Les céréales. Ed.J.B. Bailliers et Fils, 360p.
74. **Clarke J.M. et Mc Craig T.N.**, 1982. Evaluation of techniques for screening for drought resistance in wheat. *Crop Sci.*, **22**: 503-506.
75. **Clarke J.M., et Richards R.A.**, 1988. The effect of glaucousness, epicuticular wax, leaf age, plant height, and growth environment on water loss rates of excised wheat leaves. *Can. J. Pant Sci.*, **68**: 975-982.
76. **CNUCED.**, 2011. Bulletin des prix produits de base.
77. **Cooper M., FOX P.N.**, 1996. Environmental characterization based on probe and reference genotypes. In: Cooper M., HAMMER GL., eds. Plant adaptation and crop improvement. CAB International: 529-47.
78. **Couvreur F.**, 1985: Formation du rendement du blé et risque climatiques. Perspectives agricoles N°95.PP 12-19.
79. **Croston R., Williams J.**, 1981. A word survey of wheat genetic resources. IBRGR.
80. **Cruiziat P.**, 1974. Détermination des pertes en eau subies par les différents organes d'une plante soumise au dessèchement. *Ann Agron* **25**. 539-554
81. **Dakheel A. J., Nasi I., Mahalakshmi V. et Peacock J. M.**, 1993. Morpho-physiological traits associated with adaptation of durum wheat to harsh Mediterranean environments. *Aspects of Applied Biology* **34**. *Physiology of varieties* 307- 297.
82. **Davidson D.J. and Chevalier P.M.**, 1990. Parenthesis Tiller Mortality in Spring Wheat. *Crop Science*, **30**, 832-836.
83. **Day W.**, 1981. Growth of spring barley under drought: crop development photosynthesis, dray-matter accumulation and nutrient content. *Journal of experimental Botany*, **96**: 167-186.
84. **Debaeke P., Cabelguenne M., Casals M.L., Puech J.**, 1996. Élaboration du rendement du blé d'hiver en conditions de déficit hydrique. II. Mise au point et test

- d'un modèle de simulation de la culture de blé d'hiver en conditions d'alimentation hydrique et azotée variées: Epiéphase-BI. Elsevier / INRA. Agronomie : agriculture and environment, 16: 25-46.
- 85. Decroocq S.,** 2003. SSR: MICROSATELLITES, Repetition de sequences simples (Simple Sequence Repeats) in Principes des techniques de biologie moléculaire; Ed.INRA ; pp 170-173.
- 86. Deepika M. & Anil G.,** 1999. Transcript levels of genes encoding various glycolytic and fermentation enzymes change in response to abiotic stresses. *Plant Sci* .**146**: 41 - 51 p.
- 87. Déjardin A., Sokolov L.N. & Kleczkowski L.A.,** 1999 .Sugar/osmoticum levels modulate differential abscisic acid-independent expression of two stress-responsive sucrose synthesis genes in *Arabidopsis*. *Biochem J* . **344**: 503 -509 p.
- 88. Dekkers J.C.M. et Hospital F.,** 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations [Review]. *Natl. Rev. Genet.*, **3 (1)**: 22-32.
- 89. Delcolle R., et Gurnade Y.,** 1980. Liaison entre le développement et de la morphologie du blé tendre d'hiver .Anales d'amélioration des plantes pp 479-498.
- 90. De Vienne D. and Causse M.,** 1998. La cartographie et la caractérisation des locus contrôlant la variation des caractères quantitatifs”, De Vienne éd., *Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales, Edition INRA*, pp 89-118.
- 91. De Vienne D., Santoni S.,** 1998. Les principales sources de marqueurs moléculaires. In *Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales*. D.de Vienne ed. 130p.
- 92. Deysson G.,** 1970. Physiologie et biologie des plantes vasculaires – 1ere partie. Nutrition et métabolisme – Tome II. Ed soc. D’enseig.sup.850p.
- 93. Diehl R.,** 1975. Agriculture générale- Ed Balliere 120 p.
- 94. Diab AA., Kantety RV., Ozturk NZ., Benschel D., Nachit MM., Sorrels ME.,** 2008. Drought-inducible genes and differentially expressed sequence tags associated with components of droughttolerance in durum wheat. *Sci Res Essays* **3**: 9-26.
- 95. Doré C., Varoquaux F.,** 2006. Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées. Ed INRA. 812 p
- 96. Doerge R.W., Zeng Z-B. and Weir B.S.,** 1997. Statistical issues in the search for genes affecting quantitative traits in experimental populations. *Statistical Science*. **12(3)**:195-219.

97. **Dorfling K. and Askman A.**, 1989. Relationship between frost tolerance and formation of proline, abscisic acid and specific proteins in cold hardened winter wheat (*Triticum aestivum*) varieties. XII Eucarpia Congress
98. **Doussinault G., Kaan F., Lecomte C et Monneveux P.**, 1992. Les céréales à pailles: présentation générale. In « amélioration des espèces végétales cultivées » : A. Gallais et H. Bannerot, ed. INRA (eds), pp 13-21.
99. **Doussinault G., Pavoine M., Jaudean B., Jahier J.**, 2001. Evaluation de la variabilité génétique chez le blé. Dossier de l'environnement de l'INRA, N°21, station d'amélioration des plantes. pp 91-103.
100. **Dubos C.**, 2001. Réponse moléculaire de jeunes plants de pin maritime soumis à un stress hydrique en milieu hydroponique. Thèse de doctorat. Univ. Henri Poincaré, Nancy-I. France.
101. **Dubcovsky J., Dvorak J.**, 2007. Genome Plasticity a Key Factor in the Success of Polyploid Wheat Under Domestication. *Science* 316 [Issue 5833], pp 1862.
102. **Eagles H.A., Bariana H.S., Ogonnaya F.C., Rebetzke G.J., Hollamby G.J., Henry R .J., Henschke P.H. et Carter M.**, 2001. Implementation of markers in Australian wheat breeding. *Aust. J. Agric. Res.* **52 (12)**: 1349–1356.
103. **Edmeades G.O., Bolanos J., Lafitte H.R., Rajaram S., Pfeiffer W.H., Fischer R.A.**, 1989. Traditional approaches to breeding for drought resistance in cereals. In: Baker F.W.G. (Ed.), *Drought Resistance in Cereals*. ICSU Press, C.A.B. International, pp 27–52.
104. **El falah M., Chalbi N., and El Guazzah M.** 1991. L'amélioration des plantes pour l'adaptation aux milieux arides. Ed. Aupelf-Uref. John Libbey Eurotext. Paris, 211-226.
105. **Eleuch L., Jilal A., Grando S., Ceccarelli S., Schmising M., Tsujimoto K., Amara H., Daaloul A. and Baum M.**, 2008. Genetic Diversity and Association Analysis for Salinity Tolerance, Heading Date and Plant Height of Barley Germplasm Using Simple Sequence Repeat Markers. *Journal of Integrative Plant Biology*, **50 (8)**: 1005–1015.
106. **El Hafid R., Smith D.H., Karrou M., Samir K.**, 1998. Morphological attributes associated with early-season drought tolerance in spring durum wheat in a Mediterranean environment. *Euphytica*, 101: 273–282.
107. **Eliard J.L.**, 1979. Manuel d'agriculture générale. Ed. J.B. Bailière, Paris, 344 p.

108. **El Mourid M (1988)**. Performance of wheat and barley cultivars under different soil moisture regimes in semi arid region. Ph.D. dissertation, Iowa State University Ames USA.
109. **El Mourid M., Karrou M., El Gharous M.**, 1996. La recherche en aridoculture respectueuse de l'environnement. *Al Awamia*. 92:69-81.
110. **El Jaafari S., Qariani L., El Hadrami I., Fagroud M., Paul R.**, 2000. Intégration des outils biotechnologiques et agrophysiologiques., Le blé, une plante modèle. A l'occasion de la VIIe journées scientifiques du réseau AUF « biotechnologies végétales : amélioration des plantes et sécurité alimentaire » Montpellier, 3-5 juillet 2000. Article apparu dans « Des modèles biologiques à l'amélioration des plantes ». Editeur scientifique. Serge h. IRD Editions. Collection colloque et séminaires. Paris 2001.
111. **Engledow F.L. et wadham S.M.**, 1993. Investigation on yield in the cereals. Part 1. *J Agric. Sci.* **13**: 390-439.
112. **Erroux J.**, 1974. Introduction aux catalogues des blés durs cultivés en Algérie. *Bull.Soc. Histoire Naturelle Afrique du Nord*, 5 :5-95.
113. **Evans L.T. et Rawson H. M.**, 1975. Photosynthesis and respiration by the flag leaf and components of ear during grain development in wheat. *Australian Journal of Biology*: 223- 45.
114. **Evans L., Wardlaw I., Fisher R.**, 1987. Crop physiology some cases histories .Ed: Cambridge University, *Great Britain*. P 112.
115. **FAO**. 2007. Faostat Site des données statistiques de la FAO : [www.faostat.fao.org](http://www.faostat.fao.org).
116. **FAO**. 2012. [http://www.fao.org/nr/water/cropinfo\\_wheat.html](http://www.fao.org/nr/water/cropinfo_wheat.html).
117. **Febrero A., Brot J., Brown RH. and Ariaus J.L.**, 1990: **The rôle of durum wheat ear as photosynthetic organ during grain filling. In: advanced trends in photosynthetic, Mallorca, Spain (unpublished).**
118. **Feekes, 1954**. Classement Rev2. *Agr1*. (1984).
119. **Feldman M.**, 2001. Origin of cultivated wheat inbonjean A.P. et Angus W.J. (ed). the word wheat Book : a history of wheat breeding. Intercept limited. Andover. Angle Terre. pp : 3-58.
120. **Feldman M.**, 1976. Taxonomic Classification and Names of Wild, Primitive, Cultivated, and Modern Cultivated Wheats. Dans : Simmonds, N.W. (éd)., *Evolution of Crop Plants*. Longman, Londre: 120-128 p.
121. **Fisher R.A.**, 1973. The effect of water stress at various stages of developpement on yield processus in wheat. Pages 2333-241. In: *Plantes responses to climatic factors*. (Ed: Slayter, R.O.) Unesco, Paris.

122. Fisher R.A. et Maurer R., 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars 1 Grain yield responses. Aust. J. Agric. Res. **29**: 897-912.
123. Fisher R.A. et Turner N.C., 1978. Plant productivity, in arid and semi arid zones. Ann. Rev. Plant Physiol. 29, 897-912.
124. Fokar, M., Nguyen, H.T., Blum, A., 1998. Heat tolerance in spring wheat Grain filling. Euphytica 104 : 9-15.
125. Freeze D. M., Bacon R. K., 1990. Row-spacing and seeding rate effects on wheat yields in the Mid-South. J. Prod. Agric. 3 : 345-348.
126. Gallais A., 1999. Les plantes transgéniques en agriculture. Intérêts et risques pour l'environnement. L'Eurobiologiste, 240: 23-28. **P.1995**. Ecophysiologie du blé. Ed. Lavoisier, Paris, pp78-81.
127. Gâte P., Bouthier A., Casablanca H. et Deleens E., 1992. Caractères physiologiques décrivant la tolérance à la sécheresse des blés cultivés en France. Interprétation des corrélations entre le rendement et la composition isotopique du carbone des grains. In: Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale. Montpellier (France) INRA. (Les colloques n°64).
128. Gate P., Bouthier A., Casablanca H. et Deleens E. 1993. Caractères physiologiques décrivant la tolérance à la sécheresse des blés cultivés en France. Interprétation des corrélations entre le rendement et la composition isotopique du carbone des grains. In: Tolérance à la sécheresse des céréales en zone Méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale. Ed. INRA, Montpellier (France), **64**: 61-73.
129. Gate P., 1995. Ecophysiologie du blé. Ed. ITCF. Technique et Documentation. Lavoisier, Paris, 419 p.
130. Gate P., Bouthier A., Woznica K. et Manzo M.E., 1990. La tolérance des variétés de blé tendre d'hiver à la sécheresse : premiers résultats I.T.C.F. Perspectives agricoles, **145**: 17-23.
131. Gate P., Grimaud L., 1989. L'épi de blé à la floraison : un outil remarquable pour l'analyse et la prévision du nombre de grains. Persp. Agric, 132: 18-30.
132. Gautier J., 1991. Notation d'agriculture. Ed. Gautier, Paris, pp575.
133. Geigenberger P., Reimholz R., Geiger M., Merlo L., Canale V. & Stitt M., 1997. Resolution of sucrose and starch metabolism in potato tubers in responseto short-term water deficit. *Planta*. **201**: 502 -518 p.



134. **Gibson L.R., Paulsen G.M.**, 1999. Yield components of wheat grown under high temperature stress during reproductive growth. *Crop Sci*, 39: 1841–1846.
135. **Godon B., Williem C.**, 1991. Les industries de première transformation des céréales. Coll.Agro. Alimentaire. Lavoisier. pp : 78-91.
136. **Goldstein DB, Schlotterer C.**, 1999. Microsatellites. Evolution and applications. Goldstein and Schlotterer eds, Oxford University Press.
137. **Gorham J.**, (1993). Stress tolerance and mechanisms behind tolerance in barley. In: *gronomical and physiological characterization of different barley genotypes to salt stress*. Settat 1993, meeting.
138. **Grandcourt C. et Prats J.**, 1971. Les céréales. 2ème Ed. Paris : Ballaird et Fils. 350 p.
139. **Granier C., Inzé D. and Tardieu F.**, 2000. Spatial distribution cell division rate can be deduced from that of P34cdc2 kinase activity in maize leaves grown in contrasting conditions of temperature and water status. *Plant Physiology*. 124, 1393-1402.
140. **Greenway H. and Munns R.**, 1988. Mechanims of salt tolerance in non halophytes. *Annual Review of Plant Phyiology*,25:149190.
141. **Grieu Philippe, Pierre Maury, Philippe Debaeke), Ahmad Sarrafi.**, 2008. Améliorer la tolérance à la sécheresse du tournesol : apports de l'écophysiologie et de la génétique *Innovations Agronomiques*. 2: 37-51.
142. **Grignac P.H.**, 1965. La culture et l'amélioration génétique du lé dur .Guide national de l'agriculture T.III.
143. **Guettouche R.**, 1990. Contribution à l'identification des caractères morphophysiologiques d'adaptation à la secheresse chez le blé dur – Thèse DAA mise en valeur du milieu naturel – ENSA Montpellier.
144. **Gu Z., Ma B., Jiang Y., Chen Z., Su X.,Zhang H.**, 2008. Expression analysis of the calcineurin B-like gene family in rice (*Oryza sativa* L.) under environmental stresses. *Gene* 415 :1–12.
145. **Hadjichistodoulou A.**, 1985. Stability performance of cereals in low rainfall areas as related to adaptative traits. In: *drought tolerance in winter cereals*. Srivastava J.P., Porceddu E., Acevodo E., Varma S.(éd).John Wiley and sons.UK: 191 -200 p.
146. **Hadj Youcef Taïbi H., Khaldoun A., Mekliche A.**, 2003. Etude comparative de la tolérance à la sécheresse de 08 variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) et de 04

- variétés d'orge (*Hordeum vulgare* L.) Analyse de la stabilité du rendement avec étude multilocale. Céréaliculture N°38: 26-30.
147. **Hamada Y.**, 2002. Evaluation de la variabilité génétique et utilisation des espèces tétraploïdes du genre *Triticum* pour l'amélioration génétique de la tolérance au déficit hydrique chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.). Thèse Magister. Université Mentouri Constantine, 167p.
  148. **Hannachi L., Deléens E. et Gate P.**, 1996. Nitrogen and carbon isotopique composition of wheat grain: alteration due to sink- source modifications at flowering. *Mass spectrometry*, **19**: 979-986.
  149. **Hare P.D. & Cress W.A.**, 1997. Dissecting the roles of osmolyte accumulation during stress. *Plant cell and environment*. **21**: 535 - 553 p.
  150. **Hare P.D., Cress W.A., Van Staden J.**, 1998. Dissecting the roles of increased calcium for potassium nutrition and salt tolerance. Osmolyte accumulation during stress. *Plant, Cell and Proceedings of the National Academy of Sciences, USA* 94, Environment 21, 535–553.
  151. **Harlan J.**, 1975. *Crops and man*. Eds John Wiley and Sons. NY. 350P.
  152. **Hauchinal R.R., Tandon J.P., Salimath P.M.**, 1993. Variation and adaptation of wheat varieties to heat tolerance in peninsula India. In: wheat in heat stressed environments, Irrigated, dry areas rice-wheat farmings systems, Sanders D.A. and Hettel G.P. *Ed.:Mexico, D.F., CIMMYT, 175-183*.
  153. **Haun J.R.**, 1973. Visuel quantification of wheat developpement. *Agronomy journal*, 65, 116-119.
  154. **Hazmoune T.**, 2000. Etude comparée de l'appareil racinaire de quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.). *1er Symposium International sur la filière blé. Enjeux et Stratégie du 07 au 09 fev. Alger*. P 181-185.
  155. **Hireche Y.A.**, 2006. Réponse de la luzerne (*Medicago sativa* L.) au stress hydrique et à la profondeur de semis. Mémoire de Magister, Université Al Hady Lakhdar-Batna (Algérie), 83 p.
  156. **Hubac C. and Vieira Silva J.**, 1980. Indicateurs métaboliques de contraintes mésologiques. *Physiol. Vég.* , 18, pp. 45-53.
  157. **Hucl P. and Baker R.J.**, 1989. Tillering patterns of spring wheat genotypes grown in a semiarid environment. *Can. J. Plant Sci.* 69: 7 r-79.
  158. **Hurd E.A.**, 1975. Phenotype and drought tolerance in wheat. *Agric Météorol* 14, 39-55.

159. **Hsiao T.C.**, 1973. Plant responses to water stress. *Ann. Rev. Plant physiol.* **24**: 519-520.
160. **Jonard P., Koller J., Vincent A.**, 1952. Evolution de la tige et de l'épi chez la variété de blé Vilmorin 27 au cours de la période de reproduction. *Ann. Amél. Plant.*, I (3), 256-276.
161. **Jonard P.**, 1964 : étude comparative de la croissance de deux variétés de blé tendre. *Annal de l'amélioration des plantes*, pp101-130.
162. **Jones, H.G., Flowers, T.J., Jones, M.B.**, 1989. *Plants Under Stress*. Univ. Cambridge.
163. **Johnson R.R. et Moss D.V.**, 1976. Effect of water stress on photosynthesis and transpiration of flag leaves and spikes of barley and wheat. *Crop. Sci.*, **14(5)**: 728-731.
164. **Johnson D.A., Richards R.A. et Turner N.C.**, 1983. Yield water relations, gas exchange and surface reflectance of near-isogenic wheat lines differing in glaucousness. *Crop Sci* **23**: 318-325.
165. **Kacperska A.**, 2004. Sensor types in signal transduction pathways in plant cells responding to abiotic stressors: do they depend on stress intensity. *Physiologia Plantarum* **122** :159–168.
166. **Kahali A.**, 1995. Contribution of carbohydrates and other solutes to osmotic adjustment in wheat leaves under water stress. *Plant. Physiol*, **145**: 363-366.
167. **Kearsey, M. J., and A. G. L. Farquhar**, 1998 QTL analysis in plants; where are we now? *Heredity* 80: 137–142
168. **Ketata H.**, 1987. Actual and potential yields of cereal crops in moisture-limited environments. in: *Drought Tolerance in Winter Cereals*, Srivastava, J.P., Porceddu, E., Acevedo, E. and Varma, S. (éds). John Wiley and Sons Ltd, Chichester, UK. pp:105-116.
169. **Kramer Pj.**, 1969: *Plant and soils water relationships and modern synthesis* – MC Grawahill – New York.
170. **Langridge P., Lagudah E.S., Holton T.A., Appels R., Sharp P.J. et Chalmers K.J.**, 2001. Trends in genetic and genome analyses in wheat: a review. *Aust. J. Agric. Rest.*, **52**: 1043-1077.
171. **Lakew B., Henry, Ceccarelli R.J., Grando S., Eglinton J., Baum M.**, 2012. Genetic analysis and phenotypic associations for drought tolerance in *Hordeum*

- spontaneum introgression lines using SSR and SNP markers. *Euphytica*. DOI 10.1007/s10681-0674-4.
172. **Lebon E., Pellegrino A., Tardieu F. and Lecoeur J.,** 2004. Shoot development in grapevine is affected by the modular branching pattern of the stem and intra and inter-shoot trophic competition. *Annals of Botany*. 93 : 263 -274 p.
173. **Levitt J. (1980).** Water stress in “responses of plant environmental stress, water, radiation, salt and other stresses. New York, Academic Press, pp: 225-282.
174. **Levitt J. 1982.** Responses of plants to environmental stresses. *Academic Press*. New York San Francisco –London: 607p.
175. **Ludlow M.M. et Muchow R.C. (1990).** A critical evaluation of traits for improving crop yield in water limited environments. *Advances in Agronomy*, **43**: 107-153.
176. **Madhava Rao K.V., Raghavendra A.S. & Janardhan Reddy K.,** 2006. Printed in the Netherlands. *Physiology and Molecular Biology of Stress Tolerance in Plants. Springer*: 1-14 p.
177. **MADR.,** 2006. Statistiques série B du Ministère de l’agriculture et du développement rural.
178. **Magné C. and Larher F.,** 1992. High sugar content of extracts interferes with colorimetric determination of amino acids and free proline. *Analytical Biochemistry*, 200: 115 M50.
179. **Martre P., Gretchen B., North, Edward G., Bobich and Park S.,** 2002. Root Deployment and Shoot Growth for Two Desert Species in Response to Soil Rockiness. *American Journal of Botany*. **89**: 1933-1939.
180. **Masle-Meynard J.,** 1980. L’élaboration du nombre d’épis chez le blé d’hiver. Influence de différentes caractéristiques de la structure du peuplement sur l’utilisation de l’azote et de la lumière. Thèse de Docteur- Ingénieur. INA-PG, Paris, 274p.
181. **Maurel C. and Chrispeels M.J.,** 2001. Aquaporins: a molecular entry into plant water Relations. *Plant Physiol*. **125**:135 –138 p.
182. **Mechara R.E. et Acila S.,** 1999. Etude de l’efficacité de quelques fongicides sur la carie du blé : mémoire d’ingénieur . IST.Univ.Tebessa. 70p.
183. **Mekhlouf A., Bouzerzour H., Bemahammed A., Hadj Sahraoui A. et Harkati N.,** 2006. Adaptation des variétés de blé dur (*Triticum durum*, Desf.) au climat semi-aride. *Sécheresse* 17 (4) :507-513.

184. **Mekliche A.**, 1983. Contribution à l'établissement de la fertilisation azotée du blé d'hiver dans le haut chéelif. Mémoire de magister. I.N.A. Alger. 81p.
185. **Merah O.**, 2001. Carbon isotope discrimination and mineral composition of three organs in durum wheat genotypes grown under Mediterranean conditions. Comptes rendus de l'Académie des sciences. Série III-Sciences de la vie-life sciences, 3224, 355-363.
186. **Monneveux P., Nemmar M.**, 1986. Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez le blé tendre (*T. aestivum* L) et chez le blé dur (*T.durum* Desf.). Etude de l'accumulation de la proline au cours du cycle de développement. *Agronomie*, 6(6):583-590.
187. **Monneveux P.**, 1991. Quelles stratégies pour l'amélioration génétique de la tolérance au déficit hydrique des céréales d'hiver ? In amélioration des plantes pour l'adaptation aux milieux arides. N. Chalabi and Y. Demarly (eds). Tunis (Tunisie), AUPELF- UREF, pp: 165-186.
188. **Monneveux P. et This D.**, 1997. La génétique face aux problèmes de la tolérance des **8(1):** 29-35.
189. **Morgante M, Olivieri AM.**, 1993. PCR amplified microsatellites as markers in plant genetics. *Plant J* 3 : 175-182.
190. **Moule C.**, 1971. Céréales 2. phytotechnie spéciale. Ed. La maison rustique, Paris, 236p.
191. **Nachit M.M. et Jarrah M.**, 1986. Association of some morphological characters to grain yield in durum wheat under Mediterranean dry land conditions. *Rachis*, 5: 33-35.
192. **Nachit M., Nachit G., Keteta H., Gauch H.G. et Zobel R.W.**, 1992. Use of AMMI and linear regression models to analyse genotype environment interaction in durum wheat. *Theor. Appl. Gent.*, 83: 597-601.
193. **Nachit MM., Monneveux P., Araus JL., Sorrels ME.**, 2000. Relationship of dryland productivity and drought tolerance with some molecular markers for possible MAS in durum (*Triticum turgidum* L.var. durum). *Options méditerranéennes*, 40: 83-93.
194. **Najimi B., El Jaafari S., Jlibène M., Jacquemin JM.**, 2003. Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, 7: 17-35.

195. **Nei M., and Li W.H.**, 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 76: 5269-5273.
196. **Nemmar M.**, 1980. Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.) et chez le blé tendre (*Triticum.aestivum* L.) : étude de l'accumulation de la proline sous l'effet du stress hydrique. Thèse D.A.A. ENSA. Montpellier. France. 65 p.
197. **Nemmar M.**, 1983. Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez les variétés de blé dur et du blé tender – Evolution des teneurs en proline au cours du cycle de développement – Thèse de Doctorat ENSA – Montpellier.
198. **Nizam Uddin M., Marshall D.R.**, 1989. Effects of dwarfing genes on yield and yield components under irrigated and rainfed conditions in wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica 42, 127–134.
199. **Nouri L.**, 2002. Ajustement osmotique et maintien de l'activité photosynthétique chez le blé dur (*Triticum durum*, Desf), en condition de déficit hydrique. Thèse de Magistère en Biologie végétale Univ *Mentouri*. Constantine. 77p.
200. **O'toole, J.C., Cruz, R.T.**, 1980. Response of leaf water potential, stomatal resistance and leaf rolling to water stress. Plant Physiol. 51: 993-997.
201. **Papadakis**, 1983. Ecologie agricoles – Ed Duculot – Gembloux. 313p.
202. **Passioura J.**, 2004. Increasing crop productivity when water is scarce: from breeding to field management. In proceedings of the 4th International Crop Science Congress "New directions for a diverse planet" Brisbane, Australia. 12 pages, [www.regional.org-au/au/cs](http://www.regional.org-au/au/cs).
203. **Pheloung P.C.**, 1991. Contribution of stem dry matter to grain yield in wheat cultivars. Australian J. Plant Physiol., **18**: 53-64.
204. **Prasil I.T., Vitamvas P., Saalbach G., Capkova V., Opatrna J., Ahmed J.**, 2007. WCS120 protein family and proteins soluble upon boiling in cold-acclimated winter wheat. Journal of Plant Physiology, 164: 1197-1207.
205. **Qian YL., Wilhelm S.J., Marcum K.B.** 2001. Comparative Responses of Two Kentucky Bluegrass Cultivars to Salinity Stress. Crop Science, 41 :1895-1900.
206. **Quarrie S.A., Steed A., Semikhodsodski A., Lebreton C., Calestani C., Clarkson D.T., Tuberosa R., Sanguineti M.C., Melchiorre R., Prioul J.L.**, 1995. Identification of quantitative trait loci regulating water-and nitrogen-use efficiency in wheat. In proceedings of stressnet meeting, Salsomaggiore. Sept 1995. European Commission, Luxembourg, pp 174-180.

207. **Quarrie SA., Stojanovic J., Pekic S.,** 1999. Improving drought resistance in small-grained cereals: a case study, progress and prospects. *Plant Growth Regulation*, 29: 1-21.
208. **Quarrie SA., Steed A., Calestani C., Semikhodskii A., Lebreton C., Chinoy C., Steele N., Pljevljakusic D., Waterman E., Weyen J., Schondelmaier J., Habash DZ., Farmer P., Saker L., Clarkson DT., Abugalieva A., Yessimbekova M., Turuspekov Y., Abugalieva S., Tuberosa R., Sanguineti M-C., Hollington P.A., Aragues R., Royo A., Dodig D.,** 2005. A high-density genetic map of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) from the cross Chinese Spring X SQ1 and its use to compare QTLs for grain yield across a range of environments. *Theoretical and Applied Genetics*. **110**: 865-880.
209. **Quarrie S.A., Quarrie S.P., Radosevic R., Rancic D., Kaminska A., Barnes J.D., Leverington M., Ceoloni C., Dodig D.,** 2006. Dissecting a wheat QTL for yield present in a range of environments: from the QTL to candidate genes. *Journal of Experimental Botany* **57**(11): 2627-2637.
210. **Ramanjulu S. and Bartels D.,** 2002. Drought and desiccation-induced modulation of gene expression in plants. *Plant Cell* . **25**: 141-151 p.
211. **Rawson H. M.,** 1988. High temperature effect on the development and yield of wheat and practices to reduce deteriorious effects. In conf. On wheat production constraints in tropical environment. Eds klatt. UNDP- Cimmyt: 44-62.
212. **Rawson H.M., Bagga A.K. et Bremner P.M.,** 1977. Aspects of adaptation by wheat barley to sol moisture deficits. *Australian J. Plant Physiol.* **4**: 189-401.
213. **Rebetzke G.J, Richards R.A., Fettell N.A., Long M., Condon A.G., Forrester R.I, Botwright T.L.,** 2007. Genotypic increases in coleoptile length improves stand establishment, vigour and grain yield of deep-sown wheat. *Field Crops Research*, 100: 10–2.
214. **Rejeb M.N., Ben Salem M.,** 1993. Les divers mécanismes d'adaptation à la sécheresse chez les végétaux supérieurs, cas du blé et du caroubier. *Bull. Soc. Sci. Nat. Tunisie*, 22: 49-52.
215. **Richards R.A.,** 1986. Glaucousness in wheat: its development and effect on water use efficiency, as exchange and photosynthetic tissue. *Aust. J. plant. Physiol.***13**: 465-473.

216. **Richards R.A., Rebtzke G.J., Van Herwaarden A.F., Duggan B.L., Condon A.**, 1997. Improving yield in rainfed environments through physiological plant breeding. *Dryland Agriculture*, 36: 254-66.
217. **Richards Ra., Passioura Jb.** 1981. Seminal roat morphology and water use of wheat.II.Genetic variation crop. *Cr.Sci* 21: 253 – 255.
218. **Robert D., Gate P., Couvreur F.**, 1993. Les stades du blé. *Editions ITCF*. 28 p.
219. **Roider M.S, Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.**, 1998. A microsatellite map of wheat, *Ge.netics* 149. 2007–2023.
220. **Rong-haul L., Pei-Pol G., Baumz M., Grand S. and Ceccarelli S.**, 2006. Evaluation of chlorophyll content and florescence parameters as indicators of drought tolerance in barley. *Agric. Sci.* 5(100): 751-757.
221. **Rossignol J.-L., Berger R., Deutsch J., Fellous M., Lamour-Isnard C., Ozier-Kalogeropoulos O., Picard M., et De Vienne D.**, 2000. Génétique Gènes et génomes. Édition DUNOD. France. P ; 115-141.
222. **Roy J. K., Bandopadhyay R., Rustgil S., Balyan H. S. and Gupta P. K.**, 2006. Association analysis of agronomically important traits using SSR, SAMPL and AFLP markers in bread wheat J. K. *Current science*. **90**. 5.
223. **Saiki R.K., Gelfland D.H. et Stoffel S.**, 1988. Primer-directed enzymatic amplification of DNA with thermostable DNA polymerase. *Science*, **239**: 487-91.
224. **Savouré A., Jaoua S., Hua XueJun., Ardiles W., Van Montagu M. and Verbruggen N.**, 1995. Isolation, characterization, and chromosomal location of a gene encoding the DELTA 1-
225. **Scofield T., Evans J., Cook M.G. & Wardlow I.F.**, 1988. Factors influencing the rate and duration of grain filling in wheat.*Aust.J. Plant physiol.* **4**: 785 - 797 p.
226. **Semiani M.**, 1994. Contribution a l'étude des effets du stress hydrique sur quelques processus physiologiques, de croissance et de développement de deux variétés de blé tender. Mémoire de magister, spécialité pyrotechnie, 77-80 p.
227. **Semiani M.**, 1997. Etude de l'effet du stress hydrique sur quelques processus physiologiques et de croissance de 2 variétés de blé tendre (*Triticum aestivum* L.). *Rech. Agr.*, pp: 23-32, INRA.
228. **Shanahan J.F., Donnely K.J., Smith D.H. and Smikka D.E.**, 1985. Shoot development properties associated with grain yield in winter wheat .*Crop. Science* 25,770-775.



229. **Shi H.**, 2007. Integration of Ca<sup>2+</sup> in plant drought and salt stress signal transduction pathways, p. 141–182. In M.A.J.e. al. (Ed.), *Advances in Molecular Breeding Toward Drought and Salt Tolerant Crops*.
230. **Siakhène N.**, 1984. Effet du stress hydrique Sur quelques espèces de luzerne Annuelle. Mémoire ing Agr. INA. El Harrach. 90 p.
231. **Sivaramakrishnan S., Pattel V., Flower G. and Paleg L.G.**, 1988. Proline accumulation and nitrate reductase activity in contrasting sorghum lines during mid season drought stress. *Plant Physiol.*, 74: 418-426.
232. **Slama A.**, 1996. Effet d'une contrainte hydrique édaphique sur le développement du système racinaire de deux variétés de blé dur. DEA de physiologie végétale, faculté des sciences de Tunis.
233. **Slama A.**, 2002. Étude comparative de la contribution des différentes parties du plant du blé dur dans la contribution du rendement en grains en irrigué et en conditions de déficit hydrique. Thèse de doctorat en biologie. Tunis.
234. **Slama A., Ben Salem M. and Zid D.**, 2004. La proline est-elle un osmorégulateur chez le blé dur? Communication aux 15es Journées biologiques. Forum des sciences biologiques. Association tunisienne des sciences biologiques.
235. **Slama A., Ben Salem M., Ben Naceur M.B. et Zid E.**, 2005. Les céréales en Tunisie: production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance. *Science et changements planétaires / Sécheresse*, 16(3): 225-9.
236. **Slafer G.A. and Rawson H.M.**, 1994. Sensitivity of wheat phasic development to major environmental factors: a reexamination of some assumptions made by physiologists and modellers. *Australian Journal of Plant Physiology* 21:393– 426
237. **Slayter R.**, 1974. The effect of internal water status on plant growth development and yield. In *Plant responses to climatic factors. Proceedings of the Uppsala Symposium, UNESCO*.
238. **Soltner D.**, 2005. Les grandes productions végétales. 20ème Edition. Collection science et techniques agricoles. 472p.
239. **Sorrells M. E., Diab A. et Nachit M.**, 2000. Comparative genetics of drought tolerance. *Options méditerranéennes* série A (Séminaires méditerranéens), 40: 191-201.
240. **Subbiah B.V., Katyal J.C., Narasimham R.L., Dashinamurti C.**, 1968. Preliminary investigation on root distributions of high-yielding wheat varieties. *Inst J Appl Radiat* 19, 385-390.

241. Szabados L. and Savouré A., 2010. Proline: a multifunctional amino acid. Trends in plant sciences 15, 89-97.
242. Tahri E., Belabed A. and Sadki K., 1997. Effet d'un stress osmotique sur l'accumulation de proline, de chlorophylle et des ARNm codant pour la glutamine synthétase chez trois variétés de blé dur (*Triticum durum Desf.*). Bulletin de l'Institut Scientifique. Rebat.21: 81 - 89 p.
243. Teich A. H., 1982. Interaction of awns and environment on grain yield in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). CerealRes. Commun. 10,11-15.
244. Teulat B., Monneveux P., Wery J., Borries C., Souyris I., Charrier A. and This D., 1997. Relationship between relative water content and growth parameters under water stress in barley: A QTL study. New Phytology 137 : 99-107.
245. Terrones Gavira F. et Burny P., 2012. Evolution du marché mondial du blé au cours des cinquante dernières années. In « Céréals». ULg Gembloux Agro-bio Tech et CRA-W Gembloux. PP9.
246. Thornsberry, J. M., Goodman M. M., Doebley J., Kresovich S. and Nielsen D., 2001. Dwarf8 polymorphisms associate with variation in flowering time. Nat. Genet. 28: 286–289.
247. Toth G, Gàspàri Z, and Jurka J., 2000. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. Genome Res 10 :967–981.
248. Toshihiko Y., Momotaz A., 2004. Usefulness of simple sequence repeat (SSR) polymorphism for breeding programs in *Festulolium*. In Development of novel grass with environmental stress tolerance and high forage quality through intergeneric hybridisation between *Lolium* and *Festuca*. Yamada T., and Takamizo T.ed.pp.43-47.
249. Triboi E., Bancal P. et Ollier J.L., 1990. Accumulation, composition and translocation of carbohydrate reserves in stems of winter wheat genotypes. In: *Proceedings of the First Congress of the European Society of Agronomy* (p. 148).
250. Troll W., Lindsley J., 1955. A photometric method for the determination of proline. J. Biol. Chem., 215, 655-660.
251. Tsimilli-Michael M. M., Pêcheux R. J. et Strasser, 1998. Vitality and stress adaptation of the symbionts of coral reef and temperate foraminifers probed *in hospite* by the fluorescence kinetics O-J-I-P. *Archs. Sci.Genève*.51: 205 - 240 p.

252. **Turner N.C.**, 1979. Drought resistance and adaptation to water deficits in crops plants. In: *Stress Physiology in Crop Plants*, Mussell, H. et Staples, R.C. (éds). Wiley Intersciences, New York, pp 303-372.
253. **Urao, T., Yakubov, B., Satoh, R., Yamaguchi-Shinozaki, K., Seki, M., Hirayama, T. and Shinozaki, K.**, 1999. A transmembrane hybrid-type histidine kinase in *Arabidopsis* functions as an osmosensor. *Plant Cell* **11**, 1743-1754.
254. **Urao T., Shinozaki K Y.,Shinozaki K.**, 2000a. Two-component systems in plant signal transduction. *Trends in Plant Science* **5** (2):67-74.
255. **Urao T., Miyata S., Yamaguchi-Shinozaki K.,Shinozaki K.**, 2000b. Possible His to Asp phosphorelay signaling in an Arabidopsis two-component system. *FEBS Letters* **478**:227- 232.
256. **Van oosteram V., Cecarelli S., Peacock Jm.**, 1993: yield responses of barley to rainfull and temperature in Mediterranean environment. *Jagri sci* 121: 307 – 313.
257. **Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., van de lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M., Zabeau M.**, 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucl. Acids Res.* 23, p.4407-4414.
258. **Wang, W.X., Brak, T., Vinocur, B., Shoseyov, O., Altman, A.**, 2003. Abiotic resistance and chaprones: possible physiological role of SP1, a stable and stabilising protein from *Populus*. In: Vasil IK (ed), *Plant biotechnology 2000 and beyond*. Kluwer, Dordrecht. 439-443.
259. **Wardlaw I.F.**, 1967. The effect of water stress on translocation in relation to photosynthesis and growth effect during grain development in wheat. *Aust. J. Biol. Sci.* 20 : 25-39.
260. **Wardlaw I. F., Dawson I. A. et Munibi P. M.**, 1989. Tolerance of wheat to hight temperature during reproductive stage. *Australian Journal research* 46: 15-24.
261. **Wardlaw, J.F., Moncur L.**, 1995. The response of wheat to high temperature following anthesis I: the rate and duration of grain filling. *Aust J. Plant. Physiol*, 22: 391-397.
262. **Weir B. S., Cockerham C.C.**, 1984. Estimating F-Statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370.
263. **Weyrchi, R.A.**, 1995. Photosynthesis and water use efficiency of awned and awneletted near isogenic lines of hard winter wheat. *Crop Sci.* 35 ,172-176.

264. **Williams J.G.K., Kubelik A.R., Livak K.J., Rafalski J.A. et Tingey S.V.**, 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.* **18** (22): 6531-6533.
265. **Wolfe D.W., Sardes V.O., Villalobos J. et Ferreres E.** 1992. Photosynthesis recovery from drought in relation to stress effects on leaf osmotic potential and nitrogen content. In: *Proceeding of the 13 th International Sunflowers*. Pica, Italy, **1**: 658-663.
266. **Xiaoqing Yua, Guihua Baib, Na Luo, Zhenbang Chenc, Shuwei Liua, Jianxiu Liud, Scott E. Warnkee, Yiwei Jianga**, 2011, Association of simple sequence repeat (SSR) markers with submergence tolerance in diverse populations of perennial ryegrass *Plant Science* 180 391–398.
267. **Xiong L., et Zhu J.K.**, 2001. Abiotic stress signal transduction in plants: Molecular and genetic perspectives. *Physiologia Plantarum* **112**:152–166.
268. **Xu, S.C., Dai J.Y., Shen, X.Y., Wang L.Z., Cui Q., Zhu Y.L.**, 1995. The effect of water stress on maize photosynthetic characters and yield. *Acta Agron. Sin.* **21**: 356-363 .
269. **Yamada S., Komori T., Myers P.N., Kuwata S., Kubo T. & Imaseki H.**, 1997. Expression of plasma membrane water channel genes under water stress in *Nicotiana excelsior*. *Plant Cell Physiol.* **38**: 1226 -1231p.
270. **Yang D.L., Jing R.L., Chang X.P., Li W.**, 2007. Identification of Quantitative Trait loci and Environmental Interactions for Accumulation and Remobilization of Water-Soluble Carbohydrates in Wheat (*Triticum aestivum* L.) Stems *Genetics*, 176: 571–584.
271. **Yan W., Hunt L.A.**, 2001. Interpretation of genotype x environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci*, 41: 19-25.
272. **Ykhlef N.**, 2002. Photosynthèse, activité photochimique et tolérance au déficit hydrique chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.) Thèse de Doctorat d'Etat. Université Mentouri Constantine, 146 pp.
273. **Yu H., Chen X., Hong Y Y., Wang Y., Xu P., Ke S D., Liu H Y., Zhu J K., Olive D J and Xiang C B.**, 2008. Activated Expression of an Arabidopsis HD-START Protein Confers Drought Tolerance with Improved Root System and Reduced Stomatal Density. *Plant Cell.* **20**: 1134-1151.
274. **Zadoks J., Chang T., Konzak C.**, 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. *Weed research*, 14(6):415–421.

275. **Zhang J., Nguyen H.T. et Blum A., 1999.** Genetic analysis of osmotic adjustment in crop plants. *J. Exp. Bot.*, 50: 291-302.