

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي  
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA  
RECHERCHE SCIENTIFIQUE  
المدرسة الوطنية العليا للعلوم الفلاحية الحراش - الجزائر -  
ECOLE NATIONALE SUPERIEURE AGRONOMIQUE (ENSA)  
EL-HARRACH – ALGER



## Thèse

En vue de l'obtention du Diplôme de Doctorat en Sciences  
Agronomiques  
Option : Biotechnologies végétales

## Thème

**Etude de la diversité génétique chez *Vicia faba* L. (fève)**

Présentée par : Mme MALEK DJENKAL Nawel

### Devant le Jury composé de :

<b>Président :</b>	M.	Mefti Mohammed	Professeur (ENSA), Alger
<b>Directrice de thèse :</b>	Mme	Mekliche-Hanifi Leila	Professeur (ENSA), Alger
<b>Examineurs :</b>	M.	Mebarkia Amar	Professeur université de Sétif
	M.	Toumi Mohamed	Professeur université Alger 1

Année universitaire 2022- 2023

## Résumé

---

La fève (*Vicia faba* L.) est l'une des principales légumineuses alimentaires en Algérie. C'est une ressource phytogénétique qui continue à être cultivée traditionnellement dans plusieurs zones dans le nord et le sud du pays. Les accessions locales de fève qui ont été maintenues pendant plusieurs années présentent une diversité génétique importante. Et donc, il est devenu indispensable de collecter, préserver et caractériser ces accessions locales. Dans notre étude, quinze (15) accessions locales de fève ont été collectées et caractérisées. L'évaluation préliminaire de cette collection a permis de révéler une importante diversité morphologique des graines collectées dans les différentes régions prospectées. La caractérisation agro-morphologique de 46 accessions de *Vicia faba* L. d'origine géographique différentes y compris 13 accessions locales a permis d'établir une base de données descriptive des différents caractères étudiés pour chaque accession. Les résultats de l'analyse de la variance ont révélé une différence hautement à très hautement significative pour la majorité des 21 traits quantitatifs mesurés. De plus, les analyses multivariées (ACP et CAH) ont permis de classer les accessions étudiées en quatre groupes sur la base des performances agronomiques et des similitudes morphologiques. Et donc, nous avons pu selon l'importance agro-morphologique de certains traits, distinguer les accessions représentant les caractères les plus discriminants. Les 6 caractères morphologiques qualitatifs observés ont révélé une large variation inter et intra accessions. Les analyses ACM et CAH ont aussi permis de classer les accessions étudiées en quatre groupes en identifiant les morphotypes les plus dominants dans notre collection. L'analyse moléculaire à l'aide de sept marqueurs SSR a révélé une grande variabilité génétique au niveau des 14 accessions locales de fève. Vingt allèles au total ont été amplifiés avec une moyenne de 2,85 allèles par locus. L'indice PIC variait entre 0,32 à 0,58 avec une moyenne de 0,44. Cette étude a permis aussi de regrouper les 14 accessions locales sur la base des données agro-morphologiques et moléculaires indépendamment de leurs origines géographiques. De plus, l'AMOVA a mis en évidence que la majeure partie de la variation génétique globale au sein de la collection était le résultat d'une forte différenciation entre les accessions (84%).

**Mots clés :** *Vicia faba* L., fève, diversité génétique, caractérisation agro-morphologique, caractérisation moléculaire, SSR.

## ملخص

الفول (*Vicia faba* L.) هو أحد البقوليات الغذائية الرئيسية في الجزائر. هو مورد وراثي نباتي يستمر زراعته بشكل تقليدي في عدة مناطق في شمال وجنوب البلاد. تُظهر الاصناف المحلية للفول التي تم الاحتفاظ بها لعدة سنوات تنوعًا وراثيًا كبيرًا. لذا أصبح من الضروري جمع، حفظ وتوصيف هذه الاصناف المحلية. في دراستنا، تم جمع وتمييز خمسة عشر (15) صنفًا محليًا للفول. يكشف التقييم المبدئي لهذه التشكيلة عن تنوع مورفولوجي كبير للحبوب التي تم جمعها في مناطق التنقيب المختلفة. أتاح التوصيف المورفولوجي الزراعي لـ 46 صنفًا من *Vicia faba* L. من أصل جغرافي مختلف ، بما في ذلك 13 صنفًا محليًا ، إنشاء قاعدة بيانات وصفية للصفات المختلفة التي تمت دراستها لكل صنف. وكشفت نتائج تحليل التباين عن وجود فرق كبير إلى كبير جدًا بالنسبة لغالبية الصفات الكمية الـ 21 التي تم قياسها. بالإضافة إلى ذلك، سمحت التحليلات متعددة المتغيرات (CAH و ACP) بتقسيم الاصناف المدروسة إلى أربع مجموعات على أساس الأداء الزراعي وأوجه التشابه المورفولوجية. وهكذا، تمكنا وفقًا للأهمية الزراعية المورفولوجية لبعض الصفات من التمييز بين الاصناف ذات الصفات الأكثر تمييزًا. أظهرت الصفات المورفولوجية النوعية الستة (6) تباينًا كبيرًا بين وداخل الاصناف المدروسة. كما أتاحت تحليلات ACM و CAH تصنيف الاصناف المدروسة إلى أربع مجموعات من خلال تحديد الأنماط السائدة في مجموعتنا. أظهر التوصيف الجزيئي بواسطة سبع واسمات SSR تباينًا وراثيًا كبيرًا لـ 14 صنف محلي للفول. عشرون أليلًا تم تضخيمها في الاجمال بمتوسط 2,85 أليل في الموقع. تراوح مؤشر PIC بين 0,32 و0,58 بمتوسط 0,44. سمحت هذه الدراسة أيضًا بتجميع 14 صنف محلي للفول على أساس البيانات المورفولوجية والزراعية والجزيئية بشكل مستقل عن أصولها الجغرافية. علاوة على ذلك، أبرزت AMOVA أن معظم التباين الجيني العام ضمن مجموعتنا كان نتيجة التمايز القوي بين الاصناف (84%).

الكلمات المفتاحية: *Vicia faba* L. ، الفول ، التنوع الوراثي ، التوصيف الزراعي المورفولوجي ، التوصيف الجزيئي ، SSR.

## Abstract

---

Faba bean (*Vicia faba* L.) is one of the main food legumes in Algeria. It is a phylogenetic resource that continues to be traditionally cultivated in several areas in the north and south of the country. The local accessions of faba bean that have been maintained for several years present an important genetic diversity. Therefore, it has become essential to collect, preserve and characterize these local accessions. In our study, fifteen (15) local faba bean accessions were collected and characterized. The preliminary evaluation of this collection revealed an important morphological diversity of the seeds collected in the different regions surveyed. The agro-morphological characterization of 46 accessions of *Vicia faba* L. from different geographical origins, including 13 local accessions, allowed the establishment of a descriptive database of the various traits studied for each accession. The results of the analysis of variance revealed a highly to very highly significant difference for the majority of the 21 quantitative traits measured. Additionally, multivariate analyses (PCA and CAH) classified the studied accessions into four groups based on agronomic performance and morphological similarities. Thus, based on the agro-morphological importance of certain traits, we were able to distinguish the accessions representing the most discriminating characteristics. The observed 6 qualitative morphological traits showed a wide variation both within and among accessions. The ACM and CAH analyses also classified the studied accessions into four groups, identifying the most dominant morphotypes within the collection. Molecular analysis by seven SSR markers revealed high genetic variability in the 14 local bean accessions. Twenty alleles in total were amplified with an average of 2.85 alleles per locus. The PIC index ranged from 0.32 to 0.58 with an average of 0.44. This study also enabled the grouping of the 14 local accessions based on agro-morphological and molecular data independently of their geographical origins. Furthermore, AMOVA highlighted that most of the overall genetic variation within the collection was the result of strong differentiation among accessions (84%).

**Key words :** *Vicia faba* L., Faba bean, genetic diversity, agro-morphological characterization, molecular characterization, SSR.

# Remerciements

---

Je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde gratitude à "ALLAH", pour sa divine guidance, son infailible soutien et ses innombrables grâces. Sa bienveillance et sa bénédiction m'ont comblé de la volonté inébranlable, du courage inépuisable et de la patience incommensurable nécessaires pour la réalisation et l'achèvement de ce travail.

Mes vifs remerciements s'adressent à ma directrice de thèse Mme Mekliche-Hanifi Leïla, professeur à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique d'Alger (ENSA). Il m'est difficile d'exprimer avec justesse toute la gratitude que je ressens envers elle pour avoir accepté de m'encadrer tout au long de ces années. Son expertise, son soutien infailible, son dévouement constant, ses conseils avisés et ses encouragements sincères m'ont permis d'évoluer en tant que chercheur mais aussi en tant qu'être humain. Qu'elle trouve ici le témoignage de ma très profonde reconnaissance et admiration.

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude à M. Mefti Mohammed, professeur à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique d'Alger (ENSA) pour m'avoir fait l'honneur de présider le jury de ma thèse de doctorat. Son expertise éminente et ses contributions intellectuelles spécifiques ne feront qu'enrichir le processus d'évaluation de ma thèse. Qu'il découvre en ces mots l'expression de mes sincères reconnaissances.

Mes remerciements s'adressent aussi à M. Toumi Mohamed, professeur à l'université Alger 1 et M. Mebarkia Amar, professeur à l'université de Sétif pour avoir accepté de faire partie de ce jury et d'examiner ce travail. Leur évaluation approfondie et impartiale me permet de mesurer la qualité de mes recherches. Qu'ils sachent que je suis très honorée par leur présence.

Je suis également reconnaissante à M. Kherrat Mohamed, chef de laboratoire des grandes cultures au niveau de l'Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie (INRAT) pour son accueil chaleureux au sein de son équipe, à M. Khamassi khalil pour l'intérêt qu'il a accordé à mon travail et sa précieuse assistance lors de la réalisation de certaines parties de ce travail, ainsi qu'à tous les membres du laboratoire des grandes cultures (chercheurs, ingénieurs, techniciens et ouvriers) en particulier Mme Bouhadida Meriem et Mme Hanene. Leur expertise et leur enthousiasme ont immédiatement créé un environnement propice à l'apprentissage et à la collaboration.

J'exprime aussi mes sincères remerciements à M. Lupini Antonio et Mme Aci Miyassa Meriem de l'Université Méditerranéenne de Reggio de Calabre (Italie). Leur rigueur scientifique et informations précieuses ont servi à répondre à beaucoup de questions concernant les données moléculaires obtenues et leurs analyses. Qu'ils trouvent ici la quintessence indéniable de ma gratitude.

Je souhaite souligner ma profonde gratitude et mes remerciements les plus sincères à M. Mekliche Arezki, professeur à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique d'Alger (ENSA) pour sa précieuse assistance, ses conseils avisés et son soutien constant. Je n'oublie pas de remercier aussi M. Maatougui Mohammed El Hadi pour ses orientations fructueuses.

J'aimerais exprimer mes remerciements les plus profondes envers les agriculteurs et les paysans des différentes zones prospectées qui ont généreusement accepté de partager leurs connaissances sur la culture de la fève et de nous avoir permis de collecter les graines. Je leur suis très reconnaissante pour leur travail acharné et leur dévouement envers la préservation de ces ressources.

Je souhaite exprimer ma profonde gratitude à M. Boudjniba M., M. Mahdid M., Mme Krimate S. Mme Senani R. et M. Berberi M. de l'ENS-Kouba. Leur rémunération intellectuelle, leur volonté d'aider et leur disponibilité ont été une source d'inspiration constante. Je leur suis très reconnaissante.

Mes remerciements les plus sincères s'adressent également à tous le personnel de l'ENSA (agents, ouvriers, techniciens et ingénieurs ...etc.), en particulier les employés de la bibliothèque centrale, de la station expérimentale et de la DPGR, pour leur précieuse aide et leur contribution inestimable, qu'ils trouvent ici mes salutations les plus respectueuses.

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude envers mes anciens collègues (Yamna, Nardjes, Khaoula, Abla, Nesrine et Mme Negri) pour leur appui indéfectible. Je remercie également tous mes collègues de travail en particulier Khelfi Assia, Belloued Daliya, Boukecha Dalila, Tiliouine Wahiba et Meamiche Hayette, pour leur soutien inébranlable et leurs encouragements inestimables.

Je ne saurais exprimer suffisamment ma gratitude envers Amriou Maissa, Badjou Sarah, Benmansour Mimi, Dahlia Fatima sans oublier Kechout Nabila, Mihoubi Mehdi et Saïdi Imene. Leur confiance en mes capacités a été un moteur puissant qui m'a permis de surmonter les obstacles et de persévérer dans mes efforts.

Il m'est impossible de conclure mes expressions de remerciements sans manifester ma gratitude indéfectible et empreinte d'une chaleur sincère envers ma famille. Son soutien constant et ses encouragements ont été des piliers solides sur lesquels j'ai pu m'appuyer pour pouvoir mener à fin ce travail. Qu'elle trouve ici l'émanation la plus authentique de ma gratitude.

A tous ceux qui, bien qu'ils n'aient pas été mentionnés, ont contribué de près ou de loin, à la réalisation fructueuse de ce travail.

## Liste des abréviations

---

<b>ACM</b>	Analyse des Correspondances Multiples
<b>ACP</b>	Analyse en composantes principales
<b>ADN</b>	Acide Désoxyribonucléique
<b>AFLP</b>	Amplified Fragment Length Polymorphism
<b>ANOVA</b>	Analyse de la variance
<b>AMOVA</b>	Analyse de la variance moléculaire
<b>BET</b>	Bromure d'éthidium
<b>CAH</b>	Classification Ascendante Hiérarchique
<b>CINPC</b>	Code international pour la nomenclature des plantes cultivées
<b>cm</b>	Centimètre
<b>CTAB</b>	Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide.
<b>CV</b>	Coefficient de variation
<b>dNTP</b>	Désoxyribonucléotide
<b>DSA</b>	Direction des Services Agricole
<b>EDTA</b>	Ethyl Diamine Tétra acétyl
<b>FAO</b>	Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture
<b>FIGS</b>	Focused identification of germplasm strategy
<b>ICARDA</b>	Centre International de Recherche Agricole dans les Zones Arides
<b>INRAA</b>	Institut National de Recherche Agronomique d'Algérie
<b>ISSR</b>	Inter Simple Sequence Repeats
<b>ITDAS</b>	Institut technique de développement de l'agronomie saharienne
<b>mM</b>	Millimolaire.
<b>NIAB</b>	National Institute of Agricultural Botany
<b>Pb</b>	paires de bases.
<b>PCR</b>	Polymerase Chain Reaction.
<b>PIC</b>	Polymorphic Information Content
<b>QTL</b>	Quantitatif Traits Loci
<b>RAPD</b>	Random Amplified Polymorphic DNA
<b>RFLP</b>	Polymorphisme de longueur des fragments de restriction
<b>SNPs</b>	Single Nucleotide Polymorphism
<b>SRAP</b>	Sequence-Related Amplified Polymorphisms

<b>SSR</b>	Simple Sequence Repeats
<b>STR</b>	Short Tandem Repeats
<b>TBE</b>	Tris - Borate- EDTA
<b>UPGMA</b>	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean
<b>UPOV</b>	Union internationale pour la Protection des Obtentions végétales
<b>USDA</b>	Département de l'Agriculture des États-Unis
<b>°C</b>	Degré Celsius
<b>μl</b>	Microlitre.

## Liste des tableaux

<b>Tableau 1.</b>	Origine et coordonnées géographiques du lieu d'origine des accessions locales de fève ( <i>Vicia faba</i> L.) ayant fait objet de la présente étude.....	39
<b>Tableau 2.</b>	Principaux descripteurs sélectionnés pour la caractérisation morphologique préliminaire des 15 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	45
<b>Tableau 3.</b>	Origine géographique des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L. ayant fait objet de la présente étude.....	61
<b>Tableau 4.</b>	Données climatiques (Précipitations, températures et humidité) pour la campagne 2013-2014.....	62
<b>Tableau 5.</b>	Caractères quantitatifs observés sur les 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	66
<b>Tableau 6.</b>	Caractères qualitatifs observés sur les 44 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	67
<b>Tableau 7.</b>	Statistique descriptive de la précocité à la floraison et la nouaison mesurés chez 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	69
<b>Tableau 8.</b>	Statistique descriptive de NMP2, BA, RDT, NGPL, NGNG et PMG mesurés chez 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	73
<b>Tableau 9.</b>	Statistique descriptive de NRP, LT, L1G et NEN1G mesurés chez 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	77
<b>Tableau 10.</b>	Statistique descriptive de NFR, LACR, LGCR, LAET et LGET mesurés chez 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	83
<b>Tableau 11.</b>	Statistique descriptive de LOGS, LAGS, LOGN et LAGN mesurés chez 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	84
<b>Tableau 12.</b>	Matrice des corrélations les traits agro-morphologiques quantitatifs de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	87
<b>Tableau 13.</b>	Localisation géographique de 14 accessions locales de fève ( <i>Vicia faba</i> L.) en Algérie.....	110
<b>Tableau 14.</b>	Données climatiques (Précipitations, températures et humidité) pour la campagne 2015-2016.....	111
<b>Tableau 15.</b>	Description des 10 caractères morphologiques utilisés pour l'analyse de 14 accessions locales de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	113
<b>Tableau 16.</b>	Liste des séquences d'amorces SSR sélectionnées.....	118
<b>Tableau 17.</b>	Résumé des paramètres statistiques de base (moyenne, écart-type et coefficient de variation) de 10 traits agro-morphologiques mesurés chez 14 accessions de fève algérienne.....	126
<b>Tableau 18.</b>	Liste des amorces des 7 marqueurs SSR sélectionnés pour la caractérisation moléculaire des 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.) .....	132
<b>Tableau 19.</b>	Résumé de l'analyse moléculaire des sept marqueurs SSR.....	133

## Liste des figures

<b>Figure 1.</b>	Classification de <i>Vicia faba</i> L. ....	5
<b>Figure 2.</b>	Carte géographique illustrant les chemins de migration traversés par <i>Vicia faba</i> L. de son centre d'origine vers les centres de domestication .....	7
<b>Figure 3.</b>	Variation de la production et de la superficie emblavée de la fève sèche en Algérie de 1999-2019.....	9
<b>Figure 4.</b>	Planche descriptive de la morphologie de <i>Vicia faba</i> L.....	16
<b>Figure 5.</b>	Le polymorphisme de longueur pour un même locus.....	33
<b>Figure 6.</b>	Locus microsatellite chez un individu homozygote (A) et un individu hétérozygote (B) .....	33
<b>Figure 7.</b>	Carte géographique des zones de prospection et de collecte des accessions locales de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	40
<b>Figure 8.</b>	Fréquence de la couleur des graines selon la wilaya .....	48
<b>Figure 9.</b>	Fréquence de la couleur du hile des graines selon la wilaya .....	48
<b>Figure 10.</b>	Fréquence de la forme des graines selon la wilaya .....	49
<b>Figure 11.</b>	Fréquence de la longueur de la graine selon la wilaya .....	50
<b>Figure 12.</b>	Fréquence du poids de cent graines selon la wilaya .....	51
<b>Figure 13.</b>	Représentation graphique des 15 accessions de fève collectées en Algérie sur le plan formé par les deux axes 1 et 2 de l'ACM des 5 variables morphologiques.....	52
<b>Figure 14.</b>	Dendrogramme représentatif des relations morphologiques entre les 15 accessions de fève collectées en Algérie.....	53
<b>Figure 15.</b>	Précipitations et températures moyennes par mois de la campagne 2013-2014.....	63
<b>Figure 16.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la pleine floraison des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	68
<b>Figure 17.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la formation de la gousse des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	68
<b>Figure 18.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de plants par mètre carré de 46 accessions <i>Vicia faba</i> L.....	71
<b>Figure 19.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la biomasse aérienne (q/ha) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	71
<b>Figure 20.</b>	Histogramme représentant la moyenne du rendement en grain (q/ha) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	71
<b>Figure 21.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de gousses par plant de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	72
<b>Figure 22.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de graines par gousse de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	72
<b>Figure 23.</b>	Histogramme représentant la moyenne du poids de cent graines (g) de 46 accessions <i>Vicia faba</i> L.....	72
<b>Figure 24.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de ramifications primaires de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	75

<b>Figure 25.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la hauteur de la tige principale (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	76
<b>Figure 26.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la longueur à la première gousse (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	76
<b>Figure 27.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre d'entre-nœuds à la première gousse sur la tige principale de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	76
<b>Figure 28.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de fleurs par racème de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	79
<b>Figure 29.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la largeur de la carène (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	80
<b>Figure 30.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la longueur de la carène (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	80
<b>Figure 31.</b>	Histogramme représentant la largeur de l'étendard (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	80
<b>Figure 32.</b>	Histogramme représentant la longueur de l'étendard (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	81
<b>Figure 33.</b>	Histogramme représentant la longueur de de la gousse (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	81
<b>Figure 34.</b>	Histogramme représentant la largeur de la gousse (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	81
<b>Figure 35.</b>	Histogramme représentant la longueur de la graine (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	82
<b>Figure 36.</b>	Histogramme représentant la largeur de la graine (cm) de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	82
<b>Figure 37.</b>	Projection des 21 descripteurs agro-morphologiques sur le plan formé par les deux premiers axes de l'ACP.....	89
<b>Figure 38.</b>	Projection des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L. sur le plan formé par les deux premiers axes de l'ACP obtenue à partir des données agro-morphologiques quantitatives .....	89
<b>Figure 39.</b>	Dendrogramme établi à partir des distances euclidiennes calculées sur la base de 21 descripteurs agro-morphologiques quantitatives.....	91
<b>Figure 40.</b>	Variabilité de la couleur des fleurs au sein des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	93
<b>Figure 41.</b>	Variabilité de l'extension de la pigmentation anthocyanique au sein des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	93
<b>Figure 42.</b>	Variabilité de la couleur de la tache mélanine au sein des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	93
<b>Figure 43.</b>	Variabilité de la couleur de la graine au sein des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	94
<b>Figure 44.</b>	Variabilité de la forme de la graine au sein des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	94
<b>Figure 45.</b>	Variabilité de la couleur du hile au sein des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L..	94
<b>Figure 46.</b>	Variabilité de 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L. pour les six descripteurs qualitatifs exprimée en pourcentage (%).....	96

<b>Figure 47.</b>	Représentation graphique des 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L. sur le plan formé par les deux axes 1 et 2 de l'ACM des 6 variables qualitatives.....	97
<b>Figure 48.</b>	Dendrogramme représentatif des relations morphologiques entre les 46 accessions de <i>Vicia faba</i> L.....	98
<b>Figure 49.</b>	Carte de l'Algérie représentant les sites d'origine des accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	108
<b>Figure 50.</b>	Image satellite de la localisation du site expérimental à l'ENSA.....	110
<b>Figure 51.</b>	Précipitations et températures moyennes par mois de la campagne 2015-2016.....	111
<b>Figure 52.</b>	Marqueur de poids moléculaire <i>Lambda</i> DNA/ <i>EcoRI</i> + <i>Hind III</i> utilisé comme référence pour la quantification de l'ADN.....	115
<b>Figure 53.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la pleine floraison des 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	121
<b>Figure 54.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la formation de gousse de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	122
<b>Figure 55.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de fleurs par racème de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	122
<b>Figure 56.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la hauteur des plantes de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	122
<b>Figure 57.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de gousses par plant de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	123
<b>Figure 58.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la longueur des gousses de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	123
<b>Figure 59.</b>	Histogramme représentant la moyenne du nombre de graines par gousse de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	123
<b>Figure 60.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la longueur de la graine de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	124
<b>Figure 61.</b>	Histogramme représentant la moyenne de la largeur de la graine de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	124
<b>Figure 62.</b>	Histogramme représentant la moyenne du poids de cent graines de 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	124
<b>Figure 63.</b>	Projection graphique des 10 caractères agro-morphologiques sur le plan formé par les deux premiers axes de l'ACP.....	127
<b>Figure 64.</b>	Projection graphique des 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.) sur les deux premiers axes de l'ACP obtenue à partir des données des 10 caractères agro-morphologiques .....	128
<b>Figure 65.</b>	Dendrogramme basé sur la distance Euclidienne et la méthode Ward's pour les traits agro-morphologiques des 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	129
<b>Figure 66.</b>	Dendrogramme des relations génétiques entre les 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.) calculées sur la base des 7 marqueurs SSR par la méthode UPGMA.....	133
<b>Figure 67.</b>	Analyse des coordonnées principales des relations génétiques entre les 14 accessions de fève ( <i>Vicia faba</i> L.).....	133

# Table des matières

---

<b>Introduction</b> .....	1
<b>Chapitre 1 : Synthèse bibliographique</b>	
1. Origine et classification de <i>Vicia faba</i> L. ....	4
1.1. Taxonomie et Classification botanique .....	4
1.2. Origine, centre de diversité et de domestication de <i>Vicia faba</i> L. ....	5
2. Importance et utilisation de <i>Vicia faba</i> L. ....	8
2.1. Importance économique .....	8
2.2. Importance alimentaire .....	10
2.3. Importance agronomique .....	11
3. Contraintes entravant la production de <i>Vicia faba</i> L. en Algérie .....	12
3.1. Contraintes abiotiques .....	12
3.2. Contraintes biotiques .....	13
4. Description des caractères agro-morphologiques chez <i>Vicia faba</i> L. ....	15
5. Etude de la diversité génétique des plantes cultivées .....	18
5.1. Définition de la diversité génétique des plantes cultivées .....	18
5.2. Importance de la diversité génétique .....	19
5.3. Diversité phytogénétique en Algérie .....	19
5.4. Gestion de la diversité phytogénétique .....	20
5.5. Ressources génétiques de <i>Vicia faba</i> L. ....	22
5.6. Evaluation de la diversité génétique chez <i>Vicia faba</i> L. ....	24
5.6.1. Marqueurs morphologiques .....	25
5.6.2. Marqueurs biochimiques .....	26
5.6.3. Marqueurs moléculaires .....	28
5.6.3.1. Les marqueurs microsatellites et la caractérisation moléculaire chez <i>Vicia faba</i> L. ....	32
<b>Chapitre 2 : Prospection, collecte et caractérisation préliminaire des accessions locales de <i>Vicia faba</i> L. cultivées en Algérie</b>	
1. Introduction .....	38
2. Matériel et méthodes .....	39
2.1. Prospection et collecte .....	39
2.1.1. Présentation des zones de prospection .....	41
2.1.2. Collecte et échantillonnage des graines .....	44
2.2. Caractérisation morphologique des graines des accessions locales de <i>Vicia faba</i> L..	45
2.3. Analyses statistiques .....	46
3. Résultats .....	47
3.1. Prospection et collecte .....	47
3.1.1. Distribution géographique des sites de collecte .....	47

3.2. Caractérisation préliminaire .....	47
3.2.1. Analyse de fréquence .....	47
3.2.2. Analyse des Correspondances Multiples (A.C.M) .....	51
3.2.3. Classification ascendante hiérarchique (C.A.H.) .....	53
4. Discussion .....	54
4.1. Prospection et collecte .....	54
4.2. Caractérisation préliminaire .....	55
5. Conclusion .....	58

### **Chapitre 3 : Caractérisation agro-morphologique de quarante-six (46) accessions de *Vicia faba* L. en Algérie**

1. Introduction .....	60
2. Matériel et méthodes .....	61
2.1. Matériel végétal .....	61
2.2. Présentation du site expérimental .....	62
2.2.1. Localisation de l'essai .....	62
2.2.2. Caractéristiques pédoclimatiques du site expérimental .....	62
2.3. Dispositif expérimental .....	63
2.4. Conduite et suivi de l'essai .....	63
2.5. Caractères agro-morphologiques étudiés .....	64
2.5.1. Caractères quantitatifs .....	64
2.5.2. Caractères qualitatifs .....	65
2.6. Analyses des données .....	65
3. Résultats et interprétations .....	67
3.1. Caractères quantitatifs .....	67
3.1.1. Analyse de la variance et comparaison des moyennes .....	67
3.1.2. Analyse des corrélations .....	86
3.1.3. Analyse en composantes principales (ACP) et classification ascendante hiérarchique (CAH) .....	88
3.2. Caractères qualitatifs .....	90
3.2.1. Evaluation de la variabilité intra-accession .....	90
3.2.2. Evaluation de la variabilité inter-accession .....	95
3.2.3. Analyse des Correspondances Multiples (ACM) et Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) .....	97
4. Discussion .....	100
4.1. Caractères quantitatifs .....	100
4.2. Caractères qualitatifs .....	105
5. Conclusion .....	106

### **Chapitre 4 : Etude de la diversité morphologique et moléculaire de 14 accessions algériennes de *Vicia faba* L.**

1. Introduction .....	107
2. Matériel et méthodes .....	108
2.1. Matériel végétal .....	108
2.2. Caractérisation agro-morphologique .....	110

2.2.1. Présentation de la zone d'étude .....	110
2.2.2. Dispositif expérimental et conduite de l'essai .....	112
2.2.3. Caractères étudiés .....	113
2.3. Caractérisation moléculaire .....	114
2.3.1. Extraction d'ADN génomique .....	114
2.3.2. Qualité et quantification de l'ADN .....	115
2.3.3. Analyse par les marqueurs SSR's .....	117
2.3.3.1. Optimisation des conditions d'amplification .....	117
2.3.3.2. Révélation des amplifiât par électrophorèse sur gel d'agarose .....	118
2.4. Analyse de données .....	119
2.4.1. Données agro-morphologiques .....	119
2.4.2. Données moléculaires .....	120
2.4.3. Corrélacion entre la caractérisation agro-morphologique et moléculaire .....	120
3. Résultats et interprétation .....	121
3.1. Caractérisation agro-morphologique .....	121
3.1.1. Analyse de la variance et comparaison des moyennes .....	121
3.1.2. Analyse en composante principale (ACP) et classification ascendante hiérarchique (CAH) .....	127
3.2. Caractérisation moléculaire .....	131
3.2.1. Analyse par les marqueurs SSR's .....	131
3.2.1.1. Optimisation des conditions d'amplification .....	131
3.2.2. Caractérisation par les SSR's .....	132
3.3. Structure génétique .....	133
4. Discussion .....	135
4.1. Caractérisation agro-morphologique .....	136
4.2. Caractérisation moléculaire .....	138
5. Conclusion .....	141
<b>Conclusion générale et perspectives .....</b>	<b>142</b>
<b>Références bibliographiques .....</b>	<b>145</b>
<b>Annexe .....</b>	<b>172</b>
<b>Productions scientifiques .....</b>	<b>182</b>

# *Introduction générale*

---

# Introduction générale

La diversité génétique au sein des populations des diverses espèces végétales constitue la matière première essentielle pour tout programme d'amélioration et de gestion des ressources phytogénétiques. Elle est essentielle pour la survie et la sécurité de toute espèce en lui offrant une capacité d'adaptation à des environnements changeants.

L'Algérie est un pays doté d'une large diversité taxonomique et donc d'une richesse importante en ressources phytogénétiques due essentiellement à la diversité climatique, pédologique et géographique de ses régions. Cette richesse inclut non seulement les espèces cultivées, mais aussi les populations locales et traditionnelles du pays, qui existaient déjà ou qui ont été introduites depuis des années dans différentes régions du pays. Ces populations traditionnelles, qui constituent un réservoir de gènes intéressant pour les travaux d'amélioration, continuent d'être préservées et cultivées par les paysans, tout en transmettant le savoir-faire et les caractéristiques liées à ces populations de génération en génération.

En effet, la conservation des ressources phytogénétiques permet d'augmenter la durabilité de la production agricole tout en limitant les impacts négatifs de l'environnement, et assure le maintien du potentiel des cultures face aux futurs programmes d'amélioration (Matson *et al.*, 1997), d'où la prise de conscience et l'intérêt porté sur l'importance de la conservation de la biodiversité agricole à l'échelle mondiale.

En Algérie, suite à l'introduction massive de nouvelles variétés plus performantes et productives et en raison de la négligence et l'absence de moyens adéquats d'évaluation, de conservation et de protection de ressources génétiques, ce patrimoine génétique est soumis à un processus d'érosion. En effet, au cours des cinquante dernières années, l'Algérie a enregistré une perte considérable en ressources agricoles (espèces, variétés, races, lignées, cultivars, etc.), atteignant 64 % pour les céréales et 79 % pour les légumes secs (Mediouni, 2001), et s'est inscrite ainsi parmi les pays les plus touchés par le phénomène d'érosion génétique (GTS, 2002).

La fève (*Vicia faba* L.) est l'une des principales légumineuses alimentaires qui présente une grande diversité génétique en Algérie. Elle a été introduite dans le pays depuis longtemps où elle a été cultivée comme plante vivrière essentiellement au niveau des plaines côtières et de l'intérieur ainsi que dans les zones sahariennes.

La variabilité des zones de production et l'ancienneté de la pratique de *Vicia faba* L. ont permis le développement d'écotypes avec des caractéristiques adaptées et spécifiques répondant aux besoins des populations locales, suite à un long processus d'adaptation et de diversification. Ces écotypes ont été cultivés et maintenus dans des jardins domestiques par la population locale dans les régions les plus reculées (régions montagneuses, zones sahariennes...), ce qui a permis le maintien et la conservation des ressources génétiques de cette espèce en Algérie.

De ce fait, la fève algérienne est représentée par des écotypes et des populations locaux adaptés aux conditions locales et n'ayant pas fait l'objet d'une amélioration. D'après Saadi (2014), le premier inventaire sur la fève algérienne a été réalisé durant la période coloniale. Les accessions locales ont été conservées dans des infrastructures de stockage tel que l'ICARDA et le laboratoire de germplasm méditerranéen de Baribari (Witcombe, 1984). En 2006, l'Institut technique de développement de l'agronomie saharienne (ITDAS) a recensé 92 populations locales de fève dans la wilaya de Biskra (Saadi, 2014).

Anciennement cultivée dans le monde, la fève (*Vicia faba* L.) est l'un des légumes secs le plus consommé en Afrique et en Asie. C'est une source importante de protéines pour l'alimentation humaine et animale (bétail). Elle constitue un élément nutritif et énergétique très important pour une grande partie de l'Afrique, l'Asie et l'Amérique latine (Haciseferogullari *et al.*, 2003). En outre, la fève permet une économie de la fertilisation azotée en raison de ses propriétés fixatrices d'azote atmosphérique et améliore la structure du sol avec son système racinaire dense et puissant (Hamadache, 2003).

L'étude de la diversité génétique de la fève est essentielle pour son utilisation efficace dans les programmes de sélection et d'amélioration génétique. En effet, l'évaluation des collections et des germoplasmes permet l'identification des écotypes et l'établissement d'une base de données et donc la création d'une collection nucléaire permettant son étude et son exploitation.

Malgré les efforts des chercheurs, les travaux sur l'évaluation de la diversité génétique de *Vicia faba* L. en Algérie sont limités. La présente étude s'inscrit dans le cadre de la contribution à la gestion et l'amélioration des ressources génétiques de la fève (*Vicia faba* L.). Elle a pour but la collecte et la préservation des écotypes algériens de *Vicia faba* L. pour leur évaluation par différentes approches phénotypiques et génotypiques (moléculaire).

Les objectifs assignés à notre travail se déclinent autour de quatre chapitres :

- Le premier chapitre est consacré à une synthèse bibliographique sur l'espèce *Vicia faba* L., sa taxonomie, son origine, sa répartition géographique, ses caractéristiques, son importance ainsi que les techniques employées dans l'étude de sa diversité phylogénétique ;
- Dans le deuxième chapitre sont présentées les zones de prospection avec la méthodologie de la collecte des accessions algériennes à travers le territoire algérien ainsi que la caractérisation préliminaire des graines collectées ;
- Le troisième chapitre s'intéresse à la caractérisation phénotypique d'une collection de *Vicia faba* L. qui repose sur une analyse des caractères agro-morphologiques ;
- Le quatrième chapitre traite l'analyse de la diversité génétique des accessions algériennes collectées par la mise au point d'une analyse moléculaire (SSR) afin d'évaluer le polymorphisme moléculaire des accessions étudiées.

A la fin, nous finirons par une conclusion générale qui résume les différents résultats obtenus et les recherches en perspectives de ce travail.

*Chapitre 1 : Synthèse  
bibliographique*

---

# Chapitre 1 : Synthèse bibliographique

## 1. Origine et classification de *Vicia faba* L.

### 1.1. Taxonomie et Classification botanique

*Vicia faba* L. ( $2n = 2x = 12$ ) est une espèce annuelle, herbacée, dicotylédonaire appartenant à la famille des Fabaceae, à la tribu des Viciées et au genre *Vicia* (Peron, 2006).

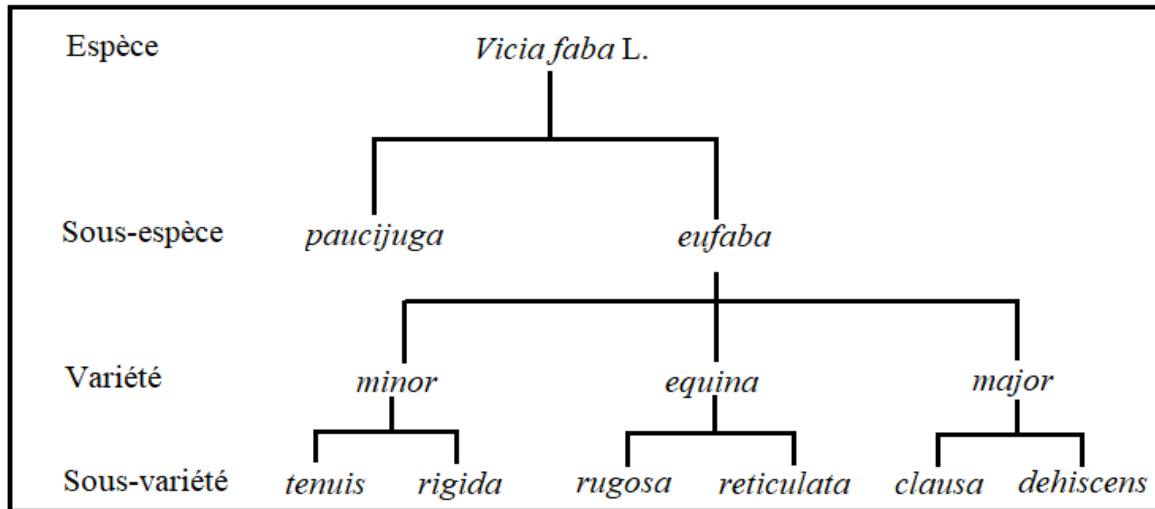
La position taxonomique de *V. faba* prête encore à débat. Les deux principales positions proposées sont soit qu'il existe deux genres distincts, *Vicia* et *Faba*, soit que *Vicia faba* appartient au genre *Vicia*. Cette dernière position est la plus adoptée par la plupart des taxonomies récentes (Cubero, 1984).

Sur le plan taxonomique, *V. faba* se distingue d'un point de vue cytogénétique par  $n = 6$  chromosomes subtélocentriques de grande taille contre  $n = 7$  chromosomes métacentriques de petite taille pour la majorité des autres espèces du genre *Vicia* (Le Guen et Duc, 1992). D'après Cubero et Suso (1981), l'absence de barrière génétique de fertilité (fécondité) entre les différentes formes de cette espèce permet de les regrouper en un seul sous genre à part. En conséquence, *V. faba* est considéré comme une espèce isolé dans le genre *Vicia* (Robertson, 1997). De plus, les données des recherches moléculaires témoignent d'une large distance génétique entre *V. faba* et les autres espèces du genre *Vicia* (Fennell *et al.*, 1998).

*Vicia faba* est une espèce dont la classification est encore en discussion. D'après Le Guen et Duc (1992) et Cubero et Nadal (2005), Muratova (1931) a subdivisée *V. faba* en deux sous-espèces *Eufaba* et *Paucijuga* en fonction du nombre maximal de folioles par feuille (Figure 1). Ce nombre est supérieur à quatre folioles pour la sous espèce *Eufaba* et moins de quatre folioles pour la sous espèce *Paucijuga* (Cubero et Nadal, 2005). Cette dernière, bien qu'elle ne soit pas reconnue par Hanelt (1972 cité par Le Guen et Duc, 1992), est considérée comme une forme ancestrale de *V. faba* probablement éteinte en tant que forme cultivée (Cubero et Suso, 1981 ; Cubero et Nadal, 2005). Elle est caractérisée par des tiges grêles avec une forte ramification (4 à 6 tiges par pied), des folioles étroites, des grappes florales de 2 à 3 fleurs et des petites graines à tégument noir (Le Guen et Duc, 1992). Muratova (1931 cité par Cubero et Nadal, 2005) a subdivisé la sous espèce *Eufaba* en trois types botaniques appelés variétés en fonction de la taille, la forme et le poids des graines : minor (graines ellipsoïdales jusqu'à 0,6 g/graine), equina (graines aplaties entre 0,6 et 1,1 g/graine), et major (graines très aplaties et grosses avec jusqu'à

2 g/graine et plus)). Selon Winch (2007), ces groupes de variétés présentent aussi une grande variation dans la période de croissance, la taille des plantes et le rendement.

Dans d'autres classifications, en particulier celle de Hanelt (1972 cité par Le Guen et Duc, 1992), la sous-espèce *Paucijuga* n'est pas reconnue et l'espèce *V. faba* est subdivisée en deux sous-espèces *Vicia faba faba* et *Vicia faba minor*.



**Figure 1.** Classification de *Vicia faba* L. selon Muratova (1931 cité par Le Guen et Duc, 1992).

## 1.2. Origine, centre de diversité et de domestication de *Vicia faba* L.

La fève, *Vicia faba* L., dont le nom *faba* provient du verbe grec *wagev* - “manger” – (Hopf, 1973), est l'une des plus anciennes légumineuses alimentaires domestiquées (Singh *et al.*, 2012). En effet, des preuves archéobotaniques fiables relient la fève à la période néolithique pré-poterie autour de 10 000 ans avant J.-C. dans un site du nord-ouest de la Syrie (Tanno et Willcox, 2006). Des traces de cette plante ont été trouvées associées à la domestication précoce des cultures dans les sites archéologiques des âges de la pierre, du bronze et du fer au Proche-Orient et dans le bassin méditerranéen : en Espagne, Italie, France, Suisse et Allemagne (Duc *et al.*, 2010).

L'ancêtre et l'origine précise de *V. faba* a fait l'objet de plusieurs études et le sujet de longs débats. D'après Zohary et Hopf (1973), la fève appartient au groupe d'espèces de vesces sauvages à forme de graines large qui sont regroupées dans la section *Faba* du genre *Vicia*. Géographiquement, cette section est presque limitée exclusivement au bassin méditerranéen et au Proche-Orient. Mais l'ancêtre sauvage de la fève cultivée n'a pas encore été identifié, par conséquent, nous ne connaissons pas l'ampleur de la perte de diversité (Duc *et al.*, 2010). L'ancêtre sauvage de la fève est supposé être soit disparu (Schäfer, 1973 ; Abbo *et al.*, 2013), soit pas encore trouvé (Van De Wouw *et al.*, 2001 ; Abbo *et al.*, 2013). Plusieurs explications

et hypothèses sont formulées par différents auteurs à ce sujet. Cubero (1974) suggère que les peuples se transmettaient les technologies culturelles de cette espèce avant d'échanger les semences de main en main. Par conséquent, la forme sauvage n'a pas été maintenue, cédant la place à la forme cultivée qui a été préservée à travers tous les chemins de migration. Maxted *et al.* (1991) supposent que cette plante a été cultivée de manière extensive dans son centre d'origine, faisant disparaître ainsi le reste des formes ancestrales. Cependant Kosterin (2014) pense que l'explication la plus simple de l'absence de l'espèce sauvage ancestrale de la fève est due au fait qu'elle a été entièrement domestiquée en raison de son habitat et de son aire de répartition naturelle restreints. Il est toujours possible qu'un ancêtre apparaisse dans des régions qui n'ont encore pas fait l'objet d'études approfondies (par exemple, le sud-est de la Turquie, l'Iran ou l'Afghanistan) et, par conséquent, les recherches et les prospections devraient continuer (Van De Wouw *et al.*, 2001).

Le plus proche parent sauvage de *V. faba* est considéré comme étant *V. pliniana* d'Algérie (Muratova, 1931 cité par Maalouf *et al.*, 2013). Cependant et selon ce même auteur, les différences morphologiques de *V. faba* ont permis de la classer comme une espèce indépendante de *V. pliniana*. Un autre ancêtre présumé est *V. paucijuga* caractérisé par une tige courte, un petit nombre de folioles par feuille et des graines très petites (Cubero et Suso, 1981). Toutefois et pendant plusieurs années, les spécialistes ont considéré *V. narbonensis*, une espèce méditerranéenne largement répandue, comme l'ancêtre probable de *V. faba*. Cependant, l'analyse cytogénétique a montré que cette espèce est génétiquement très divergente de la fève (Zohary et Hopf, 1973). Raina et Ogihara (1995) ont précisé que *V. faba* possède un caryotype de  $2n = 2x = 12$  contre  $2n = 2x = 14$  chez *V. narbonensis*.

En dépit du grand nombre d'études, peu de choses sont connues sur l'origine exacte de la fève et de sa domestication (Maxted *et al.*, 1991). Cubero (2011) considère que *Vicia faba* L. a été domestiquée vers 8000 avant J.-C., dans la région de la Méditerranée orientale ou quelque part entre cette dernière et l'Afghanistan (Van de Wouw *et al.*, 2001) ; et donc entre le Proche-Orient qui est le centre de la diversité de la section Faba et l'Afghanistan où se trouvent les formes les plus primitives de *Vicia faba* L. (Maxted *et al.*, 1991).

Afin de localiser l'origine de *Vicia faba* L., plusieurs études se sont basées sur la distribution géographique et les éventuels chemins de migration qu'a parcouru cette espèce de son centre d'origine vers d'autres centres d'adaptation et de diversification. Selon Cubero (1973), différents chemins de migration ont été probablement traversés par *Vicia faba* à partir du Proche-Orient (Figure 2). Le premier (1) pourrait être le chemin européen à travers

l'Anatolie (Turquie) vers la Grèce puis l'Italie et le reste de l'Europe. Le deuxième chemin (2) pourrait commencer au Delta du Nil vers l'ouest le long de la côte méditerranéenne jusqu'au Maghreb et la péninsule ibérique (Espagne) (Cole, 1970). Le troisième chemin (3) commence également au Delta du Nil et l'ex-Mésopotamie et se termine en Ethiopie. Le quatrième et dernier chemin (4) pourrait repartir de l'ex-Mésopotamie vers les régions de l'Inde (Cubero, 1973).



**Figure 2.** Carte géographique illustrant les chemins de migration traversés par *Vicia faba* L. de son centre d'origine vers les centres de domestication (Cubero, 1974).

1, 2, 3 et 4 représentent les quatre chemins de migration.

Selon l'étude menée par Tanno et Willcox (2006), le centre d'origine le plus probable de *Vicia faba* L. est Tell el-Kerkh, dans le nord-ouest de la Syrie vers la fin du 10<sup>ème</sup> millénaire avant J.-C. Muratova (1931 cité par Maalouf *et al.*, 2013) et Maxted (1995) considèrent que le sud-est de l'Europe et le sud-ouest de l'Asie comme des centres d'origine du genre *Vicia*. La région méditerranéenne est considérée comme un centre secondaire avec une concentration de formes d'espèces à grosses graines (Muratova, 1931 cité par Maalouf *et al.*, 2013). D'après Hanelt *et al.* (1972 cité par Le Guen et Duc, 1992), la fève (>1 g par graine) n'est apparue qu'après 500 ans après J.-C. D'autres études archéologiques ont confirmé que le groupe du genre *Vicia* à large graine (fève) est très récent suite à des graines fossiles trouvées dans des sites archéologiques du 2<sup>ème</sup> et 3<sup>ème</sup> millénaire av. J.-C. (Bond, 1976 et Witcombe, 1982), et ont désigné l'actuel Iraq comme le pays d'origine (Schultze-Motel, 1972). Selon Zheng *et al.*

(1997), la fève serait la première à être introduite au nord de la Chine à partir du Moyen-Orient soit 2100 ans avant notre ère. Cependant, le genre *Vicia* à petites graines (< 0,6 g) serait très ancien (période néolithique) ayant le nombre le plus élevé d'espèces endémiques avec une large diversité (Muratova, 1931 cité par Cubero et Nadal, 2005). En effet, des graines fossiles ont été découvertes au site archéologique de Nazareth (Palestine) datant de 6500 à 6800 ans av. J.-C (Kislev, 1985 et Garfinkel, 1987).

D'après Bond (1976), *Vicia faba* L. a rejoint le continent américain au quinzième siècle via les bateaux de commerce portugais et espagnols. Ceci a donné lieu à l'apparition d'espèces autochtones (landraces) bolivienne et péruvienne avec une grande variabilité phénotypique.

En effet, il existe une grande variabilité au sein du pool génétique domestiqué, avec le principal centre de diversité centré sur le bassin méditerranéen et des centres secondaires de diversité dans la vallée du Nil, en Amérique du Sud et en Asie centrale et orientale (Duc *et al.*, 2010), ce qui offre un potentiel inexploité aux sélectionneurs.

## **2. Importance et utilisation de *Vicia faba* L.**

---

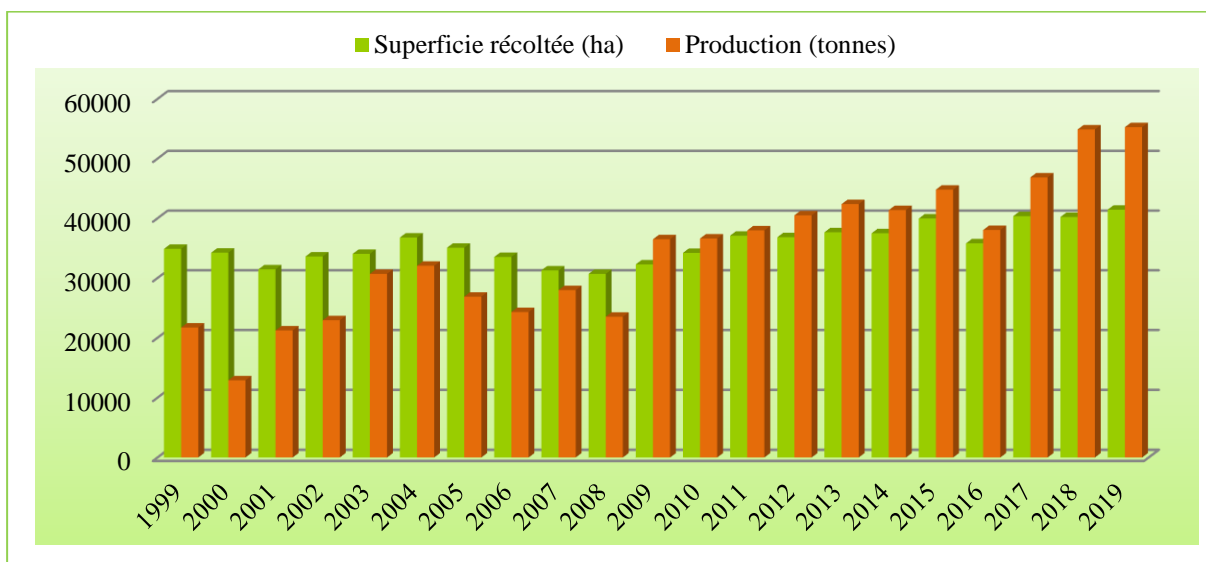
### **2.1. Importance économique**

Les légumineuses alimentaires représentent une famille d'une grande importance économique. Elles occupent le second rang dans le monde comme cultures alimentaires après les céréales (Rochester *et al.*, 2001). La fève (*Vicia faba* L.) est classée septième parmi les légumineuses à graines après le soja, l'arachide et le haricot commun (Duc *et al.*, 2015) et première parmi les légumes secs (Benachour *et al.*, 2007). Elle est utilisée soit sous forme de graines sèches pour l'alimentation humaine et animale, ou bien comme légume frais (Gasim *et al.*, 2015). Selon Minguez et Rubiales (2021), la superficie mondiale occupée par la fève a fortement diminué entre 1960 et 1990 passant de 5,5 millions d'hectares à environ 2,2 millions d'hectares. Elle s'est ensuite stabilisée autour de 2,5 millions d'hectares au cours de la dernière décennie jusqu'en 2017. Depuis 1960, la production mondiale de la fève est restée relativement stable entre 3,5 et 4,5 millions de tonnes (Mt). En 2019, la superficie mondiale est estimée à 2,57 millions d'hectares avec une production annuelle de 5,43 Mt de graines sèches dont 32 % enregistrée par la Chine, classée comme premier pays producteur de la fève dans le monde avec environ 1,74 Mt, suivie de l'Éthiopie (1,00 Mt), le Royaume unie (0,54 Mt), l'Australie (0,32 Mt) et la France (0,17 Mt) (FAOSTAT, 2021).

En Algérie, la fève est considérée comme une importante ressource socio-économique. Elle a un rôle important dans l'économie nationale et dans la production agricole (Aouar-Sadli *et al.*, 2008). La fève est l'une des cultures vivrières les plus importantes au pays (Laamari *et al.*, 2008). Elle fait partie des systèmes agraires dans plusieurs zones agro-écologiques de l'Algérie (Feliachi, 1996). Sa culture est pratiquée essentiellement au niveau des plaines côtières et de l'intérieur ainsi que dans les zones sahariennes (Maatougui, 1996). Selon Hamadache (2014), la fève est la légumineuse alimentaire la plus cultivée en Algérie.

- ***Superficie et production de la fève en Algérie.***

Depuis 1963, la superficie consacrée à la culture de la fève a connu une régression importante passant de 65000 ha à 21700 ha en 1966, soit une diminution de 66,6 %. Une augmentation fut enregistrée par la suite arrivant à 72600 ha en 1985. En effet, la superficie n'a pratiquement pas évolué durant les deux dernières décennies. Cependant, une légère variation interannuelle a été enregistrée passant de 34890 ha en 1999 à 30688 ha en 2008, puis à 41451 ha en 2019. La production de fève sèche connaît, elle aussi, une variation interannuelle et une évolution en dent de scie. La plus faible production de fève depuis l'indépendance fut enregistrée en 1997 avec 9067 tonnes. Depuis 2008, la production de la fève connaît une augmentation progressive passant de 23521 tonnes à 55272 tonnes en 2019 soit une augmentation de 57,4 % (Figure 3) (FAOSTAT, 2021).



**Figure 3.** Variation de la production et de la superficie emblavée de la fève sèche en Algérie de 1999-2019.

## 2.2. Importance alimentaire

*Vicia faba* L. est le légume sec le plus consommé dans plusieurs pays et régions de l'Afrique et de l'Asie. Secs et matures, les graines de fève sont cuisinées sous plusieurs formes. Au stade vert et immature, les graines et gousses sont récoltées et consommées comme légume.

En tant que légumineuse à graines, la fève est utilisée pour la consommation humaine et l'alimentation animale en raison de la teneur élevée en protéines dans ses graines sèches (Cubero et Nadal, 2005 ; Duc *et al.*, 2015). Malgré qu'elle soit moins utilisée pour l'alimentation humaine dans les pays occidentaux (Cubero et Nadal, 2005 ; Duc, 1997), la fève constitue un élément nutritif et énergétique très important pour une grande partie de l'Afrique, l'Asie et l'Amérique latine où elle offre à la population pauvre une bonne alternative aux protéines coûteuses d'origine animale (Haciseferogullari *et al.*, 2003). Les graines sont transformées, selon leur qualité et usage final, en des produits en conserve, broyés, décortiqués, cassés ou en farine. Aussi, l'amidon est extrait en Asie pour fabriquer du vermicelle, des nouilles, des boulettes et du pain cuit à la vapeur (Gnanasambandam *et al.*, 2012). Dans la cuisine de certains pays du moyen orient, les graines sèches sont utilisées, soit en tant que produit entier, ou comme produit transformé tels que les Medamis, les Falafels, la pâte Bissara et la soupe Nabet (Alghamdi, 2009). Selon Fatemi (1998), la contribution de la fève à l'alimentation animale est en augmentation. Selon les études, la fève est considérée comme un bon aliment pour les volailles avec l'ajout supplémentaire de méthionine. Elle est également utilisée dans les rations alimentaires des porcs, des vaches laitières, des bovins et des moutons (Gnanasambandam *et al.*, 2012). Utilisée comme fourrage chez les ruminants, la fève offre un bon équilibre de la ration alimentaire basée sur les graminées par une bonne concentration en Azote (N) grâce à sa richesse en protéines, et joue un rôle dans l'ingestion de la ration grâce à la teneur en fibres digestibles de ses graines (Schneider et Huyghe, 2015).

En Algérie, la fève fraîche ou sèche rentre dans un grand répertoire culinaire traditionnel. Elle est utilisée comme ingrédient alimentaire dans la préparation de plusieurs plats traditionnels tels que Ros Bratel, Doubara, Tbikha et le Mesfoufe. Les fèves fraîches (Gousses et graines) sont abondantes au printemps et largement consommées par la population. D'après Maatougui (1996), la fève peut être aussi utilisée en engrais vert dans les vergers, cependant les graines sèches sont incorporées dans la composition d'aliments du bétail, lorsqu'elles sont disponibles en grandes quantités.

La valeur nutritionnelle de la fève a toujours été attribuée à sa forte teneur en protéines, qui est de (27-34 %) avec une forte proportion de lysine (Duc, 1997 ; Cubero et Nadal, 2005). Cette

teneur varie en fonction des géotypes (Cubero et Nadal, 2005 ; Alghamdi, 2009). La plupart de ces protéines sont constituées de globulines (79 %), d'albumines (7 %) et de glutélines (6 %) (Hossain et Mortuza, 2006). La fève se caractérise par des propriétés nutritionnelles intéressantes pour assurer un bon équilibre nutritionnel. En effet, elle est riche en glucide, renferme une quantité non négligeable de minéraux et d'oligo-éléments notamment de potassium, de magnésium et de fer et contient une quantité satisfaisante de vitamine du groupe B (B3, B5 et B9) ainsi que de la vitamine C (Adrian *et al.*, 2002).

### 2.3. Importance agronomique

En plus de son rôle important dans l'alimentation animale et humaine, *Vicia faba* L. est une excellente plante pour les systèmes de culture. C'est un bon précédent cultural utilisé dans les rotations principalement intensives en céréales (Jensen *et al.*, 2010 ; Magoda et Gous, 2011). En effet, elle joue un rôle dans la rotation des cultures en améliorant la fertilité du sol d'une part, et d'autre part, en réduisant l'incidence des mauvaises herbes, des maladies et des insectes ravageurs (Lopez-Bellido *et al.*, 2005).

En même temps, la fève offre des services écosystémiques tels que l'apport renouvelable d'azote (N) aux cultures et au sol par la fixation biologique de N<sub>2</sub> atmosphérique de manière symbiotique, qui dépend fortement des populations de rhizobium efficaces (Jensen *et al.*, 2010).

Les fèves sont utilisées également dans les cultures intercalaires. C'est une pratique culturale qui consiste en la croissance de deux ou plusieurs cultures simultanément au sein de la même parcelle permettant ainsi de réduire l'utilisation des produits phytosanitaires, d'augmenter et/ou de stabiliser le rendement et limiter les pertes dues aux mauvaises herbes, aux maladies et aux insectes ravageurs (Köpke et Nemecek, 2010). Selon Jensen *et al.* (2010), l'association fèves – céréales engendre une association interspécifique permettant une utilisation plus efficace de l'azote et un meilleur contrôle des mauvaises herbes. En effet, les céréales sont plus compétitives que les fèves et donc exercent une forte compétition avec les mauvaises herbes pour l'eau et les nutriments en particulier l'azote.

D'après Hamadache (2003), la fève améliore la structure de sol avec son système racinaire dense et puissant, elle améliore aussi sa teneur en azote par un apport de 20 à 40 kg/ha et l'enrichit en matière organique par les résidus de récolte.

---

### 3. Contraintes entravant la production de *Vicia faba* L. en Algérie

---

*Vicia faba* est l'une des principales légumineuses alimentaires cultivées en Algérie. Pour son bon développement et sa croissance, la fève présente des exigences en matière d'eau, de température et de conditions édaphiques. Cependant, conduite sous régime pluviale et cultivée dans des zones souvent soumises aux effets des aléas climatiques, elle se trouve confrontée à un certain nombre de contraintes (abiotiques et biotiques) qui limitent son développement et sa croissance et induisent une instabilité du rendement.

#### 3.1. Contraintes abiotiques

Les principales contraintes abiotiques qui entravent la production de la fève en Algérie sont la sécheresse terminale, le froid hivernal, la gelée printanière, la chaleur et la salinité.

En Algérie, la fève est cultivée principalement sur les hauts plateaux et les plaines d'intérieurs, où le froid hivernal et les gelées printanières entraînent la coulure des fleurs et la mortalité des plantes (Maatougui, 1996) et provoquent la formation de cristaux de glace dans les espaces intercellulaires des tissus entraînant la destruction des parois cellulaires et la déshydratation des cellules végétales (Link *et al.*, 2010).

La sécheresse constitue un facteur limitant la production de la fève dans les hauts plateaux et les plaines côtières et entraîne une instabilité de la production de cette légumineuse exigeante en eau (Girard, 1990). La sécheresse terminale ou le stress hydrique est très répandu dans le climat méditerranéen (Duc *et al.*, 2015), elle est considérée comme le stress le plus important chez la fève (El Bouhamdi et Sadiki, 2002 ; Khan *et al.*, 2010). Selon Flores *et al.* (2012), elle peut causer une baisse du rendement et une dégradation de la qualité des graines. D'après Bay Ahmed (2013), il est donc impératif d'irriguer intégralement la fève en zones sahariennes en fonction des ressources hydriques.

La température moyenne optimale pour un bon développement de la fève est aux alentours de 13°C (Brink et Belay, 2006). Les températures supérieures à 23°C (fortes chaleurs) entraînent un arrêt de croissance, une chute prématurée de fleurs, une chlorose et favorisent les conditions du développement des maladies fongique et virales (Chaux et Foury, 1994). Dans les plaines d'intérieures et en zone sahariennes, le sirocco limite la production de gousse et affecte la grosseur de graines de fève. En zone sahariennes, les fèves sont irriguées avec des eaux chargées en sodium causant ainsi une réduction de la productivité due à l'effet du sel sur la plante et sur les propriétés physiques et chimiques du sol (Maatougui, 1996).

### 3.2. Contraintes biotiques

Les contraintes biotiques affectant la production de la fève sont constituées d'une série de maladies (cryptogamique et virales) et d'ennemies (ravageurs et parasites) qui attaquent la culture de la fève à différents stades de son développement. La diversité des principales contraintes biotiques et leurs dégâts diffèrent en fonction de la zone géographique et de la date de semis (Duc *et al.*, 2015).

Les taches chocolat (*Botrytis cinerea* et *Botrytis fabae*), l'antracnose (*Ascochyta fabae*), les rouilles (*Uromyces spp*), les nématodes (*Ditylenchus dipsaci*), les maladies virales et l'orobanche (*Orobanche crenata*) sont les principales maladies et agents pathogènes économiquement importants et qui constituent une menace sérieuse pour la culture de la fève en Algérie (Bouznad *et al.*, 2001).

La tache chocolat se trouve en tête des maladies fongiques les plus nuisibles à la fève. Les premiers symptômes apparaissent sur les feuilles, les tiges et les fleurs qui présentent des taches discrètes brun foncé entourées d'un anneau brun orangé (Stoddard *et al.*, 2010). Les attaques causées par *Botrytis fabae* peuvent réduire considérablement le rendement de la fève semée en automne (Duc, 1997). Des pertes de 60 % et 80 % ont été enregistrées au Maroc et en Tunisie (Bouznad *et al.*, 2001). En Algérie, une corrélation fut enregistrée entre la sévérité de cette maladie et le nombre de jours pluvieux au mois d'avril (Hamadache, 2014).

Dans le monde, la rouille causée par *Uromyces fabae* est l'une des maladies les plus sévères sur la fève (Sillero *et al.*, 2010). Elle est classée comme la deuxième maladie fongique la plus importante après le *Botrytis* dans les pays du Maghreb (Algérie, Maroc et Tunisie) (Bouznad *et al.*, 2001). Les premières attaques apparaissent généralement en fin de saison, vers la phase du remplissage des gousses (Stoddard *et al.*, 2010) sous forme de pustules ovales de couleur marron d'environ 1mm de diamètre qui s'éclatent en poudre sur la surface des feuilles, gousses et tiges (Matthews et Marcellos, 2003 ; Stoddard *et al.*, 2010). En Algérie, les pertes de rendement de la fève causées par cette maladie sont estimées entre 15 et 20 % (Meskine *et al.*, 2002). Elles peuvent être plus sévères et atteindre plus de 70 % de perte si l'attaque de la maladie se fait au début de la saison (Stoddard *et al.*, 2010).

*Ascochyta fabae* est l'agent pathogène responsable de la maladie de l'antracnose. C'est un champignon qui s'attaque aux graines et à toute la partie aérienne de la fève (Sillero *et al.*, 2010). Les symptômes se manifestent sur les feuilles sous forme de taches irrégulières de couleur gris clair entourées par une marge rouge brun (Nasraoui, 1991). Les dégâts enregistrés par cette maladie se résument à une réduction de la surface foliaire, l'infestation des graines et

l'avortement des gousses (Sillero *et al.*, 2010) provoquant ainsi une perte de rendement d'environ 30 % (Boizet *et al.*, 2014).

En plus des maladies fongiques, la fève peut être affectée par l'orobanche, une plante holoparasite chlorophyllienne, de la famille des Orobanchacée (Lhoste, 1947). D'après Maalouf *et al.* (2011), cette plante parasite est l'une des contraintes majeures de la culture de la fève en Afrique du Nord. Il existe trois espèces d'orobanche qui peuvent parasiter la fève : *Orobanche crenata*, *Orobanche foetida* et *Phelipanchea egyptiaca* (Pérez-de-luque *et al.*, 2010). En Algérie, l'espèce la plus connue est l'orobanche spéceuse (*Orobanche crenata* Forsk) (Hamadache, 2003). Elle cause des déprédations sur tout le littoral Algérois, la Mitidja et dans la zone sahélienne Oranaise (Ait-Abdellah et Hamadache, 1996). D'après Abbes *et al.*, (2007), l'orobanche peut occasionner des pertes de rendement de fève allant de 5 % à 95 % en fonction de la région, de la date de plantation et du niveau d'infestation de la fève.

Les ravageurs les plus nuisibles à la culture de la fève et qui causent de dégâts et dommages importants sont particulièrement le nématode des tiges (*Ditylenchus dipsaci*), le puceron noir (*Aphis fabae*) et la bruche de la fève (*Bruchus rufimanus*). Les nématodes des tiges provoquent un gonflement de la tige et sa décoloration, une nécrose sur les entre-nœuds, une déformation des feuilles et un éclatement de gousses (Maoui *et al.*, 1990 ; Stoddard *et al.*, 2010). Les pucerons noirs demeurent l'une des sérieuses contraintes qui ont un impact direct sur la productivité des fèves lorsque les attaques sont très sévères et indirecte en causant des forts dégâts par la transmission de virus dont ils sont vecteurs (Maatougui, 1996). La bruche de la fève est un ravageur de stock qui s'attaque aux grains destinés à la production de semences ou à l'alimentation humaine et qui nuit à leurs qualités (Arvalis, 2013). En Algérie, *Bruchus rufimanus* s'attaque à toutes les parcelles cultivées de fève et infeste environ 64 % des graines (Rachef *et al.*, 2005)

La plupart des virus qui affectent la fève sont transmis par des vecteurs (pucerons et nématodes) ou par la semence. En Algérie, huit virus ont été identifiés dont les plus importants sont : *Bean yellow mosaic virus* (BYMV), *Broad Bean Mottle Virus* (BBMV), *Bean Leafroll Virus* (BLRV), *Pea Enation Mosaic Virus* (PEMV) et *Afalga mosaic virus* (AMV) (Ouffroukh et Aggad, 1996).

Il existe dans le monde trois principales bactéries susceptibles d'attaquer la fève, *Pseudomonas viciae*, *Bacterium vicia* et *Bacterium phaseoli* (Muehlbauer et Tullu, 1997). Cependant, en Algérie aucune étude n'a identifié de maladie bactérienne chez la fève (Sahli, 2004).

---

#### 4. Description des caractères agro-morphologiques chez *Vicia faba* L.

---

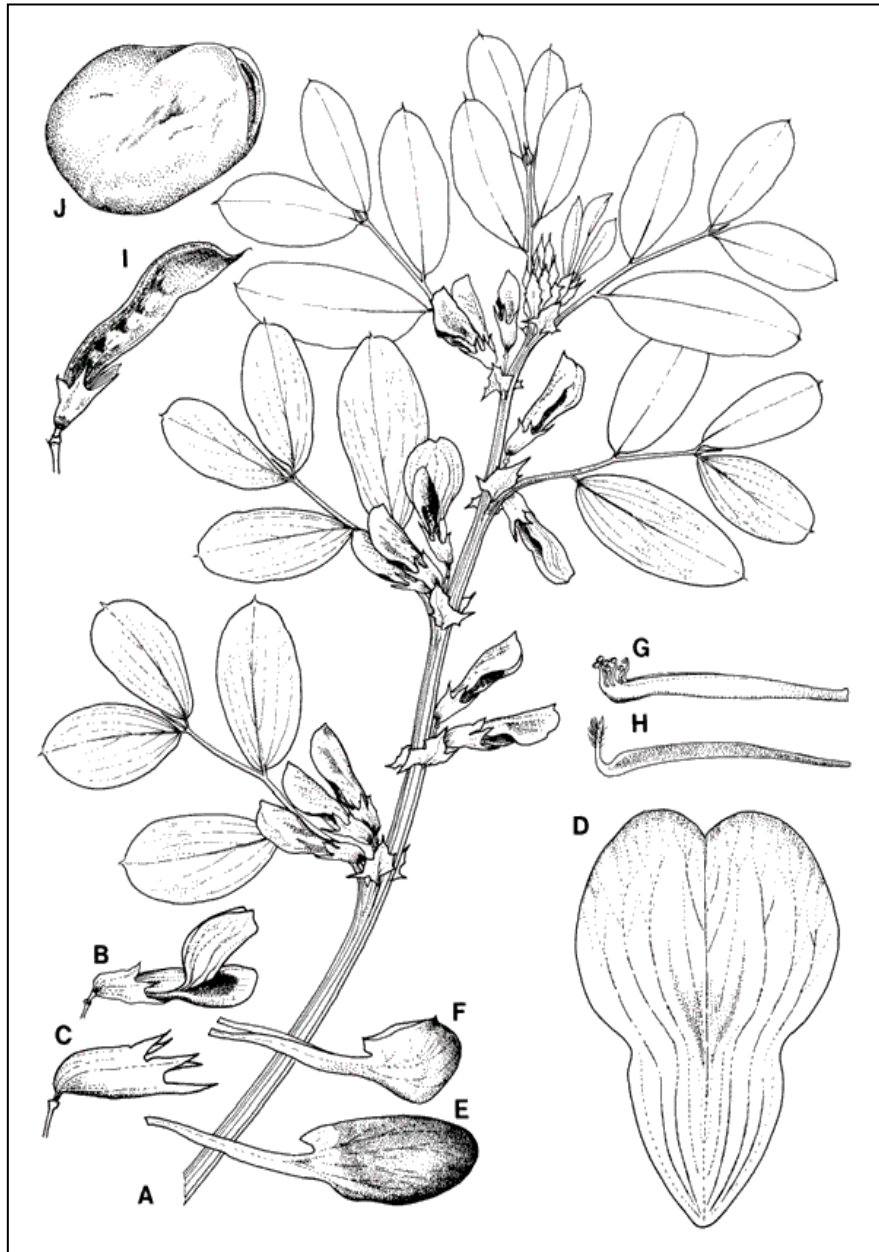
La fève (*Vicia faba* L.) est une légumineuse annuelle herbacée, dicotylédone (Small, 2009). C'est une plante à jours longs qui nécessite une saison fraîche pour un bon développement (Lloveras-Vilamanya, 1987 ; Jensen *et al.*, 2010). Elle est généralement cultivée au printemps sous les latitudes nordiques, en hiver dans les régions tempérées et subtropicales, mais aussi populairement cultivée en haute altitude (Duc, 1997). Pendant les saisons de croissance de la fève, la chaleur doit être peu ou pas excessive (Duke, 1981 ; Link *et al.*, 2010). En effet, les fèves ont besoin de températures inférieures à 20 °C pour germer et moins de 30 °C pour une croissance optimale (Duc, 1997 ; Cubero et Nadal, 2005).

La fève comprend deux appareils, un végétatif et l'autre reproducteur. L'appareil végétatif est formé de racines, tige et feuilles quant à l'appareil reproducteur, il est composé de fleurs, fruits et graines (Figure 4).

La germination de la fève est hypogée (Chaux et Foury, 1994). La racine est pivotante épaisse pouvant atteindre 1 m de long avec de nombreuses racines secondaires portant des nodules spécifiques à *Rhizobium leguminosarum* (Duc, 1997 ; Singh *et al.*, 2012). La tige est creuse, ferme à section quadrangulaire et à port érigé (Le Guen et Duc, 1992). Généralement, sa croissance est de type indéterminé (Duc, 1997), visible par un bourgeon terminal végétatif donnant des hauteurs de végétation pouvant atteindre 2m (Le Guen et Duc, 1992). Cependant, il existe des types à croissance déterminée portant un bourgeon terminal florifère (Ward et Chapman, 1986). Les tiges de la fève présentent un nombre variable de nœuds végétatifs et reproducteurs (2 à 5 et 7 à 25 nœuds respectivement), selon les génotypes et les conditions de culture (Le Guen et Duc, 1992 ; Fatemi *et al.*, 2005). D'après Duc (1997) et Singh *et al.* (2012), les cultivars d'hiver sont généralement plus ramifiés (4-6 tiges/plante) que les cultivars de printemps (1-2 tiges/plante). Les feuilles sont grandes de 10 à 25 cm de long, de couleur grisâtre, alternes, pennées, composées de deux folioles au bas de la tige à six folioles au sommet de la plante selon le stade de développement (Duc, 1997). Contrairement aux autres espèces du genre *Vicia*, les feuilles de la fève diffèrent essentiellement par l'absence de vrilles (Duc, 1997 ; Chaux et Foury, 1994). Les stipules sont bien visibles en forme dentée (Chaux et Foury, 1994) (Figure 4).

D'après Brink et Belay (2006), l'inflorescence est en grappe axillaire, sessile de 1 à 6 fleurs en moyenne. Les fleurs sont situées à l'aisselle de la feuille, sur un rameau court (racème) (Maoui *et al.*, 1990). Ce sont des fleurs bisexuées, papilionacées de couleur blanche, marron ou

violette dont la longueur varie de 2 à 3 cm (McGregor, 1976 ; Duc, 1997). Elles possèdent deux types de pigments, les anthocyanes au niveau de l'étendard et la mélanine responsable de la couleur des ailes (Le Guen et Duc, 1992) (Figure 4).



**Figure 4.** Planche descriptive de la morphologie de *Vicia faba* L. (Everard, 1982)

A : Plante entière ; B : Fleur ; C : Calice ; D : étendard ; E : aile ; F : carène ; G : Etamines ; H : Pistil ; I : Gousse et J : Graine

D'après Free (1970), une plante normale de fève produit environ 50 à 80 fleurs. Cependant et d'après Bond et Poulsen (1983), une grande partie de ces fleurs avortent et seulement 10 % produisent des gousses. La floraison débute en moyenne au niveau du 7<sup>ème</sup> nœud et continue jusqu'aux 20 nœuds suivants (Brink et Belay, 2006).

Le régime reproductif de la fève est intermédiaire entre l'autogamie et l'allogamie (Brink et Belay, 2006). Le taux d'allogamie varie de 2 à 84 % avec une moyenne de 32 %, selon la nature du pollinisateur (Bond et Poulsen, 1983 ; Bond, 1987). Mais la fève reste hautement autofertile (Minguez et Rubiales, 2021). La déhiscence des anthères se produit avant l'ouverture des fleurs mais la germination du pollen est retardée jusqu'à l'anthèse (Duc, 1997 ; Singh *et al.*, 2012).

La durée et la précocité de la floraison offrent des possibilités d'adaptation de la culture de la fève à diverses zones climatiques et pratiques agronomiques (Duc *et al.*, 2010). Elles permettent à la culture d'éviter le risque de gel à la floraison et la sécheresse à la maturité (Patrick et Stoddard, 2010). Les cultivars d'hiver n'ont pas de besoins absolus en froid, étant donné que les plantes non vernalisées arrivent à fleurir (Link *et al.*, 2010 ; Minguez et Rubiales, 2021). Contrairement aux cultivars de printemps et du type méditerranéen où la vernalisation accélère la floraison (Ellis *et al.*, 1988 ; Ellis *et al.*, 1990 ; Link *et al.*, 2010).

Les fèves sont pour la plupart des plantes à jours longs qui fleurissent avec une photopériode croissante (Minguez et Rubiales, 2021). D'après la synthèse présentée par Evans (1959), la photopériode chez la fève varie de 9 à 13h, ce qui correspond à celle proposée plus récemment par Patrick et Stoddard (2010) et qui est de 9,5 à 12h. En effet, Ianucci *et al.* (2008) ont souligné que certains cultivars italiens ne fleurissent que lorsqu'une photopériode de 12 h est atteinte. Chez la fève autochtone méditerranéenne, la photopériode est de 9,5 h au minimum (Ellis *et al.*, 1999). Catt et Paull (2017) ont élargi la description en se référant aux types neutres au jour qui finissent par fleurir indépendamment de la photopériode. C'est le cas des cultivars étudiés par Stützel (1995) en Allemagne qui fleurissent indépendamment de la photopériode.

La couleur des fleurs est un caractère à détermination oligogénique. Les allèles récessifs à l'un des deux gènes (zt-1 et zt-2) identifiés chez *Vicia faba* L. peuvent déterminer le caractère de la fleur blanche pure et avoir un effet pléiotropique sur la composition des téguments de la graine en déterminant l'absence de tannins (Duc *et al.*, 2015).

Chez *Vicia faba* L., les caractéristiques des gousses et des graines sont très diversifiées chez les formes cultivées. La gousse est courte et érigée pour les variétés *paucijuga* et *minor* (fèverole) portant 3 à 4 ovules. A la différence de la variété major (fève) ayant de longues

gousses pendantes avec 8 à 12 ovules. Enfin, la variété *equina* produisant des fruits à taille intermédiaire comporte 4 à 8 ovules (Duc, 1997). La graine constitue la source d'émergence de la nouvelle plante et se compose essentiellement de l'embryon, du cotylédon, et du tégument. Les graines de la fève présentent une grande variation génétique dans la couleur et le motif des téguments (tacheté, marbré), la couleur du hile et dans la couleur du cotylédon (jaune ou jaune foncé) (Duc *et al.*, 2015). En fonction du poids, du calibre et de la morphologie des graines, trois variétés ont été identifiées : la féverole (*Vicia faba* L. var. *minor*) avec des graines petites et arrondies ; la fève équine (*Vicia faba* L. var. *equina*) à graines de taille intermédiaire et un poids de graine qui varie de 0,4 à 0,8 g (var. *minor* et var. *equina*) et la fève (*Vicia faba* L. var. *major*) à grosses graines aplaties avec un poids de 0,8 à 2g (Le Guen et Duc, 1992 ; Gallais et Bannerot, 1992 ; Brink et Belay , 2006 et Crépon *et al.*, 2010).

## **5. Etude de la diversité génétique des plantes cultivées**

---

### **5.1 Définition de la diversité génétique des plantes cultivées**

La diversité génétique est la variabilité des allèles et des génotypes présents dans une population, une espèce ou groupe d'espèces (Frankham *et al.*, 2010). Ces ressources phylogénétiques sont considérées comme le matériel génétique d'origine végétale ayant une valeur effective ou potentielle pour l'alimentation et l'agriculture (FAO, 2009).

La diversité génétique quantifie l'ampleur de la variabilité génétique au sein d'une population (Mukhopadhyay et Bhattacharjee, 2016). Elle détermine le niveau de similarité ou de différence génétique (Parizeau, 1997), qui se reflètent par les différences morphologiques, physiologiques et comportementales entre les individus et les populations (Frankham *et al.*, 2010).

La variabilité génétique constitue une source fondamentale de biodiversité (Çalışkan, 2012 ; Mukhopadhyay et Bhattacharjee, 2016). C'est une condition de base pour un développement et une amélioration efficaces des populations végétales car elle fournit une flexibilité génomique qui peut être utilisée comme matière première pour l'adaptation et la résistance des populations aux changements environnementaux (Çalışkan, 2012).

La diversité phylogénétique a été générée au fil du temps suite à plusieurs phénomènes et forces évolutives. Ses effets portent sur l'organisation du polymorphisme à savoir la mutation et la migration qui augmentent la diversité, ainsi que la sélection et la dérive génétique qui la diminuent (Mebarki, 2009). En effet selon Barro-Kondombo (2010), les plantes cultivées

acquièrent au cours de leurs évolutions des particularités biologiques façonnées par les processus évolutifs et génèrent de nouveaux caractères constituant la diversité génétique au sein de l'espèce.

## 5.2 Importance de la diversité génétique

La diversité phytogénétique est importante car elle permet d'une part de satisfaire les besoins à court terme et d'autre part de réaliser une variabilité à long terme (Jarvis *et al.*, 2012). Elle est considérée pour l'ensemble des espèces végétales cultivées, comme la matière première primordiale pour tout programme d'amélioration de plantes (Demol *et al.*, 2002). Elle contribue aussi à la diversité de certains écosystèmes par leurs résiliences aux chocs environnementaux (Frankham *et al.*, 2010). Dans plusieurs agroécosystèmes traditionnels et modernes, la diversité phytogénétique reste volontairement entretenue, assurant ainsi une gestion durable des ressources naturelles mais aussi une bonne stabilité face aux changements imprévisibles du climat (Tilman, 1999). D'après les résultats de Chouplek *et al.* (2004), les plus fortes augmentations de rendement ont été observées chez les cultivars présentant une adaptation optimale aux techniques culturales locales et aux variations climatiques.

D'après Charrier *et al.* (1997), les ressources phytogénétiques sont essentielles pour l'agriculture, la médecine et l'industrie. Cependant, elles sont confrontées à de graves menaces liées à divers défis dans le domaine du développement agricole qui peuvent entraîner leur érosion. La perte de diversité génétique peut réduire la capacité de certaines populations à évoluer avec les changements environnementaux. Elle est souvent associée à la consanguinité et à la réduction de l'aptitude à la reproduction des espèces végétales (Frankham *et al.*, 2010). En effet, le rapport de la FAO (1996) sur l'état des ressources phytogénétiques dans le monde confirme l'installation d'une érosion génétique importante et tire la sonnette l'alarme. Il est donc impératif de préserver, maintenir et conserver les ressources phytogénétiques en vue de leur utilisation et valorisation.

## 5.3 Diversité phytogénétique en Algérie

L'Algérie, par sa grande superficie, sa position géographique stratégique et ses étages bioclimatiques variés, dispose d'une richesse floristique remarquable. Elle est représentée par 3139 espèces végétales spontanées décrite par Quezel et Santa (1962). Ce nombre, d'après les recherches de Chatelain *et al.* (2018) sur la flore du Maghreb, a été revu à la hausse, évalué à

environ 4002 espèces végétales. D'après Ozenda (1977), le nombre d'espèces qui représente la flore saharienne apparaît petit en le comparant avec la grande superficie du Sahara.

La flore algérienne comprend environ 289 espèces assez rares, 647 rares, 640 très rares, 35 rarissimes et 168 endémiques (Zeraia, 1983). Hireche et Boughani (1998) ont dénombré plus de 400 espèces en voie d'extinction, cependant seulement 226 espèces bénéficient d'une protection légale (décret n° 93-285 du 23 novembre 1993) (Abdelguerfi *et al.*, 2009),

En raison de la négligence de la diversité génétique et l'absence de consistance des programmes d'évaluation et de conservation des ressources génétiques, l'Algérie s'est inscrite parmi les pays les plus touchés par le phénomène d'érosion génétique (GTS, 2002). Ce phénomène est accéléré par l'effet des changements climatiques et de la désertification (INRAA, 2002), mais aussi par la forte dépendance alimentaire de l'Algérie vis-à-vis de l'étranger et le déséquilibre entre l'évolution des productions agricoles et celle de la demande alimentaire (Badrani *et al.*, 1994). Cela induit un déséquilibre naturel et une disparition d'un grand nombre de cultivars ou variétés traditionnelles et locales (INRAA, 2002).

#### **5.4 Gestion de la diversité phytogénétique**

Les ressources phytogénétique font l'objet de plusieurs activités au niveau des établissements de recherche agronomique et posent des questions de stratégie aussi bien au niveau de leur utilisation, que sur le plan des valorisations espérées de la gestion de leur conservation (Feldmann, 2003). La gestion (conservation et utilisation) rationnelle de ce patrimoine génétique conditionne la survie de l'homme et la conservation de la diversité biologique planétaire, aussi elle devra permettre l'exercice des droits fondamentaux pour les générations actuelles et futures (Chevarria Lazo, 2001). Cette gestion exige la collecte, la conservation et la multiplication du germoplasme (Marchenay et Laagarde, 1987 ; Frankel, 1976).

La prospection sur le terrain par l'exploration de toute l'aire de dispersion ou d'utilisation d'espèce ou groupe d'espèces est la phase la plus cruciale, dont le but essentiel est de collecter le matériel vivant accumulant la plus grande variabilité (Pernes, 1984). Elle permet donc de localiser et repérer le germoplasme dans les aires explorées et même dans les zones les plus marginales, qui souvent abritent les formes les plus originales avec des qualités particulières de l'espèce en question (Marchenay et Lagarde, 1986). Les recherches et enquêtes bibliographiques représentent une base de données importante qui peut être utilisée comme support dans les enquêtes et prospections sur le terrain.

Le travail d'enquête n'est bien fait que si le nom des cultivars est relevé dans la langue locale. En effet, les plantes cultivées sont désignées et réglementées selon le code international pour la nomenclature des plantes cultivées (CINPC). La connaissance de la nomenclature populaire locale constitue un support très utile qui permet de retrouver et d'éclaircir l'histoire des cultivars locaux (Marchenay et Lagarde, 1986).

La collecte est une phase très délicate qui dépend essentiellement de la méthode d'échantillonnage. En effet, la qualité du matériel génétique selon Nkefor *et al.* (1998) repose principalement sur sa manipulation avant et après la collecte. Les facteurs qui conditionnent un échantillonnage jugé représentatif sont : le nombre de plantes récoltées, leur distribution dans le milieu de récolte, la distribution des lieux et le nombre de lieux où ces plantes ont été collectées (Marchenay et Lagarde, 1986). D'après Pernes (1984), un bon programme de collecte doit se dérouler en deux temps au minimum. Un repérage et une récolte préliminaire pour un premier temps, qui constitue une base d'étude pour une planification d'une récolte plus systématique en deuxième campagne. Il faut noter qu'une fiche de renseignement doit être jointe à chaque échantillon et sur laquelle sont notées toutes les informations et caractéristiques appartenant à la plante et son milieu (identification des cultivars, information ethnobotanique, données biologiques et agronomiques).

La conservation des ressources génétique des parents sauvages des plantes cultivées ou des cultivars locaux, dans un but patrimonial, commercial ou à des fins de recherche, repose sur deux grandes modalités de conservation complémentaires, la conservation *in-situ* et *ex-situ* (Louette, 1994 ; Fady *et al.*, 2012). La conservation *in-situ* permet le maintien des plantes dans leur écosystème traditionnel (Marchenay et Lagarde, 1986). Cette modalité de conservation est un bon moyen pour conserver les espèces sauvages et les ressources génétiques des espèces cultivées (Engelmann, 2010), en particulier celles qui sont difficiles à conserver en banques de gènes ou celles qui ne peuvent pas être régénérées en dehors de leur habitat naturel (Ingram, 1984 ; FAO, 1989). La conservation *ex-situ* consiste à la conservation des gènes et des génotypes des plantes cultivées à l'abri, hors de leurs habitats naturels soit pour une utilisation actuelle ou ultérieure (Jaramillo et Baena, 2000). La conservation de ces collections à long termes se fait au niveau des banques de gènes sous conditions contrôlées (Van Hintum *et al.*, 2000). En effet, ces banques de gènes assurent le stockage des collections de ressources génétiques soit dans des chambres froides ou dans des congélateurs horizontaux ou verticaux (Kameswara *et al.*, 2006) et les mettent à la disposition des sélectionneurs (Louette, 1994).

L'évaluation du matériel génétique collecté est la phase au cours de laquelle sont sélectionnées les ressources génétiques les plus adéquates à l'utilisation dans les travaux envisagés. Elle est réalisée par la mise en place d'essai agronomique qui permet de relever des observations minutieuses (Marchenay et Lagarde, 1986). Cette phase repose sur des études multidisciplinaires (morphologique, physiologique, biochimique, génétique, ...etc.) en fonction de l'utilisation du matériel végétal évalué (Frankel, 1976). Le résultat des travaux d'évaluation devrait permettre une meilleure connaissance des caractères et potentialités du matériel génétique collecté et donc des plantes porteuses de gènes intéressants.

### **5.5 Ressources génétiques de *Vicia faba* L.**

Le progéniteur sauvage de *Vicia faba* L. n'est toujours pas connu avec certitude, de ce fait, toute la diversité génétique disponible de la fève est contenue dans des collections *ex situ* et des populations locales maintenues par des agriculteurs dans des cultures traditionnelles (Duc *et al.*, 2015).

La fève a des graines orthodoxes du point de vue de leur conservation. Elle peut donc être facilement stockée à basse température et à faible humidité. Cependant, son allogamie partielle présente une difficulté dans le maintien des collections de germoplasme. Trois moyens de conservation ont été proposés et pratiqués pour résoudre ce problème, la conservation en tant que population, en tant que lignées consanguines obtenues à partir des populations originales, et en tant que pools génétiques résultant du travail des sélectionneurs (Witcombe, 1984 ; Robertson 1985). D'après Cubero et Nadal (2005), ces solutions sont complémentaires et non pas incompatible, dans un programme de conservation des ressources génétiques.

Selon Duc *et al.* (2015), le germoplasme de *Vicia faba* L., qui compte plus de 38000 accessions (landraces), est conservé dans au moins 43 banques de gènes nationales dans le monde entier, ainsi qu'au Centre international de recherche agricole dans les zones arides (ICARDA) (Alep, Syrie). De grandes collections sont aussi maintenues dans certains centres de recherche autre que l'ICARDA, notamment l'Institut N.I.Vavilov (Saint-Pétersbourg, Russie) et à Gatersleben (Allemagne). L'ICARDA conserve la plus grande collection au monde avec 10045 accessions provenant de 71 pays (Duc *et al.*, 2015). La collection est conservée en deux parties, l'une dans les populations originales (accessions ILB : international legume faba bean), l'autre en lignées pures (accessions BPL : faba bean pure line) obtenues après une autofécondation continue au sein des populations jusqu'à atteindre une homogénéité (Hawtin et Omar, 1980 ; Robertson, 1985, 1997).

Des investissements importants ont été consentis en faveur de la recherche sur la variabilité génétique chez la fève et la sélection des traits à intérêt agronomique à la fin du vingtième siècle dans les pays européens et aussi à l'ICARDA, en particulier pour la tolérance aux stress biotiques et abiotiques (Bond et Poulsen 1983 ; Duc 1997). Les études menées sur le germoplasme de l'ICARDA ont révélé une large diversité phénotypique quant à la pigmentation de la tige, la taille des folioles et leur réflectance, la verse, la coloration de la fleur, la réflectance et la taille des gousses, la coloration du hile et des graines (Robertson et El-Sherbeeney, 1991). Par conséquent, le succès de la sélection végétale souligne l'importance des banques de gènes *ex-situ* pour la collecte et la préservation des variétés locales avec leurs gammes d'adaptations aux environnements de culture respectifs (Duc *et al.*, 2015).

Dans le monde entier, 95 % des accessions de *Vicia faba* sont conservées dans 17 grandes collections nationales ou internationales *ex-situ* (Duc *et al.*, 2015). D'après Maxted *et al.* (2000), l'évaluation *ex-situ* des accessions (landraces) est essentielle pour leur valorisation dans les programmes de sélection et amélioration variétales. Dans ce contexte, les descripteurs établis par IBPGR (International Board for Plant Genetic Resources) en 1985 fournissent une information basique relative à l'origine et le lieu de collecte du germoplasme. Cependant, cette collection de germoplasme est tellement vaste qu'il est nécessaire d'employer de nouvelles méthodes pour choisir les accessions à cribler pour un caractère donné. Il s'agit de l'application de la stratégie d'identification ciblée du germoplasme (FIGS) (focused identification of germplasm strategy) dont le cas d'essai sur la fève à la résistance au stress abiotique a été réussi (Khazaei *et al.*, 2013). Dans cette méthode, toutes les données disponibles sur la provenance de l'accession, en particulier les données climatiques, sont utilisées dans la probabilité de trouver le germoplasme approprié (Duc *et al.*, 2015). La conservation *ex-situ* adéquate des collections de fève est limitée par la biologie florale de l'espèce (croisement) et son faible taux de multiplication (Susso *et al.*, 2011).

La conservation *in-situ* est une approche qui vise à maintenir la diversité génétique de la fève dans les écosystèmes où elle a été générée et donc de valoriser les variétés locales des agriculteurs et les aider à mieux les gérer (Sadiki *et al.*, 2007). Selon ces mêmes auteurs, établir un lien entre la conservation *in-situ* et la conservation *ex-situ* fournira d'importantes possibilités de coopération régionale et internationale à l'avenir.

Plusieurs efforts ont été étendus à la région maghrébine dans le contexte du réseau maghrébin de recherche sur la fève et la fèveole réunissant l'Algérie, le Maroc et la Tunisie (Sadiki *et al.*, 1996). Ce réseau a permis de renforcer les actions de collecte, d'utilisation et de

conservation des ressources génétiques de *Vicia faba* L. dans les trois pays (Bertenbreiter et Sadiki, 1996).

En Algérie, la fève, parmi d'autres légumineuses alimentaires, a fait l'objet d'un inventaire durant la période coloniale (Saadi, 2014). Les accessions locales de *Vicia faba* ont été conservées dans des infrastructures de stockage des différentes institutions et centres. En 1977, l'ICARDA et le laboratoire de germplasm méditerranéen de Bari comptent 21 et 34 accessions collectées respectivement en Algérie (Witcombe, 1984). D'après Saadi (2014), l'Institut technique de développement de l'agronomie saharienne (ITDAS) a recensé en 2006 plus de 92 populations de fève dans la willaya de Biskra dans les zones de Zeribet El Oued, Beghila, Doucen et M'ziraa.

### **5.6 Evaluation de la diversité génétique chez *Vicia faba* L.**

L'évaluation de la variation génétique dans une collection d'espèces cultivées est essentielle pour son utilisation efficace dans les programmes de sélection et d'amélioration génétique (Maxted *et al.*, 2000). Cette caractérisation se fait au niveau phénotypique et/ou génotypique. L'évaluation de la variation phénotypique se rapporte à l'aspect externe et donc aux caractères morphologiques d'un ensemble d'individus. Elle présente l'avantage d'être immédiatement disponible, cependant elle est sous l'influence de l'environnement d'où la nécessité de l'évaluation génotypique (De Vicente et Fulton., 2003). Les différences cytologiques et biochimiques présentes dans les génotypes des espèces ont commencé à être exploitées, cependant l'introduction des outils génomiques, a fait que les marqueurs moléculaires sont devenus indispensables (Bhandari *et al.*, 2017). En effet, l'évaluation de la diversité génétique par des marqueurs moléculaires peut améliorer l'utilisation des génotypes dans les programmes de sélection et la conception de nouveau croisement (Sanchez Perez *et al.*, 2005)

Le génome nucléaire de *Vicia faba* est l'un des plus grands génomes chez les légumineuses (Suresh *et al.*, 2013). Sa taille est de 13000 Mo, soit dix fois la taille du génome du soja (*Glycine max*) (1200 Mo) et quatre fois celui du petit pois (*Pisum sativum*) (4000 Mo) (Alghamdi *et al.*, 2012a). L'évaluation de la diversité génétique sur ce génome complexe est impérative non seulement pour l'amélioration de la production chez *Vicia faba*, mais aussi pour une gestion efficace et une conservation adéquate des ressources phylogénétiques dans les banques de gènes (Alghamdi *et al.*, 2012a ; Ammar *et al.*, 2015).

### 5.6.1 Marqueurs morphologiques

La diversité morphologique des végétaux est due à l'expression des gènes contrôlant des caractères mesurables (Batlle et Tous, 1997), qui se manifestent à l'extérieur d'un organisme en tant que produit de l'interaction des gènes et de l'environnement (Acquaah, 2012). En d'autres termes, ce sont des caractères déterminés par des gènes fortement influencés par l'environnement. Et donc, le choix des caractères les plus héréditaires et les moins susceptibles aux emprises environnementales est un élément important dans l'analyse de la diversité phénotypique (Sevilla et Holle, 1995).

En effet, les marqueurs morphologiques sont facilement observables, simple, rapide et peu coûteux. Néanmoins, ils présentent des limites qui peuvent affecter l'estimation réelle de la variabilité génétique (Beyene *et al.*, 2006), notamment :

- Un polymorphisme réduit ;
- Une hérédibilité faible ;
- Une vulnérabilité et une expression tardive aux influences environnementales (Smith et Smith, 1992 ; Hoxha *et al.*, 2004)

L'étude des caractères visibles permet de mesurer la variabilité de la collection étudiée en se basant sur des descripteurs morphologiques les plus discriminants possibles (Bautista-Salas, 2009). Ces descripteurs sont des traits de nature quantitative (date de floraison, hauteur de la plante, poids de 100 grains, ... etc.) et qualitative (couleurs des fleurs, couleurs et forme des grains, ...etc.). Le choix des descripteurs morphologiques se fait selon l'objectif principal de l'évaluation phénotypique de la collection étudiée.

Pour la fève, de nombreux descripteurs agro-morphologiques ont été publiés mais les plus couramment utilisés sont ceux publiés par le Conseil International des Ressources Phytogénétiques (IBPGR-ICARDA, 1985) et l'Union International pour la Protection des Variétés Cultivées des Plantes (UPOV, 2002) pour la caractérisation morphologique quantitative et qualitative. Selon ces deux descripteurs, les normes internationales pour la notification, la codification et l'enregistrement des données ont été effectués selon une échelle variant de 1 à 9 (1 : très petit ; 2 : très petit à petit ; 3 : petit ; 4 : petit à intermédiaire ; 5 : intermédiaire ; 6 : intermédiaire à élevé ; 7 : élevé ; 8 : élevé à très élevé ; 9 : très élevé). L'absence ou la présence d'un caractère ont été mentionnées respectivement par 0 ou 1. Lorsque l'information n'est pas disponible ou perdue, le symbole Na (non applicable) est noté.

Les travaux menés par Knenni *et al.* (2005) et Terzopoulos *et al.* (2008) sur des collections de fève éthiopienne et grecque ont révélé aussi la présence d'une grande diversité agromorphologique.

Plusieurs études ont évalué la variabilité génétique chez *Vicia faba* L. dans différentes régions méditerranéennes en se basant sur les caractères morphologiques (Zeid *et al.*, 2003 ; Terzopoulos *et al.*, 2003 ; Terzopoulos et Bebeli, 2008).

De plus, la caractérisation de 13 lignées de fève sélectionnées à partir de 42 populations traditionnelles tunisienne par Dridi *et al.* (2011) a révélé une diversité phéno-morphologique en se basant sur le descripteur UPOV (2000). Aussi, la caractérisation morphologique basée sur 35 caractères chez 42 populations de *Vicia faba* L. originaires du Sud tunisien a montré une variabilité à l'intérieur du même agroécosystème oasien (Yahia *et al.*, 2012). L'évaluation de la diversité morphologique au sein de 76 lignées pures de fève tunisienne par Bouhadida *et al.* (2017) a montré que les caractères morphologiques comme la largeur et la longueur de la foliole et le nombre de fleurs par inflorescence contribuent à la différenciation entre les lignées pures étudiées. Selon ces auteurs, les caractères qualitatifs telles que la pigmentation anthocyanique de la tige, la couleur de la graine et la réflectance de la surface des gousses montrent également une variabilité entre les lignées.

D'après Duc *et al.* (2010), une grande variabilité génétique a déjà été identifiée chez *Vicia faba* en termes de biologie florale, de taille et de composition des graines, ainsi que de tolérance à plusieurs stress biotiques et abiotiques. En effet, les travaux d'Arbaoui et Link (2006) et Arbaoui *et al.* (2008) ont identifié des landraces d'origine allemande et française ayant une tolérance au froid. Cette étude a montré que les lignées se regroupent très peu pour certains caractères tels que le nombre de graines par gousse, le nombre de gousses par plante et le poids de cent graines.

### 5.6.2 Marqueurs biochimiques

Les marqueurs biochimiques révèlent le polymorphisme des séquences de protéines (Grivet et Noyer, 2003) produites par l'expression des gènes fonctionnels (Vodenicharova, 1989 ; Govindaraj *et al.*, 2015). La taille et la composition en acide aminées de ces protéines n'est que le résultat de l'information génétique portée par les séquences nucléotidiques (ADN) (Al-Huqail et Abdelhaliem, 2015).

Les isozymes se sont avérés être les marqueurs biochimiques les plus utiles pour étudier les systèmes de reproduction (Brown, 1989), pour distinguer les différents pools génétiques

(Gepts *et al.*, 1992) et pour estimer la valeur potentielle des accessions du germoplasme dans les programmes de sélection végétale (Murphy et Phillips, 1993).

Chez *Vicia faba* L., et avant que les marqueurs moléculaires ne deviennent disponibles, les marqueurs biochimiques avaient été les marqueurs de choix dans l'étude de la diversité génétique chez la fève. Ils ont été aussi utilisés pour de nombreuses autres applications telles que les études évolutives et taxonomiques, la consanguinité, l'estimation des fréquences de croisement, l'empreinte variétale et l'identification des cultivars (Suso *et al.*, 1995 ; Maalouf *et al.*, 1999).

Les iso-enzymes sont les marqueurs biochimiques les plus communément utilisés chez la fève. Le système iso-enzymatique peut être représenté par plusieurs formes alléliques identifiées après séparation des protéines par électrophorèse et révélation par un colorant et un substrat spécifique à l'enzyme (Kiss *et al.*, 1993). Les iso-enzymes chez *Vicia faba* L. ont été utilisés dans les études évolutives et taxonomiques (Yamamoto et Plitman, 1980), dans la détection des hybrides (Gates et Boulter, 1979), dans l'identification des cultivars (Kaser et Steiner, 1983), dans l'estimation du taux de croisement (Suso *et al.*, 1995), pour mesurer les niveaux de variation au sein des populations et entre elles (Hamrick et Godt, 1990) et pour d'autres aspects des activités de sélection tels que le contrôle génétique de certains systèmes enzymatiques (Mancini *et al.*, 1989) et l'évaluation de l'hétérozygotie (Carre *et al.*, 1998).

Przybylska *et al.* (1998) ont étudié la variabilité iso-enzymatique de 61 collections de fève provenant de quatre macro-régions géographiques : l'Europe du sud, le nord et le nord-est de l'Afrique, le sud-est de l'Asie et le sud de l'Asie centrale. L'étude d'Ouji *et al.* (2011b) sur la diversité génétique de neuf populations de féverole en Tunisie moyennant sept systèmes d'isozymes représentant neuf loci, a révélé des bandes polymorphes pour sept loci.

En outre, Torres *et al.* (1993) ont utilisé 66 allozymes en ségrégation pour construire une carte de liaison génétique préliminaire (Linkage) pour la féverole, à laquelle de nouveaux marqueurs isozymes ont été ajoutés par Suso *et al.* (1993).

Lazrak (1996) a caractérisé la variabilité de 28 populations de fève par l'étude de quatre systèmes enzymatiques : IDH (isocitrate déshydrogénase), ADH (alcool déshydrogénase), PGD (phosphogluconate déshydrogénase) et SKDH (shikimate déshydrogénase). La variabilité a été étudiée en se basant sur les fréquences alléliques pour le système SKDH. Pour les autres systèmes, le déterminisme génétique n'est pas connu et l'interprétation des zymogrammes a été réalisée en termes de bandes uniquement.

Yamamoto et Plitman (1980) ont étudié la diversité génétique de 39 lignées de 24 espèces de *Vicia* en se basant sur l'analyse des enzymes comme les amylases, les estérases, la glutamine oxalocetate transaminase et l'indophénol oxydase. La comparaison de leurs zymo-grammes a permis de déceler qu'il y a des bandes communes aux espèces, par contre il y a des bandes qui permettent de différencier certains groupes taxonomiques et ne renseignent pas sur les relations phylogéniques ou sur les corrélations taxonomiques.

Ainsi, les marqueurs biochimiques constituent un moyen très utile pour l'étude de la diversité génétique et l'identification des différentes espèces. Toutefois, ils présentent des limites. En effet, ces marqueurs révèlent un faible niveau de polymorphisme, leur nombre est limité et ils sont fortement dépendants du stade de développement physiologique de la plante (Santoni *et al.*, 2000) d'où la nécessité de l'évaluation génotypique basée sur l'utilisation des marqueurs moléculaires.

### 5.6.3 Marqueurs moléculaires

Les marqueurs moléculaires sont définis comme étant un type de marqueur génétique constitué d'acides nucléiques qui servent de repères pour suivre la transmission d'un segment de chromosome d'une génération à l'autre (Boichard *et al.*, 1998). En d'autre terme, ce sont des séquences d'ADN identifiables et héréditaires qui se trouvent à des endroits spécifiques du génome et qui peuvent être utilisées comme marqueurs de référence pour détecter le polymorphisme de l'ADN (Lidder et Sonnino, 2012).

En effet, les marqueurs moléculaires fonctionnent de manière à mettre en évidence les différences (polymorphismes) au sein d'une séquence nucléique entre différents individus. Ces différences comprennent les insertions, les délétions, les translocations, les duplications et les mutations ponctuelles (substitutions) (Mondini *et al.*, 2009 ; Matsuoka *et al.*, 2002).

Les marqueurs moléculaires ne sont pas affectés par les conditions environnementales et peuvent être utilisés à n'importe quel stade de croissance de la plante, ce qui est particulièrement avantageux pour les espèces à longue durée de vie comme les arbres forestiers (Lidder et Sonnino, 2012). De plus, ils peuvent être applicables à n'importe quelle partie du génome (introns, exons et régions de régulation) ; ils ne possèdent pas d'effets pléiotropes ou épistatiques ; ils sont capables de distinguer les polymorphismes qui ne produisent pas de variation phénotypique et enfin ils sont co-dominant pour certains d'entre eux (Mondini *et al.*, 2009). Ces marqueurs peuvent être sélectivement neutres et donc très utiles pour comprendre

la taille et la structure des populations, estimer les relations entre les populations et identifier les hybrides (Lidder et Sonnino, 2012).

En effet, les marqueurs moléculaires sont devenus les marqueurs les plus utilisés dans les travaux de recherches sur la diversité et la structure génétique des espèces végétales cultivées (Tanksley et McCouch, 1997). Selon ces mêmes auteurs, ces marqueurs ont été divisés en trois catégories en fonction de leur méthode de détection :

- Les marqueurs basés sur l'hybridation d'une sonde moléculaire *in situ* comme les marqueurs RFLPs (Restricted Fragments Length Polymorphism) ;
- Les marqueurs basés sur la réaction de polymérisation en chaîne (PCR) comme les marqueurs AFLPs (Amplified Fragments Length Polymorphism), RAPDs (Random Amplified Polymorphic DNA), SSRs (Simple Sequence Repeats) ;
- Les marqueurs basés sur les séquences d'ADN comme les SNPs (Single Nucléotide Polymorphism) (Tanksley et McCouch, 1997).

Cependant, Durant *et al.* (2009) ont défini deux catégories de marqueurs moléculaires en fonction de l'information génétique :

- Les marqueurs dominants (multi-locus) comme les RAPDs, les ISSRs (Inter Simple Sequence Repeats), les AFLPs. Ils ne permettent pas la discrimination des génotypes homozygotes des hétérozygotes ;
- Les marqueurs co-dominants comme les microsatellites ou SSRs, les RFLPs et les SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) spécifiques à un locus. Ils présentent l'avantage de séparer les génotypes homozygotes et hétérozygotes.

Le développement de divers outils moléculaires pour l'évaluation du matériel génétique de *Vicia faba* s'est accéléré, surtout au cours de la dernière décennie (Duc *et al.*, 2015). Les marqueurs moléculaires ont fourni une nouvelle approche pour l'évaluation de la diversité génétique chez cette espèce (Alghamdi *et al.*, 2012a). Ils permettent d'économiser du temps et des coûts lors de la sélection (Pozarkova *et al.*, 2002 ; Zeid *et al.*, 2003 ; Roman *et al.*, 2004 ; Terzopoulos et Bebeli 2008 ; Torres *et al.*, 2010 ; Zong *et al.*, 2009), et peuvent contribuer à avoir une image plus globale de la diversité génétique au sein des collections de populations (Curley et Jung, 2004). En effet, un nombre croissant d'études empiriques ont été réalisées en analysant un plus grand nombre de génotypes et/ou d'accessions représentant une plus grande diversité géographique de *Vicia faba*, de ses variétés botaniques et/ou de ses formes hivernales ou printanières (Duc *et al.*, 2015).

La technique RFLP (Restricted Fragment Length Polymorphism), développée par Botstein *et al.* (1980), consiste à détecter le polymorphisme de l'ADN basé sur la méthode de Southern (1975) par hybridation des fragments d'ADN digérés grâce à des enzymes de restriction, avec une sonde (Najimi *et al.*, 2003) ; et qui peuvent être visualisés par électrophorèse sur gels d'agarose, séparant les fragments selon leur taille moléculaire (Botstein *et al.*, 1980). Ces marqueurs sont hautement polymorphes, à hérédité co-dominante, hautement répliquables et permettent le criblage simultané de nombreux échantillons. Cependant, ils font appel à des réactifs coûteux et radioactifs (toxiques) et nécessitent de grandes quantités d'échantillons ce qui a limité leur utilisation (Dorado *et al.*, 2017). D'après Ellwood *et al.* (2008), une carte de liaison génétique constitue un outil précieux dans l'étude de la génétique des plantes et la sélection pratique. Les marqueurs RFLP ont été les premiers marqueurs moléculaires à ADN à être utilisés comme première étape pour créer la carte de liaison génétique (Linkage) préliminaire chez *Vicia faba* par Van de Ven *et al.* (1990), suivie d'une autre carte génétique plus détaillée développée par Torres *et al.* (1993) sur deux populations différentes F<sub>2</sub> de *Vicia faba* ayant le même parent maternel.

Avec l'introduction de la PCR (Polymerase Chain Reaction), des techniques moins coûteuses et nécessitant moins de travail que la RFLP sont devenues disponibles. La RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (Welsh et McClelland, 1990 ; Williams *et al.*, 1990) est l'une des méthodes basées sur l'emploi de la PCR, qui est devenue largement utilisée pour estimer les relations génétiques entre les génotypes. Cette technique utilise le principe général de la PCR avec des amorces de petites taille (6 à 10 bp) non spécifiques qui amplifient l'ADN de manière aléatoire et permet de détecter de nombreux marqueurs (fragments) simultanément (Krap *et al.*, 1998). La technique RAPD présente l'avantage d'être rapide, à technicité simple et à faible coût, de plus c'est une méthode qui ne nécessite pas une connaissance préalable de la séquence à amplifier (Dorado *et al.*, 2017) et donc elle peut être employée pour toutes les espèces en utilisant des amorces universelles (Mondini *et al.*, 2009). En outre, la nature dominante de ces marqueurs (Williams *et al.*, 1990) qui ne permet pas de distinguer entre les individus hétérozygotes et homozygotes (Bardakci, 2001 ; Dorado *et al.*, 2017) et la difficulté d'obtenir des résultats répétitifs sont les principaux inconvénients de cette technique (Dorado *et al.*, 2017). Link *et al.* (1995) ont utilisé la technique RAPD pour étudier la diversité génétique chez *Vicia faba* L. d'origine européenne (*var. minor* et *var. major*) et méditerranéenne. Leurs résultats étaient très prometteurs, montrant qu'à l'intérieur du pool mineur européen, les estimations de la diversité génétique étaient plus importantes que celles entre les groupes minor

et major, ce qui implique la possibilité d'établir des groupes hétérotiques génétiquement divergents même à l'intérieur du germplasma européen (*var. minor*). Les résultats des travaux de recherche menés par Backouchi *et al.* (2015), pour l'étude de la diversité génétique et l'évaluation du niveau de polymorphisme au sein de 12 populations tunisiennes de *Vicia faba* L. (trois *var. major* et neuf *var. minor*) par les marqueurs RAPD, ont révélé différents niveaux de polymorphisme entre les populations et ont permis de distinguer entre les populations les plus homogènes et les plus hétérogènes.

Afin de surmonter les limites de reproductibilité associées aux marqueurs RAPDs, la société néerlandaise Keygene a développé la technique AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism). D'après Mondini *et al.* (2009), l'AFLP peut être considéré comme une technique intermédiaire entre la RFLP et la RAPD du fait qu'elle combine la puissance de la RFLP et la flexibilité des techniques basées sur la PCR telle que la RAPD. Elle est basée sur la détection de bandes polymorphes obtenues suite à la digestion d'ADN de haute qualité par des enzymes de restriction puis l'amplification par PCR sélective des fragments de restriction (Vos *et al.*, 1995). L'AFLP est une technique très complexe qui, une fois optimisée, peut se révéler très pratique pour générer une base de données large et utile. D'autre part, elle peut s'avérer plus coûteuse, prend plus de temps et peut parfois donner des résultats avec des interprétations compliquées (Dorado *et al.*, 2017). De plus, en raison de leur nature dominante, les marqueurs AFLP restent confronter au problème d'identification des individus hétérozygotes (Jonah *et al.*, 2011). Chez *Vicia faba* L., les marqueurs AFLP ont été utilisés par Zeid *et al.* (2001) pour étudier la diversité génétique de 22 accessions de *Vicia faba* d'origine européennes et méditerranéennes. D'après les résultats, plusieurs combinaisons parentales prometteuses à des fins de sélection ont été provisoirement proposées. Le travail a été poursuivi par Zeid *et al.* (2003) sur 79 accessions de *Vicia faba* provenant d'Europe, d'Afrique du Nord et d'Asie en utilisant les marqueurs AFLP. Les résultats ont permis de séparer les accessions d'origine asiatique en tant que groupe distinct de celles d'origine européenne et nord-africaine. De plus, l'étude de Zong *et al.* (2009), basée sur les marqueurs AFLP pour l'étude de la diversité génétique entre 204 variétés locales chinoises de *Vicia faba* principalement de types d'hiver, a révélé que les accessions d'hiver de la Chine continentale étaient complètement distinctes des autres lignées asiatiques, africaines et européennes.

Afin de pallier aux différents inconvénients liés aux marqueurs neutres, d'autres techniques de marquage moléculaire ont été développées tels que les microsatellites ou SSRs (Simple Sequence Repeats) ou bien Short Tandem Repeats (STR). Ces derniers ont été découverts la

première fois dans les années 60 lors de la centrifugation en gradient de densité du génome de cellules eucaryotes, au cours de laquelle ils se sont isolés du reste de l'ADN d'où leur appellation « microsattellites » (Moustacchi et Williamson, 1966). Ils ont été classés comme des marqueurs de choix pour l'évaluation et l'analyse de la diversité génétique des espèces cultivées.

#### **5.6.3.1 Les marqueurs microsattellites et la caractérisation moléculaire chez *Vicia faba* L.**

Les microsattellites sont constitués de séquences d'ADN répétées en tandem dont l'unité de répétition varie de 2 à 6 paires de bases (Chambers et Mc Avoy, 2000). Ces marqueurs sont définis par le motif répété qui les compose et la paire d'amorce unique (sens et anti-sens) qui les encadre (Akkaya *et al.*, 1992). Les motifs sont répartis uniformément sur l'ensemble du génome. Ils peuvent être mono, di, tri ou tétra-nucléotidiques (Tautz, 1989 ; Morgante et Olivieri, 1993) ou même hexa-nucléotidique (Oliveira *et al.*, 2006) dont les plus courants sont (A)<sub>n</sub>, (TC)<sub>n</sub>, (TAT)<sub>n</sub> et (GATA)<sub>n</sub>, qui sont très répandus dans le génome des végétaux supérieurs (Morgante et Olivieri, 1993).

En fonction des séquences codantes et non codantes du génome, deux types de marqueurs microsattellites ont été décrits : les microsattellites situés au sein de gènes de fonctions connus et donc dans les régions codantes, et les marqueurs localisés au sein des régions non codantes. Ces derniers sont plus polymorphes que les premiers. En effet, les régions codantes du génome ont un taux mutationnel très bas, ce qui permet de maintenir la fonctionnalité intégrale des protéines et donc d'être moins polymorphes que les régions non codantes (Vignal *et al.*, 2002).

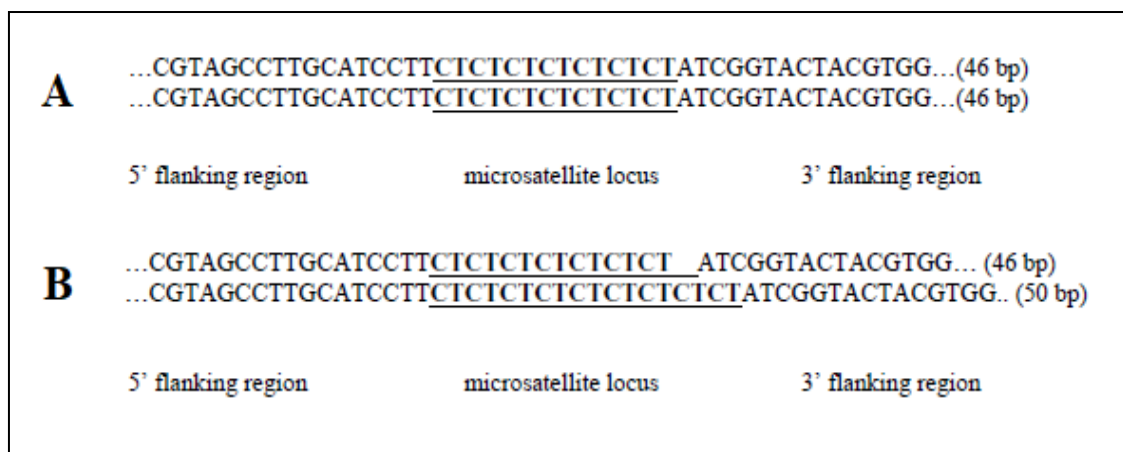
Les microsattellites sont caractérisés par un taux de polymorphisme extrêmement élevé (Acquaah, 2012), dû à la variation du nombre d'unités de répétitions entre les individus (Mondini *et al.*, 2009) (Figure 5). Ce polymorphisme de longueur est causé essentiellement par certains mécanismes comme le glissement de la polymérase lors de la réplication de l'ADN et le crossing-over asymétriques (Santoni *et al.*, 2000).



**Figure 5.** Le polymorphisme de longueur pour un même locus (Bautista-Salas, 2009).

La technique de marquage moléculaire SSR est basée sur l'amplification du génome par PCR en utilisant des amorces spécifiques flanquant les éléments répétés (Morgante et Olivieri, 1993). Le polymorphisme de longueur sera visualisé par électrophorèse sur gel d'agarose ou de polyacrylamide. Les bandes obtenues et leur emplacement sur le gel correspondent à la taille d'un SSR qui, est à son tour, défini par le nombre d'unités de répétition (Erdogan *et al.*, 2002).

Par leur nature co-dominante, les marqueurs microsatellites permettent de distinguer un individu homozygote d'un individu hétérozygote. En effet, chez un homozygote, un locus microsatellite présente le même nombre de répétition sur les deux chromosomes homologues, tandis que pour un individu hétérozygote, ce nombre diffère entre les deux chromosomes homologues (Figure 6).



**Figure 6.** Locus microsatellite chez un individu homozygote (A) et un individu hétérozygote (B) (Mburu et Hanotte, 2005)

En plus d'être co-dominant et hautement polymorphes, les microsatellites sont stables, simples à analyser, rapides et pratiques. En outre, le principal inconvénient des SSRs est la nécessité d'une connaissance préalable de la séquence d'ADN (Dorado *et al.*, 2017). Cette limitation a été surmontée par la technique de séquençage de deuxième génération (Hernandez *et al.*, 2012 ; Turktas *et al.*, 2015), qui permet d'identifier des milliers de microsatellites à partir de l'ADN génomique de manière rapide et rentable (Dorado *et al.*, 2017). D'autre part, un des problèmes inhérents aux microsatellites est l'homoplasie. En effet, il arrive que deux bandes soient similaires en terme de taille mais pas en terme de séquence ce qui mène à une sous-estimation de la différenciation des populations (Curtu *et al.*, 2004).

Chez *Vicia faba* L., les premiers lots de marqueurs microsatellites ont été développés par Pozarkova *et al.* (2002) en identifiant 25 marqueurs SSR spécifiques dans les bibliothèques d'ADN du chromosome I. Par la suite, ce nombre a été élargi par Zeid *et al.* (2009) qui ont développé 54 amorces microsatellites. D'après ces auteurs, ces loci SSRs sont extrêmement utiles dans les études de la diversité génétique portant sur la résistance à l'*Orobanche crenata*, de plus, ils viennent compléter les cartes de liaison génétique de *Vicia faba* L., basées principalement sur des marqueurs dominants, avec des loci co-dominants supplémentaires.

D'autres marqueurs SSR ont été développés par Gong *et al.* (2010) et Ma *et al.* (2011), à partir de marqueurs de séquence exprimée, ou expressed sequence tag (EST). Au final, 11 et 21 nouveaux marqueurs ont été construits respectivement par les deux équipes. D'après Gong *et al.* (2011), le développement de marqueurs SSR à partir d'EST a fourni un outil utile pour l'étude de la diversité génétique chez *Vicia faba* L.

Les études sur le développement et l'identification de nouvelles paires d'amorces SSR spécifique à *Vicia faba* L. se sont succédées avec l'utilisation de nouvelles technologies permettant le développement de marqueurs SSR à grande échelle tel que le séquençage.

En effet, des échantillons d'ADNc, obtenus à partir de divers types de tissus de génotypes de fève et de féverole, ont été séquencés à l'aide de la technologie de séquençage 454 Roche GS FLX Titanium par Kaur *et al.* (2012). Au total 2397 paires d'amorces SSR ont été conçues pour la fève et 802 pour la féverole. Cependant, parmi ces paires d'amorces, seulement 96 amorces ont été choisis pour être examinées et validées sur des cultivars de fève et de féverole. Finalement, 86 et 81 paires d'amorces ont présenté avec succès des produits d'amplifications pour la fève et la féverole respectivement.

Yang *et al.* (2012) et Surech *et al.*, (2013) ont également utilisé cette même technologie de séquençage dans leur étude pour le développement de marqueurs SSR spécifique à *Vicia faba*.

En effet, l'étude de Yang *et al.* (2012) est considéré comme l'une des études les plus importantes et qui a pu développer un grand nombre de marqueurs SSR chez *Vicia faba*. Une bibliothèque de 125559 séquences SSR putatives a été construite et caractérisée à partir d'un génome mixte de 247 génotypes de fèves de printemps et d'hiver. Une suite de 28503 séquences de paires d'amorces a été conçue dont 150 ont été sélectionnées au hasard pour être validées. Parmi celles-ci, 94 paires d'amorces se sont révélées polymorphes pour 32 génotypes de féverole d'origine géographique différente. Pour l'équipe de Surech *et al.*, (2013), 55 paires d'amorces SSR ont été développées à partir d'échantillons de l'ADNc séquencés. Ces paires d'amorces se sont révélées polymorphes pour 32 accessions de féverole.

Dans une autre étude menée par Abuzayed *et al.* (2017), la technologie Next Generation Sequencing (NGS) a été utilisée pour le développement de marqueurs SSR chez la féverole. Un total de 2138 SSR a été identifié. Les mono- et dinucléotides étaient les plus abondants avec 57,5 % et 20,9 % respectivement de l'ensemble des SSR identifiés. Un total de 430 paires d'amorces a été conçues dont 50 paires ont été testées pour être validées. Trente-neuf marqueurs SSR ont ensuite été appliqués sur 46 accessions de féverole d'origine géographique différente permettant d'obtenir 161 allèles avec un taux de polymorphisme de 87,5 %. D'après Duc *et al.* (2015), la haute qualité des nouveaux SSR développés par la technologie Next Generation Sequencing (NGS) est une source précieuse pour la construction de cartes génétiques et la cartographie QTL.

D'après Abuzayed *et al.* (2017), sur l'ensemble des études réalisées sur le développement des marqueurs SSR chez *Vicia faba* L., environ 33117 marqueurs SSR ont été identifiés, dont la plupart d'entre eux (86 %) sont ceux conçus par Yang *et al.* (2012). Au total, 1133 marqueurs SSR ont été identifiés et utilisés pour étudier la diversité génétique de *Vicia faba* dont 62 % (707) des marqueurs présentent un polymorphisme. Ce nombre reste insuffisant vu la taille de génome de *Vicia faba* L. (13000 Mbps) qui est 26 fois plus grand que celui de la plante modèle *Medicago truncatula* (Abuzayed *et al.*, 2017).

Autrement dit, pour une meilleure utilisation de ces marqueurs, Khalifa *et al.* (2021) ont développé une nouvelle base de données génétique riche et détaillée des marqueurs SSR publiée antérieurement, et qui pourrait être utilisée pour étudier la diversité génétique chez *Vicia faba* L. et promouvoir les essais de sélection basée sur les gènes. En effet, plus de 1000 marqueurs SSR ont été développés qui correspondent à divers types d'activité moléculaire, de composants cellulaires et de processus biologiques. Ces marqueurs correspondent à environ une centaine de gènes de *Vicia faba* L. qui pourraient contrôler des caractéristiques morphologiques et

agronomiques clés, notamment la résistance aux maladies et la tolérance au stress environnemental.

Durant la dernière décennie, un grand nombre de pays dans le monde ont utilisé les marqueurs microsatellites dans le but d'évaluer la diversité génétique de leurs populations locales (landraces), leurs lignées ou encore leurs variétés de *Vicia faba* L.

En Chine, Gong *et al.* (2011) ont étudié la diversité génétique de 29 accessions de fève ( *Vicia faba* L.) de Chine et d'Europe en utilisant 11 marqueurs SSR, ceux développés par Gong *et al.* (2010). D'après Gong *et al.* (2011), ces marqueurs se sont révélés très efficaces pour l'évaluation du matériel génétique de la fève en Chine. En effet, les résultats ont révélé que les accessions de fève en Chine présentent une base génétique étroite ce qui nécessite l'introduction d'autres accessions pour améliorer la variabilité génétique. Abu-Amer *et al.* (2010) a étudié la variabilité phénotypique et génotypique de 11 lignées de fève ( *Vicia faba* L.) jordanienne et de cinq cultivars d'origine géographique différentes. L'étude de la variabilité génétique et les relations entre le germplasma ont été établies à l'aide de 12 paires d'amorces SSR. Parmi ces marqueurs, 11 se sont révélés polymorphes. Plus récemment, Tahir *et al.* (2019) ont estimé la diversité génétique et la structure de la population en Irak de 19 accessions de fève dont 8 sont locales et 11 provenant de l'ICARDA, en utilisant 25 marqueurs SSR. Selon ces auteurs, les marqueurs microsatellites utilisés dans cette étude étaient très informatifs et les résultats obtenus sont importants dans les programmes de sélection de la fève.

Au Portugal, Oliveira *et al.* (2016) ont analysé 53 accessions de *Vicia faba* L. et 9 espèces sauvages apparentées (2 *Vicia johannis* et 7 *Vicia narbonensis*) provenant du bassin occidental méditerranéen (Portugal, Espagne et du Maroc) avec 28 marqueurs SSR. L'analyse de la diversité génétique a révélé que l'espèce cultivée *Vicia faba* L. est plus diversifiée que ses parents sauvages et qu'au sein de ces derniers, *Vicia narbonensis* présente une plus grande diversité que *Vicia johannis*. En outre, la plus grande proportion de variabilité génétique se trouvait au sein des accessions de *Vicia faba*, et non entre les accessions. Les résultats de ce travail ont montré que les marqueurs SSR développés pour *Vicia faba* L. peuvent être aussi utilisés dans des études sur des espèces sauvages apparentées. L'étude menée par Tufan et Erdogan (2017) en Turquie sur l'évaluation de la variation génétique de 22 génotypes de *Vicia faba* L., dont 18 provenant du Centre international de recherche agricole des zones arides (ICARDA) et 4 génotypes cultivés en Turquie, avec 41 marqueurs SSR, a indiqué l'existence d'une diversité génétique suffisante entre les génotypes testés (en particulier ceux cultivés en Turquie).

Dans une autre étude réalisée par El-Esawi (2017), 15 marqueurs SSR ont été utilisés pour évaluer la diversité et la structure de 35 génotypes de féverole originaires de l'Afrique du Nord (Egypte et Maroc), Afrique de l'Est (Ethiopie et Soudan) et Proche-Orient (Irak et Yémen). Cette étude a montré des niveaux élevés de diversité dans les génotypes de féverole analysés. Une grande partie de cette variabilité résidait au sein des accessions (79,2 %) avec une variation très significative entre les régions (5,3 %). En Ethiopie, Tekalign *et al.* (2019) ont évalué la diversité génétique et déterminé la structure de la population de 40 accessions de fève (*Vicia faba* L.) à l'aide de 30 marqueurs SSR. Les résultats ont indiqué une grande diversité génétique parmi la collection de fève dont la variation au sein de la population représente 68,5 % de la variation totale. Selon ces auteurs, les marqueurs SSR utilisés étaient efficaces, hautement polymorphes et sont recommandés pour les futures études de diversité génétique. En Tunisie, plusieurs études sur l'évaluation de la diversité génétique de *Vicia faba* L. ont été réalisées à l'aide de marqueurs microsatellites. Yahia *et al.* (2014) ont étudié la diversité génétique au sein des germoplasmes de féverole tunisiens composé de 16 populations locales, en utilisant 16 marqueurs SSR. Un an après, l'équipe d'Abid *et al.* (2015) ont évalué la diversité génétique de 46 accessions de féverole d'origine géographique différente avec 15 traits morphologiques et 17 marqueurs SSR. L'analyse des résultats a révélé des différences significatives entre les accessions pour les 15 descripteurs morphologiques et une grande diversité génétique entre les accessions en utilisant les marqueurs SSR. Selon ces auteurs, les résultats obtenus suggèrent que les marqueurs microsatellites de *Vicia faba* L. peuvent être utilisés pour distinguer efficacement les accessions de féverole et estimer leur diversité génétique.

En Algérie, les travaux sur l'évaluation de la diversité génétique de *Vicia faba* L. sont limités. D'après notre connaissance, aucune étude récente portant sur l'évaluation de la variabilité génétique des accessions, populations ou variétés de *Vicia faba* L. utilisant des marqueurs SSR n'a fait l'objet de publication.

*Chapitre 2 : Prospection, collecte et caractérisation préliminaire des accessions locales de Vicia faba L. cultivées en Algérie*

---

## Chapitre 2 : prospection, collecte et caractérisation préliminaire des accessions locales de *Vicia faba* L. cultivées en Algérie

### 1. Introduction

En Algérie, *Vicia faba* L. occupent une place importante parmi les légumineuses alimentaires, en particulier dans la région de la Kabylie (les zones montagneuses) et dans certaines oasis, où les populations locales étaient utilisées dans l'art culinaire traditionnelles mais aussi dans l'alimentation du bétail, ce qui a permis à cette espèce de garder une diversité génétique importante dans ces deux régions surtout dans les zones les plus reculées.

Durant la période coloniale, les fermiers cultivent les fèves traditionnellement, tout en conservant et préservant les populations locales. Ces derniers ont fait l'objet d'un travail d'amélioration qui a montré que ces populations présentaient des caractères plus intéressants (précocité et productivité) que les variétés introduites (européennes). C'est le cas des populations très précoces de fève et de féverole de certaines régions comme les Zibans et les oasis (INRAA, 2006).

Au cours des années 90, la culture de *Vicia faba* a été marginalisée. De ce fait, les activités de recherche se sont orientées vers la construction de collection et la conservation des ressources génétiques de *Vicia faba*. En effet, la création d'un réseau maghrébin de recherche sur la fève et la féverole REMAFEVE en 1992 réunissant l'Algérie, la Tunisie et le Maroc avec une coopération allemande, a permis de renforcer les actions de collecte, de conservation et d'utilisation des ressources génétiques de *Vicia faba* dans les trois pays dans le but de construire une collection maghrébine de *Vicia faba*.

Malgré les efforts des chercheurs, cette ressource reste peu étudiée. En effet, beaucoup de populations et variétés locales de *Vicia faba* ne sont pas encore connus en Algérie.

Notre étude vient tant soit peu, compléter les travaux précédents par la prospection et la collecte des accessions locales dans différentes régions de l'Algérie dans le but de construire une collection de *Vicia faba*. Cependant et afin d'évaluer la diversité existante de cette espèce en Algérie, nous avons jugé utile de procéder à une caractérisation préliminaire des graines collectées de *Vicia faba* lors de la prospection avant de réaliser l'étude de caractérisation agromorphologique sur le terrain et moléculaire au laboratoire des différentes formes collectées.

## 2. Matériel et méthodes

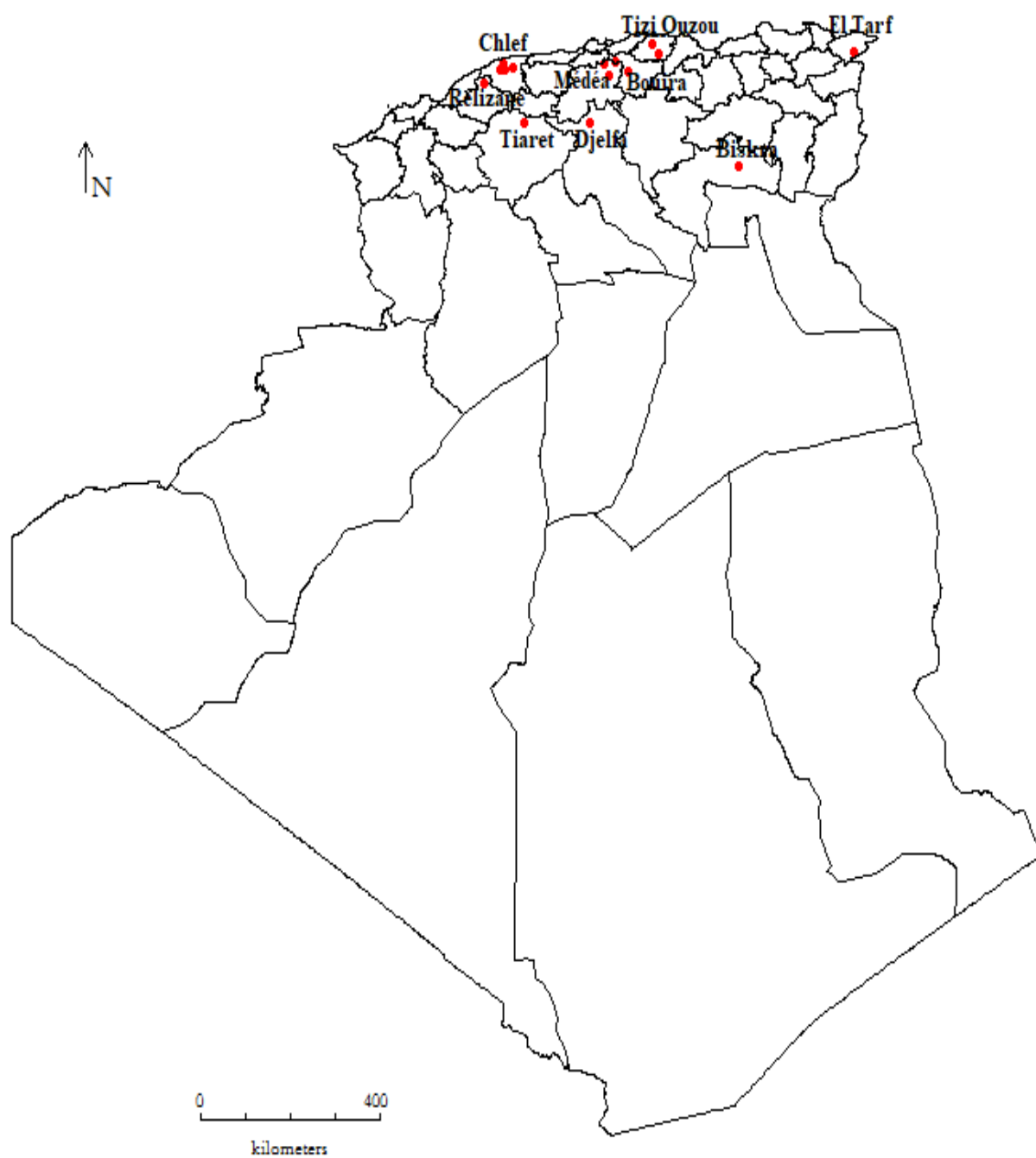
### 2.1 Prospection et collecte

Des missions de collecte se sont déroulées dans différentes wilayas à travers le pays où des sites de culture traditionnelle de fève ont été identifiés. Quatre missions de collecte ont été organisées durant la campagne 2012-2013, une au mois de mai 2013 dans les wilayas de Tizi Ouzou et Bouira, une au mois de juin 2013 dans les wilayas de Chlef, Relizane et Tiaret, une autre en septembre 2013 dans les wilayas de Médéa et Djelfa. Deux autres missions de collecte sont effectuées, une durant la campagne 2013-2014 dans la wilaya d'El Tarf et une autre durant la campagne 2014-2015 dans la wilaya de Biskra.

Le choix des wilayas et régions s'est fait sur la base des informations et statistiques recueillies au niveau des services et autorités agricoles. Les coordonnées géographiques des lieux de prospection des différentes accessions de *Vicia faba* L. sont présentées dans le tableau 1.

**Tableau 1.** Origine et coordonnées géographiques du lieu d'origine des accessions locales de fève (*Vicia faba* L.) ayant fait objet de la présente étude.

Accession	Wilaya	Village/Daïra	Altitude	Latitude	Longitude
VF A1	Biskra	Sidi okba	34 m	34° 44' 59" N	5° 54' 38" E
VF A2	Bouira	Ain bessam	671 m	36° 17' 34" N	3° 40' 24" E
VF A3	Bouira	Guerrouma	529 m	36° 25' 57" N	3° 25' 39" E
VF A4	Chlef	Bouzghaia	323 m	36° 20' 20" N	1° 14' 23" E
VF A5	Chlef	Abou el hassene	216 m	36° 25' 52" N	1° 11' 37" E
VF A6	Chlef	Tadjena	423 m	36° 19' 23" N	1° 08' 19" E
VF A7	Chlef	Bénaïria	502 m	36° 21' 12" N	1° 22' 30" E
VF A8	Djelfa	Aîn ouassara	691 m	35° 26' 57" N	2° 54' 25" E
VF A9	Relizane	El guettar	483 m	36° 05' 16" N	0° 49' 00" E
VF A10	Tiaret	Sebaïne	898 m	35° 27' 32" N	1° 36' 13" E
VF A11	Médéa	El Aïssaouia	825 m	36° 25' 09" N	3° 12' 53" E
VF A12	Médéa	Beni slimane	593 m	36° 13' 37" N	3° 18' 21" E
VF A13	Tizi ousou	Ain el hammam	932 m	36° 34' 17" N	4° 18' 35" E
VF A14	Tizi ousou	Ouaguenoun	201 m	36° 45' 31" N	4° 11' 03" E
VF A15	El Tarf	Ain el karma	248 m	36° 35' 38" N	8° 12' 04" E



**Figure 7.** Carte géographique des zones de prospection et de collecte des accessions locales de fève (*Vicia faba* L.).

### 2.1.1 Présentation des zones de prospection

➤ **Tizi ousou** ou la grande Kabylie est une wilaya située au nord de l'Algérie, à l'est d'Alger. Elle est enserrée par le massif de Hasnanoua (600 m d'altitude) et le massif de Belloua (650 m d'altitude). Elle s'étend sur une superficie de 2957,93 km<sup>2</sup> dont 80 % est en relief montagneux fortement accidenté à une altitude de 800 m. La wilaya de Tizi-ousou est caractérisée par un climat méditerranéen avec un hiver rigoureux et froid et un été chaud (Seltzer, 1946). Selon D.S.A. (2003), la wilaya de Tizi ousou est divisée en quatre zones. C'est au niveau de la zone 2 que les légumes secs sont cultivés. Cette zone est composée de vallées et plaines dont la pente varie de 3 % à 12,5 %. La nature des sols est argileuse avec une pluviométrie supérieure à 600 mm en moyenne par an.

➤ **Bouira** est une wilaya située dans la région nord-centre du pays, à environ 120 Km au sud-est d'Alger, avec une superficie totale de 4456,26 km<sup>2</sup> (D.S.A., 2010). Le climat de Bouira, en général, est de type continental caractérisé par des hivers froids et des étés chauds et secs. La pluviométrie moyenne est de 660 mm/an au nord et de 400 mm/an dans la partie sud. Les températures varient entre 20 et 40 °C de mai à septembre et de 2 à 12 °C de janvier à mars. La wilaya de Bouira est caractérisée par des sols isohumiques, bruns, profonds, alluvial, à texture argileuse dans les plaines et à prédominance calcaire dans les zones montagneuses (D.S.A., 2016). La wilaya dispose de deux grands périmètres agricoles à l'Est, le périmètre de M'chedallah avec 1600 ha, et à l'Ouest le périmètre des Aribes (Ain-Bessam) avec 2200 ha. La production agricole au niveau de la wilaya est à prédominance céréalière et oléicole. La culture des légumineuses alimentaires est dominante dans la dépression centrale dans les plaines des Aribes.

➤ **Médéa**, capitale du Titteri, est une wilaya située à 88 km à l'ouest d'Alger, au cœur de l'Atlas tellien. Elle s'étend sur une superficie de 8775,65 Km<sup>2</sup>. Elle est caractérisée par une altitude élevée et un relief mouvementé enserrant quelques plaines assez fertiles mais de faibles extensions pour s'estomper ensuite aux confins des hautes plaines steppiques, en une série de collines mollement ondulées. La wilaya de Médéa peut être découpé en plusieurs reliefs, en Tell montagneux, en Tell collinien, en plaines de tell et en piémont méridional du tel. Elle dispose d'une surface agricole totale de l'ordre de 773 541 ha avec une surface agricole utile de 338 359 ha et un relief correctement arrosé qui constituent des potentialités en vue de

nouvelles pratiques de l'agriculture intensive. La superficie forestière de la wilaya est estimée à 161 885 ha, où différentes espèces sont recensées (A.N.D.I., 2015a). La culture des légumineuses est dominante dans la wilaya de Béni Slimane (Gaad, 2018).

➤ **Chlef** est une wilaya située au nord-ouest de l'Algérie, dans le Tell occidental à 200 km à l'ouest d'Alger. Elle s'étend sur une superficie de 4047 km<sup>2</sup> (A.N.I.R.E.F., 2013). La wilaya de Chlef est caractérisée par un climat méditerranéen subhumide dans la partie nord et un climat continental au sud, froid en hiver et chaud en été. La pluviométrie annuelle moyenne est de 394 mm/an et la température moyenne est de 19,1 °C. L'activité agricole est prépondérante dans la wilaya de Chlef de par la fertilité de ses terres agricoles dont les plaines s'étendent jusqu'à la wilaya de Relizane. L'arboriculture figure au premier plan, notamment par la culture de l'orange, et de diverses variétés de légumes (D.S.A., 2009).

➤ **Relizane** est située au nord-ouest de l'Algérie, à 280 km d'Alger. C'est une wilaya qui s'étend sur une superficie totale de 4851,21 km<sup>2</sup> constitué essentiellement de zones rurales, soit 76 % de territoire. Elle se distingue par la diversité de ses paysages, la richesse de ses terres agricoles et aussi par les deux reliefs montagneux (les monts d'Ouancharis au sud-est et les monts de beni-Chograne au sud-ouest). Le climat est de type méditerranéen en été et continental en hiver. La pluviométrie annuelle est de 211 mm. Le secteur de l'agriculture est la vocation principale de la wilaya, il occupe une place particulièrement importante dans la vie économique de la wilaya. La superficie agricole de la wilaya est de 348 951 hectares avec une surface agricole utile de 281 875 ha répartie en trois zones agricoles, zone des basses plaines (100 134 ha), zone des hautes plaines (69 902 ha) et zone de montagnes (111 839 ha) (A.N.D.I., 2013).

➤ **Tiaret** est située au nord-ouest de l'Algérie à 1080 m d'altitude sur le mont du Gezoul qui fait partie de la chaîne de l'Atlas tellien. La wilaya s'étend sur une superficie de 20 050 km<sup>2</sup>. Elle appartient à l'étage bioclimatique semi-aride inférieur à hiver frais où le climat est du type méditerranéen. En période normale, les précipitations sont de 300 à 400 mm/an en moyenne. La wilaya est caractérisée par un relief hétérogène qui est matérialisé par une zone de montagne au Nord, des hautes plaines au Centre et des espaces semi-arides au Sud (68,44 %). C'est une wilaya qui recèle d'importantes potentialités naturelles et notamment 1 610 703 ha de terres agricoles, 142 966 ha de zones steppiques et d'une zone forestière de 142 422 ha. La superficie agricole totale est répartie à raison de 704 596 ha agricoles utiles dont 14 561 ha en irrigué et

un million d'hectares en steppe, parcours, alfa et forêts. Elle est dominée par le système « céréales-élevage » dont l'intégration constitue l'essentiel de la production agricole et de la croissance économique (A.N.D.I., 2015b).

➤ **Djelfa** est une wilaya située dans la partie centrale de l'Algérie du Nord. Elle se trouve au sud d'Alger. Située au centre des hauts plateaux steppiques, elle couvre une superficie de 32 194 km<sup>2</sup> (D.P.S.P., 2017). Le climat de la Wilaya de Djelfa est du type semi-aride avec une nuance continentale. Les hivers sont froids et rigoureux et les étés chauds et secs. La pluviométrie est caractérisée par une faiblesse et une irrégularité du Nord vers le sud avec 400 mm à 600 mm par an en moyenne dans les chaînes des Ouled Nail, 200 à 400 mm par an dans les plaines à vocation agricole des régions d'Ain Oussera et de Hassi Bahbah, et moins de 200 mm pour le plateau saharien au sud de la Wilaya. Les sols sont pauvres et squelettiques, sur les montagnes et les reliefs, au contact direct avec la roche mère. Dans les zones des plaines et des plateaux, les sols sont constitués d'alluvions d'épandage (D.S.A., 2007). Les sols à vocation agricole sont généralement profonds, sans grandes contraintes physico-chimiques sévères et peu sensible à l'érosion. On les retrouve au niveau des vallées d'Oued Touil au nord-ouest et d'Oued Djeddi au sud de la wilaya, des plaines de l'atlas saharien (les plaines de Maalba, El Merdja, Tisselouine, etc.) et dans les zones d'épandage de crue au niveau de K'rirech, Sed Oum Drouaa et Ced. Les principales productions végétales sont les cultures maraîchères (7974 ha), les cultures herbacées (13525 ha) et l'arboriculture fruitières (13736 ha) (D.P.S.P., 2017).

➤ **El Tarf** est située à l'extrême nord-est de l'Algérie, à la frontière algéro-tunisienne. La wilaya couvre une superficie totale de 2898,04 km<sup>2</sup> dont 84 031 ha de superficie agricole totale, et une superficie forestière de l'ordre de 166 310,97 ha. Le Climat principal de la wilaya est de type méditerranéen avec un été chaud. Elle est marquée par un relief très accidenté en particulier au sud et sud-est représentant 59,4 % de la superficie totale de la wilaya. Toutefois cet ensemble montagneux est entrecoupé par des dépressions qui constituent de petites plaines (D.S.A., 1993). La wilaya est caractérisée par la production de la tomate industrielle, des cultures maraîchères, et des productions ovines, bovines et la production de miel (D.P.A.T., 1993).

➤ **Biskra** ou porte du désert est une wilaya du sud-est de l'Algérie qui s'étend sur une superficie de 21 671,2 km<sup>2</sup>. Elle est située aux pieds du versant méridional du massif de l'Aurès et constitue un relais naturel de circulation nord-sud. La wilaya de Biskra est caractérisée par un climat peu pluvieux et parfois sec avec une pluviométrie très irrégulière et inférieure à 200 mm/an (DUBOST, 2002). En raison des conditions agro-climatiques et grâce à ses ressources en eaux et en sols, la wilaya de Biskra a pu développer la culture saharienne. En effet, la superficie totale destinée à l'agriculture est de l'ordre de 179 000 ha, ce qui représente 77 % de la superficie totale de la wilaya et 10,8 % de la superficie agricole utile (Bouammar, 2010). Définie comme la capitale des Zibans, la wilaya de Biskra occupe une position centrale entre le Zab Gharbi (secteur de Tolga) à l'ouest et le Zab Chergui (secteur de Sidi Okba) où une région agricole prospère. La culture qui prédomine dans la région des Zibans est la culture du palmier dattier réparti en particulier dans les palmeraies de Zab Guerbi : El hadjeb, Tolga, Foughala, Ourlal et la zone nord de Biskra, en plus des cultures saisonnières (pomme de terre) et l'arboriculture fruitière. Alors que la zone de Zab Chergui est connue pour les cultures de plains champs (fève, pastèque et céréales) (Matallah *et al.*, 2008).

### 2.1.2 Collecte et échantillonnage des graines

Au niveau des jardins potagers, des greniers et des différents endroits de stockage des grains dans les exploitations agricoles où il n'existait pas de variétés commerciales dans les alentours, des lots de graines de fève (*Vicia faba* L.) ont été collectés tout en attribuant à chaque lot une fiche de renseignement. Cette dernière inclut les informations relatives au nom de l'agriculteur ou paysan, le nom donné à l'accession et la localisation du village ou commune où l'accession a été collectée.

L'échantillonnage au champ s'est fait de manière aléatoire suivant la méthode préconisée par Marcheny et Lagarde (1986) pour la collecte des graines des légumineuses alimentaires. En période de maturité des gousses, sur trois pieds adjacents cinq gousses mûres sont cueillies arbitrairement tous les trois pas afin d'atteindre un total de cinquante graines à chaque arrêt. Cependant et lorsque l'échantillonnage s'est fait à partir des stocks de graines, le choix des gousses ou des graines s'est fait au hasard dans les sacs de stockage. Toutes les graines et gousses collectées ont été séchées et conservées en chambre froide à -4°C.

## 2.2 Caractérisation morphologique des graines des accessions locales de *Vicia faba* L.

Avant de procéder à une évaluation agro-morphologique et moléculaire des 15 accessions collectées de fève (*Vicia faba* L.), nous avons jugé utile de réaliser une caractérisation morphologique préliminaire des traits quantitatifs et qualitatifs de ces accessions afin d'estimer la diversité existant en Algérie. Le choix et l'évaluation des descripteurs pour la caractérisation préliminaire ont été effectués en suivant le descripteur de l'IBPGR-ICARDA (1985) « Faba Bean Descriptors » et le manuel de UPOV (2003). Au total 3 traits qualitatifs et 2 quantitatifs ont été évalués : la forme, la couleur et la longueur (cm) de la graine, la couleur du hile et le poids de 100 graines (g) (Tableau 2). Les mesures ont été réalisées sur 15 graines par accession.

**Tableau 2.** Principaux descripteurs sélectionnés pour la caractérisation morphologique préliminaire des 15 accessions de fève (*Vicia faba* L.).

Descripteurs	Code	Description
<b>Couleur de la graine</b>	<b>CGN</b>	Couleurs des téguments : 1. beige, 2. Marron foncé, 3. Marron claire, 4. Vert.
<b>Couleur du hile</b>	<b>CLH</b>	1. Noir, 2. absente, 3. Autres couleurs.
<b>Forme de la graine</b>	<b>FGN</b>	1. Aplatie, 2. Angulaire, 3. Arrondie.
<b>Longueur du grain (cm)</b>	<b>LOGN</b>	Mesuré sur des graines matures en centimètre. Classe 1 : < 2,20 cm ; Classe 2 : 2,21 - 2,40 cm ; Classe 3 : 2,41 - 2,60 cm ; Classe 4 : 2,61 - 2,80 cm ; Classe 5 : > 2,81 cm.
<b>Poids de 100 grains (g)</b>	<b>PCG</b>	Poids de cent graines en gramme choisis aléatoirement. Classe 1 : < 136 g ; Classe 2 : 137- 178 g ; Classe 3 : 179 - 189 g ; Classe 4 : 190 - 211 g ; Classe 5 : > 212g.

---

### 2.3 Analyses statistiques

Les données recueillies des caractères qualitatifs et quantitatifs sont traitées par différentes méthodes d'analyses statistiques. Une Analyse de Correspondance Multiple (ACM) suivie d'une Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) ont été réalisées sur les résultats obtenus par le logiciel XLSTAT 2022. L'ACM est une méthode d'analyse exploratrice qui permet de mettre en évidence les relations entre les modalités des différentes variables quantitatives. Elle vise à dégager les relations de ressemblance ou de différence intéressantes afin d'établir des relations de proximité entre individus et entre modalités. Pour réaliser cette analyse, les variables quantitatives (LOGN et PCG) ont été transformées en modalités. La CAH permet l'analyse des données quantitatives et qualitatives via une procédure d'agglomération hiérarchique qui aboutit à la formation de groupements ou clusters. Ces derniers sont faits sur la base de la distance ou de la « dissimilarité » entre les accessions estimées à partir de la distance euclidienne (Romesburg, 1984). Les distances entre accessions ont été déterminées graphiquement sous forme de dendrogramme par la méthode de la moyenne non pondérée UPGMA (Unweighed Pair-Group Method using arithmetic Averages) (Sneath et Sokal, 1973).

Pour chaque caractère sélectionné, une analyse de fréquence a été effectuée à l'aide du logiciel XLSTAT 2022, comprenant des moyennes, des fréquences et des pourcentages. Les résultats ont été présentés sous forme d'histogrammes construits avec le logiciel Excel 2016 (Microsoft® Excel, 2016).

D'autre part, chaque accession collectée dispose d'informations relatives à ses coordonnées géographiques (altitude, latitude et longitude). Ces données du site de prospection et de collecte ont permis l'élaboration de la carte de distribution géographique des échantillons collectés en utilisant le logiciel DIVA-GIS 7.5 (Hijmans *et al.*, 2012). Ce logiciel a permis dans une première étape de convertir les coordonnées géographiques (latitude et longitude) en coordonnées décimales, en utilisant la formule suivante :

$$\text{Coordonnées décimales (DC)} = [(\text{Degrés } (^{\circ}) + \text{Minutes } (^{\prime}) / 60 + \text{Secondes } (^{\prime\prime}) / 3600)] * H$$

H = 1 lorsque la coordonnée est dans l'hémisphère Est (E) ou l'hémisphère Nord (N).

H = -1 lorsque la coordonnée est dans l'hémisphère Ouest (O) ou l'hémisphère Sud (S).

Puis, en deuxième étape, ces coordonnées décimales sont utilisées pour générer la carte de distribution géographique des accessions et donc de faire une analyse spatiale de la distribution et l'identification des zones les plus échantillonnées.

### **3. Résultats**

#### **3.1 Prospection et collecte**

##### **3.1.1 Distribution géographique des sites de collecte**

Le programme DIVA-GIS 7.5, nous a permis de visualiser la distribution spatiale des quinze (15) accessions de fève (*Vicia faba* L.) analysées dans cette étude à partir des coordonnées géographiques de chaque site de collecte. La figure 7 représente la carte de la répartition géographique de ces accessions suivant l'itinéraire de la prospection. Et donc, chaque point représenté sur la carte indique le lieu où une accession de *Vicia faba* L. a été trouvée et échantillonnée, pour être par la suite conservée *ex-situ* au niveau de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique.

Selon la figure 7, la plus grande partie des échantillons en graines collectées des 15 accessions étudiées proviennent de la wilaya de Chlef (26,66 %), suivie des wilayas de Bouira, Médéa et Tizi ousou (avec 13,33 % pour chaque wilaya) et à la fin les wilayas de Biskra, Djelfa, Relizane, Tiaret et El Tarf (avec 6,66 % pour chaque willaya).

#### **3.2 Caractérisation préliminaire**

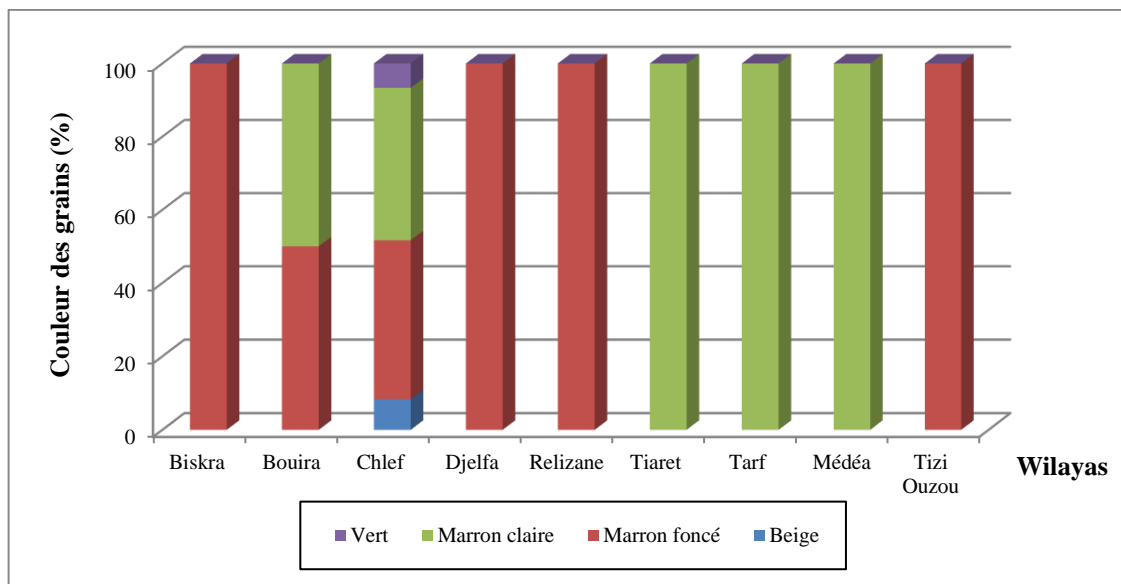
##### **3.2.1 Analyse de fréquence**

La caractérisation morphologique et l'analyse statistique des données quantitatives et qualitatives des graines collectées a permis d'estimer la variabilité génétique qui existe entre les accessions de fève (*Vicia faba* L.) étudiées.

L'analyse des fréquences sous forme d'histogramme a permis de faire ressortir la variabilité morphologique qui existe entre les accessions de fève étudiées au niveau des différentes wilayas de collecte.

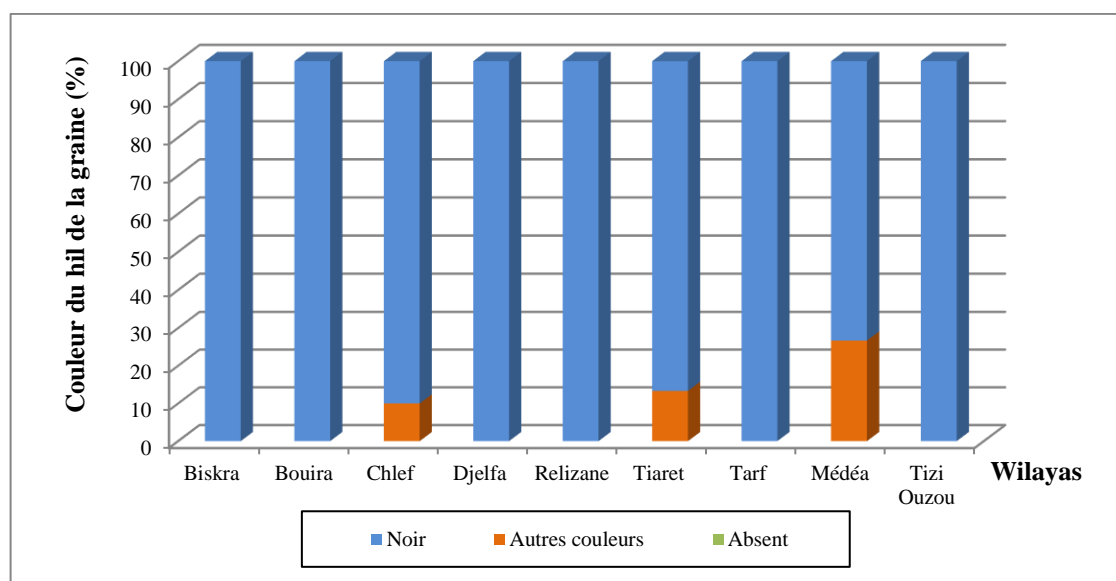
Plusieurs couleurs de graines ont été recensées au terme de la collecte (Figure 8). Les graines de couleur marron foncé caractérisent les accessions de fèves collectées dans les wilayas de Biskra, Djelfa, Relizane et Tizi-Ouzou avec une fréquence de 100 %. Les graines de couleur marron clair dominent les accessions collectées dans les wilayas de Tiaret, El Tarf et Médéa avec une fréquence de 100 %. Toutefois, ces deux couleurs (marron clair et marron foncé) ont été observées dans les accessions collectées dans la wilaya de Bouira et Chlef avec une fréquence de 50 % et 43,33 % respectivement pour la couleur marron foncé, et une fréquence de 50 % et 41,66 % respectivement pour la couleur marron clair (Figure 8).

Les graines de couleur beige et verte ont été exclusivement observées dans deux sites différents de la wilaya de Chlef avec une fréquence de 8,33 % pour les graines de couleur beige et 6,66 % pour les graines de couleur verte (Figure 8).



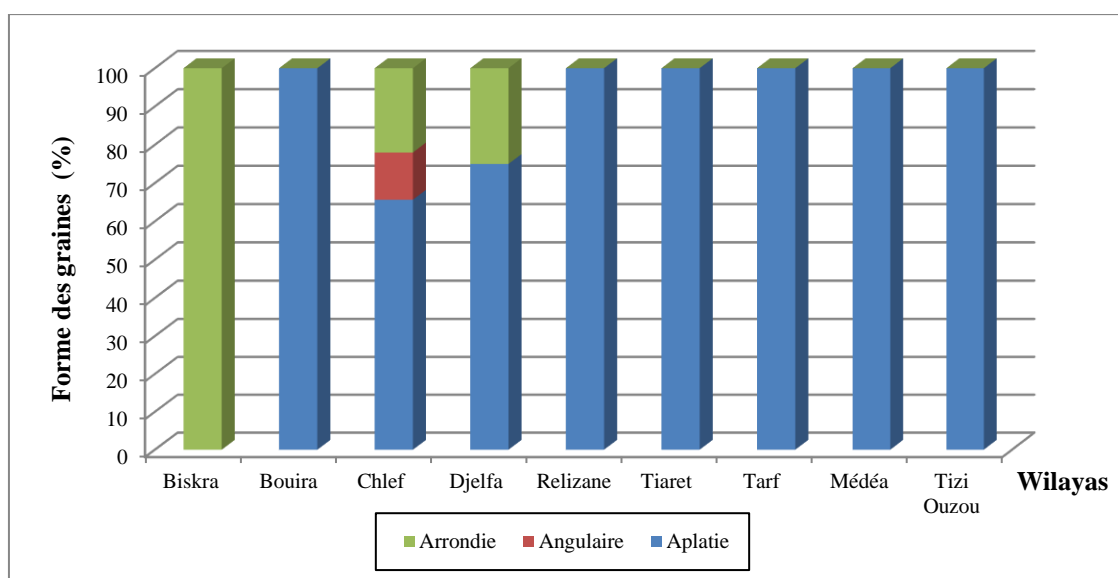
**Figure 8.** Fréquence de la couleur des graines selon la wilaya

Toutes les graines des accessions collectées dans les wilayas de Biskra, Bouira, Djelfa, Relizane, El Tarf et Tizi Ouzou ont un hile de couleur noire (Figure 9). D'autres couleurs de hile de graine (blanc et marron), en plus de la couleur noire, ont été observées dans les accessions collectées dans les wilayas de Chlef, Tiaret et Médéa avec une fréquence de 10 %, 13,33 % et 26,67 % respectivement. Cependant, aucune absence de couleur de hile de graines des accessions collectées dans les différents sites de prospection n'a été observée (Figure 9).



**Figure 9.** Fréquence de la couleur du hile des graines selon la wilaya

Pour le caractère de forme des graines, la forme aplatie est retrouvée chez les accessions de fève récoltée dans les wilayas du nord tel que Bouira, Relizane, Tiaret, El Tarf, Médéa et Tizi-Ouzou avec une fréquence de 100 % pour chaque wilaya (Figure 10). Cette forme a été également observée dans les accessions de la wilaya de Chlef avec une fréquence de 65,66 %. Dans la wilaya de Biskra, au sud du pays, la forme arrondie est la plus répandue avec une fréquence de 100 % (Figure 10). On observe cette forme des graines chez les accessions des wilayas de Chlef et Djelfa avec une fréquence de 22,01 % et 25 % respectivement (Figure 10). La forme angulaire est exclusivement observée chez les graines des accessions d'un site de la wilaya de Chlef avec une fréquence de 12,33 % (Figure 10).



**Figure 10.** Fréquence de la forme des graines selon la wilaya

Les accessions originaires des wilayas d'El Tarf et Médéa se caractérisent par des graines de grande taille qui dépassent les 2,81 cm de longueur avec une fréquence de 66,67 % et 63,33 % respectivement (Figure 11).

La taille des graines collectées dans les wilayas du nord du pays varie de grande, moyenne à petite par rapport à l'ensemble des graines collectées. En effet, la fréquence des graines dont la taille est entre 2,61 et 2,80 cm est de 26,27 % à la wilaya de Bouira ainsi que dans la wilaya de Tiaret, 46,66 %, 33,33 % et 26,66 % pour les graines de taille comprise entre 2,41 et 2,60 cm collectées dans les wilayas de Tizi Ouzou, Relizane et Djelfa respectivement (Figure 11).

Les graines de petite taille allant de 2,21 à 2,4 cm ont été observées à Djelfa et Tiaret avec une fréquence de 33,33 % pour chaque wilaya et à Biskra et Chlef avec une fréquence de 26,66 % pour chaque wilaya (Figure 11).

Les plus petites graines dont la taille est inférieure à 2,20 cm dominent dans les wilayas de Biskra, Relizane, Chlef et Bouira avec une fréquence de 73,33 %, 66,6 %, 48,33 % et 30 % respectivement (Figure 11).

Le poids de cent graines le plus élevé a été observé dans la wilaya de Médéa où les accessions collectées ont un poids supérieur à 212 g (Figure 12). Les accessions collectées dans la wilaya de Bouira sont caractérisées par un poids de cent graines élevé supérieur à 212 g avec une fréquence de 50 %, à moyen compris entre 190 à 211 g et 179 à 189 g avec une fréquence de 25 % pour chaque classe (Figure 12).

L'accession collectée dans la wilaya de Tiaret est caractérisée par un poids de cent graines assez élevé compris entre 190 et 211 g. Cette même classe de poids a été enregistrée par les accessions collectées dans la wilaya de Tizi Ouzou avec une fréquence de 50 % (Figure 12).

Dans la wilaya d'El Tarf, le poids de cent graines observé chez les accessions collectées varie de 179 à 189 g avec une fréquence de 100 % (Figure 12). A Relizane et Djelfa, la fréquence des poids compris entre 190 à 211 g et 179 à 189 g est de 50 % pour chaque classe et wilaya (Figure 12).

Des poids de cent graines inférieurs à 136 g ont été retrouvés chez 100 % des accessions collectées à Biskra et 50 % à Chlef (Figure 12).

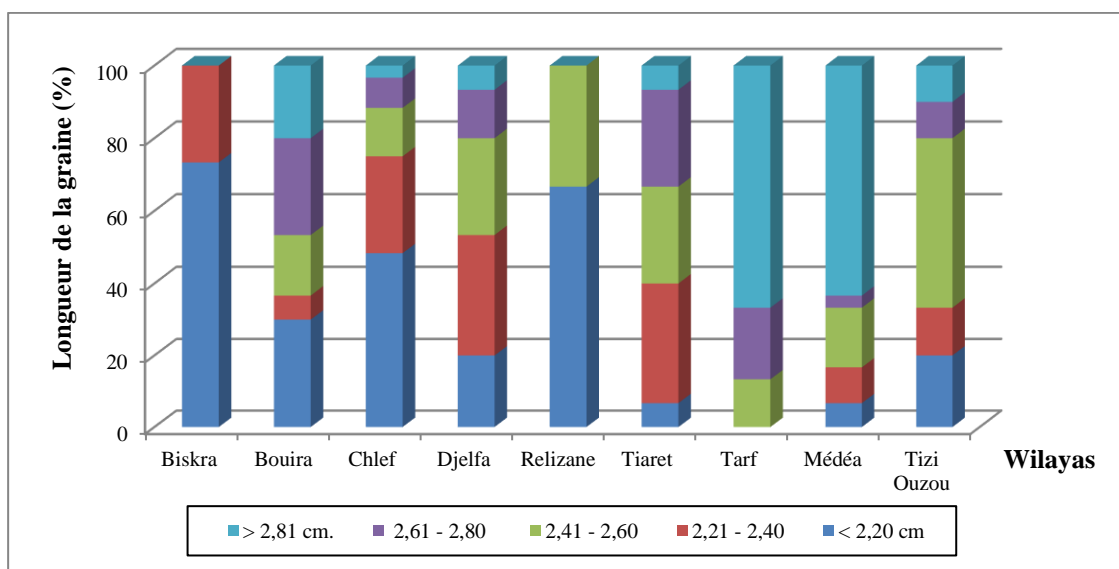
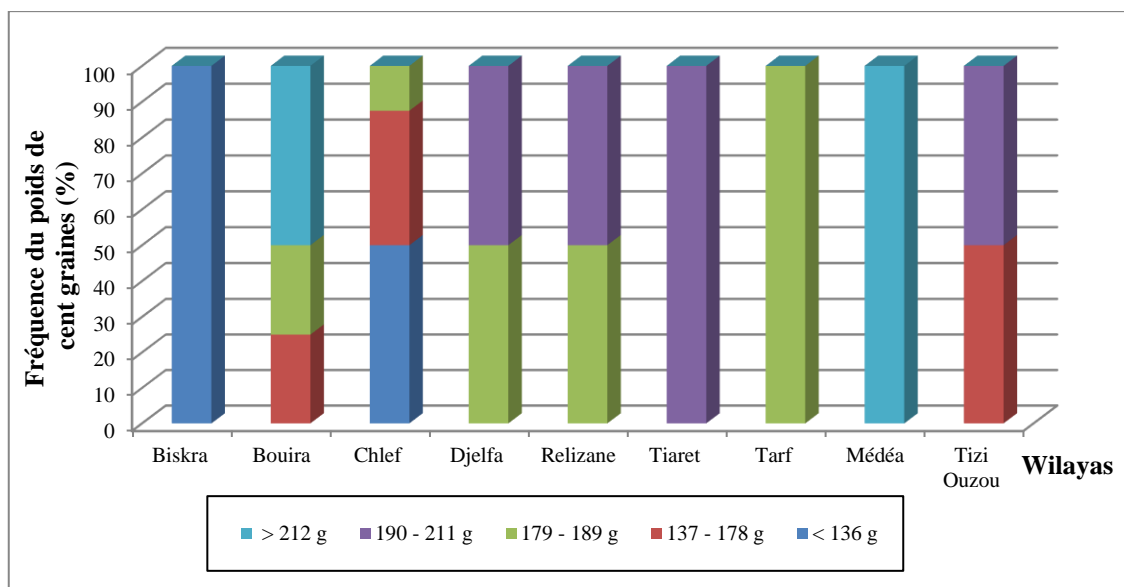


Figure 11. Fréquence de la longueur de la graine selon la wilaya



**Figure 12.** Fréquence du poids de cent graines selon la wilaya

### 3.2.2 Analyse des Correspondances Multiples (A.C.M)

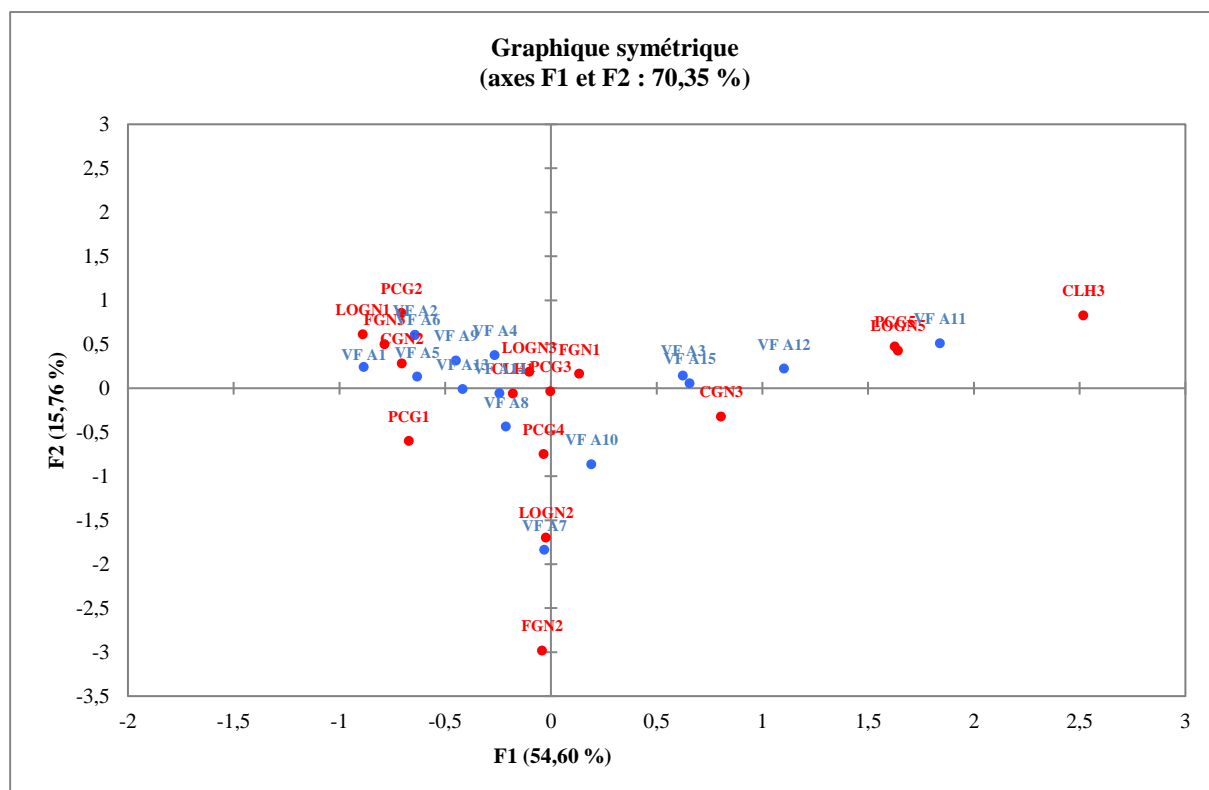
L'ACM a permis d'analyser l'ensemble des variables qualitatives permettant de visualiser les proximités entre modalités de variables et entre individus.

Pour l'interprétation des axes, seules les variables qui contribuent le plus à la construction de chaque axe sont prises en compte, se sont en d'autres termes les variables dont la somme des contributions des modalités est la plus élevée. Les deux premiers axes factoriels expliquent près de 70,35 % de la variation, ce qui est assez représentatif (Figure 13).

Le premier axe est expliqué pour près de 78 % par les modalités des variables couleur du hile noir (10,27 % de l'inertie globale), autres couleurs du hile (10,27 %), couleur de graine marron foncé (11,50 %), couleur de graine marron clair (11,50 %), longueur de la graine inférieure à 2,20 cm (9,59 %), longueur de la graine supérieure à 2,81 cm (12,52 %) et poids de cent graines supérieur à 212 g (12,41 %). Les principales modalités qui expliquent le second axe sont la forme de la graine angulaire (14,99 %) et la longueur des graines classe 2 (2,21-2,40 cm) (15,97 %). A elles seules, ces variables expliquent près de 31 % de l'inertie globale.

Selon l'analyse du graphique symétrique des différentes modalités étudiées (Figure 13), l'axe F1 oppose les accessions à graines de couleur marron foncé, de taille inférieure à 2,20 cm avec un hile de couleur noire aux accessions à graines de couleur marron clair, de taille supérieure à 2,81 cm avec une couleur du hile autre que le noir (blanc ou marron). Cependant, l'axe 2 regroupe seulement les accessions à graines de forme angulaire et de taille allant de 2,21 à 2,40 cm (Figure 13).

L'analyse des correspondances multiple a également permis de visualiser graphiquement la structuration de la collection des 15 accessions de fève collectées en Algérie (Figure 13). La projection de la majorité des individus sur le plan factoriel défini par les axes 1 et 2 a montré une distribution assez importante sur le plan. En effet, l'axe 1 isole les accessions originaires du sud et de l'ouest à celles originaires du nord et de l'est du pays, à l'exception de quelques accessions aux graines de couleur marron foncé avec un hile noir et de taille inférieure à 2,20 cm collectées dans le nord du pays (VF A2) qu'on trouve regroupées avec les accessions du sud et de l'ouest du pays, ainsi que les accessions aux graines de couleur marron claire avec une taille supérieure à 2,81 cm (VF A4 et VFA10) collectées dans l'ouest du pays et qu'on trouve regroupées avec les accessions du nord et de l'est du pays. Et donc, on suivant la distribution des variables selon l'axe 1, on constate que cet axe est marqué par l'opposition des modalités couleur de graines marron foncé de taille inférieure à 2,20 cm aux modalités couleur de graines marron clair de taille supérieure à 2,81 cm (Figure 13). Quant à l'axe 2, ce dernier isole les accessions à graines angulaires et de taille entre 2,21 et 2,40 cm, qui caractérisent les accessions collectées dans l'ouest de pays dans la wilaya de Chlef (Bénaïria) (Figure 13).

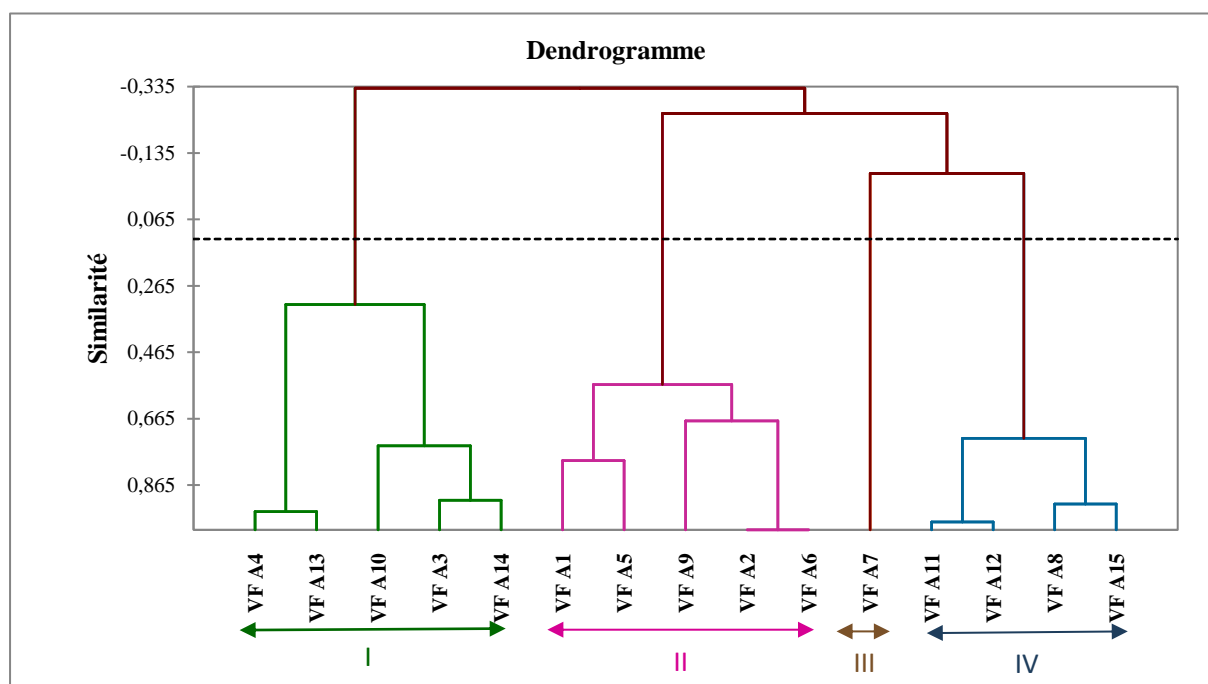


**Figure 13.** Représentation graphique des 15 accessions de fève collectées en Algérie sur le plan formé par les deux axes 1 et 2 de l'ACM des 5 variables morphologiques.

### 3.2.3 Classification ascendante hiérarchique (C.A.H.)

L'analyse de la matrice des distances de similarités et la CAH ont permis la construction d'un dendrogramme permettant de grouper les 15 accessions de fève étudiées en se basant sur leurs degrés de ressemblance morphologique (Figure 14).

En effet, l'analyse du dendrogramme a confirmé les observations de l'ACM et a fait ressortir quatre principaux clusters. Le premier cluster (I) regroupe les accessions VF A4, VF A13, VF A10, VF A3 et VF A14 caractérisées majoritairement par des graines de forme aplatie, de couleur marron clair avec un hile de couleur noire et une taille des graines allant de 2,41 et 2,60 cm. Le second cluster (II) regroupe les accessions VF A1, VF A2, VF A5, VF A6 et VF A9 marquées essentiellement par des graines de forme aplatie, de couleur marron foncé avec un hile noir et une taille de graines inférieure à 2,20 cm à l'exception des graines de l'accession VF A1, collectées dans le sud du pays (Biskra), qui sont de forme arrondie. Le troisième cluster (III) comprend uniquement l'accession VF A7, collectée dans la wilaya de Chlef (Bénaïria) dont les graines sont de forme angulaire, de couleur marron clair avec un hile noir et un poids de cent graines inférieur à 136 g. Le dernier cluster (IV) comprend les accessions collectées dans la wilaya de Médéa (VF A11 et VF A12), Djelfa (VF A8) et El Tarf (VF A15), caractérisées principalement par des graines de forme aplatie, de couleur marron clair et un hile noir à l'exception de la forme collectée dans la wilaya de Médéa (VF A11) dont certaines graines présentent une couleur du hile différente du noir (blanche ou marron) (Figure 14).



**Figure 14.** Dendrogramme représentatif des relations morphologiques entre les 15 accessions de fève collectées en Algérie

## 4. Discussion

### 4.1 Prospection et collecte

Compte tenu de l'importance des ressources locales des légumineuses à graines (fève, pois chiche et lentille), et dans le but de recueillir le maximum d'informations sur ces ressources, l'Algérie, et en collaboration avec des partenaires étrangers (Allemagne, ICARDA...), a effectué plusieurs missions de prospection et collecte au cours des années quatre-vingt-dix. Ces missions ont permis de rassembler plusieurs échantillons de ressources génétiques des légumineuses à graines. Mais malheureusement, ces ressources ont été perdues et mal conservées. D'où l'intérêt porté dans la présente étude à la collecte des ressources génétique de fève en Algérie.

D'après Maatougui (1996), la fève est essentiellement cultivée au niveau des plaines côtières et de l'intérieur ainsi que dans les zones sahariennes de l'Algérie. En effet, au terme des missions de prospection et de collecte des accessions locales de la fève (*Vicia faba* L.) effectuées sur le territoire algérien, l'aire de répartition de cette espèce a été délimitée. Du nord au sud du pays, cette aire s'étend du littoral, à l'atlas tellien, aux hauts plateaux jusqu'au Sahara. Quinze (15) localités appartenant à 9 wilayas ont été prospectées. Ces missions de collecte nous ont permis de recueillir 15 accessions locales de fève. Cela montre que malgré les pratiques de l'agriculture moderne intensive et l'importation de variétés commerciales à haut rendement, il existe encore des variétés traditionnelles maintenues par les paysans et les petits agriculteurs.

Au nord du pays cette espèce a été identifiée dans plusieurs wilayas. Dans la willaya de Tizi-Ouzou, Bouira et Médéa, la fève est couramment cultivée par les agriculteurs. Au nord-ouest du pays, dans la wilaya de Chlef, plusieurs paysans la cultivent alors que dans la wilaya de Relizane et Tiaret sa culture reste limitée. Ceci montre la richesse de la wilaya de Chlef par rapport aux autres wilayas du nord-ouest du pays.

La fève a été aussi identifiée au sud du pays dans la wilaya de Biskra. Cette dernière présente une diversité génétique importante en populations locales de fève, cultivées depuis longtemps dans les différentes zones de la wilaya (Chenna, 2002). Selon le même auteur, ce patrimoine génétique très diversifié présente une adaptation remarquable aux conditions agro-climatiques sahariennes, conduisant ainsi à plusieurs modes de sélection par les agriculteurs de la wilaya. Ces derniers disposent de leur propre semence de base en fève.

Dans les wilayas prospectées, l'agriculture est souvent de type familial avec des superficies réduites à quelques hectares où la production est généralement destinée à l'autoconsommation. Quant à la commercialisation de cette culture, les agriculteurs utilisent des superficies beaucoup

plus importantes en faisant souvent appel à des programmes d'aide de l'état pour avoir des semences certifiées obtenues auprès des coopératives agricoles, ou bien en achetant la semence directement du marché local et qui est généralement importée. Ce qui menace la conservation de cette ressource dans ces localités.

Les paysans des wilayas prospectées, en particuliers les femmes, produisent eux même leurs semences de manière traditionnelle en gardant chaque année une partie des graines récoltées et sélectionnent les plants les mieux adaptés aux conditions locales pour limiter les pertes dues aux facteurs biotiques et/ou abiotiques afin de les semer l'année d'après. En effet, d'après Beck *et al.* (1997), les accessions ayant été précédemment exposées à des conditions environnementales extrêmes peuvent présenter une résistance au stress abiotique. Ces conditions leur confèreraient des attributs physiologiques exceptionnels comparés à d'autres germoplasmes n'ayant pas été développés dans des conditions de stress abiotiques (Blum et Sullivan, 1986).

En plus de la sélection et de la conservation des graines, les femmes préservent aussi le savoir traditionnel liés aux variétés locales, aux techniques culturales les mieux adaptées au milieu ainsi qu'à la préparation des plats traditionnels, permettant ainsi la préservation des ressources génétiques en fève dans ces wilayas à travers les générations.

#### **4.2 Caractérisation préliminaire**

Les accessions de fève collectée présentent une grande variabilité génétique. En effet, de nombreuses formes différentes de graines collectées ont été recensées à travers les régions prospectées révélant ainsi une importante diversité morphologique des graines.

La forme des graines aplaties est la plus dominante dans la majorité des sites prospectés que ce soit dans le nord, l'ouest ou encore l'est du pays. C'est sans doute la forme la plus appréciée par les paysans dans ces régions. Contrairement à la forme arrondie qui prédomine dans la willaya de Biskra au sud du pays. Dans cette zone où la culture de la fève est conduite en irrigué, les graines sont de petite taille avec un poids de cent graines faible par rapport à celles collectées dans le nord et l'est du pays. Cependant, elles sont généralement plus adaptées aux conditions de l'eau et du sol. D'après Maatougui (1996), en zones sahariennes, le taux élevé de salinité des eaux d'irrigation réduit sensiblement la productivité de la fève. D'où la nécessité de sélectionner des formes de fève résistantes à cette contrainte.

D'après Khamassi (2014), après un mois de récolte, le tégument de la graine de *Vicia faba* L. présente quatre couleurs majeures : marron foncé, marron clair, beige et vert jaunâtre. Dans

les graines des accessions collectées dans les différents sites prospectés, deux couleurs du tégument des graines ont dominé, le marron clair et le marron foncé à l'exception de la wilaya de Chlef où les quatre couleurs (marron clair, marron foncé, beige et vert) ont été identifiées dans les graines collectées. Ceci montre la diversité de la wilaya de Chlef en ressources de fève par rapport aux autres wilayas prospectées. D'après Crofton et Bond (1998), la dominance d'une couleur du tégument de la graine de *Vicia faba* L. par rapport à une autre n'a pas un intérêt agronomique majeur. Bond et Duc (1993) et Crofton et Bond (1998) ont évoqué un effet environnemental provoquant une variation de la coloration du tégument.

La couleur noire du hile a marqué presque la quasi-totalité des formes collectées à l'exception de quelques accessions dans la wilaya de Médéa, Tiaret et Chlef où certaines graines de fève présentent une couleur du hile blanche ou marron. Sirks (1920) a été le premier à étudier l'hérédité de la coloration du hile dans les graines de *Vicia faba* L. Il a conclu que la coloration noire du hile est dominante par rapport à la blanche. Crofton et Bond (1998) ont décrit le caractère couleur du hile comme l'outil le plus contribuant à la différenciation et la séparation des populations de *Vicia faba* L. D'après Duc *et al.* (1989), la coloration blanche du hile pourrait être utilisée comme un marqueur phénotypique très fiable. Cependant et malgré l'importance de ce caractère, il n'est malheureusement pas pris en considération par les agriculteurs et les paysans dans le choix et la sélection des graines de la fève.

Les analyses multivariées (ACM et CAH) ont opposé la majorité des accessions collectées dans le nord et l'est aux accessions collectées dans le sud et l'ouest. En effet, les résultats de l'ACM ont fait ressortir l'opposition des morphotypes originaires du sud et l'ouest aux morphotypes originaires du nord et l'est du pays, sauf quelques exceptions pour les formes de couleur marron foncé et de taille inférieure à 2,20 cm collectées dans le nord du pays et qu'on trouve regroupées avec les formes du sud et de l'ouest, ainsi pour les les accessions aux graines de couleur marron clair et de taille supérieure à 2,81 cm collectées dans l'ouest et qu'on trouve regroupées avec les accessions du nord et l'est du pays.

Les résultats de l'ACM et CAH ont permis de répartir les accessions collectées en différents morphotypes sur la base de la couleur des graines et du hile, la forme des graines, la taille des graines et le poids de cent graines. Le premier morphotype a été identifié à l'ouest du pays, dans la wilaya de Chlef (Abou El hassene et Tadjena) et Relizane (El guettar). Il est caractérisé par des graines de petite taille, de forme aplatie, de couleur marron foncé avec un hile noir. Ce même morphotype a été identifié au nord du pays dans la wilaya de Bouira (Ain Bessam). L'accession localisée au sud du pays dans la wilaya de Biskra (Sidi Okba) correspond elle aussi

à ce morphotype sauf que les graines sont de forme arrondie. Ces formes ont été probablement introduites au nord et au sud du pays et se sont adaptées avec le temps aux conditions local du milieu. Le deuxième morphotype, rencontré beaucoup plus dans la wilaya de la Kabylie, dans la willaya de Tizi Ouzou (Ain el hammam et Ouaguenoun) et Bouira (Guerrouma), est caractérisé par des graines de forme aplatie, de taille moyenne (2,41 à 2,60 cm) avec un hile noir. Le même morphotype a été observé chez les accessions collectées à l'ouest du pays dans la wilaya de Chlef (Bouzeghaia) mais avec des graines de taille plus petite (2,21 à 2,40 cm) et à Tiaret (Sebaïne) avec des graines de forme arrondie. Ces accessions semblent être introduites du nord (la Kabylie) à l'ouest du pays. Ils sont le fruit de plusieurs années de sélection et d'adaptation aux conditions agro-écologiques.

Les accessions à graines de grande taille, de forme aplatie et de couleur marron claire, constituent un autre morphotype identifié au nord du pays dans la willaya de Médéa, à El Aissaouia et Beni Slimane. Ce même morphotype a été rencontré chez l'accession collectée à l'est du pays, à Ain El Karma dans la willaya d'El Tarf. L'accession localisée dans la willaya de Djelfa, à Aïn ouassara correspond elle aussi à ce morphotype sauf que les graines sont de petite taille et de couleur marron foncé.

Le morphotype à graines de forme angulaire, de couleur marron clair avec un hile noir et d'un faible poids de cent graines a été identifié uniquement dans la wilaya de Chlef (Bénaïria) à l'ouest du pays.

D'autres formes d'accessions se sont avérées très rare, il s'agit des morphotypes à graines aplaties, de couleur verte avec un hile blanc localisés à l'ouest, à Tadjena dans la wilaya de Chlef et les morphotypes à graines aplaties, de couleur marron foncé avec un hile marron repérés dans la même wilaya, à Abou El hassene. Les formes à graines beige, de forme arrondie avec un hile blanc ont été identifiées uniquement à Bénaïria, toujours dans la willaya de Chlef. Les morphotypes à graines aplaties, de couleur marron clair avec un hile blanc ont été rencontrés chez les accessions localisées à Médéa (El Aissaouia), Tiaret (Sebaïne) et Chlef (Abou El hassene et Tadjena).

Au terme des analyses portant sur la morphologie des graines de fève collectées, une importante diversité des morphotypes localisés dans l'ouest du pays a été dévoilée, en particulier dans la wilaya de Chlef, par rapport à celles collectées au nord, à l'est et au sud. Ceci est probablement dû à la présence d'une érosion moins accélérée à l'ouest que dans le reste des zones prospectées. Mais aussi par le phénomène de mutations naturelles, comme c'est le cas de la couleur blanche du hile qui est défini comme un caractère récessif à effet maternel dont la

ségrégation suit le ratio 3:1 (Noir, blanc) à la génération F<sub>2</sub> (Bould et Crofton, 1987 ; Gutierrez *et al.*, 2006). De plus, la dominance des morphotypes à graines aplaties dans la majorité des accessions collectées peut être expliquée par la préférence de cette forme par les paysans, ce qui favorise sa forte sélection entraînant ainsi une sélection indirecte pour les autres caractères.

## 5. Conclusion

La présente étude a pour objectif principal l'évaluation de la diversité des accessions de fève collectées en Algérie. Elle constitue une première estimation de la diversité existant dans cette espèce en Algérie.

Suite aux missions de prospections et de collectes, l'aire de répartition de la fève en Algérie a été délimitée. En effet, la fève a été identifiée dans différentes wilayas du pays, au nord (Tizi Ouzou, Bouira, Médéa et Djelfa), à l'ouest (Chlef, Relizane et Tiaret), à l'est (El Tarf) et au sud (Biskra). Ces wilayas disposent d'une richesse phytogénétique importante.

Au total, 15 accessions ont été collectées dans les différents sites prospectés. Ces accessions contribuent à construire une collection représentative de la diversité de la fève en Algérie. Cette collection permettra aux chercheurs et aux sélectionneurs d'utiliser ces ressources en fève dans des projets de recherche et dans des programmes d'amélioration et de sélection de la fève.

L'évaluation des caractères morphologiques qualitatifs des graines collectées a permis de distinguer les principaux morphotypes de fève à travers les régions prospectées. A l'ouest du pays, le morphotype le plus répandu est caractérisé par des graines de petite taille, de couleur marron foncé, de forme aplatie avec un hile noir. Ce même morphotype a été également identifié dans l'accession collectée au sud mais avec des graines de forme arrondie. Le morphotype le plus dominant en Kabylie est caractérisé par des graines de forme aplatie et de taille moyenne avec un hile noir. Cependant dans le nord et l'est du pays, les graines collectées sont généralement de grande taille, de forme aplatie et de couleur marron clair. Le morphotype à graines de couleur marron clair, de forme angulaire avec un hile noir et un poids de cent graines faible a été identifié seulement dans la région de Bénéïria dans la wilaya de Chlef. D'autres morphotypes rares ont été identifiées dans les sites prospectés. En effet, il s'agit des accessions collectées beaucoup plus à l'ouest du pays dans la wilaya de Chlef (Tadjena, Abou El hassene et Bénéïria) et Tiaret (Sebaïne) mais aussi au nord dans la wilaya de Médéa (El Aissaouia)

De nos jours, peu de paysans et d'agriculteurs cultivent et conservent les accessions locales de la fève. Il est devenu donc impératif de les identifier afin de les aider et les encadrer pour bien conserver et multiplier ces ressources, tout en mettant en évidence leurs savoir-faire relatifs à ces actions et à l'utilisation de la fève.

Et donc, pour une meilleure structuration de la diversité génétique de la fève en Algérie, il est indispensable de caractériser les graines des accessions collectées par des études de caractérisations agro-morphologiques sur le terrain et moléculaires au laboratoire.

*Chapitre 3 : Caractérisation agro-morphologique de quarante-six (46) accessions de Vicia faba L. en Algérie*

---

# Chapitre 3 : Caractérisation agro-morphologique de quarante-six (46) accessions de *Vicia faba* L. en Algérie

## 1. Introduction

La fève (*Vicia faba* L.), l'un des légumes les plus anciennement cultivés dans le monde, est originaire de la région méditerranéenne et de l'ouest de l'Asie (Zohary, 1977 ; Crépon *et al.*, 2010). Dans les pays méditerranéens, cette légumineuse est utilisée pour l'alimentation humaine et animale comme une source importante de protéines en raison de la valeur nutritionnelle élevée de ses graines (Mejri *et al.*, 2012).

En Algérie, la fève est la plus importante culture de légumineuse alimentaire. Elle est cultivée dans différentes zones agro-écologiques ; en plaines côtières et intérieures, dans les hauts plateaux et dans les zones sahariennes (Maatougui, 1996). La variabilité des zones de production de la fève et l'ancienneté de la pratique de sa culture ont permis la création d'écotypes adaptés avec des caractéristiques spécifiques et le développement d'une diversité génétique très appréciable (Sadiki *et al.*, 1995).

En dépit de son importance, la fève reste une légumineuse marginalisée et sa diversité génétique demeure très peu connue. En effet, les études portant sur l'évaluation de la diversité génétique de la fève en Algérie par une caractérisation agro-morphologique restent encore limitées et portent sur quelques accessions collectées uniquement, ne représentant pas la collection totale.

Jusqu'à présent, la caractérisation phénotypique continue d'être utilisée comme un outil descriptif essentiel pour l'évaluation d'un germoplasme ou d'une collection donnée. Selon Bautista Salas (2009), lorsqu'on procède à une caractérisation phénotypique d'une collection, si l'objectif principal est d'évaluer sa variabilité, il est recommandé de sélectionner des caractères qui soient les plus discriminants possibles.

Dans ce contexte, une caractérisation agro-morphologique d'une collection de *Vicia faba* L. composée d'accessions locales et étrangères d'origines géographiques différentes a fait l'objet de la présente étude. Ce travail porte sur une comparaison entre les diverses accessions par une caractérisation agronomique, morphologique et phénologique permettant d'approfondir nos connaissances sur cette espèce et d'établir une base de données avec des informations utiles

Caractérisation agro-morphologique de quarante-six (46) accessions de *Vicia faba* L. en Algérie pour l'élaboration de stratégies de conservation et d'utilisation future de ces ressources dans les programmes de sélection et d'amélioration végétale.

## 2. Matériel et méthodes

### 2.1. Matériel végétal

Le matériel végétal utilisé dans notre étude est constitué de 46 accessions de *Vicia faba* L. Cette collection comprend 33 accessions d'origines géographiques différentes provenant de l'USDA, ainsi que 13 accessions locales collectées lors de nos missions de prospection et de collecte de la fève (tableau 3).

**Tableau 3.** Origine géographique des 46 accessions de *Vicia faba* L. ayant fait objet de la présente étude.

N°	Code	Origine géographique	N°	Code	Origine géographique
1	VF A2	Algérie	24	L8I3	Grèce
2	VF A3	Algérie	25	L8I4	Grèce
3	VF A4	Algérie	26	L8I6	U.K.
4	VF A5	Algérie	27	L8I9	Maroc
5	VF A6	Algérie	28	L8I11	Maroc
6	VF A7	Algérie	29	L9I2	Maroc
7	VF A8	Algérie	30	L9I4	Palacio de la Paz
8	VF A9	Algérie	31	L9I6	Grèce
9	VF A10	Algérie	32	L9I7	Chili
10	VF A11	Algérie	33	L9I8	Pérou
11	VF A12	Algérie	34	L9I9	Chine
12	VF A13	Algérie	35	L9I11	Pakistan
13	VF A14	Algérie	36	L10I1	Espagne
14	VF 24	Palestine Occupée	37	L10I4	Espagne
15	VF 29	Iraq	38	L10I5	Turquie
16	VF 131	Soudan	39	L10I8	Turquie
17	VF 139	Allemagne	40	L10I10	Turquie
18	VF 158	Canada	41	L11I3	U.K.
19	VF 176	Canada	42	L11I6	Équateur
20	VF 314	Kenya	43	L11I9	USA Washington
21	VF 318	Équateur	44	L11I10	Maroc
22	VF 320	Équateur	45	L12I5	USA Washington
23	L4I1	Turquie	46	L12I7	Syrie

## 2.2. Présentation du site expérimental

### 2.2.1. Localisation de l'essai

L'essai expérimental s'est déroulé au cours de la saison agricole 2013-2014 sur une parcelle sous abri grillagé, située à la station expérimentale de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique (ENSA) (El Harrach-Alger) dans le nord de l'Algérie, à une altitude de 38 mètres, à une latitude de 36°43' Nord et à une longitude de 3°09' Ouest. Le site expérimental se situe dans une zone à étage bioclimatique subhumide, caractérisée par un climat méditerranéen avec des hivers pluvieux et humides et des étés chauds et secs avec des précipitations annuelles qui fluctuent entre 600 et 700 mm.

### 2.2.2. Caractéristiques pédoclimatiques du site expérimental

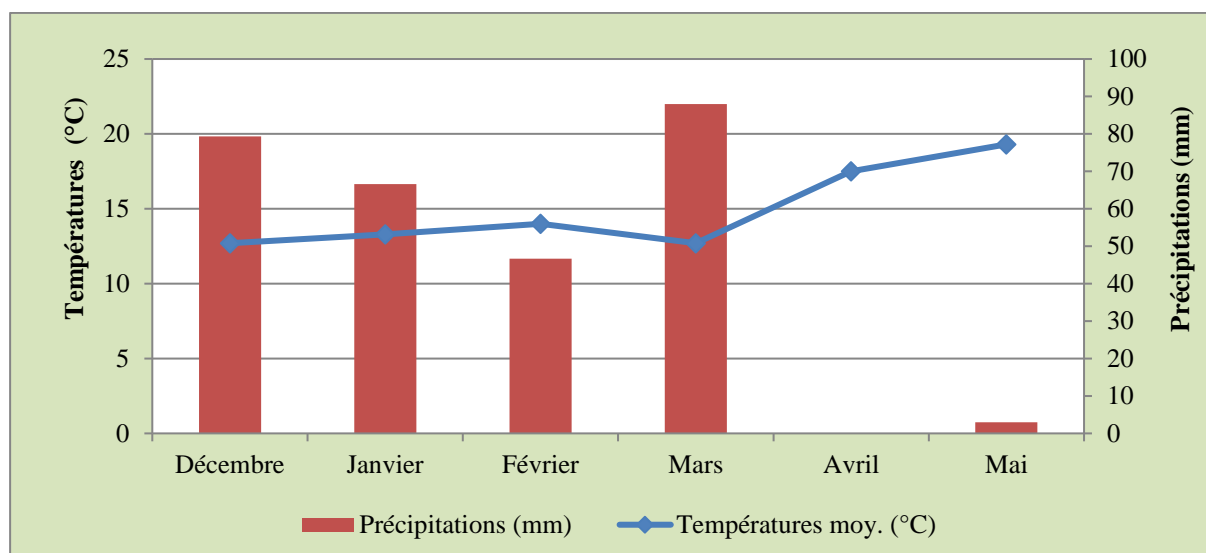
Les conditions climatiques jouent un rôle crucial dans le développement d'une plante et l'émergence de ses différentes phases de croissance. Les principales données climatiques qui ont caractérisé la période de l'étude sont récapitulées dans le tableau 4 et illustrées dans un diagramme climatique (figure 15).

L'essai s'est déroulé de décembre à juin 2014. Pendant cette période, la phase végétative de la culture a été synchronisée avec les mois les plus pluvieux allant de janvier (66,6 mm) à mars (88 mm). Cependant, la phase de reproduction et de développement des graines a coïncidé avec une diminution significative des précipitations, atteignant 0 mm en mois d'avril, accompagnée d'une augmentation notable de la température, culminant à 22,3 °C au mois de juin (tableau 4, figure 15).

**Tableau 4.** Données climatiques (Précipitations, températures et humidité) pour la campagne 2013-2014

Mois	Précipitations mensuelles (mm)	Humidité (%)	Température (°C) moyennes
Décembre	79,3	79,4	12,7
Janvier	66,6	86,6	13,3
Février	46,7	75,5	14
Mars	88	78,9	12,7
Avril	0	79,3	17,5
Mai	3	84	19,3
Juin	2,6	72,6	22,3

Source : Station météorologique de l'ENSA (2014)



**Figure 15.** Précipitations et températures moyennes par mois de la campagne 2013-2014.

Le sol de la parcelle présente une texture limono-argileuse, peu salé avec un pH neutre. C'est un sol non calcaire (2,6 %), caractérisé par une faible teneur en matière organique et en azote total, une teneur moyenne à satisfaisante en potassium (69,04 ppm) et faible en phosphore (10,05 ppm) (tableau 1, annexe 1).

### 2.3. Dispositif expérimental

Le schéma expérimental adopté dans cette étude est un dispositif en blocs aléatoires complets à deux répétitions, les blocs sont séparés par une distance de 1 mètre. Chaque bloc est composé de 46 micro-parcelles, où les accessions étudiées sont réparties de façon aléatoire. Chaque accession est semée sur deux lignes de 1 mètre linéaire, avec une densité de 10 graines/ligne. La distance entre les blocs est de 1 mètre et à l'intérieur de bloc (entre les lignes) est de 0,5 (figure 1.A., annexe 1).

### 2.4. Conduite et suivi de l'essai

La préparation de la parcelle a commencé par un déchaumage effectué au mois d'Août après la récolte du précédent cultural. Avant le semis, un labour profond a été réalisé à l'aide d'une charrue à disque à une profondeur de 25 cm au mois de décembre. La préparation du lit de semence a été réalisée par plusieurs passages croisés de cover-crop. Seul un apport d'engrais phosphaté a été effectué, comme fumure de fond sous forme de triple super phosphate (TSP 00-46-00) à raison de 2 q/ha.

Le semis a été réalisé manuellement le 2 janvier 2014, après scarification des semences à l'aide d'une lime. Chaque accession est semée sur deux lignes de 1m. La ligne comporte 10

graines semées côte à côte, à une distance de 10 cm entre une graine et l'autre et à une profondeur d'environ 5 cm, soit une densité de semis de 10 graines par mètre linéaire.

Afin de bien entretenir l'essai, un désherbage chimique a été appliqué entre les micro-parcelles à l'aide d'un herbicide (Glyphosate) à raison de 0,15 l/ha. Ce traitement chimique a été complété par un désherbage manuel effectué à l'intérieur et entre les lignes cultivées. Ces actions étaient entreprises de manière proactive pour contrôler et éliminer les mauvaises herbes dès leur apparition. Différents traitements phytosanitaires ont été utilisés pour protéger l'essai contre les maladies et les ravageurs, il s'agit de fongicide (Occidor 1l/ha) contre la rouille, de limacide (Métaldéhyde 15 kg/ha) contre les limaces et d'insecticide (Pychlorex 1,77 l/ha) contre les fourmis. L'essai a été conduit en conditions pluviales, aucune irrigation n'a été effectuée.

La récolte est effectuée manuellement lorsque 75 % des gousses de chaque micro-parcelle sont arrivées au stade maturité par arrachage des plants de façon échelonnée. Elle a commencé le 27-05-2014 et s'est terminée le 14-06-2014. Les plants de chaque accession pour chaque micro-parcelle ont été récoltés et mis dans des sachets en papier de façon séparée. Après un dégoussage manuel, les semences de chaque accession sont mises séparément dans des sachets en papier krafts étiquetés et conservées dans la chambre froide (figure 1.D., annexe 1).

## **2.5. Caractères agro-morphologiques étudiées**

Le choix et la sélection des traits les plus couramment utilisés pour l'évaluation agro-morphologique des accessions de *Vicia faba* L. s'est fait suivant le descripteur de l'IBPGR-ICARDA (1985) « Faba Bean Descriptors » et le manuel d'UPOV (2003). Au total 27 descripteurs agro-morphologiques ont été sélectionnés dont 21 quantitatifs et 6 qualitatifs. Les mesures et les observations ont été faites sur dix (10) plantes par micro-parcelle choisis aléatoirement pour chaque accession.

### **2.5.1. Caractères quantitatifs**

Vingt et un (21) caractères quantitatifs, morphologiques et agronomiques liés aux différents stades de développement de la plante ont été mesurés. Il s'agit des caractères liés aux stades phénologiques, végétatifs, et reproducteur et au rendement (tableau 5).

### **2.5.2. Caractères qualitatifs**

Au total six (6) caractères morphologiques qualitatifs ont fait l'objet d'une évaluation par des observations visuelles. Les observations ont porté sur l'aspect externe de la fleur avec ces différentes parties ainsi que la morphologie des gousses et des graines (tableau 6).

### **2.6. Analyses des données**

Pour l'ensemble des 21 traits agro-morphologiques quantitatifs évalués des 46 accessions de *Vicia faba* L., une analyse statistique descriptive a été réalisée par le calcul de la moyenne, le coefficient de variation (CV %) et l'écart type afin d'évaluer la variabilité inter et intra accessions. L'analyse a été réalisée en utilisant le logiciel SPSS 25.0 (IBM Corp., Armonk, NY, USA).

Une analyse de la variance à deux critères de classification a été faite à l'aide du logiciel SPSS 25.0 software pour l'ensemble des caractères quantitatifs étudiés. L'analyse de la variance est complétée par le test de comparaison des moyennes LSD ou ppds à 5 % de probabilité lorsqu'une différence significative est révélée entre les accessions pour un caractère donné. L'objectif étant d'identifier les accessions qui diffèrent significativement des autres.

Le test de corrélation de Pearson est utilisé pour évaluer les relations entre les caractéristiques quantitatives en mesurant la corrélation linéaire entre elles. Il est appliqué avec un seuil de 5 % pour déterminer si ces relations sont statistiquement significatives.

Des analyses multivariées ont été effectuées à l'aide du logiciel XLSTAT v13.01 (XLSTAT, 2014) dans le but de déterminer les relations entre les variables étudiées et de regrouper les accessions qui présentent des similitudes. Pour les données quantitatives, une Analyse en Composantes Principales (ACP) a été appliquée aux 21 variables pour identifier les groupes homogènes. En général, seules les trois premières composantes principales sont retenues car elles englobent l'essentiel de la variation phénotypique, en tenant compte des caractères les plus discriminants, et donc ceux qui sont aptes à différencier efficacement les accessions entre elles (Clifford and Stephenson, 1975). Une Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) a ensuite permis de classer les accessions en groupes homogènes. Pour cette analyse les distances entre les accessions ont été déterminées par le coefficient de dissimilitude basé sur la distance euclidienne. Les accessions ont été par la suite regroupées par la méthode de la moyenne non pondérée UPGMA (Unweigthed Pair-Group Method using arithmetic Averages) (Sneath et Sokal 1973) et présentées graphiquement sous forme de dendrogramme. Une Analyse des

Caractérisation agro-morphologique de quarante-six (46) accessions de *Vicia faba* L. en Algérie

Correspondances Multiples (ACM) suivi d'une Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) ont été réalisées pour analyser les données qualitatives. Les distances ont été déterminées graphiquement sur la base de la liaison moyenne entre les groupes (UPGMA), en élaborant un dendrogramme.

**Tableau 5.** Caractères quantitatifs observés sur les 46 accessions de *Vicia faba* L.

Code	Caractères	Unité
PF	Nombre de jours correspondant à 50 % de plantes présentant une floraison sur les deux lignes semées de chaque accession	Jours
FG	Nombre de jours correspondant à 50 % de plantes présentant des gousses sur les deux lignes semées de chaque accession	Jours
NPM2	Nombre des plants levés sur la surface semée de chaque parcelle élémentaire de chaque accession puis rapporté au mètre carré	/
BA	Poids de la biomasse aérienne par parcelle élémentaire de chaque accession rapporté à l'hectare	q/ha
NG/PL	Nombre moyen de gousses par plant compté sur dix plants de chaque parcelle élémentaire.	/
NGN/G	Nombre moyen de graines par gousse compté sur dix gousses de chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement pour chaque accession.	/
PMG	Poids de cent graines pour chaque parcelle élémentaire pour chaque accession	G
RDT	Rendement en graine pour chaque parcelle élémentaire rapporté à l'hectare	q/ha
NRP	Nombre moyen de racines primaires compté sur dix plants de chaque parcelle élémentaire.	/
LT	Hauteur moyenne de la tige principale à partir du collet mesurée sur dix plants de chaque parcelle élémentaire.	Cm
L1G	Longueur moyenne mesurée à partir du collet jusqu'à la première gousse mesurée sur dix plants de chaque parcelle élémentaire.	cm
NEN1G	Nombre moyen d'entre-nœuds à la première gousse compté sur dix plants de chaque parcelle élémentaire.	/
LOG GS	Longueur moyenne de la gousse mesurée sur dix gousses de chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement pour chaque accession.	Cm
LAG GS	Largeur moyenne de la gousse mesurée sur dix gousses de chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement pour chaque accession.	cm
LOG GN	Longueur moyenne de la graine mesurée sur dix graines de chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement pour chaque accession.	Cm
LAG GN	Largeur moyenne de la graine mesurée sur dix graines de chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement pour chaque accession	Cm
LACR	Largeur moyenne de la carène mesurée à l'aide d'une règle graduée sur cinq échantillons pour chaque parcelle élémentaire de chaque accession sur l'axe qui présente la largeur maximale.	Cm
LGCR	Longueur moyenne de la carène mesurée à l'aide d'une règle graduée sur cinq échantillons de chaque accession en commençant du point d'insertion de la fleur sur son pédoncule	Cm
LAET	Largeur moyenne de l'étendard mesurée à l'aide d'une règle graduée sur cinq échantillons de chaque accession.	Cm
LGET	Longueur moyenne de l'étendard mesurée à l'aide d'une règle graduée sur cinq échantillons pour chaque parcelle élémentaire de chaque accession en commençant du point d'insertion de la fleur sur son pédoncule.	Cm
NFR	Nombre moyen de fleurs qui appartiennent au même racème comptés sur trois échantillons pour chaque parcelle élémentaire de chaque accession.	/

**Tableau 6.** Caractères qualitatifs observés sur les 44 accessions de *Vicia faba* L.

Code	Caractères	Critères
CFL	Couleurs de la fleur pour 5 échantillons pour chaque micro-parcelle élémentaire pris aléatoirement au stade floraison	1. Blanche, 2. Violette, 5. Rose
EPA	Extension de la pigmentation anthocyanique de 5 fleurs pour chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement au stade floraison	3. Faible, 5. Moyenne, 7. Forte
PM	Couleur de la tache mélanine de 5 fleurs pour chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement au stade floraison	1. Jaune verdâtre, 2. Brune, 3. Noire
CGN	Couleur des grains juste après la récolte sur 10 graines pour chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement	1. Beige, 2. Marron foncé, 3. Marron claire, 4. Vert.
FGN	Forme de la graine déterminée sur 10 graines pour chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement	1. Aplatie, 2. Angulaire, 3. Arrondie.
CHIL	Couleur de hile de la graine déterminée sur 10 graines pour chaque parcelle élémentaire prises aléatoirement	1. Noire, 2. absente, 3. Autres couleurs.

### 3. Résultats et interprétations

#### 3.1. Caractères quantitatifs

##### 3.1.1. Analyse de la variance et comparaison des moyennes

L'analyse de la variance réalisée sur les 21 descripteurs quantitatifs de 46 accessions de *Vicia faba* L. a révélé une différence hautement significative ( $p < 0,01$ ) à très hautement significative ( $p < 0,001$ ) pour la plupart des caractères mesurés à l'exception du nombre de plants par mètre carré (NPM2), du nombre de fleurs par racème (NFR) et de la largeur de la carène (LACR). L'analyse a indiqué que la variabilité introduite par le bloc n'a été observée que pour le nombre de gousses par plant (NGPL), la largeur et la longueur de la gousse (LAGS, LOGS), la largeur de la graine (LAGN) et la longueur de l'étendard (LOET) (tableau 1, annexe 2).

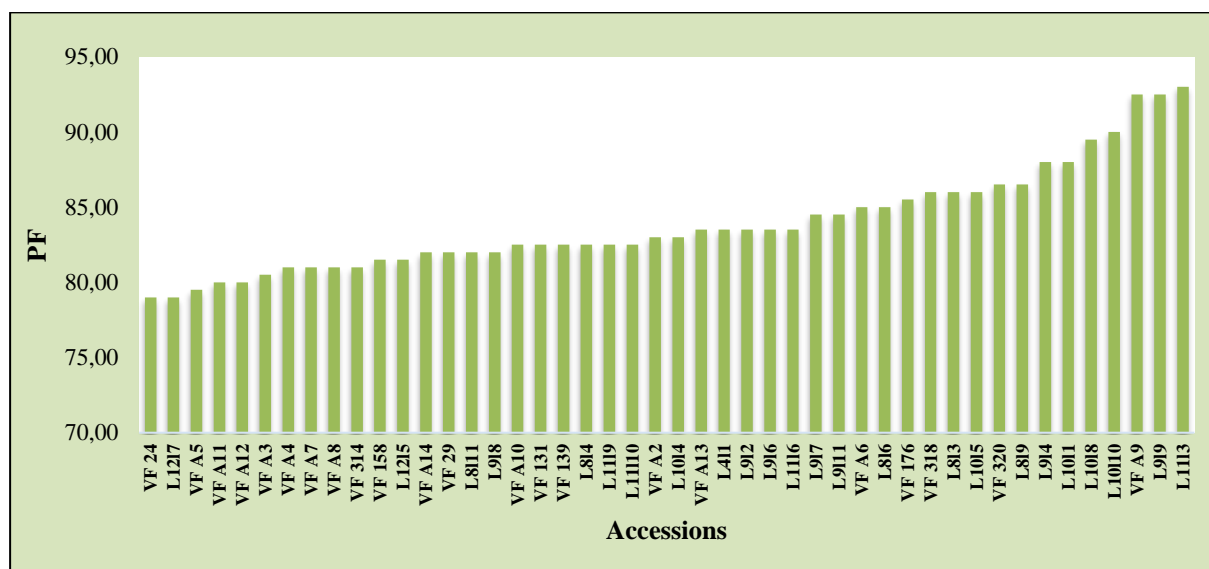
- **Caractères liés aux stades phénologiques**

L'évaluation de la précocité des 46 accessions de *Vicia faba* L. s'est faite selon deux descripteurs morphologiques, la floraison et la nouaison. Les coefficients de variation, l'écart type et la comparaison des moyennes entre les 46 accessions de *Vicia faba* L. pour la précocité à la floraison (PF) et à la nouaison (FG) sont présentés dans le tableau 7.

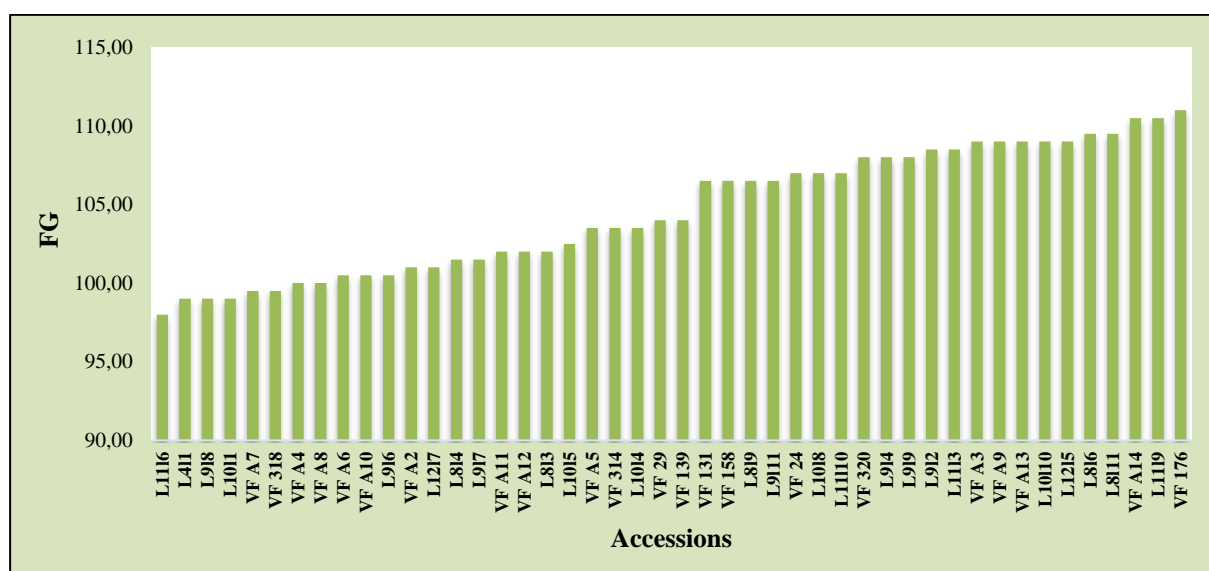
Pour la précocité à la floraison, l'analyse de la variance a révélé une différence très hautement significative ( $p < 0,001$ ) entre les accessions étudiées. Ce caractère présente un coefficient de variation faible de l'ordre de 4,45 %. Les accessions VF 24 (Palestine occupée) et L1217 (Syrie) sont les plus précoces à la floraison avec une moyenne de 79 jours et l'accession

anglaise L1113 est la plus tardive avec une moyenne de 93 jours du semis à la floraison (tableau 7, figure 16).

Les accessions étudiées présentent également une différence très hautement significative ( $p < 0,001$ ) pour la formation de la gousse avec un coefficient de variation faible ne dépassant pas 3,94 %. Une moyenne de 98 jours a été enregistrée par l'accession la plus précoce L1116 de l'Equateur et de 111 jours pour l'accession la plus tardive VF176 du Canada (tableau 7, figure 17).



**Figure 16.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la pleine floraison des 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 17.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la formation de la gousse des 46 accessions de *Vicia faba* L.

**Tableau 7.** Statistique descriptive de la précocité à la floraison et la nouaison mesurés chez 46 accessions de *Vicia faba* L.

Accessions	PF			FG		
	M	ET	GH	M	ET	GH
VF A2	83,00	2,828	ABCD	101,00	1,41	ABCD
VF A3	80,50	2,12	AB	109,00	2,82	FGHI
VF A4	81,00	0,00	AB	100,00	0,00	ABC
VF A5	79,50	0,70	A	103,50	0,70	ABCDEF
VF A6	85,00	1,41	ABCDEF	100,50	0,70	ABC
VF A7	81,00	0,00	AB	99,50	0,70	AB
VF A8	81,00	0,00	AB	100,00	0,00	ABC
VF A9	92,50	0,70	EF	109,00	0,00	FGHI
VF A10	82,50	2,12	ABCD	100,50	0,70	ABC
VF A11	80,00	1,41	AB	102,00	2,82	ABCDEF
VF A12	80,00	1,41	AB	102,00	0,00	ABCDEF
VF A13	83,50	0,70	ABCD	109,00	1,41	FGHI
VF A14	82,00	1,41	ABCD	110,50	2,12	HI
VF 24	79,00	0,00	A	107,00	0,00	CDEFGHI
VF 29	82,00	0,00	ABCD	104,00	0,00	ABCDEF
VF 131	82,50	2,12	ABCD	106,50	0,70	BCDEFGHI
VF 139	82,50	2,12	ABCD	104,00	1,41	ABCDEF
VF 158	81,50	0,70	ABC	106,50	3,53	BCDEFGHI
VF 176	85,50	0,70	ABCDEF	111,00	0,00	I
VF 314	81,00	0,00	AB	103,50	0,70	ABCDEF
VF 318	86,00	2,82	ABCDEF	99,50	0,70	AB
VF 320	86,50	6,36	ABCDEF	108,00	1,41	DEFGHI
L411	83,50	0,70	ABCD	99,00	1,41	A
L813	86,00	1,41	ABCDEF	102,00	1,41	ABCDEF
L814	82,50	2,12	ABCD	101,50	0,70	ABCDE
L816	85,00	0,00	ABCDEF	109,50	0,70	GHI
L819	86,50	3,53	ABCDEF	106,50	0,70	BCDEFGHI
L8111	82,00	1,41	ABCD	109,50	3,53	GHI
L912	83,50	3,53	ABCD	108,50	2,12	EFGHI
L914	88,00	1,41	BCDEF	108,00	1,41	DEFGHI
L916	83,50	3,53	ABCD	100,50	3,53	ABC
L917	84,50	0,70	ABCDE	101,50	0,70	ABCDE
L918	82,00	1,41	ABCD	99,00	1,41	A
L919	92,50	2,12	EF	108,00	1,41	DEFGHI
L9111	84,50	0,70	ABCDE	106,50	3,53	BCDEFGHI
L1011	88,00	1,41	BCDEF	99,00	1,41	A
L1014	83,00	0,00	ABCD	103,50	2,12	ABCDEF
L1015	86,00	2,82	ABCDEF	102,50	0,70	ABCDEF
L1018	89,50	2,12	CDEF	107,00	0,00	CDEFGHI
L10110	90,00	1,41	DEF	109,00	0,00	FGHI
L1113	93,00	1,41	F	108,50	2,12	EFGHI
L1116	83,50	0,70	ABCD	98,00	2,82	A
L1119	82,50	2,12	ABCD	110,50	0,70	HI
L11110	82,50	2,12	ABCD	107,00	0,00	CDEFGHI
L1215	81,50	0,70	ABC	109,00	2,82	FGHI
L1217	79,00	0,00	A	101,00	1,41	ABCD
Moyenne		83,92			104,59	
Ecart-type		3,73			4,12	
CV %		4,45			3,94	
Signification		***			***	

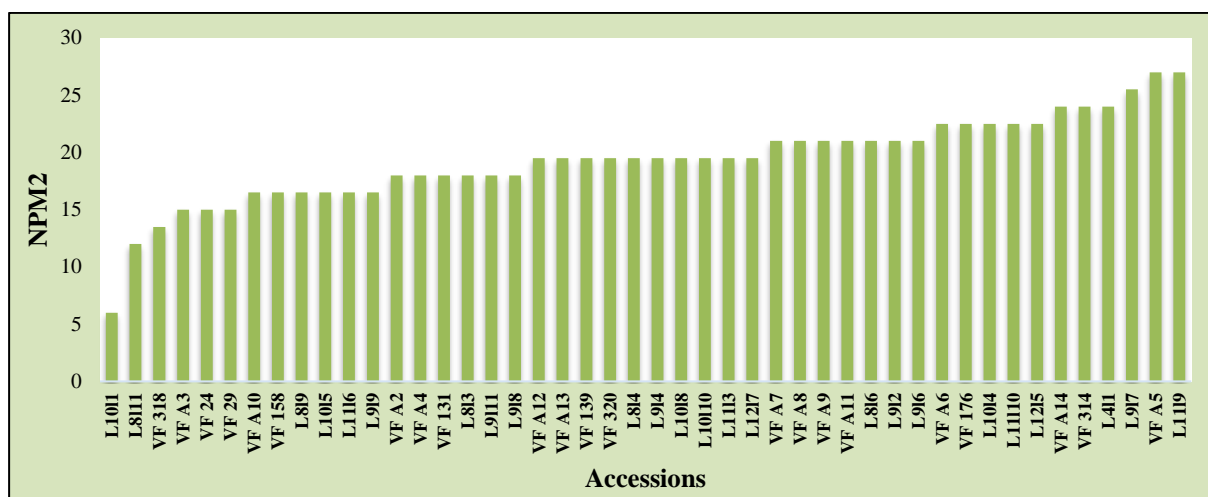
M. Moyenne ; ET. Ecart type ; GH. Groupes homogènes ; CV. Coefficient de variation. Les seuils de signification : \* =  $p < 0,05$  ; \*\* =  $0,001 < p < 0,01$  ; \*\*\* =  $p < 0,001$ .

- **Caractères liés au rendement**

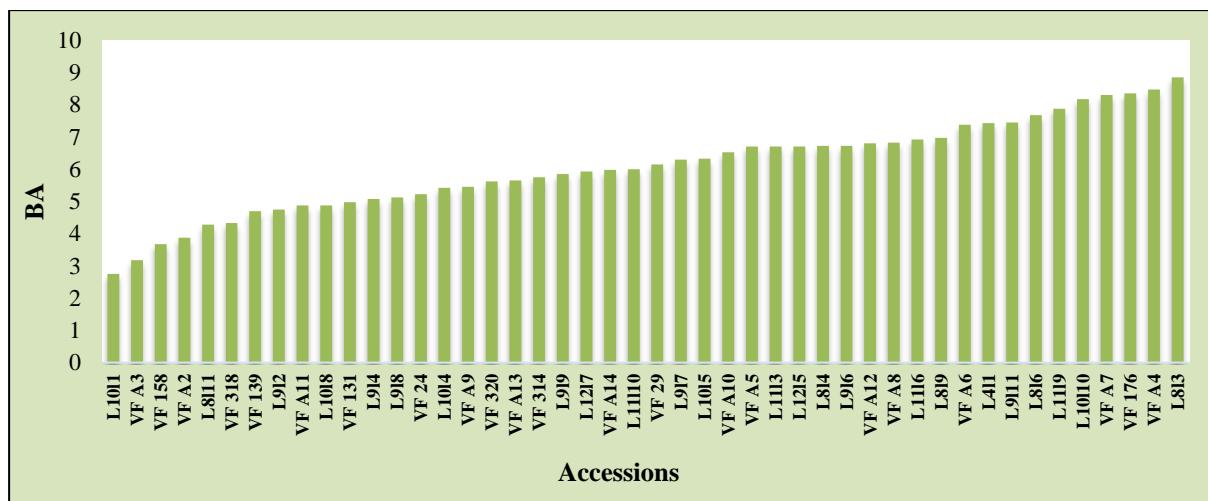
L'analyse de la variance n'a pas révélée d'effet accession significatif pour le nombre de plants par mètre carré (NPM2). Les 46 accessions ont eu en moyenne 19,33 plants par mètre carré avec un nombre maximal de 27 plants enregistré par l'accession algérienne VF A5 et l'accession américaine L1119 et un nombre minimal de 6 plants enregistré par l'accession espagnole L1011 (tableau 8, figure 18).

Concernant la biomasse aérienne (BA) et le rendement en graine (RDT), l'analyse de la variance a mis en évidence une différence hautement ( $0,001 < p < 0,01$ ) et très hautement significative ( $p < 0,001$ ) entre les accessions avec un coefficient de variation de 28,33 % et 34,21 % respectivement (tableau 8). Selon le test de comparaison des moyennes LSD, l'accession grecque L813 a formé le groupe le plus productif (8,850 q/ha) en biomasse aérienne et l'accession espagnole L1011 le groupe le moins productif (2,755 q/ha) en biomasse aérienne (tableau 8, figure 19). Pour le rendement en graine, les accessions L813 (Grèce), L819 (Maroc), L10110 (Turquie), VF A4 (Algérie) et VF A9 (Algérie) ont formé le groupe le plus productif avec un rendement en graine allant de 3,90 à 3,575 (q/ha), d'autre part l'accession kenyane VF 314 (0,828 q/ha) a construit le groupe le moins productif en rendement en grain (tableau 8, figure 20).

Le nombre de gousses par plant (NGPL), le nombre de graines par gousse (NGNG) et le poids de cent graines (PMG) sont des caractères liés au rendement. L'analyse de la variance a mis en évidence une différence très hautement significative ( $p < 0,001$ ) pour ces trois caractères (tableau 8). Les CV des caractères NGPL et le PMG (46,44 % et 29,92 % respectivement) sont élevés indiquant une forte hétérogénéité de l'essai. Pour le NGNG, le coefficient de variation était faible ne dépassant pas les 4,5 %. Les accessions L1116 (Equateur) et VF A2 (Algérie) ont enregistré le NGPL et NGNG les plus élevés (34,875 gousses et 5,1 graines respectivement) (tableau 8, figures 21 et 22). Les accessions algériennes VF A4, VF A10 et VF A8 ont formé le groupe d'accessions avec le NGPL le plus bas (6,44, 6,27 et 6,2). Le NGNG le plus bas a été enregistré par l'accession chinoise L919 avec une moyenne de 2 graines par gousse. Concernant le PMG, l'accession VF29 (Iraq) a enregistré le poids de cent graines le plus élevé avec 268,5 g et l'accession VF 176 (Canada) le poids le plus faible (58,5 g) (tableau 8, figure 23).



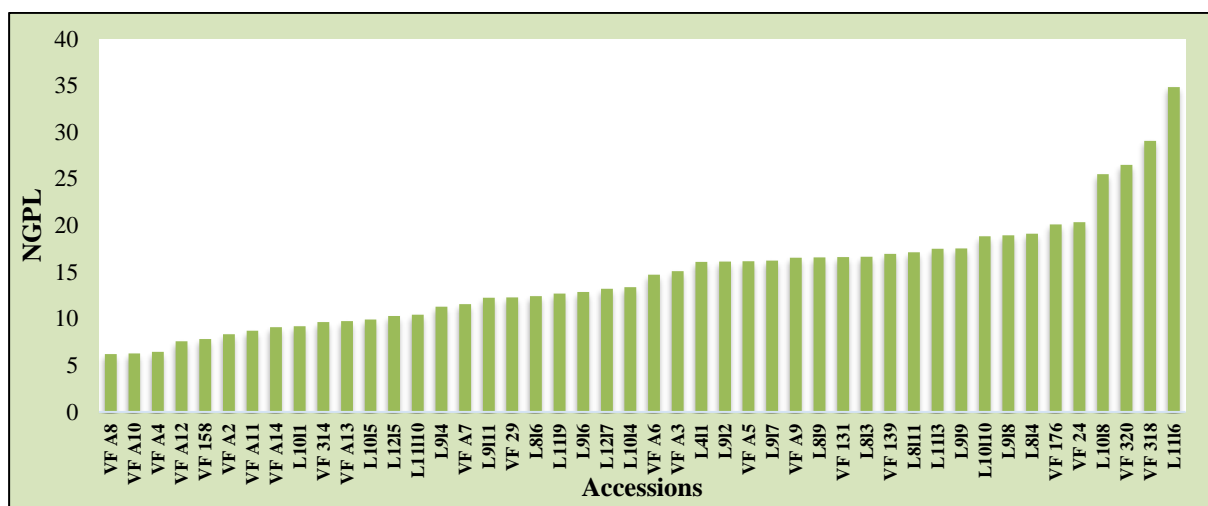
**Figure 18.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de plants par mètre carré de 46 accessions *Vicia faba* L.



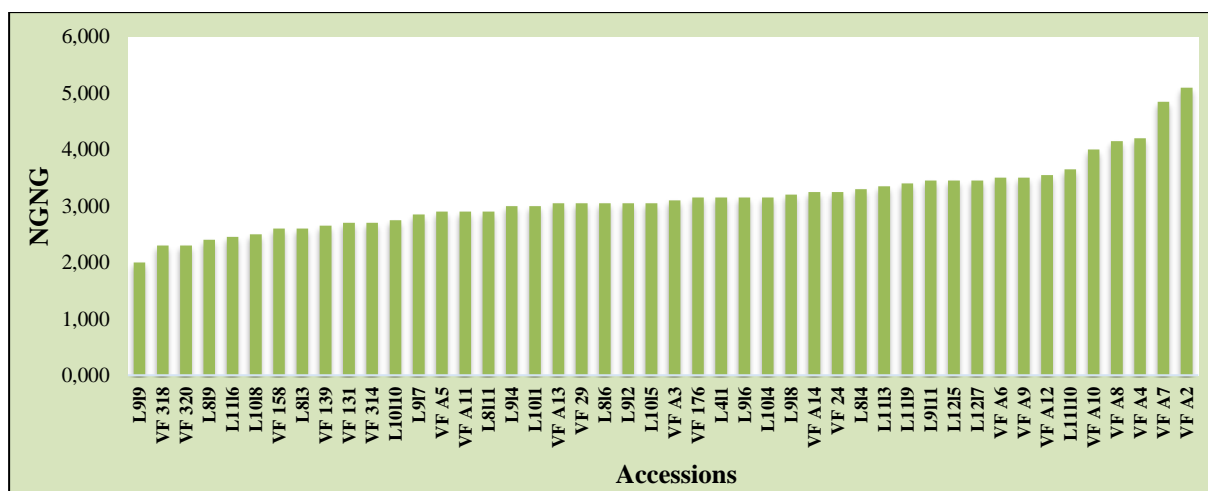
**Figure 19.** Histogramme représentant la moyenne de la biomasse aérienne (q/ha) de 46 accessions de *Vicia faba* L.



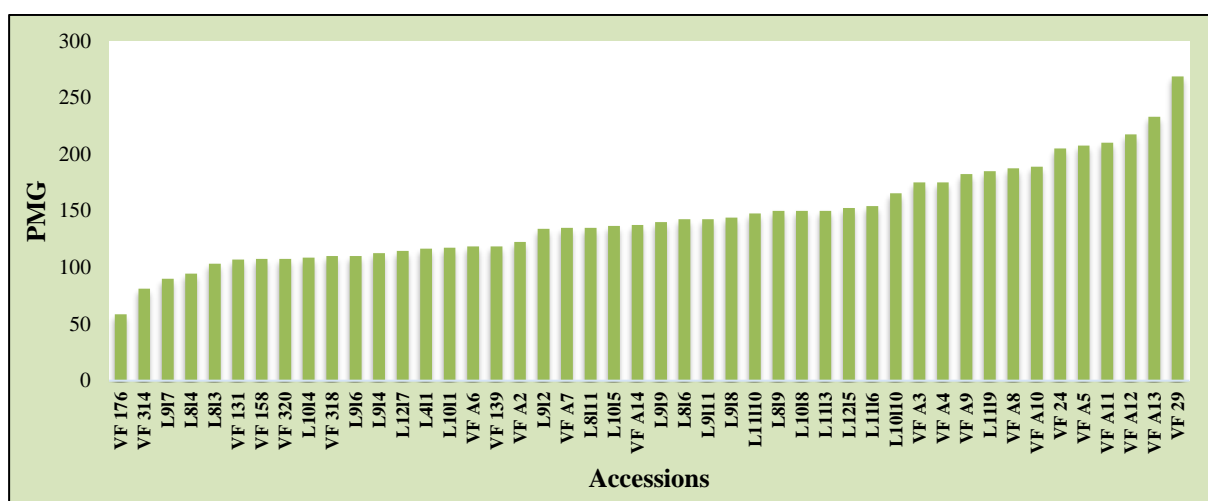
**Figure 20.** Histogramme représentant la moyenne du rendement en graine (q/ha) de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 21.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de gousses par plant de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 22.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de graines par gousses de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 23.** Histogramme représentant la moyenne du poids de cent graines (g) de 46 accessions *Vicia faba* L.

**Tableau 8.** Statistique descriptive de NPM2, BA, RDT, NGPL, NGNG et PMG mesurés chez 46 accessions de *Vicia faba* L.

Accessions	NPM2		BA			RDT			NGPL			NGNG			PMG		
	M	ET	M	ET	GH	M	ET	GH	M	ET	GH	M	ET	GH	M	ET	GH
VF A2	18,00	0,00	3,87	1,03	AB	1,83	0,18	AB	8,33	0,71	ABC	5,10	0,57	L	122,50	3,54	BCDEFG
VF A3	15,00	4,24	3,17	0,67	AB	1,28	0,11	AB	15,10	0,14	ABCD	3,10	0,00	BCDEFGH	175,00	7,07	HIJKL
VF A4	18,00	4,23	8,47	1,45	AB	3,65	0,14	B	6,44	0,16	A	4,20	0,00	JKL	175,00	63,64	HIJKL
VF A5	27,00	0,00	6,70	1,20	AB	2,55	0,21	AB	16,18	0,46	ABCD	2,90	0,14	ABCDEFG	207,50	3,54	KLM
VF A6	22,50	2,12	7,37	0,04	AB	3,35	0,50	AB	14,73	0,74	ABCD	3,50	0,14	FGHIJ	118,50	4,95	BCDEFG
VF A7	21,00	4,24	8,30	1,20	AB	3,48	0,96	AB	11,56	0,79	ABCD	4,85	0,21	KL	135,00	14,14	CDEFGH
VF A8	21,00	4,24	6,82	1,73	AB	3,48	1,17	AB	6,20	0,28	A	4,15	0,21	IJKL	187,50	3,54	JKLM
VF A9	21,00	4,24	5,45	1,13	AB	3,58	0,39	B	16,55	8,92	ABCDE	3,50	0,14	FGHIJ	182,50	3,54	HIJKL
VF A10	16,50	6,36	6,52	1,73	AB	3,13	1,03	AB	6,27	0,15	A	4,00	0,14	HIJK	189,00	1,41	JKLM
VF A11	21,00	4,24	4,87	0,53	AB	2,68	0,46	AB	8,71	2,42	ABC	2,90	0,57	ABCDEFG	210,00	7,07	KLM
VF A12	19,50	2,12	6,80	1,70	AB	3,35	1,49	AB	7,57	3,64	AB	3,55	0,21	FGHIJ	217,50	3,54	LM
VF A13	19,50	2,12	5,65	0,71	AB	2,88	0,53	AB	9,75	2,48	ABC	3,05	0,07	BCDEFGH	233,00	4,24	MN
VF A14	24,00	4,24	5,98	1,66	AB	2,90	1,06	AB	9,10	0,42	ABC	3,25	0,21	BCDEFGHIJ	137,50	3,54	CDEFGHI
VF 24	15,00	0,00	5,23	0,04	AB	2,63	0,18	AB	20,36	5,76	ABCDE	3,25	0,07	BCDEFGHIJ	205,00	14,14	KLM
VF 29	15,00	8,48	6,15	0,71	AB	2,83	0,39	AB	12,29	3,48	ABCD	3,05	0,07	BCDEFGH	268,50	4,95	N
VF 131	18,00	4,24	4,98	0,74	AB	1,45	0,50	AB	16,62	3,94	ABCDE	2,70	0,14	ABCDEFG	106,99	2,81	ABCDEF
VF 139	19,50	10,60	4,70	1,27	AB	1,50	0,57	AB	16,96	2,07	ABCDE	2,65	0,07	ABCDEF	118,50	4,95	BCDEFG
VF 158	16,50	2,12	3,68	0,04	AB	1,83	0,46	AB	7,83	0,56	AB	2,60	0,14	ABCDEF	107,50	10,61	ABCDEF
VF 176	22,50	2,12	8,35	0,35	AB	3,48	0,53	AB	20,10	1,27	ABCDE	3,15	0,07	BCDEFGH	58,50	2,12	A
VF 314	24,00	4,24	5,75	1,20	AB	0,83	0,18	A	9,66	3,55	ABC	2,70	0,00	ABCDEFG	81,14	1,61	AB
VF 318	13,50	2,12	4,33	0,39	AB	1,83	0,04	AB	29,08	17,56	DE	2,30	0,14	AB	110,00	0,00	BCDEF
VF 320	19,50	2,12	5,63	0,32	AB	2,23	0,46	AB	26,50	0,71	CDE	2,30	0,00	AB	107,50	3,54	ABCDEF
L411	24,00	4,24	7,43	1,95	AB	2,93	0,04	AB	16,09	8,93	ABCD	3,15	0,35	BCDEFGH	116,50	2,12	BCDEFG
L813	18,00	4,24	8,85	0,35	B	3,90	0,64	B	16,63	1,37	ABCDE	2,60	0,14	ABCDEF	103,19	9,63	ABCDE

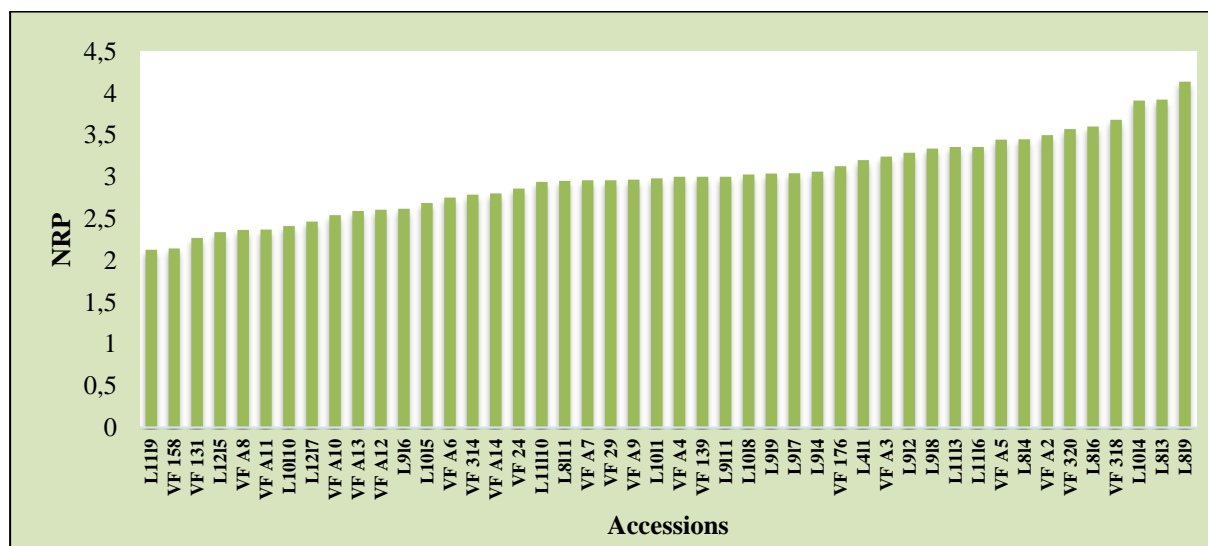
**Tableau 8 (suite).** Statistique descriptive de NPM2, BA, RDT, NGPL, NGNG et PMG mesurés chez 46 accessions de *Vicia faba* L.

Accessions	NPM2		BA			RDT			NGPL			NGNG			PMG		
	M	ET	M	ET	GH	M	ET	GH	M	ET	GH	M	ET	GH	M	ET	GH
L814	19,50	6,36	6,73	1,38	AB	2,15	0,92	AB	19,12	4,64	ABCDE	3,30	0,28	CDEFGHIJ	94,56	0,62	ABCD
L816	21,00	8,49	7,68	4,35	AB	3,15	1,56	AB	12,43	1,74	ABCD	3,05	0,21	BCDEFGH	142,50	3,54	DEFGHIJ
L819	16,50	2,12	6,98	0,88	AB	3,80	0,50	B	16,56	4,86	ABCDE	2,40	0,14	ABC	150,00	14,14	EFGHIJ
L8111	12,00	4,24	4,28	1,38	AB	1,48	0,18	AB	17,13	1,24	ABCDE	2,90	0,00	ABCDEF	135,00	14,14	CDEFGH
L912	21,00	8,49	4,75	1,27	AB	2,08	0,53	AB	16,14	5,66	ABCD	3,05	0,07	BCDEFGH	134,00	1,41	CDEFGH
L914	19,50	6,36	5,08	1,10	AB	2,28	0,11	AB	11,27	0,56	ABCD	3,00	0,00	BCDEF	112,50	3,54	BCDEF
L916	21,00	0,00	6,73	1,03	AB	3,23	0,67	AB	12,88	2,05	ABCD	3,15	0,07	BCDEFGH	110,00	7,07	BCDEF
L917	25,50	2,12	6,30	0,14	AB	1,97	0,02	AB	16,23	4,80	ABCD	2,85	0,35	ABCDEF	90,00	7,07	ABC
L918	18,00	4,24	5,13	0,53	AB	2,50	0,57	AB	18,95	9,62	ABCDE	3,20	0,00	A	144,00	5,66	DEFGHIJ
L919	16,50	2,12	5,85	1,20	AB	3,35	0,14	AB	17,54	3,77	ABCDE	2,00	0,00	BCDEFGHI	140,00	7,07	DEFGHIJ
L9111	18,00	4,24	7,45	1,98	AB	3,20	1,27	AB	12,25	0,35	ABCD	3,45	0,50	EFGHIJ	142,50	3,54	DEFGHIJ
L1011	6,00	0,00	2,76	0,15	A	1,33	0,18	AB	9,20	0,08	ABC	3,00	0,14	BCDEF	117,50	3,54	BCDEF
L1014	22,50	2,12	5,43	0,39	AB	2,20	0,14	AB	13,38	3,36	ABCDE	3,15	0,50	BCDEFGH	108,50	4,95	BCDEF
L1015	16,50	6,36	6,33	1,52	AB	3,08	0,88	AB	9,91	3,24	ABCD	3,05	0,07	BCDEFGH	136,50	2,12	CDEFGHI
L1018	19,50	6,36	4,88	0,67	AB	2,80	0,14	AB	25,51	2,71	ABC	2,50	0,28	ABCDE	150,00	7,07	EFGHIJ
L10110	19,50	2,12	8,18	0,67	AB	3,78	0,46	B	18,86	1,21	BCDE	2,75	0,21	ABCDEF	165,50	0,71	GHIJK
L1113	19,50	6,36	6,70	2,69	AB	2,13	0,32	AB	17,50	4,95	ABC	3,35	0,21	CDEFGHIJ	150,00	7,07	EFGHIJ
L1116	16,50	6,36	6,93	2,37	AB	1,68	0,04	AB	34,86	8,69	ABCDE	2,45	0,21	ABCD	154,00	5,66	FGHIJ
L1119	27,00	4,24	7,88	2,51	AB	2,53	0,11	AB	12,69	2,56	D	3,40	0,42	DEFGHIJ	185,00	21,21	IJKLM
L11110	22,50	2,12	6,00	1,06	AB	2,80	1,06	AB	10,44	1,33	ABCD	3,65	0,07	GHIJ	147,50	3,54	EFGHIJ
L1215	22,50	2,12	6,70	0,42	AB	3,30	0,42	AB	10,30	0,63	ABC	3,45	0,21	EFGHIJ	152,50	3,54	EFGHIJ
L1217	19,50	2,12	5,93	0,18	AB	3,40	0,28	AB	13,23	2,74	ABCD	3,45	0,21	EFGHIJ	114,50	2,12	BCDEF
Moyenne	19,33		6,07			2,64			14,67			3,15			144,57		
Ecart-type	5,01		1,72			0,90			6,81			0,62			43,26		
CV %	25,96		28,33			34,21			46,44			4,45			29,92		
Signification	NS		**			***			***			***			***		

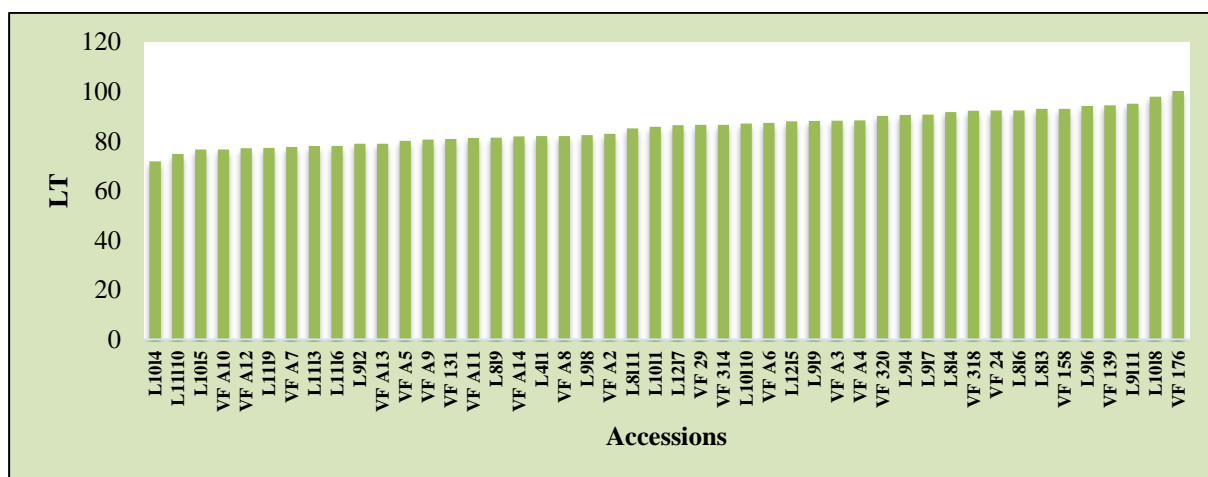
M. Moyenne ; ET. Ecart type ; GH. Groupe homogène ; CV. Coefficient de variation. Les seuils de signification: \* = p < 0,05 ; \*\* = 0,001 < p < 0,01 ; \*\*\* = p < 0,001

• *Caractères liés au stade végétatif*

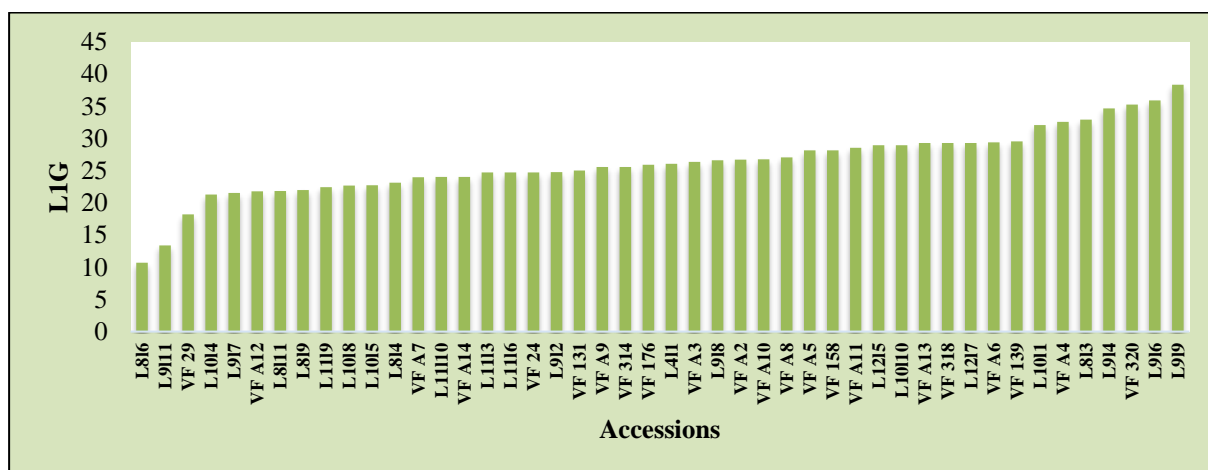
Les 46 accessions de *Vicia faba* L. ont présenté une différence hautement significative ( $0,001 < p < 0,01$ ) pour le nombre de ramifications primaires (NRP) et très hautement significative ( $p < 0,001$ ) pour la longueur de la tige principale (LT), la longueur à la première gousse sur la tige principale (L1G) et le nombre d'entre-nœud à la première gousse sur la tige principale (NEN1G) (tableau 9). Pour la hauteur de la tige, le coefficient de variation est de l'ordre de 8,85 %. La moyenne de la hauteur de la tige enregistrée par les 46 accessions est de 85,44 cm. La moyenne de la hauteur de la tige la plus élevée est de 100,33 cm, enregistré par l'accession VF 176 de Canada et la plus faible a été de 71,90 cm obtenu par l'accession L1014 d'Espagne (tableau 9, figure 25). Concernant le NRP, la L1G et le NEN1G, le coefficient de variation est de l'ordre 19,02 %, 21,73 % et 19,11 % respectivement (tableau 9). La moyenne de NRP la plus élevée est donnée par l'accession marocaine L819 (4,138) et la plus basse par l'accession américaine L1119 (2,13) (tableau 9, figure 24). Pour la L1G, L919 (Chine) est l'accession la plus longue (38,35 cm) à la première gousse et l'accession L816 (Angleterre) la plus courte (10,71) (tableau 9, figure 26). En dernier, l'accession L916 (Grecque) a donné la moyenne la plus élevé en NEN1G (6,92) et l'accession L816 a donné la moyenne le plus basse (2,8) (tableau 9, figure 27).



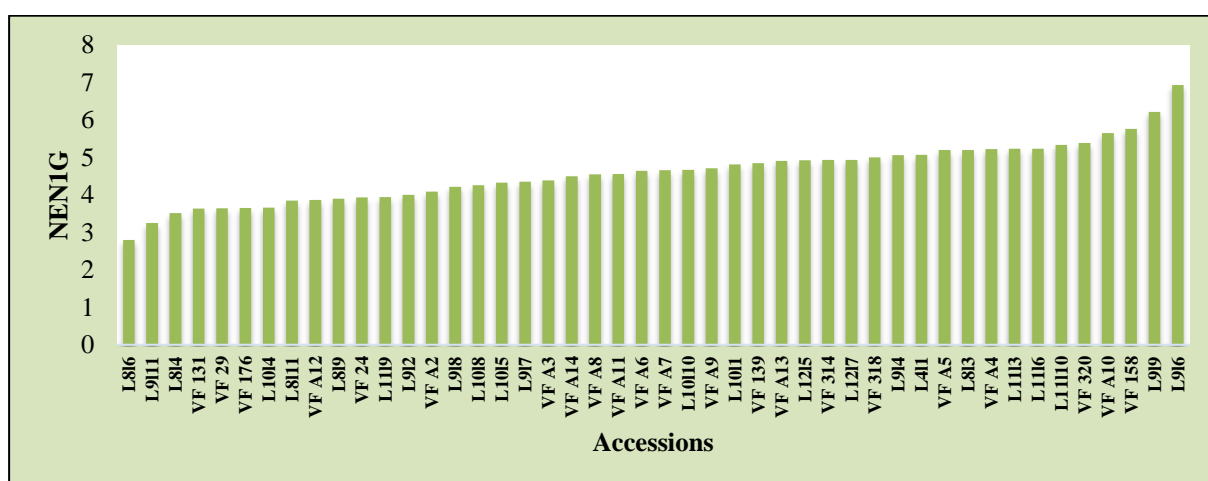
**Figure 24.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de ramifications primaires de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 25.** Histogramme représentant la moyenne de la hauteur de la tige principale (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 26.** Histogramme représentant la moyenne de la longueur à la première gousse (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 27.** Histogramme représentant la moyenne du nombre d'entre-nœuds à la première gousse sur la tige principale de 46 accessions de *Vicia faba* L.

**Tableau 9.** Statistique descriptive de NRP, LT, L1G et NEN1G mesurés chez 46 accessions de *Vicia faba* L.

Acc.	NRP			LT			L1G			NEN1G		
	Moy	ET	GH	Moy	ET	GH	Moy	ET	GH	Moy	ET	GH
VF A2	3,50	0,47	AB	83,03	2,17	ABCD	26,72	3,56	BCDEFG	4,08	0,59	ABCD
VF A3	3,24	0,06	AB	88,27	0,01	ABCD	26,36	1,19	BCDEFG	4,39	0,26	ABCD
VF A4	3,00	0,00	AB	88,49	7,27	ABCD	32,57	1,34	DEFG	5,22	0,31	BCDE
VF A5	3,45	0,43	AB	80,18	0,39	ABCD	28,15	4,34	CDEFG	5,20	0,08	BCDE
VF A6	2,75	0,35	AB	87,35	3,98	ABCD	29,41	0,97	CDEFG	4,65	0,68	ABCDE
VF A7	2,96	0,41	AB	77,65	1,08	ABC	23,95	3,34	ABCDEF	4,66	0,30	ABCDE
VF A8	2,36	0,34	AB	82,09	1,36	ABCD	27,04	0,32	BCDEFG	4,55	0,07	ABCD
VF A9	2,96	0,66	AB	80,64	3,70	ABCD	25,54	0,54	BCDEFG	4,71	0,40	ABCDE
VF A10	2,54	0,41	AB	76,69	1,49	AB	26,74	2,97	BCDEFG	5,65	0,03	CDE
VF A11	2,37	0,29	AB	81,37	5,30	ABCD	28,53	4,86	CDEFG	4,56	0,39	ABCD
VF A12	2,61	0,15	AB	77,25	0,05	ABC	21,76	1,82	ABCDE	3,87	0,01	ABCD
VF A13	2,59	0,05	AB	79,00	0,36	ABC	29,28	1,29	CDEFG	4,91	0,66	ABCDE
VF A14	2,80	0,00	AB	81,93	0,18	ABCD	24,03	1,15	ABCDEF	4,50	0,14	ABCD
VF 24	2,86	0,20	AB	92,45	5,99	ABCD	24,72	0,03	BCDEFG	3,93	0,10	ABCD
VF 29	2,96	0,30	AB	86,65	0,14	ABCD	18,20	1,04	ABC	3,65	0,68	ABC
VF 131	2,27	0,09	A	80,89	1,40	ABCD	25,01	0,95	BCDEFG	3,63	0,05	ABC
VF 139	3,00	0,00	AB	94,46	6,66	BCD	29,56	1,88	CDEFG	4,85	1,02	ABCDE
VF 158	2,14	0,20	A	93,13	4,49	BCD	28,15	0,70	CDEFG	5,76	0,14	CDE
VF 176	3,13	0,18	AB	100,34	2,88	D	25,93	0,64	BCDEFG	3,65	0,21	ABC
VF 314	2,79	0,30	AB	86,68	14,40	ABCD	25,55	1,67	BCDEFG	4,93	0,10	ABCDE
VF 318	3,68	0,81	AB	92,34	2,10	ABCD	29,29	7,94	CDEFG	5,00	1,41	ABCDE
VF 320	3,57	0,61	AB	90,23	1,11	ABCD	35,28	0,17	EFG	5,39	0,26	BCDE
L411	3,20	0,28	AB	82,06	0,71	ABCD	26,04	0,32	BCDEFG	5,07	0,38	ABCDE
L813	3,92	0,68	AB	93,08	1,93	BCD	32,94	2,15	DEFG	5,20	0,28	BCDE
L814	3,45	0,07	AB	91,85	5,33	ABCD	23,14	0,65	ABCDEF	3,52	0,45	ABC
L816	3,60	0,57	AB	92,47	4,23	ABCD	10,71	0,01	A	2,80	0,28	A
L819	4,14	0,37	B	81,42	3,12	ABCD	22,00	3,09	ABCDE	3,90	0,14	ABCD
L8111	2,95	0,64	AB	85,19	8,08	ABCD	21,82	6,28	ABCDE	3,85	0,50	ABC
L912	3,29	0,20	AB	78,94	0,75	ABC	24,79	4,57	BCDEFG	4,00	0,61	ABCD
L914	3,06	0,09	AB	90,57	2,98	ABCD	34,64	2,48	DEFG	5,06	0,09	ABCDE
L916	2,62	0,07	AB	94,29	6,95	BCD	35,89	6,87	FG	6,93	1,52	E
L917	3,04	0,30	AB	90,74	2,46	ABCD	21,53	3,77	ABCD	4,35	0,03	ABCD
L918	3,34	0,13	AB	82,52	5,81	ABCD	26,58	2,03	BCDEFG	4,21	0,30	ABCD
L919	3,04	0,23	AB	88,19	1,28	ABCD	38,35	7,37	G	6,21	0,58	DE
L9111	3,00	0,71	AB	95,10	4,38	BCD	13,40	0,57	AB	3,25	0,35	AB
L1011	2,98	0,38	AB	85,89	5,06	ABCD	32,05	0,99	DEFG	4,81	0,27	ABCDE
L1014	3,91	0,48	AB	71,90	0,92	A	21,30	1,06	ABC	3,66	1,29	ABC
L1015	2,69	0,44	AB	76,61	8,33	AB	22,74	2,63	ABCDEF	4,33	0,11	ABCD
L1018	3,03	0,24	AB	97,96	0,73	CD	22,66	2,15	ABCDEF	4,26	0,65	ABCD
L10110	2,41	0,23	AB	87,13	7,01	ABCD	28,93	0,14	CDEFG	4,67	0,06	ABCDE
L1113	3,36	0,91	AB	78,13	7,10	ABC	24,70	0,49	BCDEFG	5,23	0,73	BCDE
L1116	3,36	0,91	AB	78,13	7,10	ABC	24,70	0,49	BCDEFG	5,23	0,73	BCDE
L1119	2,13	0,18	A	77,36	4,84	ABC	22,43	8,07	ABCDEF	3,94	0,97	ABCD
L11110	2,94	1,33	AB	74,88	0,24	AB	24,00	1,29	ABCDEF	5,33	0,47	BCDE
L1215	2,34	0,13	AB	88,04	5,90	ABCD	28,92	3,28	CDEFG	4,92	0,29	ABCDE
L1217	2,46	0,05	AB	86,44	11,07	ABCD	29,31	4,58	CDEFG	4,93	0,10	ABCDE
Moyenne		2,99			85,43			26,20			4,59	
Ecart-type		0,57			7,55			5,69			0,87	
CV %		19,02			8,85			21,73			19,11	
Signification		**			***			***			***	

M. Moyenne ; ET. Ecart type ; GH. Groupe homogène ; CV. Coefficient de variation. Les seuils de signification : \* =  $p < 0,05$  ; \*\* =  $0,001 < p < 0,01$  ; \*\*\* =  $p < 0,001$ .

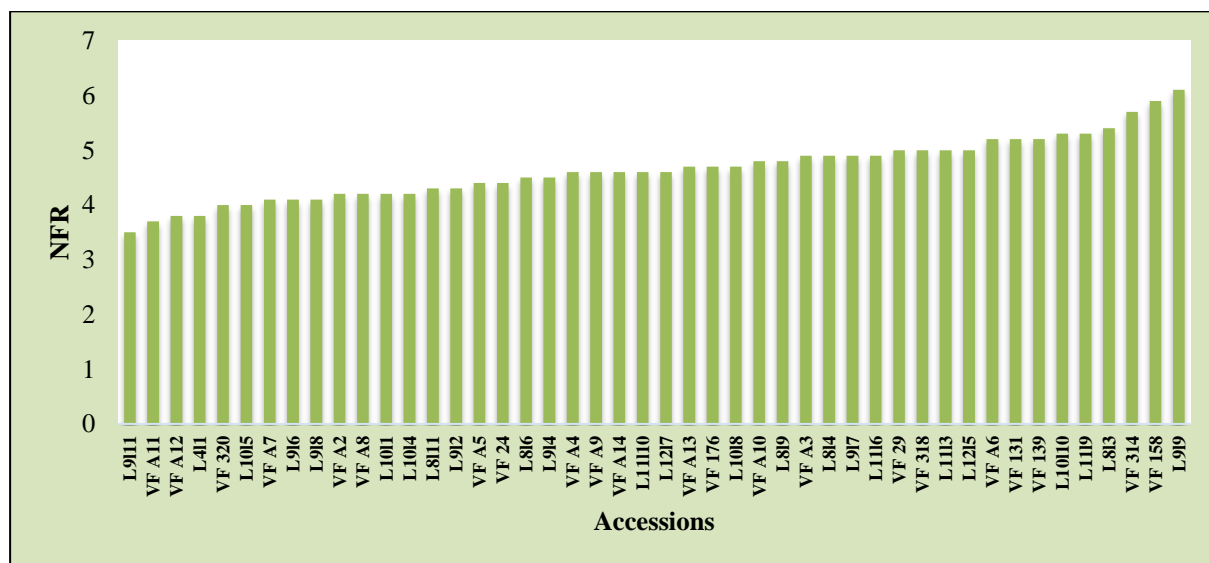
• **Caractères liés au stade reproductif**

Au stade floraison, cinq descripteurs ont été mesurés pour les 46 accessions de *Vicia faba* L. Il s'agit du nombre de fleurs par racème (NFR), de la largeur (LACR) et la longueur (LGCR) de la carène et de la largeur (LAET) et la longueur de l'étendard (LGET).

L'analyse de la variance n'a pas montré d'effet accessions significatif (NS) pour le NFR et la LGCR ; Les coefficients de variation sont respectivement de 16,06 % et 8,68 % (tableau 10). Le nombre moyen de fleurs par racème le plus élevé a été dénombré chez l'accession L919 (Chine) avec 6,1 fleurs par racème et le nombre moyen le plus faible a été enregistré par l'accession L9111 (Pakistan) avec 3,5 fleurs par racème (tableau 10, figure 28). Concernant la LGCR, la longueur la plus élevée a été enregistrée par l'accession algérienne VF A7 avec 1,95 cm et la largeur la plus faible a été donnée par le groupe d'accessions VF 314 (Kenya), L912 (Maroc) et VF A6 (Algérie) avec une largeur de l'étendard allant de 1,38 à 1,40 cm (tableau 10, figure 30).

L'analyse de la variance a mis en évidence une différence très hautement significative ( $p < 0,001$ ) pour la LACR et hautement significative ( $0,001 < p < 0,01$ ) pour la LAET et LGET entre les 46 accessions de *Vicia faba* L. avec des coefficients de variation de l'ordre de 7,27 %, 7,36 % et 8,13 % pour la LACR, la LAET et la LGET respectivement (tableau 10). Les fleurs avec les carènes les plus larges ont été observées chez l'accession algérienne VF A10 avec 1,617 cm de largeur et les plus étroites chez le groupe formé par les accessions VF 131 (Soudan), L912 (Maroc), VF A6 (Algérie), L8111 (Maroc) et VF 158 (Canada) avec une largeur de carène allant de 1,21 à 1,26 cm (tableau 10, figure 29). Pour la LAET, le groupe formant la largeur la plus grande est constitué par l'accession grecque L814 (2,133 cm) et celui formant les accessions avec la largeur la plus étroite est constitué des accessions VF 314 (Kenya), VF A6 (Algérie), L816 (U.K.) et VF 158 (Canada) avec une largeur d'étendard allant de 1,58 à 1,68 cm (tableau 10, figure 31). La LGET la plus élevée a été observée chez l'accession algérienne VF A4 (2,35 cm) et la plus basse chez l'accession Kenyane VF 314 (1,76 cm) (tableau 10, figure 32 ; figure 1, annexe 2).

Après la récolte, quatre descripteurs liés à la morphologie des gousses et des graines ont été mesurés. Il s'agit de la longueur et la largeur de la gousse (LOGS, LAGS) et de la largeur et de la longueur de la graine (LOGN, LAGN). L'analyse de la variance a révélé une différence très hautement significative ( $p < 0,001$ ) pour les quatre caractères (tableau 11). Pour la LOGN, le coefficient de variation a été faible ne dépassant pas les 0,24 %. Les coefficients de variation pour les caractères LAGS, LOGN et LAGN sont de 12,97 %, 15,64 % et 14,24 % respectivement (tableau 11). Les gousses les plus longues ont été observées chez le groupe formé des accessions algériennes VF A4 (17,17 cm), VF A2 (16,94 cm), VF A7 (16,55 cm) et VF A10 (15,88 cm) et les gousses les plus courtes ont été notées chez l'accession VF 320 (7,5 cm) de l'Equateur (tableau 11, figure 33). L'accession algérienne VF A3 a enregistré la LAGS, la LOGN et la LAGN les plus élevées avec 2,41, 2,90 et 1,94 cm, respectivement. La LAGS la plus petite a été observée chez l'accession L914 (Palacio de la Paz) avec 1,46 cm de largeur (tableau 11, figure 34). Pour la LOGN et LAGN, la valeur la plus petite a été enregistrée par l'accession allemande VF 139 (1,46 cm) et l'accession espagnole L1011 (1,07 cm) respectivement (tableau 11, figure 35 et 36).



**Figure 28.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de fleurs par racème de 46 accessions de *Vicia faba* L.

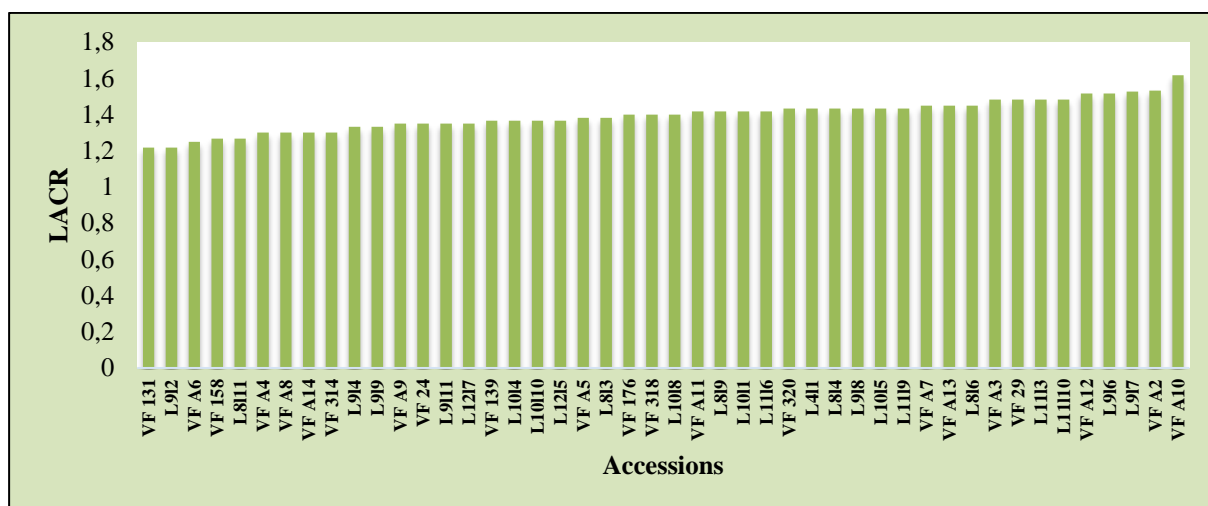


Figure 29. Histogramme représentant la moyenne de la largeur de la carène (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.

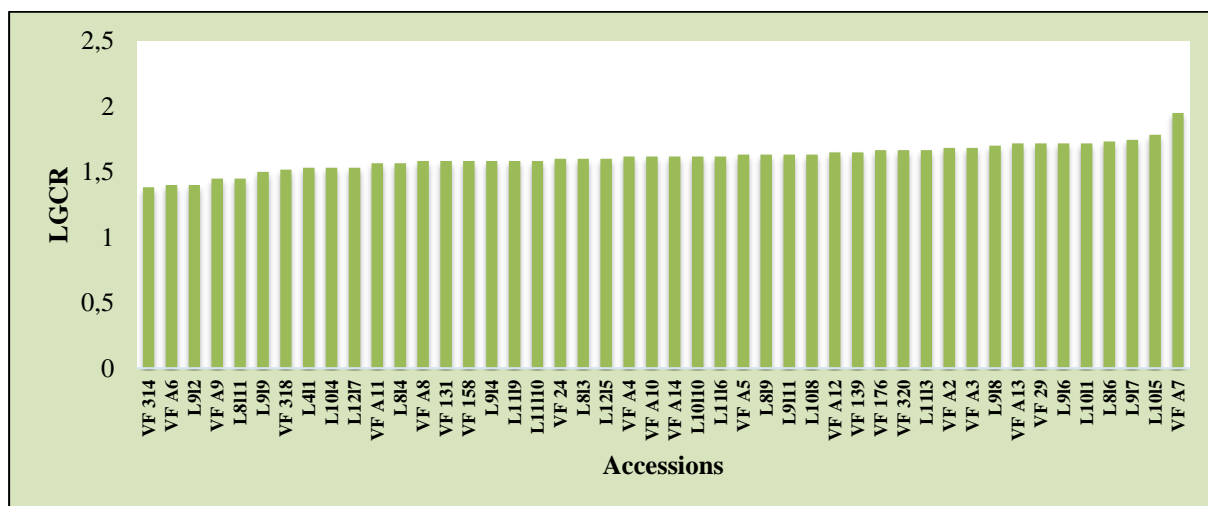


Figure 30. Histogramme représentant la moyenne de la longueur de la carène (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.

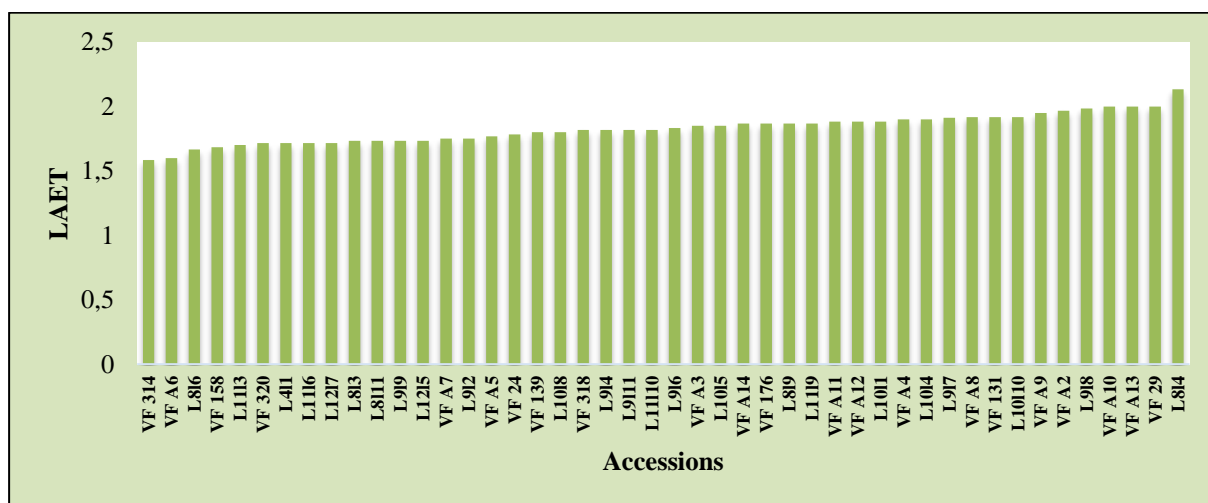


Figure 31. Histogramme représentant la largeur de l'étendard (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.

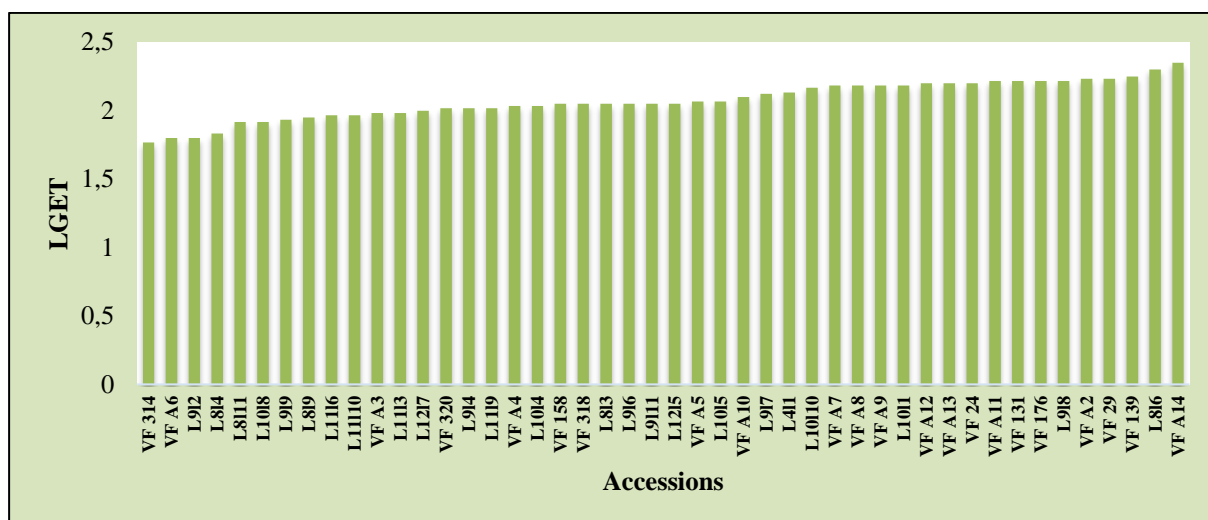


Figure 32. Histogramme représentant la longueur de l'étendard (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.

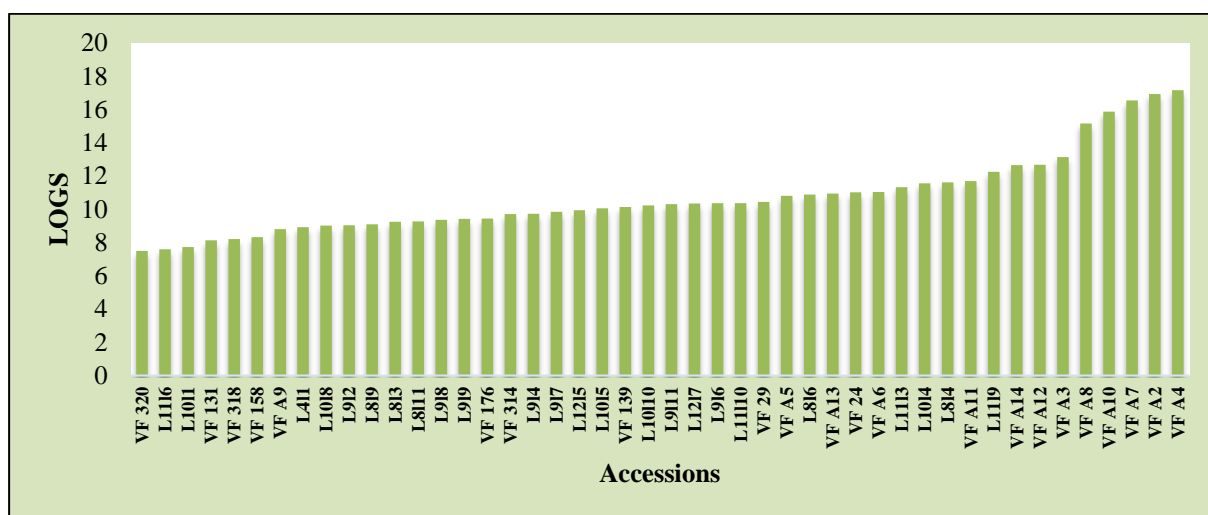


Figure 33. Histogramme représentant la longueur de la gousse (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.

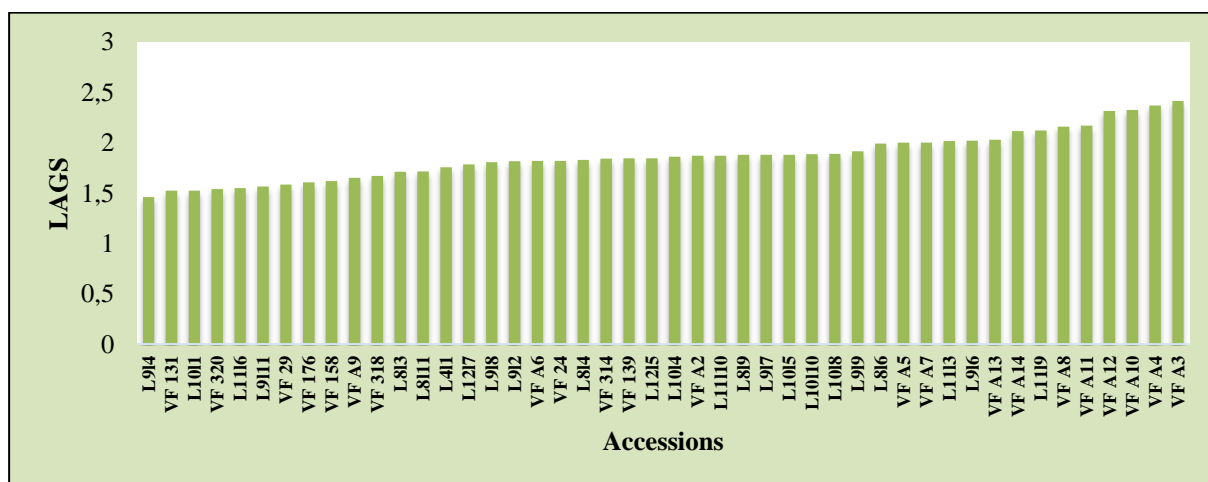
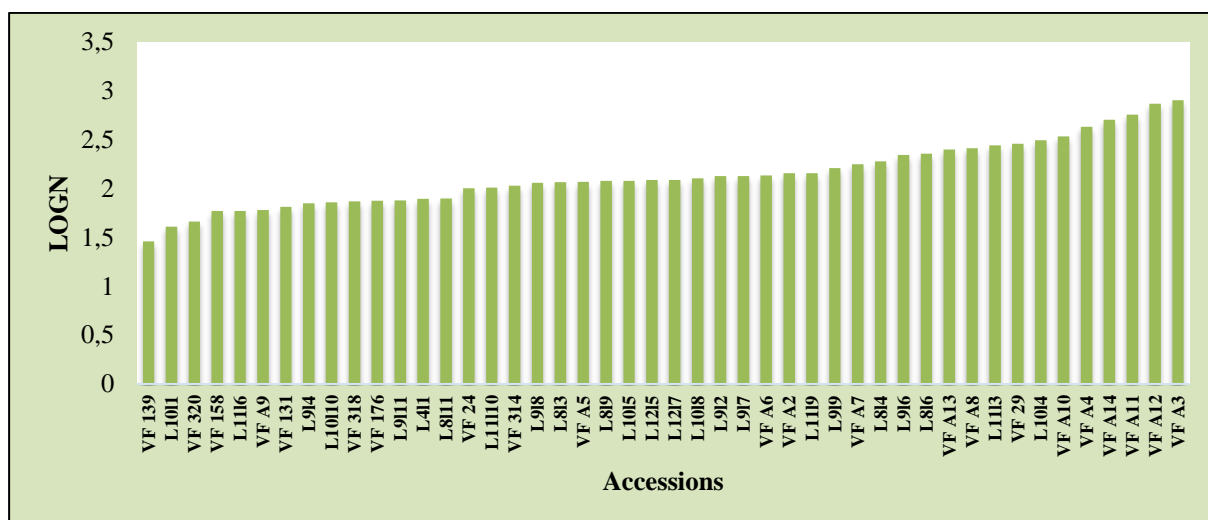
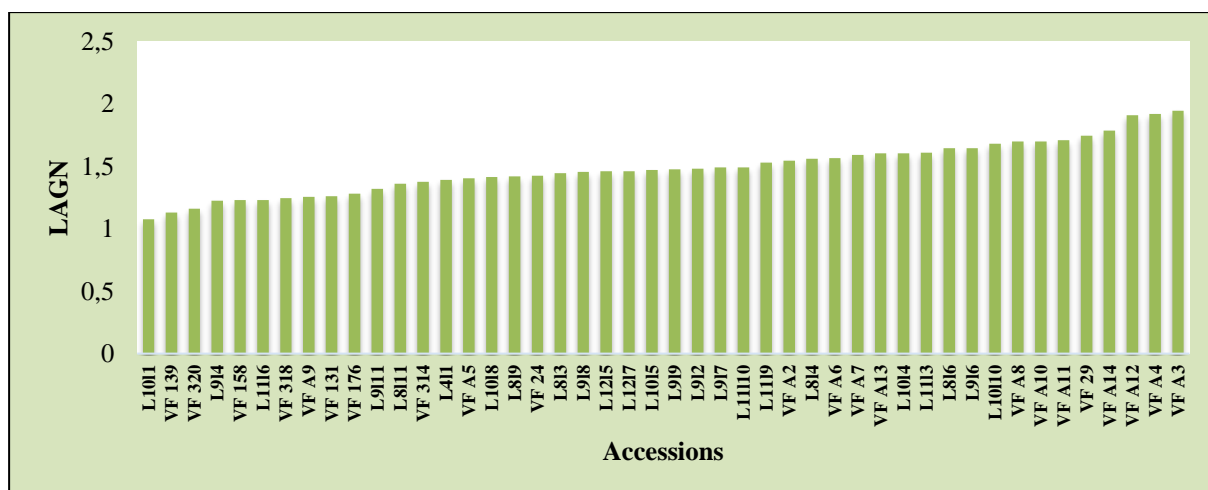


Figure 34. Histogramme représentant la largeur de la gousse (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 35.** Histogramme représentant la longueur de la graine (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 36.** Histogramme représentant la largeur de la graine (cm) de 46 accessions de *Vicia faba* L.

**Tableau 10.** Statistique descriptive de NFR, LACR, LGCR, LAET et LGET mesurés chez 46 accessions de *Vicia faba* L.

Accessions	NFR		LACR			LGCR		LAET			LGET		
	MOY	ET	MOY	ET	GH	MOY	ET	MOY	ET	GH	MOY	ET	GH
VF A2	4,20	0,57	1,53	0,19	AB	1,68	0,12	1,97	0,05	AB	2,23	0,28	AB
VF A3	4,90	0,14	1,48	0,02	AB	1,68	0,02	1,85	0,02	AB	1,98	0,21	AB
VF A4	4,60	0,57	1,30	0,05	AB	1,62	0,02	1,90	0,28	AB	2,03	0,09	AB
VF A5	4,40	0,85	1,38	0,07	AB	1,63	0,28	1,77	0,05	AB	2,07	0,05	AB
VF A6	5,20	0,85	1,25	0,17	A	1,40	0,05	1,60	0,09	A	1,80	0,09	AB
VF A7	4,10	0,14	1,45	0,02	AB	1,95	0,17	1,75	0,17	AB	2,18	0,17	AB
VF A8	4,20	0,28	1,30	0,05	AB	1,58	0,40	1,92	0,07	AB	2,18	0,17	AB
VF A9	4,60	0,00	1,35	0,07	AB	1,45	0,02	1,95	0,02	AB	2,18	0,26	AB
VF A10	4,80	0,57	1,62	0,07	B	1,62	0,12	2,00	0,05	AB	2,10	0,19	AB
VF A11	3,70	0,71	1,42	0,02	AB	1,57	0,19	1,88	0,02	AB	2,22	0,31	AB
VF A12	3,80	0,28	1,52	0,07	AB	1,65	0,07	1,88	0,02	AB	2,20	0,09	AB
VF A13	4,70	0,14	1,45	0,07	AB	1,72	0,21	2,00	0,00	AB	2,20	0,24	AB
VF A14	4,60	0,28	1,30	0,00	AB	1,62	0,12	1,87	0,09	AB	2,35	0,17	B
VF 24	4,40	0,00	1,35	0,07	AB	1,60	0,19	1,78	0,07	AB	2,20	0,38	AB
VF 29	5,00	0,28	1,48	0,02	AB	1,72	0,17	2,00	0,00	AB	2,23	0,09	AB
VF 131	5,20	1,70	1,22	0,02	A	1,58	0,12	1,92	0,07	AB	2,22	0,12	AB
VF 139	5,20	0,28	1,37	0,14	AB	1,65	0,02	1,80	0,05	AB	2,25	0,12	AB
VF 158	5,90	0,42	1,27	0,00	A	1,58	0,07	1,68	0,02	A	2,05	0,07	AB
VF 176	4,70	0,14	1,40	0,19	AB	1,67	0,09	1,87	0,00	AB	2,22	0,07	AB
VF 314	5,70	1,27	1,30	0,05	AB	1,38	0,02	1,58	0,02	A	1,77	0,05	A
VF 318	5,00	1,70	1,40	0,09	AB	1,52	0,12	1,82	0,12	AB	2,05	0,02	AB
VF 320	4,00	0,28	1,43	0,00	AB	1,67	0,28	1,72	0,07	AB	2,02	0,02	AB
L411	3,80	0,28	1,43	0,05	AB	1,53	0,09	1,72	0,07	AB	2,13	0,05	AB
L813	5,40	0,28	1,38	0,02	AB	1,60	0,00	1,73	0,00	AB	2,05	0,17	AB
L814	4,90	0,42	1,43	0,00	AB	1,57	0,05	2,13	0,09	B	1,83	0,00	AB
L816	4,50	0,42	1,45	0,07	AB	1,73	0,09	1,67	0,28	A	2,30	0,05	AB
L819	4,80	0,28	1,42	0,02	AB	1,63	0,09	1,87	0,24	AB	1,95	0,02	AB
L8111	4,30	0,42	1,27	0,09	A	1,45	0,07	1,73	0,09	AB	1,92	0,02	AB
L912	4,30	0,42	1,22	0,02	A	1,40	0,00	1,75	0,12	AB	1,80	0,00	AB
L914	4,50	0,42	1,33	0,00	AB	1,58	0,07	1,82	0,02	AB	2,02	0,02	AB
L916	4,10	0,71	1,52	0,07	AB	1,72	0,12	1,83	0,00	AB	2,05	0,02	AB
L917	4,90	0,71	1,53	0,10	AB	1,74	0,13	1,91	0,13	AB	2,12	0,11	AB
L918	4,10	0,71	1,43	0,00	AB	1,70	0,05	1,98	0,02	AB	2,22	0,02	AB
L919	6,10	0,42	1,33	0,09	AB	1,50	0,00	1,73	0,05	AB	1,93	0,09	AB
L9111	3,50	0,71	1,35	0,02	AB	1,63	0,14	1,82	0,26	AB	2,05	0,21	AB
L1011	4,20	0,57	1,42	0,12	AB	1,72	0,17	1,88	0,17	AB	2,18	0,12	AB
L1014	4,20	0,00	1,37	0,05	AB	1,53	0,09	1,90	0,09	AB	2,03	0,05	AB
L1015	4,00	0,85	1,43	0,14	AB	1,78	0,12	1,85	0,02	AB	2,07	0,00	AB
L1018	4,70	0,14	1,40	0,00	AB	1,63	0,05	1,80	0,14	AB	1,92	0,12	AB
L10110	5,30	2,40	1,37	0,05	AB	1,62	0,02	1,92	0,02	AB	2,17	0,05	AB
L1113	5,00	0,57	1,48	0,07	AB	1,67	0,14	1,70	0,05	AB	1,98	0,26	AB
L1116	4,90	0,14	1,42	0,02	AB	1,62	0,12	1,72	0,02	AB	1,97	0,05	AB
L1119	5,30	0,14	1,43	0,00	AB	1,58	0,07	1,87	0,05	AB	2,02	0,02	AB
L11110	4,60	0,00	1,48	0,02	AB	1,58	0,07	1,82	0,02	AB	1,97	0,05	AB
L1215	5,00	0,28	1,37	0,05	AB	1,60	0,14	1,73	0,00	AB	2,05	0,07	AB
L1217	4,60	0,28	1,35	0,02	AB	1,53	0,05	1,72	0,02	AB	2,00	0,05	AB
Moyenne	4,65		1,39			1,61		1,82			2,07		
Ecart-type	0,74		0,10			0,14		0,13			0,16		
CV %	16,06		7,27			8,68		7,36			8,13		
Signification	NS		***			NS		**			**		

M. Moyenne ; ET. Ecart type ; GH. Groupe homogène ; CV. Coefficient de variation. Les seuils de signification: \* =  $p < 0,05$  ; \*\* =  $0,001 < p < 0,01$  ; \*\*\* =  $p < 0,001$ .

**Tableau 11.** Statistique descriptive de LOGS, LAGS, LOGN et LAGN mesurées chez 46 accessions de *Vicia faba* L.

Accessions	LOG GS			LAG GS			LOG GN			LAG GN		
	MOY	ET	GH	MOY	ET	GH	MOY	ET	GH	MOY	ET	GH
VF A2	16,95	0,59	P	1,87	0,20	BCDEFGHIJK	2,16	0,14	DEFGHIJK	1,55	0,05	ABCDEFGHIJKLMN
VF A3	13,15	0,71	NO	2,42	0,11	N	2,91	0,01	P	1,95	0,01	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF A4	17,18	0,59	P	2,37	0,07	MN	2,64	0,11	LMNOP	1,92	0,16	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF A5	10,82	0,10	GHIJKLM	2,00	0,10	FGHIJKL	2,07	0,14	CDEFGHI	1,41	0,02	ABCDEFGHIJI
VF A6	11,05	0,17	HIJKLMN	1,82	0,13	ABCDEFHIJK	2,14	0,02	DEFGHIJK	1,57	0,06	ABCDEFGHIJKLMN
VF A7	16,56	0,29	P	2,00	0,01	FGHIJKLM	2,25	0,01	FGHIJKL	1,59	0,00	ABCDEFGHIJKLMN
VF A8	15,17	0,16	OP	2,16	0,06	JKLMN	2,42	0,01	HIJKLMN	1,70	0,13	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF A9	8,80	0,89	ABCDEFGF	1,65	0,07	ABCDEF	1,78	0,17	ABCD	1,26	0,09	ABCDE
VF A10	15,89	0,47	P	2,33	0,01	LMN	2,54	0,18	KLMNOP	1,70	0,01	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF A11	11,70	0,74	KLMN	2,17	0,07	KLMN	2,76	0,07	NOP	1,71	0,07	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF A12	12,68	0,50	MN	2,32	0,06	LMN	2,87	0,26	OP	1,91	0,07	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF A13	10,96	0,70	GHIJKLM	2,03	0,14	GHIJKLMN	2,40	0,06	HIJKLMN	1,61	0,02	ABCDEFGHIJKLMN
VF A14	12,66	0,96	MN	2,12	0,16	HIJKLMN	2,71	0,23	MNOP	1,79	0,18	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF 24	11,02	0,11	HIJKLMN	1,82	0,01	ABCDEFHIJK	2,01	0,01	BCDEFGH	1,43	0,08	ABCDEFGHIJK
VF 29	10,45	0,11	FGHIJKL	1,59	0,01	ABCDE	2,46	0,01	IJKLMNO	1,75	0,01	ABCDEFGHIJKLMNOQ
VF 131	8,13	0,52	ABCD	1,52	0,05	AB	1,82	0,04	ABCDE	1,26	0,07	ABCDE
VF 139	10,14	0,78	DEFGHIJKL	1,85	0,01	BCDEFHIJK	1,46	0,06	A	1,13	0,01	AB
VF 158	8,33	0,47	ABCDEF	1,62	0,17	ABCDE	1,77	0,11	ABCD	1,23	0,03	ABCD
VF 176	9,44	0,79	ABCDEFGHJI	1,61	0,08	ABCDE	1,88	0,08	BCDEF	1,28	0,01	ABCDEF
VF 314	9,72	0,02	BCDEFHIJK	1,84	0,01	BCDEFHIJK	2,03	0,03	CDEFGH	1,38	0,04	ABCDEFGHI
VF 318	8,21	0,09	ABCDE	1,67	0,01	ABCDEF	1,87	0,04	BCDEF	1,25	0,01	ABCD
VF 320	7,50	0,41	A	1,54	0,17	ABCD	1,67	0,18	ABC	1,16	0,10	ABC
L411	8,92	0,21	ABCDEFGH	1,76	0,06	ABCDEFGH	1,90	0,05	BCDEF	1,39	0,13	ABCDEFGHI
L813	9,26	0,93	ABCDEFGHI	1,71	0,00	ABCDEF	2,07	0,08	CDEFGHI	1,45	0,12	ABCDEFGHIJKL
L814	11,62	0,34	KLMN	1,83	0,04	BCDEFHIJK	2,28	0,10	GHIJKL	1,56	0,01	ABCDEFGHIJKLMN
L816	10,89	0,30	GHIJKLM	1,99	0,03	FGHIJKL	2,36	0,06	HIJKLMN	1,65	0,01	ABCDEFGHIJKLMNO
L819	9,11	0,53	ABCDEFGH	1,88	0,01	BCDEFHIJK	2,08	0,14	DEFGHI	1,42	0,01	ABCDEFGHIJK
L8111	9,28	1,28	ABCDEFGHI	1,72	0,12	ABCDEF	1,90	0,14	BCDEF	1,36	0,13	ABCDEFGH
L912	9,05	0,01	ABCDEFGH	1,82	0,04	A	2,13	0,07	DEFGHIJK	1,48	0,03	ABCDEFGHIJKLM

**Tableau 11 (suite).** Statistique descriptive de LOGS, LAGS, LOGN et LAGN mesurées chez 46 accessions de *Vicia faba* L.

Accessions	LOG GS			LAG GS			LOG GN			LAG GN		
	MOY	ET	GH	MOY	ET	GH	MOY	ET	GH	MOY	ET	GH
L914	9,74	0,23	BCDEFGHIJK	1,46	0,23	ABCDERFGHIJK	1,85	0,07	ABCDEF	1,23	0,08	ABCD
L916	10,36	0,55	EFGHIJKL	2,02	0,03	GHIJKLMN	2,35	0,04	HIJKLM	1,65	0,09	ABCDEFGHIJKLMNO
L917	9,85	0,54	CDEFGHIJK	1,88	0,09	BCDEFGHIJK	2,13	0,09	DEFGHIJK	1,49	0,04	ABCDEFGHIJKLM
L918	9,37	0,20	ABCDEFGHI	1,81	0,04	ABCDEFGHIJ	2,06	0,01	CDEFGHI	1,46	0,02	ABCDEFGHIJKL
L919	9,43	0,74	ABCDEFGHIJ	1,92	0,05	EFGHIJK	2,21	0,07	EFGHIJK	1,48	0,04	ABCDEFGHIJKLM
L9111	10,31	0,03	EFGHIJKL	1,57	0,01	ABCDE	1,88	0,01	BCDEFG	1,32	0,03	ABCDEFG
L1011	7,72	0,44	ABC	1,53	0,16	ABC	1,61	0,14	AB	1,08	0,02	A
L1014	11,57	0,88	JKLMN	1,86	0,03	BCDERFGHIJK	2,50	0,11	JKLMNOP	1,61	0,04	ABCDEFGHIJKLMN
L1015	10,05	0,18	DEFGHIJK	1,88	0,03	BCDEFGHIJK	2,08	0,04	DEFGHI	1,47	0,06	ABCDEFGHIJKLM
L1018	9,02	0,08	ABCDEFGHI	1,89	0,09	DEFGHIJK	2,11	0,09	DEFGHIJ	1,42	0,06	ABCDEFGHIJ
L10110	10,23	0,50	DEFGHIJKL	1,89	0,12	CDEFGHIJK	1,86	0,06	ABCDEF	1,68	0,04	ABCDEFGHIJKLMNOQ
L1113	11,34	0,02	IJKLMN	2,02	0,12	GHIJKLMN	2,45	0,01	IJKLMN	1,61	0,03	ABCDEFGHIJKLMN
L1116	7,59	0,06	AB	1,55	0,04	ABCD	1,77	0,01	ABCD	1,23	0,03	ABCD
L1119	12,25	0,01	LMN	2,12	0,00	IJKLMN	2,16	0,18	DEFGHIJK	1,53	0,01	ABCDEFGHIJKLMN
L11110	10,37	0,15	EFGHIJKL	1,87	0,13	BCDERFGHIJK	2,01	0,00	BCDEF	1,49	0,07	ABCDEFGHIJKLM
L1215	9,94	0,40	DEFGHIJK	1,85	0,04	BCDERFGHIJK	2,09	0,07	DEFGHIJ	1,46	0,09	ABCDEFGHIJKL
L1217	10,35	0,18	EFGHIJKL	1,79	0,11	ABCDEFGHI	2,09	0,07	DEFGHIJ	1,46	0,09	ABCDEFGHIJKL
Moyenne		10,74			1,86			2,14			1,48	
Ecart-type		2,40			0,24			0,33			0,21	
CV %		0,24			12,97			15,64			14,24	
Signification		***			***			***			***	

M. Moyenne ; ET. Ecart type ; GH. Groupe homogène ; CV. Coefficient de variation. Les seuils de signification: \* =  $p < 0,05$  ; \*\* =  $0,001 < p < 0,01$  ; \*\*\* =  $p < 0,001$ .

### 3.1.2. Analyse des corrélations

Les corrélations entre les différents caractères agro-morphologiques ont été mises en évidence en utilisant le test de Pearson qui permet une estimation simultanée du sens et de la force d'une association. Le signe du coefficient de corrélation ( $r$ ) nous renseigne sur la nature de la relation linéaire entre les variables, tandis que la valeur de ce coefficient indique la force de cette relation. Plus la valeur de «  $r$  » se rapproche de +1 ou -1, plus l'association entre les deux variables est forte. La matrice des corrélations entre les 21 traits agro-morphologiques quantitatifs des 46 accessions de *Vicia faba* L. est présentée dans le tableau 12.

Au seuil de signification  $\alpha = 0,05$ , la PF a été corrélée positivement au NGPL ( $r = 0,331^*$ ) et négativement au NGNG ( $r = -0,333^*$ ), à la LOGS et la LAGS ( $r = -0,374^*$ ,  $r = -0,315^*$ ) et à la LOGN et LAGN ( $r = -0,309^*$ ,  $r = -0,300^*$ ). La BA et le RDT sont positivement corrélés entre eux ( $r = 0,707^{**}$ ) et les deux sont corrélés positivement avec la LAGN ( $r = 0,291^*$ ,  $r = 0,360^*$ , respectivement). La largeur et la longueur des gousses et des graines sont négativement corrélées au NGPL ( $r = -0,565^{**}$ ,  $r = -0,446^{**}$ ,  $r = -0,449^{**}$  et  $r = -0,454^{**}$ , respectivement) et positivement corrélées au NGNG ( $r = 0,828^{**}$ ,  $r = 0,391^{**}$ ,  $r = 0,354^*$ ,  $r = 0,436^{**}$  respectivement) et le PMG ( $r = 0,319^*$ ,  $r = 0,443^{**}$ ,  $r = 0,469^*$ ,  $r = 0,498^{**}$ , respectivement). Le NGPL est négativement corrélé avec le NGNG ( $r = -0,557^{**}$ ) et positivement corrélé avec le NRP ( $r = 0,448^{**}$ ). La hauteur de la tige est négativement corrélée avec la NGNG ( $r = -0,312^{**}$ ) et le PMG ( $r = -0,376^{**}$ ).

Selon ces corrélations, les accessions les plus précoces ont présenté le NGNG le plus élevé, le NGPL les plus bas, les graines et les gousses les plus grandes de taille et les accessions avec LT la plus courte ont présenté le NGNG et PMG le plus élevé.

**Tableau 12.** Matrice des corrélations les traits agro-morphologiques quantitatifs de 46 accessions de *Vicia faba* L.

	PF	FG	NPM2	BA	RDT	NGPL	NGNG	PGM	NRP	LT	LIG	NEN1G	LOGS	LAGS	LOGN	LAGN	NFR	LACR	LGCR	LAET	LGET	
<b>PF</b>	1																					
<b>FG</b>	,286	1																				
<b>NPM2</b>	-,163	,160	1																			
<b>BA</b>	,039	-,052	<b>,481**</b>	1																		
<b>RDT</b>	,155	,026	,233	<b>,707**</b>	1																	
<b>NGPL</b>	<b>,331*</b>	,031	-,119	-,017	-,198	1																
<b>NGNG</b>	<b>-,333*</b>	-,256	,160	,203	,249	<b>-,557**</b>	1															
<b>PMG</b>	-,199	,082	-,069	,035	,266	-,228	,180	1														
<b>NRP</b>	,261	-,101	-,121	,028	-,070	<b>,448**</b>	-,188	-,257	1													
<b>LT</b>	,139	,134	-,153	-,005	,009	,269	<b>-,312*</b>	<b>-,376**</b>	,073	1												
<b>LIG</b>	,177	-,172	-,120	-,148	,026	,049	-,165	-,177	-,109	,152	1											
<b>NEN1G</b>	,168	-,236	,000	-,034	,059	-,007	-,130	-,081	-,174	,007	<b>,786**</b>	1										
<b>LOGS</b>	<b>-,374*</b>	-,217	,162	,240	,251	<b>-,565**</b>	<b>,828**</b>	<b>,319*</b>	-,142	-,268	-,079	-,056	1									
<b>LAGS</b>	<b>-,315*</b>	-,052	,249	,185	,242	<b>-,446**</b>	<b>,391**</b>	<b>,443**</b>	-,195	<b>-,304*</b>	-,031	,090	<b>,725**</b>	1								
<b>LOGN</b>	<b>-,309*</b>	-,036	,169	,145	,242	<b>-,449**</b>	<b>,354*</b>	<b>,469**</b>	-,077	<b>-,307*</b>	-,169	-,094	<b>,643**</b>	<b>,809**</b>	1							
<b>LGN</b>	<b>-,300*</b>	-,035	,198	<b>,291*</b>	<b>,360*</b>	<b>-,454**</b>	<b>,436**</b>	<b>,498**</b>	-,150	-,277	-,175	-,095	<b>,704**</b>	<b>,829**</b>	<b>,930**</b>	1						
<b>NFR</b>	,237	,245	,005	,011	-,145	,148	<b>-,389**</b>	-,163	-,121	,219	,244	,263	-,197	-,082	-,165	-,114	1					
<b>LACR</b>	,018	-,242	-,012	,101	,087	-,050	,244	,229	,171	-,145	-,130	,096	,285	<b>,329*</b>	<b>,313*</b>	<b>,293*</b>	-,243	1				
<b>LGCR</b>	-,055	-,141	-,112	,163	,152	-,108	,262	,149	,051	,013	-,151	-,058	,284	,162	,149	,174	<b>-,295*</b>	<b>,597**</b>	1			
<b>LAET</b>	-,052	-,103	-,134	-,080	,093	-,178	,271	<b>,318*</b>	-,044	-,168	-,098	-,263	<b>,312*</b>	,186	,271	,288	-,205	<b>,372*</b>	,283	1		
<b>LGET</b>	-,130	,000	-,033	,010	,189	-,238	,241	<b>,292*</b>	-,165	-,025	-,147	-,201	,213	,081	,092	,118	<b>-,296*</b>	,257	<b>,541**</b>	<b>,389**</b>	1	

Les valeurs en gras sont significativement différentes de zéro au seuil  $\alpha = 0,05$ . \* : La corrélation est significative au niveau 0,05 (bilatéral). \*\* : La corrélation est significative au niveau 0,01 (bilatéral).

### 3.1.3. Analyse en composantes principales (ACP) et classification ascendante hiérarchique (CAH)

Une analyse en composantes principale (ACP) et une classification ascendante hiérarchique (CAH) ont été effectuées dans le but de déterminer la relation entre les descripteurs étudiés et de mettre en évidence ceux qui contribuent le plus à la variabilité entre les accessions.

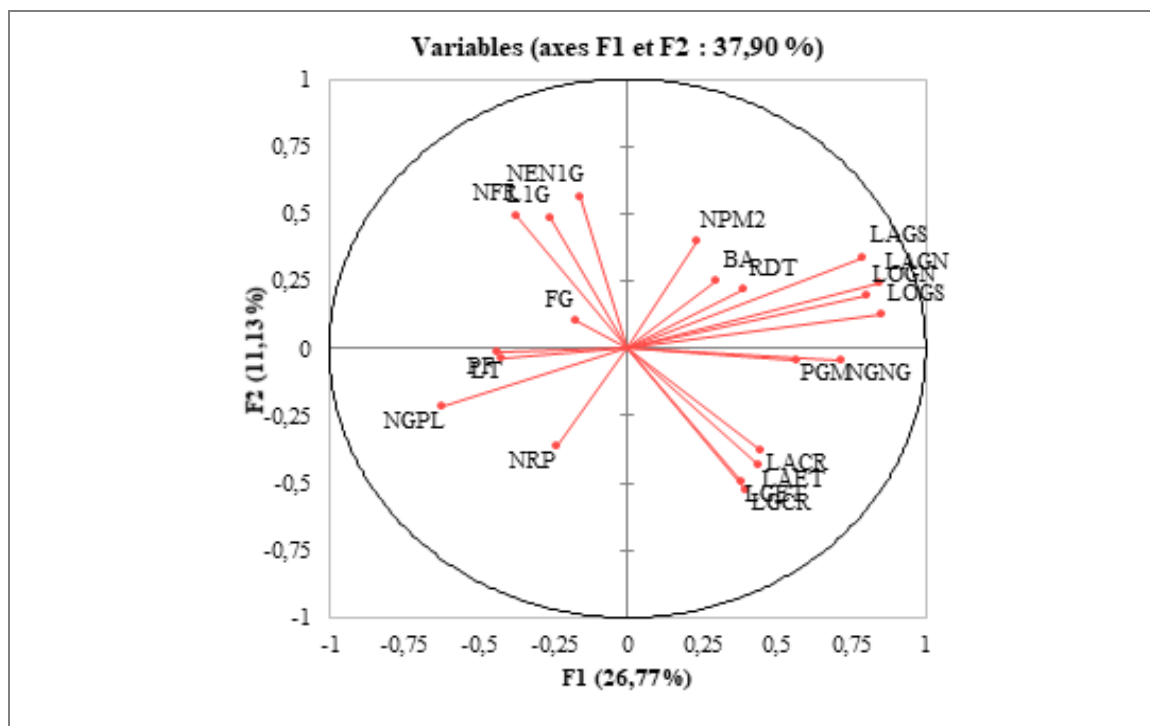
Pour l'ACP (figure 37), seuls les trois premiers axes sont pris en considération, cumulant près de 47,15 % de la variation globale (tableau 2, annexe 2). L'axe 1 a absorbé 29,76 % de la variation en associant les caractères longueur de la gousse (12,88 %), largeur de la graine (12,79 %), longueur de la graine (11,50 %), largeur de la gousse (11,50 %), nombre de graines par gousse (9,13 %), nombre de gousses par plant (6,94 %), poids de cent graines (5,70 %), longueur de la tige (3,18 %) et longueur de l'étendard (2,92 %). L'ensemble de ces variables a contribué positivement à la construction de l'axe 1 à l'exception du nombre de gousses par plant et la longueur de la tige dont la contribution était négative.

L'axe 2 a absorbé près de 11, 13 % de la variation totale. Ce deuxième axe est expliqué par les variables longueur de la carène (11,84 %), nombre de fleurs par racème (10,42 %), longueur de l'étendard (10,4 %) et nombre de ramifications primaires (5,68 %).

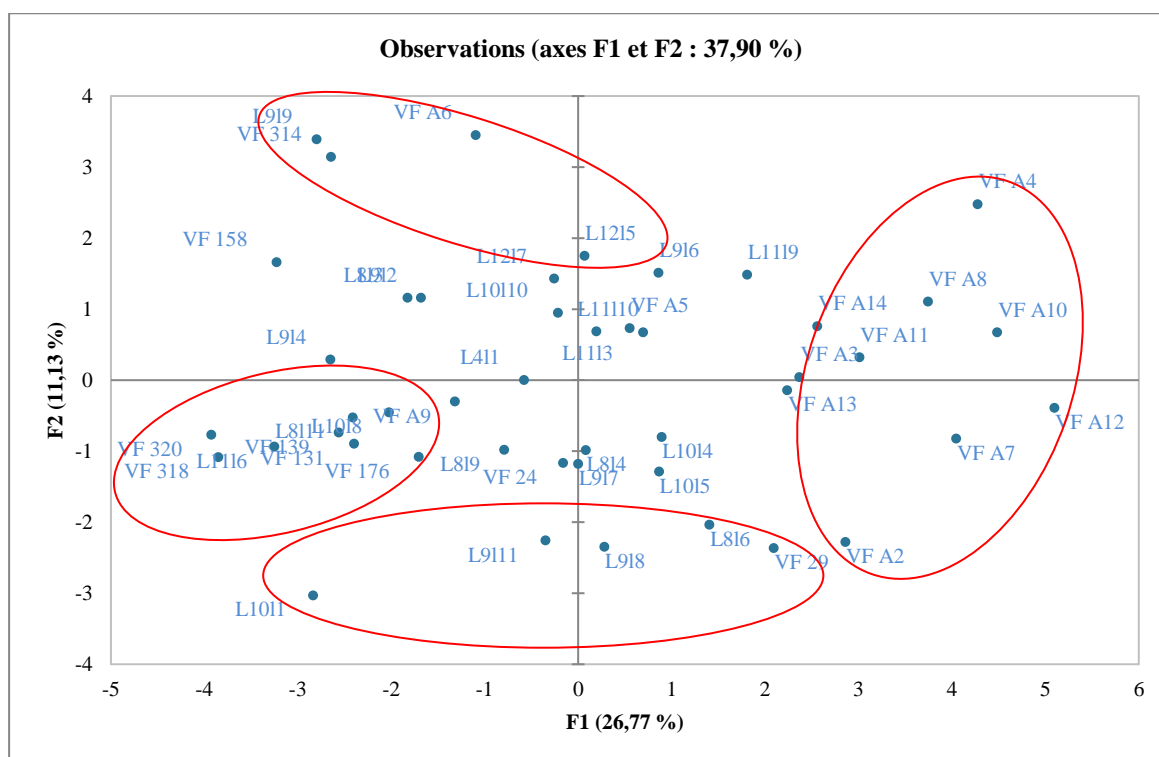
Le troisième axe (non présenté graphiquement), a absorbé près de 9,25 % de la variation globale. Il a été associé positivement aux variables longueur à la première gousse (18,60 %) et nombre d'entre-nœuds à la première gousse (17,18 %), et négativement aux traits biomasse aérienne (18,57 %) et nombre de plants par mètre carré (12,75 %).

La projection des 46 accessions de *Vicia faba* L. sur le plan formé par les deux premiers axes de l'ACP a mis en évidence la variabilité existant entre les accessions étudiées pour les 21 caractères quantitatifs considérés, montre la dispersion du nuage des points représentant les accessions (figure 37). Le regroupement des accessions s'est fait sur la base des performances agronomiques et des similitudes morphologiques. L'axe 1 a opposé les accessions algérienne (VF A2, VF A3, VF A4, V7, VF A8, VF A10, VF A11, VF A12 et VF A14) et l'accession L1110, caractérisée par un nombre de graines par gousse et un poids de cent graines important avec des graines et des gousses de grandes taille chez les accessions dont les plants sont hauts et le nombre de gousses par plant élevé (VF A9, VF 139, VF158, VF 318, VF 320, L1018 et L1116).

L'axe 2 a opposé les accessions ayant un nombre de fleurs par racème élevé chez les accessions dont le nombre de ramifications primaires est élevé avec des fleurs de grande taille (la carène).



**Figure 37.** Projection des 21 descripteurs agro-morphologiques sur le plan formé par les deux premiers axes de l'ACP.



**Figure 38.** Projection des 46 accessions de *Vicia faba* L. sur le plan formé par les deux premiers axes de l'ACP obtenue à partir des données agro-morphologiques quantitatifs

L'analyse du dendrogramme construit à partir des distances euclidiennes avec la méthode UPGMA a permis de distinguer deux grands groupes sur la base des données quantitatives (figure 39). Le deuxième cluster est subdivisé en trois sous-groupes. La séparation en clusters construit par le CAH rejoint celles établie par l'ACP. Le premier cluster regroupe 12 accessions dont 91,66 % sont des accessions algériennes. Ce groupe est caractérisé par des accessions avec un nombre de graines par gousse et un poids de cent graines élevé et des gousses et des grains de grande taille.

Un total de 34 accessions a été rassemblé dans le deuxième cluster. Ce dernier est subdivisé en trois sous-clusters. Le premier sous-cluster regroupe les accessions dont le nombre de ramifications primaires est élevé avec une longueur de la carène et de l'étendard importante et un nombre de fleurs par racème bas. Le deuxième sous-cluster regroupe les accessions avec un nombre de fleurs par racème élevé. Le troisième sous-cluster rassemble les accessions dont le nombre de gousses par plant est le plus élevé (figure 39).

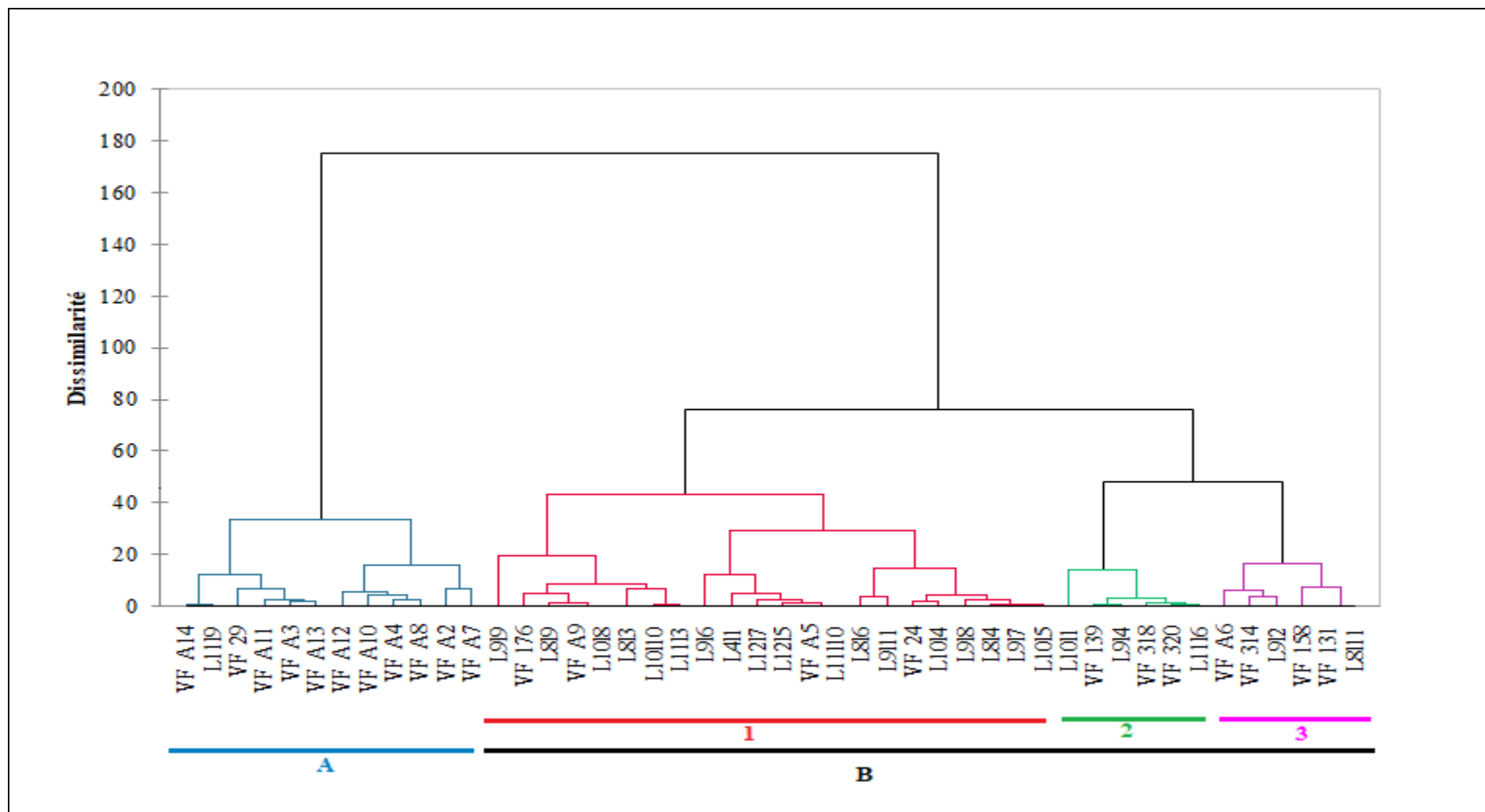
### **3.2. Caractères qualitatifs**

Pour la caractérisation morphologique qualitative de 46 accessions de *Vicia faba* L., une évaluation intra et inter accessions a été réalisée pour les six traits qualitatifs sélectionnés.

#### **3.2.1. Evaluation de la variabilité intra-accession**

Au stade floraison, trois descripteurs morphologiques qualitatifs ont été évalués, la couleur de la fleur (CLF), l'extension de la pigmentation anthocyanique (EPA) et la couleur de la tâche mélanine (PM). Pour la couleur des fleurs (CLF), trois couleurs ont été observé sur les fleurs de l'ensemble de la collection, fleurs de couleur rose, violette et blanche (figure 2, annexe 2). La couleur rose a caractérisé la majorité des accessions étudiées avec une variation dans les fréquences d'une accession à une autre. Les accessions L917, L918, L919, L1011, L1014, L1015 et L1018 ont présenté une couleur de fleur rose avec une fréquence de 100 %. La couleur violette a caractérisé les fleurs des accessions L814, L819 et L914 avec aussi une fréquence de 100 %. La couleur blanche a été observée sur une faible proportion de fleurs en particulier chez les accessions algériennes (figure 40).

Concernant l'extension de la pigmentation anthocyanique (EPA), trois niveaux ont été observés, faible, moyen et fort (figure 3, annexe 2). La majorité des accessions étudiées sont caractérisées par des fleurs dont l'EPA est de type moyen (VF A5, VF A8, VF A9, L819, L8111 et L1014), fort (VFA2, VF A3, VF29, L912, L1116) ou un mélange entre les deux à des fréquences variables (VF A12, VF 24, L1010). A l'exception des accessions VF 131, VF 158, VF 314 et L818 qui ont présenté quelques fleurs avec une EPA faible (figure 41).



**Figure 39.** Dendrogramme établi à partir des distances euclidiennes calculées sur la base de 21 descripteurs agro-morphologiques quantitatifs (A : Cluster 1 ; B : Cluster 2 ; 1 : Sous-cluster 1 ; 2 : Sous-cluster 2 ; 3 : Sous-cluster 3)

Deux couleurs de la tache mélanine ont été observées dans l'ensemble de la collection, brune et noire (figure 4, annexe 2). La PM de couleur noire a caractérisé la majorité des accessions étudiées. En effet, 58,6 % de la collection ont des fleurs avec PM de couleur noire avec une fréquence de 100 % par accession. Le reste de la collection a été marqué par des fleurs avec PM de couleur brune à une fréquence de 100 % à l'exception d'une seule accession (L819) qui a présenté une PM avec les deux couleurs noire et brune à une fréquence de 70 et 30 % (figure 42).

Après la récolte, trois descripteurs qualitatifs ont été observés sur la morphologie de la graine. Il s'agit de la couleur de la graine (CLGN), la forme de la graine (FGN) et la couleur du hile (CLH). Pour la couleur des graines, les observations ont montré la présence de quatre couleurs (beige, marron foncé, marron clair et vert) dans l'ensemble de la collection. La couleur marron clair a caractérisé 15 accessions avec une fréquence de 100 % dont six sont d'origine algérienne (VF A3, VF A4, VF A10, VF A11, VF A12 et VF A14). Dix accessions ont présenté une couleur de la graine marron foncé et quatre autres une couleur beige avec une fréquence de 100 %. Le reste des accessions est caractérisé par une variation intra accessions importante pour la CLGN avec des fréquences variables. La couleur verte a été exclusivement observée chez l'accession algérienne VF A5 avec une fréquence de 40 % (figure 43).

Trois formes de graines ont été trouvées chez les 46 accessions de *Vicia faba* L. étudiées, aplatie, angulaire et arrondie. Seules les deux accessions VF A8 et VF 131 ont présenté une variation intra accessions pour la forme de la graine entre les deux formes aplatie et arrondie. La forme angulaire a été observée exclusivement chez les accessions L1215 et L1217. Le reste des accessions a présenté une forme aplatie de façon majoritaire suivie de la forme arrondie (figure 44).

Pour la couleur du hile, une faible variation intra accession a été observée. En effet, plus de 82,60 % de la collection de *Vicia faba* L. présente des graines avec une couleur noire du hile à une fréquence de 100 % à l'exception des accessions VF A5, VF A6, VF A11, VF 24, VF 314, VF 318, L814 et L914 dont la couleur du hile a présenté une variation intra accessions avec une couleur du hile autre que le noir (blanche ou marron) à une fréquence de 25 à 50 % (figure 45) (figure 5, annexe 2).

Caractérisation agro-morphologique de quarante-six (46) accessions de *Vicia faba* L. en Algérie

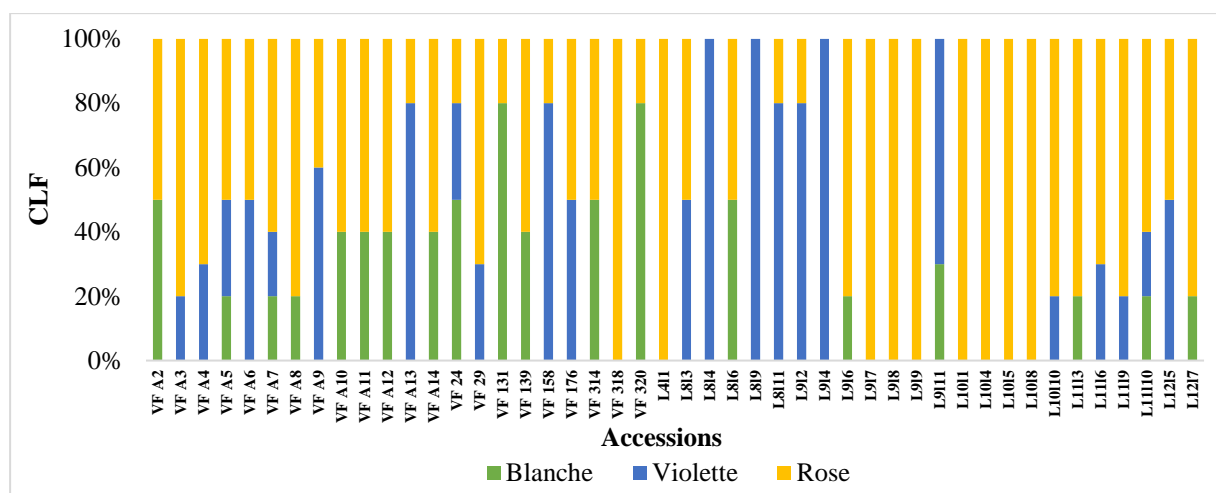


Figure 40. Variabilité de la couleur de fleurs au sein des 46 accessions de *Vicia faba* L.

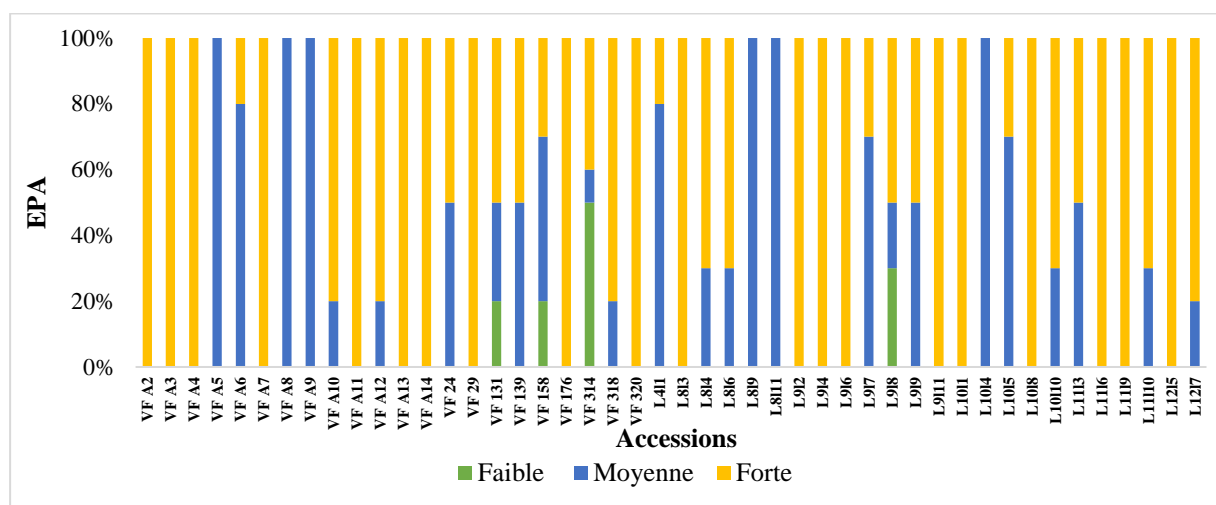


Figure 41. Variabilité de l'extension de la pigmentation anthocyanique au sein des 46 accessions de *Vicia faba* L.

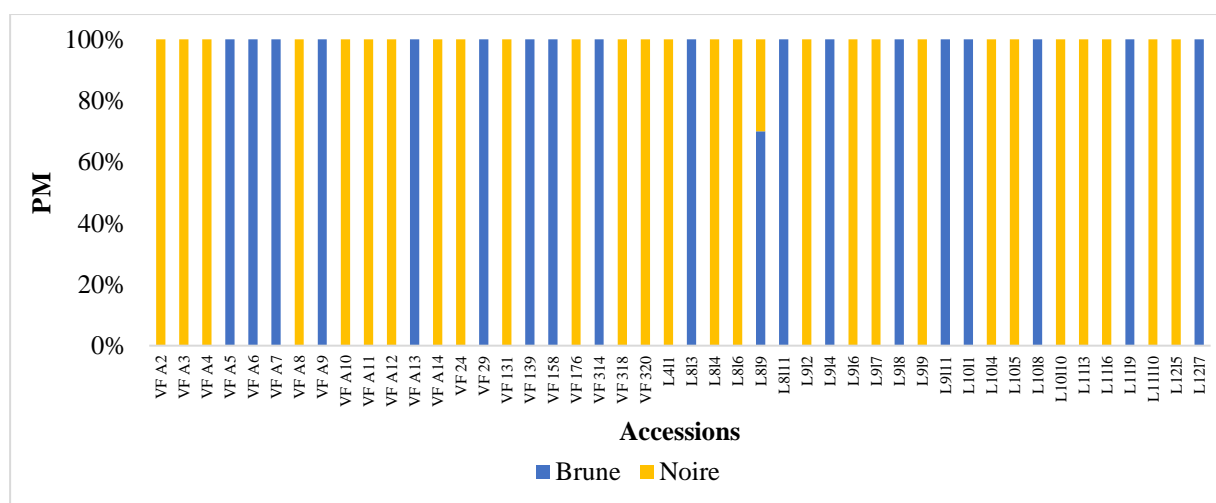


Figure 42. Variabilité de la couleur de la tache mélanine au sein des 46 accessions de *Vicia faba* L.

Caractérisation agro-morphologique de quarante-six (46) accessions de *Vicia faba* L. en Algérie

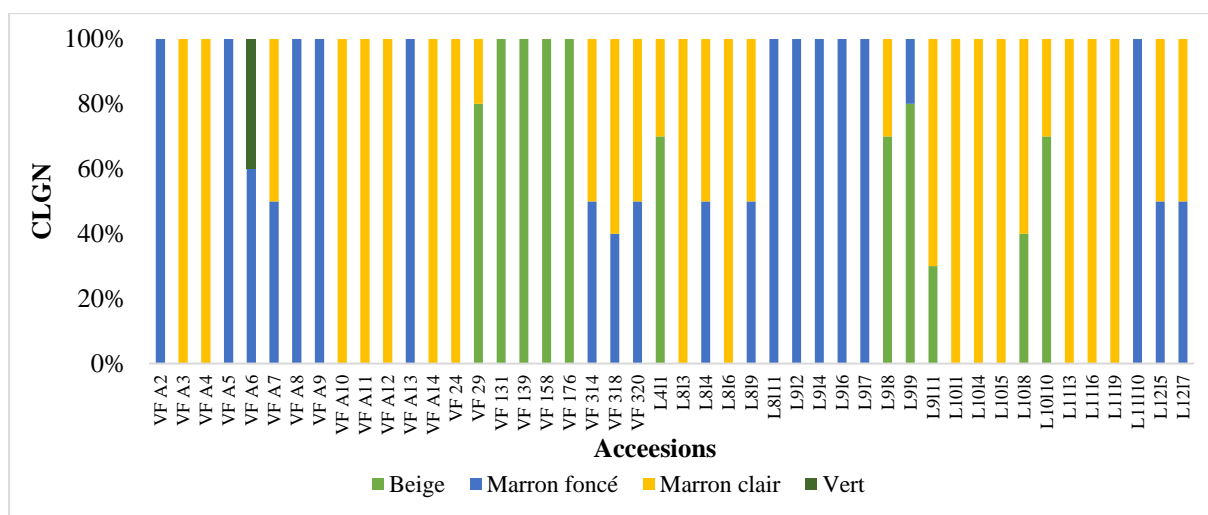


Figure 43. Variabilité de la couleur de la graine au sein des 46 accessions de *Vicia faba* L.

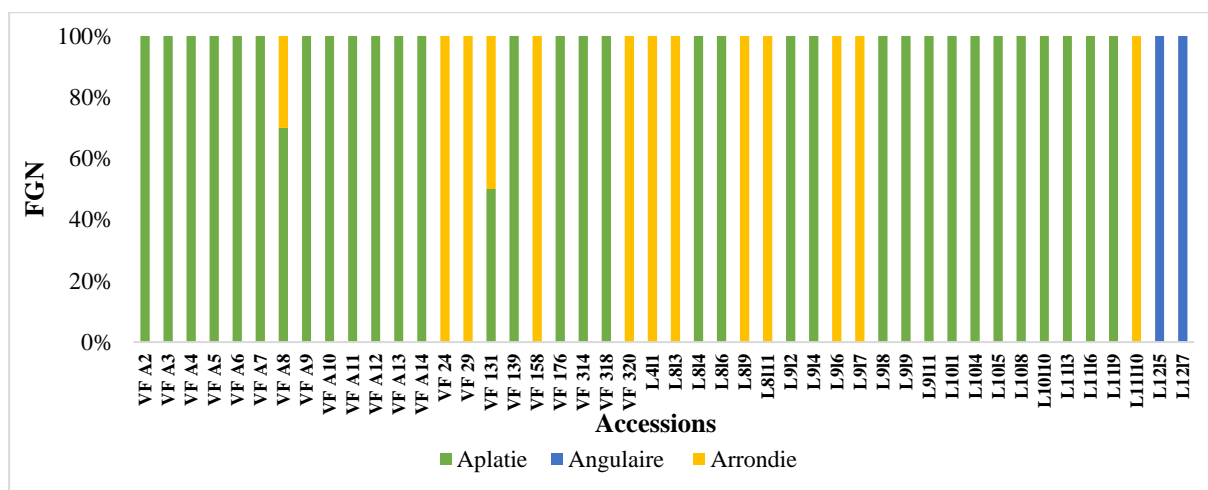


Figure 44. Variabilité de la forme de la graine au sein des 46 accessions de *Vicia faba* L.

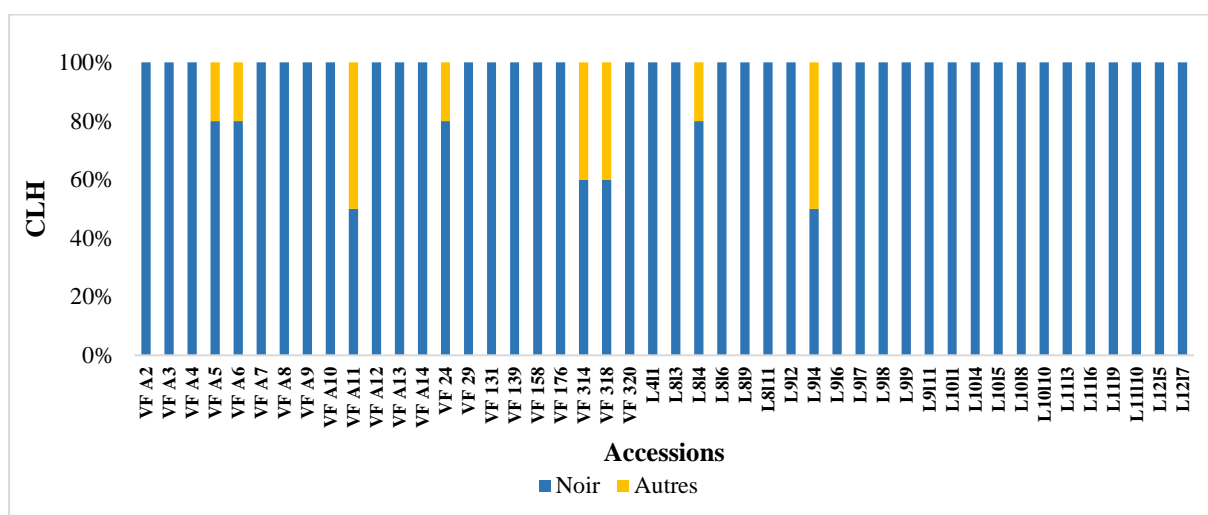
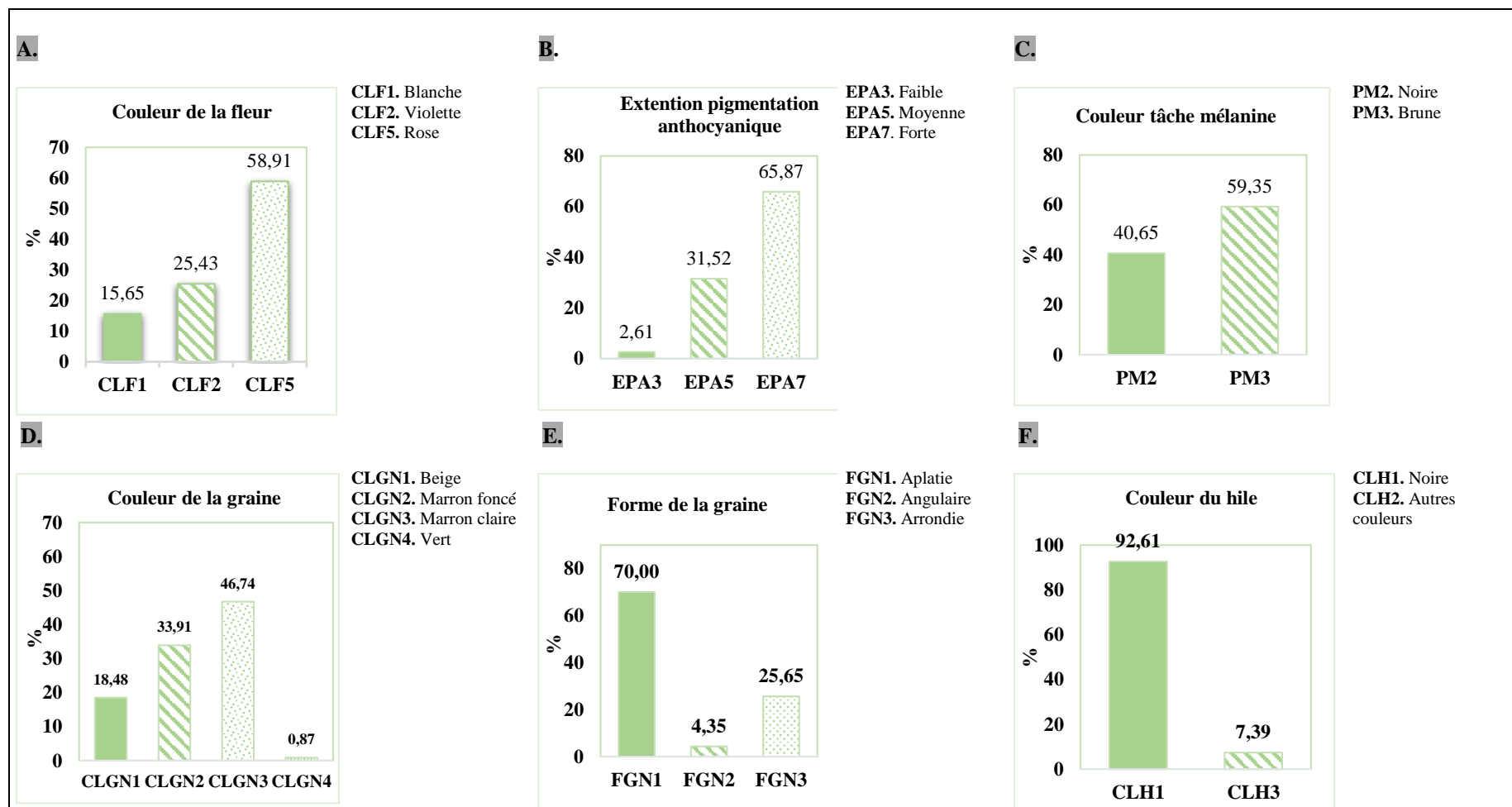


Figure 45. Variabilité de la couleur du hile au sein des 46 accessions de *Vicia faba* L.

### **3.2.2. Evaluation de la variabilité inter-accession**

Une variation importante entre les 46 accessions de *Vicia faba* L. a été notée sur la base des observations faite pour les six descripteurs morphologiques qualitatifs. En effet, 58,91 % des accessions présentent des fleurs de couleur rose contre 25,43 % et 15,65 % de couleur violette et blanche, respectivement (figure 46-A). Pour l'EPA, 65,85 % des accessions ont des fleurs avec une extension de pigmentation de type fort, 31,52 % de type moyen et le reste de type faible (figure 46-B). Entre les deux couleurs observées de la tache mélanine, 59,35 % des accessions ont une tache de couleur noire et les autres sont de couleur brune (figure 46-C). La majorité des graines de la collection sont de couleur marron clair (46,74 %) ou marron foncé (33,91 %) (figure 46-D), de forme aplatie (70 %) (figure 46-E) et de couleur du hile noir (92,61) (figure 46-F). Peu de graines de la collection ont une forme angulaire (4,35 %), de couleur du hile autres que le noir (7,39 %) et très rarement de couleur de graines verte (0,87 %) (figure 46-E, F et D).



**Figure 46.** Variabilité de 46 accessions de *Vicia faba* L. pour les six descripteurs qualitatifs exprimée en pourcentage (%).

**A.** Couleur de la fleur ; **B.** Extension de la pigmentation anthocyanique ; **C.** Couleur de la tâche mélanine ; **D.** Couleur de la graine ; **E.** Forme de la graine ; **F.** Couleur du hile

### **3.2.3. Analyse des Correspondances Multiples (ACM) et Classification Ascendante Hiérarchique (CAH)**

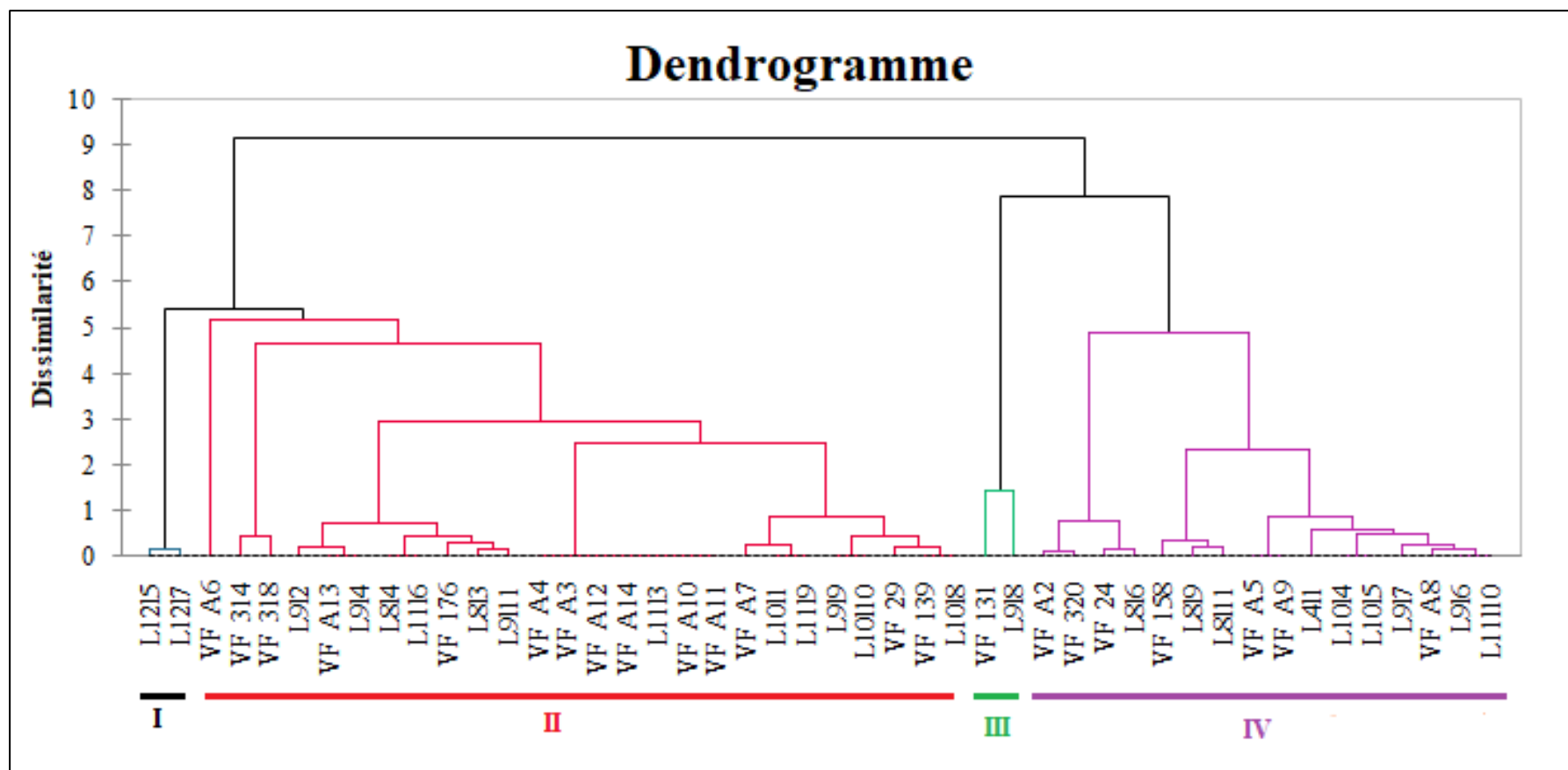
L'ACM a permis de caractériser les accessions de *Vicia faba* L. en se basant sur l'ensemble des variables qualitatives. Elle a permis d'analyser la diversité existant au sein de la collection de 46 accessions de *Vicia faba* L. et de faire ressortir les caractères qualitatifs les plus discriminants (figure 48). Il s'agit des caractères morphologiques, couleur de la fleur, extension de la pigmentation anthocyanique, couleur de la tache mélanine, couleur et forme de la graine et couleur du hile.

Les deux premiers axes expliquent près de 57,40 % de la variation totale. Le premier axe a absorbé près de 36,17 % de la variabilité. Cette variabilité est expliquée à 85,91 % par les modalités CLF rose (2,9 %), CLGN beige (8,98 %), CLGN marron clair (11,36 %), CLH noir (0,22 %), CLH autres (4,88 %), FGN aplatie (4,44 %), FGN angulaire (6,20 %), FGN arrondie (19,88 %), EPA faible (13,18 %), EPA moyenne (7,63 %) et EPA forte (6,19 %). Cet axe oppose les modalités de CLGN beige, CLH noire, FGN arrondie et EPA faible aux modalités CFL rose, CLGN marron clair, CLH autres FGN aplatie, FGN angulaire et EPA forte.

Les principales modalités qui expliquent le second axe sont la CLF blanche (12,18%), CLF violette (21,72 %), CLGN marron foncé (4,44 %), CLGN verte (14,61 %), PM brune (17,23 %) et PM noire (12,12 %). A elles seules, ces variables expliquent près de 21,23 % de l'inertie globale. Cet axe oppose les modalités CLF blanche et PM noire aux modalités CLF violette, CLGN marron foncé, CLGN verte et PM brune.

La projection des 46 accessions sur le plan formé par les deux axes de l'ACM a montré une variabilité au sein des accessions démontrées par la dispersion du nuage de points (Figure 47). L'axe 1 isole les accessions VF A2, VF 29, VF 131, VF 158, VF 320, L411, L8111, L917 et L918 caractérisées par des fleurs à faible extension de pigmentation anthocyanique et des graines de couleur beige à hile noir, de forme arrondie aux modalités CFL rose, CLGN marron clair, CLH autres FGN aplatie, FGN angulaire et EPA forte ; aux accessions VF A3, VFA4, VF A10, VFA1, VF A12, VF 314, VF 318, L814, L9111, L1011, L1113, L1116, L1119, L1215 et L1217 qui présentent des fleurs rose avec une forte extension de la pigmentation anthocyanique, des graines de couleur marron clair de forme aplatie avec un hile de couleur autre que le noir. L'axe 2 isole les accessions VF A5, VF A6, VF A7, VF A9, VF A13, L813, L819, L8111, L912, L914 et L9111 présentant une couleur blanche des fleurs, une pigmentation de la tache mélanine de couleur noire aux accessions ayant des fleurs de couleur violette avec des graines à tégument marron foncé et une pigmentation de la tache mélanine brune (VF24, L816, L918 et L10110) (figure 47).





**Figure 48.** Dendrogramme représentatif des relations morphologiques entre les 46 accessions de *Vicia faba* L.

(I : Cluster 1 ; II : Cluster 2 ; III : Cluster 3 ; IV : Cluster 4)

## 4. Discussion

L'étude a porté sur la caractérisation agro-morphologique de 46 accessions de *Vicia faba* L. d'origine géographique différentes dont 13 accessions algériennes. L'objectif de cette étude est d'évaluer la diversité génétique entre et au sein des accessions et de définir les relations qui existent entre elles. Pour cela, 27 descripteurs agro-morphologique ont été sélectionnée dont 21 traits quantitatifs et 6 traits qualitatifs afin d'assurer une bonne évaluation de la variabilité phénotypique.

Les résultats de l'analyse statistique ont révélé la présence d'une importante diversité entre et au sein des accessions. En général, cette diversité est le résultat de l'adaptation de ces accessions aux conditions environnementales extrêmes prévalant dans leurs régions d'origine. D'après Hawtin *et al.* (1996), ces accessions sont le plus souvent cultivées dans des zones à des températures élevées, des précipitations faibles et des sols peu fertiles. Cet environnement conduit à la sélection de traits adaptatifs que l'on trouve dans les environnements extrêmes.

### 4.1. Caractères quantitatifs

Pour l'ensemble des données agro-morphologiques quantitatifs des 46 accessions de *Vicia faba* L., l'analyse statistique a permis la mise en évidence d'une diversité importante entre les accessions. L'analyse de la variance a révélé la présence d'une différence hautement significative à très hautement significative entre les accessions pour la plupart des traits mesurés.

- ***Caractères liés au stade phénologique***

Les deux traits phénologiques mesurés (PF, FG) ont présenté une variabilité élevée. Pour la floraison, cette variabilité s'est étalée sur un intervalle de 12,5 jours entre l'accession la plus précoce (79 jours) et la plus tardive (92,5 jours). Nos résultats s'accordent avec ceux rapporté par khamassi (2014) sur des lignées tunisiennes de *Vicia faba* L. et de Bouzgag (2015) sur 46 accessions de *Vicia faba* L. d'origine géographique différente, avec un intervalle de 13 jours. Des travaux similaires ont montré une variabilité de la durée de la floraison variant de 55,3 à 87,6 jours (32,3 jours d'intervalle) pour des *landraces* de *Vicia faba* L. au Sud tunisien (Yahia *et al.*, 2012), de 28 à 53 jours (25 jours d'intervalle) chez des féveroles éthiopiennes (Keneni *et al.*, 2005) et de 60 à 63 jours soit un intervalle de 3 jours chez des *landraces* de *Vicia faba* L. palestiniens (Al-Barri et Shtaya, 2013). Pour la précocité à la formation des gousses, la période qui sépare l'accession la plus précoce (90 jours) à la plus tardive (110,5 jours) est de 21,5 jours. D'après les résultats d'Al Mohandes Dridi (2011) portant sur la caractérisation phéno-

morphologique de 13 lignées tunisiennes de fève, la durée à la formation de gousses a varié de 107 à 122 jours soit un intervalle de 15 jours.

En général, *Vicia faba* L. est une espèce sensible aux conditions de manque d'eau pendant la période allant de la floraison à la nouaison (Duc, 1997 et Yahia *et al.*, 2012). Selon Labuda (2012), les caractéristiques phénologiques de *Vicia faba* L. (floraison et nouaison des gousses) sont liés aux périodes où les besoins en eau sont les plus élevés. De ce fait, les sélectionneurs accordent une grande importance à la précocité de la plante, car elle permet aux plantes d'éviter le stress hydrique en fin de cycle, un phénomène fréquent dans les régions méditerranéennes (Duc, 1997).

- **Caractères liés au rendement**

Le rendement et les caractères liés au rendement ont aussi présenté une variation significative entre les 46 accessions étudiées. Le rendement est un caractère complexe déterminé par plusieurs traits, et donc les caractères liés à un rendement en graine élevé sont important dans le programme de sélection.

D'après nos résultats, les accessions les plus productives sont la L813 (Grèce), L819 (Maroc), L10110 (Turquie), VF A4 et VF A9 (Algérie) avec un rendement de 3,90 à 3,575 q/ha. Le nombre de gousses par plant, le nombre de graines par gousses et le poids de cent graines sont des caractères liés au rendement. L'analyse de la variance de ces trois traits a révélé une différence très hautement significative entre les 46 accessions de *Vicia faba* L. Le nombre moyen de gousses par plant est de 14,67 gousses avec un maximum de 34,85 enregistré par l'accession L1116 de l'équateur. Ce nombre est nettement supérieur (12 gousses/plant) à celui trouvé par Al Mohandes Dridi (2011) et inférieur (62 gousses/plant) à celui publié par Payman (2017). Sprent et Bradford (1977) ont rapporté que le nombre de gousses par plant atteignant la maturité est le principal facteur influençant le rendement. Les recherches menées par Fikreselassie (2012) ont également démontré que les plantes produisant le plus grand nombre de gousses par plante génèrent une quantité plus importante de graines. Par conséquent, la sélection basée sur le nombre de gousses peut entraîner une nette amélioration du rendement en graine.

Le nombre de graines par gousse a révélé une variation importante entre les accessions étudiées. Les résultats obtenus par Al Barri et Shtaya (2013) soulignent l'existence d'une différence significative entre 19 génotypes palestiniens de *Vicia faba* L., ces résultats sont en accord avec nos résultats. En revanche, les résultats de Daur *et al.* (2010) n'ont révélé aucune

variation significative du nombre de graines par gousse parmi les douze génotypes de fève étudiés. La moyenne du nombre de graines par gousse a varié de 2 à 5,1 grains/gousse, avec un maximum enregistré par l'accession algérienne VF A2. Ces résultats sont supérieurs à ceux obtenus par Li-Juan *et al.* (1993) dont le nombre de graines par gousse était de 1,7 à 2,9 dans une collection de 1500 accessions de différentes provinces de Chine et inférieurs à ceux d'Al Mohandes Dridi (2011) avec une variation de 2 à 9 graines/gousse. D'après Abdelmula et Abuanja (2007), le nombre de gousses par plant et le nombre de graines par gousse sont deux traits qui sont les plus influencés par des facteurs génétiques qu'environnementaux.

Le poids de cent graines (PMG) est largement utilisé comme critère majeur pour la classification des variétés botaniques de *Vicia faba* L. (Duc, 1997). En effet, selon ce même auteur, la fève (*Vicia faba* L. var *major*) a un poids de cent graines supérieur ou égal à 100 g ; la féverole (*Vicia faba* L. var *minor*) a un poids inférieur à 50 g ; tandis que pour les types à graines moyennes (*Vicia faba* L. var *equina*), le poids de cent graines est compris entre 50 et 100 g. D'après nos résultats qui portent sur des accessions de *Vicia faba* L. de types botaniques différents, le poids de cent graines a varié de 58,5 à 268,5 g. Nos résultats sont très similaires à ceux obtenus par Al Barri et Shtaya (2013) sur des populations locales palestiniennes de *Vicia faba* L. dont le poids de cent graines a varié de 35,67 à 239 g.

- **Caractères liés au stade végétatif**

Une différence hautement significative a été révélée par l'analyse de la variance pour le nombre de ramifications primaires (NRP) avec une variation allant de 2,12 à 4,13 ramifications. Un résultat similaire a été trouvé par Yahia *et al.* (2012) qui ont enregistré une variation du nombre de branches primaires par plant de 1,32 à 6,43. Une grande variabilité a été aussi enregistrée pour ce trait par Osman *et al.* (2010) et Karakoy *et al.* (2013) chez des accessions *Vicia faba* L. Selon Huyghe (1998), ce paramètre largement étudié chez les fabacées se trouve affecté à la fois par l'environnement, la génétique et les techniques culturales. D'après Yucel (2013), la densité de semis a aussi un effet significatif sur ce caractère, et donc plus le peuplement des plantes augmente plus le nombre de branches diminue.

La hauteur de la tige est définie comme un trait discriminant important des populations de *Vicia faba* L. entre les différentes régions géographiques (Suso *et al.*, 1993). C'est un caractère qui joue un rôle important dans la réduction de la perte de rendement après la récolte (Chaieb *et al.*, 2011). Selon nos résultats, ce trait varie considérablement en fonction des accessions allant de 71,9 à 100,33 cm de hauteur, ce qui est en accord avec les résultats trouvés par Al

Barri et Shtaya (2013) et Karakoy *et al.* (2013) qui ont rapporté la présence d'une variation significative entre les génotypes de *Vicia faba* L. pour la hauteur de la plante allant de 61,67 à 96,67 cm et de 40 à 97,6 respectivement. Cependant pour Dahmardeh *et al.* (2010) et Osman *et al.* (2010), les résultats obtenus n'ont pas révélé de différences significatives entre les génotypes en termes de hauteur de la plante. D'après Thalji (2010), la hauteur de la tige est un caractère qui dépend de la densité de peuplement en raison de la concurrence entre les plantes.

La longueur de la tige à la première gousse (L1G) et le nombre d'entre-nœuds à la première gousse (NEN1G) ont présenté une variation significative entre les 46 accessions de *Vicia faba* L. La variation pour la L1G est de 10,71 à 38,35 cm. Ces résultats sont en accord avec ceux de Al Barri et Shtaya (2013) qui ont constaté que les génotypes de fève présentaient une variation significative de la hauteur à la première gousse de 6,67 à 58,33 cm. Terzopoulos *et al.* (2003) ont aussi souligné une variation pour la hauteur à la première gousse de 2 à 24 cm pour 55 génotypes de *Vicia faba* L. D'après Suso *et al.* (1993), les génotypes de *Vicia faba* L. à floraison tardive présentent une position élevée des nœuds porteurs de la gousse la plus basse, tandis que les plantes à floraison précoce présentaient une position plus basse du nœud porteur de la gousse la plus basse en fonction de la région cultivée. Le nombre d'entre-nœuds à la première gousse a aussi présenté une variation entre les accessions allant de 2,8 à 6,92 avec une moyenne de 4,59. Catt et Paull (2017) ont constaté que la première gousse apparaît généralement au cinquième nœud, tandis que Soper (1952) a rapporté que les gousses commencent habituellement aux septième et huitième nœuds chez les accessions de *Vicia faba* L.

- ***Caractères lié au stade reproductif***

Les analyses statistiques de la biométrie de la fleur ont révélé une grande variabilité entre les accessions. La longueur de l'étendard varie 1,76 à 2,35 cm. Ces résultats sont similaires à ceux rapportés par Vörösváry *et al.* (2011) qui ont souligné une variabilité modérée chez des variétés locales de *Vicia faba* L. en Roumanie pour la longueur de la fleur allant de 1,5 à 2,5cm.

Une variabilité très importante a été révélée entre les accessions étudiées pour la longueur et la largeur de la gousse. D'après nos résultats, la longueur varie de 7,5 à 17,175 cm et la largeur de 1,46 à 2,41 cm. Ces résultats sont en accord avec ceux d'Al Barri et Shtaya (2013) qui ont constaté une variation de la biométrie de la gousse entre les génotypes de *Vicia faba* L., allant de 4,47 à 11,47 cm pour la longueur et de 1 à 2,07 cm pour la largeur. Al-Rifae *et al.* (2004) ont rapporté que cette dernière est fortement affectée par la taille des graines et

indirectement par les variétés botaniques. Les résultats obtenus concernant la biométrie de la graine ont montré une grande variabilité entre les accessions étudiées, la longueur varie de 1,46 à 2,9 cm et la largeur de 1,07 à 1,94 cm. Nos résultats sont en accord avec ceux rapportés par Karakoy *et al.* (2013) qui ont montré une différence significative entre les génotypes étudiés pour la longueur et le diamètre des graines allant de 1,01 à 2,48 cm pour la longueur et de 0,8 à 1,72 cm pour le diamètre. D'après Al-Rifaae *et al.* (2004), la largeur des gousses est fortement influencée par la taille des graines.

Selon les résultats des corrélations entre les traits quantitatifs, les accessions les plus précoces ont présenté le NGNG le plus élevé, le NGPL les plus bas, les plus longues gousses et les plus larges graines et les accessions avec LT la plus courte présentent les gousses les plus larges et les graines les plus longues. Une corrélation similaire a été rapportée par khamassi (2014) entre la précocité à la floraison et le nombre de gousses par plant. Contrairement à nos résultats, Fikreselassie (2012) rapporte que la hauteur de la tige a présenté des corrélations positive chez *Vicia faba* L. avec le nombre de graines par plant ( $r = 0,734$ ) et le nombre de gousses par plant ( $r = 0,654$ ).

L'analyse multivariée et l'analyse des clusters sur la base des 21 traits phénotypiques quantitatifs ont permis de classer les 46 accessions de *Vicia faba* L. en différents groupes. Le premier a regroupé la majorité des accessions algériennes. Ce groupe englobe les caractères les plus discriminants et lié au rendement à savoir le poids de cent graines et le nombre de graines par gousse. Le deuxième groupe comprend les accessions dont le nombre de ramifications primaires est élevé, la longueur de la carène et de l'étendard est importante et le nombre de fleurs par racème bas. Le troisième rassemble les accessions avec un nombre de fleurs par racème élevé. Quant au quatrième, les accessions qui le forment sont caractérisées par un nombre de gousses par plant élevé. En accord avec nos résultats, Rebaa *et al.* (2017) ont classé 21 populations tunisiennes de *Vicia faba* L. en 4 groupes sur la base de 10 traits morphologiques.

#### 4.2. Caractères qualitatifs

Une large variation inter et intra-accessions a été observée pour les descripteurs qualitatifs de l'ensemble de la collection. Cette variation a permis de distinguer les morphotypes les plus dominants de la collection.

Durant la floraison, la couleur rose de l'étendard a caractérisé la majorité des fleurs des accessions étudiées avec une extension de la pigmentation anthocyanique de type fort à moyen et une couleur de la tache mélanine entre le noir et le brun. Ces résultats rejoignent ceux observés par Al Mohandes Dridi (2011) sur des lignées de *Vicia faba* L. tunisienne qui a souligné une variation importante entre les lignées étudiées pour ces trois traits qualitatifs. La couleur blanche des fleurs n'a représenté que 15,65 % des accessions étudiées. Bond (1976) et Picard (1976) ont rapporté que les téguments des graines de *Vicia faba* L. dont les fleurs sont blanches ne présentent pas de tanin. Gutierrez *et al.* (2007) ont montré que le caractère zéro tannin est hérité d'une façon monogénique sous contrôle de deux gènes complémentaires indépendants (*zt-1*) et (*zt-2*). La mutation de l'un des deux gènes provoque l'inhibition de la synthèse des précurseurs d'anthocyanine et de la mélanine se manifestant par une coloration blanche de la fleur (Bond, 1976 et Picard, 1976).

Pour la couleur et la forme des graines ainsi que la couleur du hile, nos résultats ont montré une grande variabilité entre et au sein des accessions étudiées. Juste après la récolte, la couleur des graines la plus observée sur l'ensemble de la collection est la couleur marron clair et marron foncé avec une forme de graine aplatie et une couleur noire du hile. Ce morphotype a caractérisé la majorité de la collection. Cette variabilité pour la couleur des graines a aussi été observée par Vörösváry *et al.* (2011) qui ont révélé la présence de différentes couleurs de tégument partant du vert au brun. Selon Bould et Crofton (1987), la couleur du hile la plus dominante chez *Vicia faba* L. est la noire. L'hérédité de ce caractère est unifactorielle contrôlée par une seule paire d'allèles où la couleur noire du hile est dominante. Il est défini comme l'outil le plus contribuant à la différenciation et la séparation des populations de *Vicia faba* L. (Crofton et Bond, 1998).

Le regroupement des accessions sur la base des six descripteurs qualitatifs par l'ACM et la CAH a permis d'identifier quatre clusters d'accessions pour l'ensemble de notre collection. Ces analyses ont permis aussi d'identifier le morphotype le plus dominant dans la collection et qui caractérise près de 26 accessions étudiées. Il s'agit du morphotype avec fleurs roses ou violettes avec une forte extension de pigmentation anthocyanique et des graines de forme aplatie avec un hile noir.

## 5. Conclusion

*Vicia faba* L. est l'une des légumineuses largement cultivée à travers le monde. Au fil des siècles, l'évolution de sa répartition géographique a contribué à l'accumulation d'une grande diversité génétique.

L'évaluation de la variabilité agro-morphologique de 46 accessions de *Vicia faba* L. a révélé l'existence d'une variabilité génétique importante. Les résultats de l'analyse de la variance ont révélé une différence hautement à très hautement significative pour la majorité des traits quantitatifs mesurés.

Les analyses multivariées (ACP et CAH) ont permis de classer les accessions étudiées selon les caractères les plus discriminants. Cela permet d'identifier les accessions à intérêt agronomique afin de les utiliser dans de futurs travaux d'amélioration.

Les caractères morphologiques qualitatifs ont aussi révélé une large variation inter et intra accessions. Les observations ont permis d'identifier les morphotypes les plus dominants dans la collection. De plus, l'identification des morphotypes avec des fleurs à couleur blanche (sans pigmentation anthocyanique) est d'un grand intérêt pour les programmes de sélection et d'amélioration car elles présentent des graines à téguments sans tanin.

Les analyses ACM et CAH ont permis de classer les accessions étudiées en quatre groupes en identifiant les formes les plus dominantes dans la collection étudiée.

L'évaluation de la diversité génétique des accessions de *Vicia faba* L. par une caractérisation agro-morphologique présente quelques contraintes en raison de l'influence de l'environnement sur certains caractères. Et donc, en réponse à ces contraintes, le recours à une caractérisation moléculaire devient indispensable afin de confirmer les résultats obtenus. C'est l'objectif du travail réalisé dans le chapitre quatre.

*Chapitre 4 : Etude de la diversité morphologique et moléculaire de 14 accessions algériennes de Vicia faba L.*

---

# Chapitre 4 : Etude de la diversité morphologique et moléculaire de 14 accessions algériennes de *Vicia faba* L.

## 1. Introduction

La fève (*Vicia faba* L.) est une importante légumineuse à graines. Elle est originaire de la région méditerranéenne et de l'Asie occidentale (Tanno et Willcox, 2006). C'est une espèce d'hiver importante cultivée pour la teneur élevée de ses graines en protéines et sa dense biomasse aérienne. Elle joue un rôle essentiel dans la rotation des cultures et la fixation efficace de l'azote permettant ainsi d'améliorer le sol (Ye *et al.*, 2003 ; O'Sullivan *et al.*, 2016). Elle est classée en quatrième position parmi les légumineuses alimentaires les plus importantes après le petit pois, le pois chiche et la lentille (FAOSTAT, 2016).

En Algérie, la fève constitue la plus importante culture parmi les légumineuses à grosses graines tant au niveau de la superficie que de la production (Maatougui, 1996). Elle occupe la première place parmi les légumes secs (Feliachi, 1996). Elle est utilisée comme légume frais (gousses) et comme graines sèches dans l'alimentation humaine (Hamadache *et al.*, 1996). Les fèves sont cultivées un peu partout à travers le territoire national, sur les plaines côtières, les plaines sub-littorales et les zones sub-sahariennes (Maatougui, 1996). Cependant, cette culture reste encore marginalisée et n'a encore pas bénéficié d'attention particulière. Pour ces raisons, il est important de collecter, conserver, caractériser et maintenir efficacement les populations locales. D'après Duc *et al.* (2010), il existe 37 collections de germoplasme de *Vicia faba* L. à travers le monde. Elles contiennent plus de 38000 accessions et représentent une source très importante de diversité pour les programmes de sélection.

La fève est une espèce diploïde avec  $2n = 2x = 12$  chromosomes, elle est partiellement allogame (allant de 4 à 84 %) et possède l'un des plus grands génomes parmi les légumineuses cultivées ( $\approx 13,000$  Mb) (Bennett *et al.*, 1982, Johnston *et al.*, 1999, Ellwood *et al.*, 2008).

A ce jour, la caractérisation morphologique est utilisée comme un outil obligatoire et classique pour l'évaluation de la diversité génétique des collections locales de fève dans la région méditerranéenne (Polignano et Spagnoletti Zeuli, 1985 ; Terzopoulos *et al.*, 2003 ;

Vörösváry *et al.*, 2011 ; Ouji *et al.*, 2012 et Yahia *et al.*, 2012). Cependant, ces caractères agronomiques et morphologiques présentent certaines limites car ils dépendent du stade de développement de la plante et sont affectés par les facteurs environnementaux (Ammar *et al.*, 2014).

Le développement de marqueurs moléculaires a permis une évaluation plus précise de la diversité génétique chez la fève, tels que le polymorphisme de la longueur de fragments de restriction (RFLP) (Torres *et al.*, 1993), le polymorphisme de la longueur de fragments amplifiés (AFLP) (Zeid *et al.*, 2009 ; Zong *et al.*, 2009), l'amplification aléatoire d'ADN polymorphe (RAPD) (Link *et al.*, 1995 ; Tahir, 2015), l'Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) (Alghamdi *et al.*, 2011 ; Wang *et al.*, 2011), la Sequence-Related Amplified Polymorphisms (SRAPs) (Alghamdi *et al.*, 2012b), le Single Nucleotide Polymorphism (SNP) (Kaur *et al.*, 2014 ; Mulugeta *et al.*, 2021) et le Simple Sequence Repeat (SSR) (Kaur *et al.*, 2012 ; Yang *et al.*, 2012 ; Yahia *et al.*, 2014 ; El-Esawi, 2017, Babay *et al.*, 2020). Les marqueurs SSR ont été largement appliqués à l'étude de la diversité et l'amélioration des plantes car ils sont hautement polymorphes et faciles à noter.

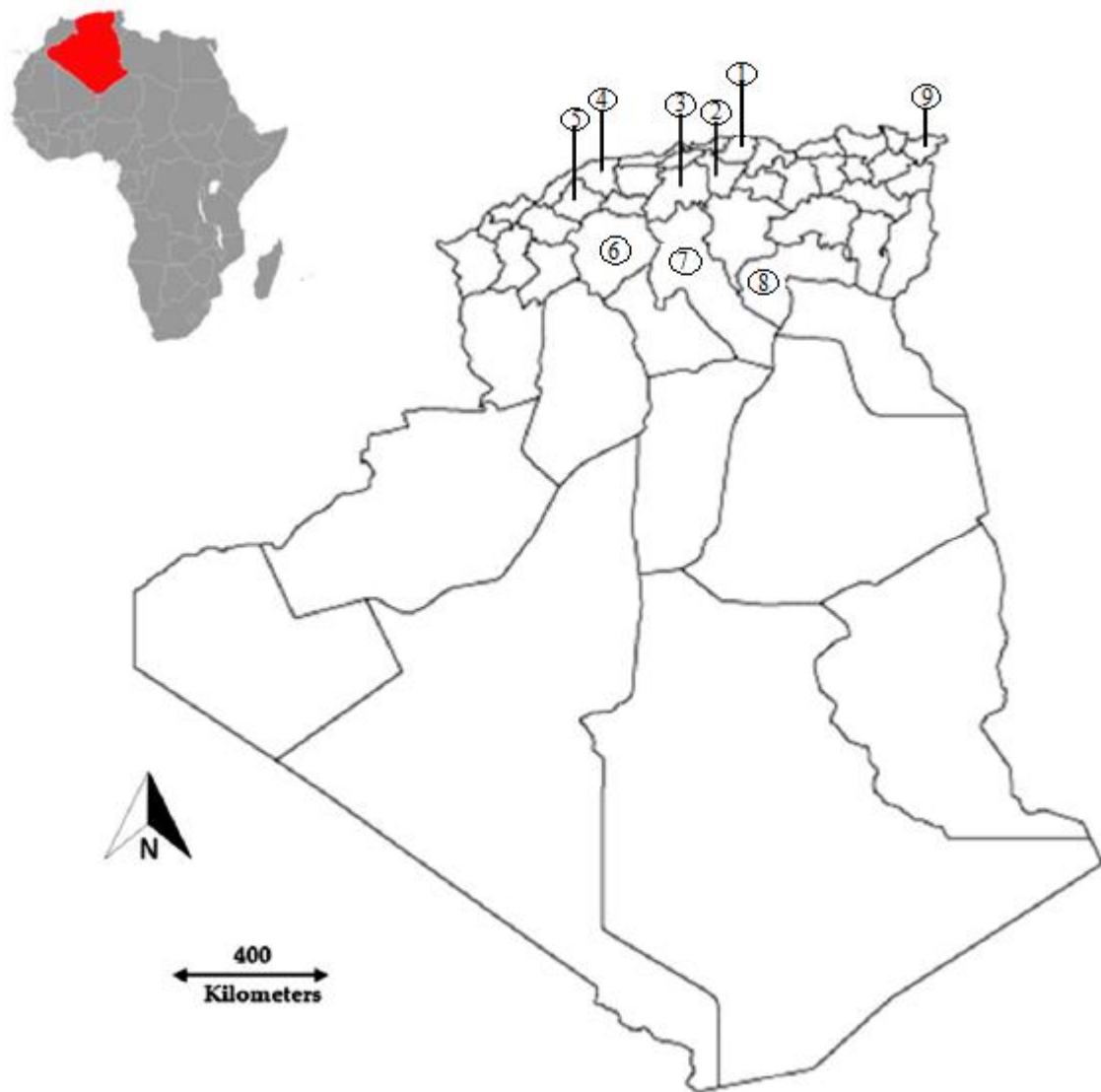
En Algérie, le nombre d'études consacrées à l'évaluation de la diversité génétique de la fève en Algérie par des marqueurs moléculaires reste limité. À notre connaissance aucune étude n'a été publiée sur l'évaluation de la diversité génétique des accessions locales de fève par des marqueurs moléculaire SSRs.

Ce travail a pour but d'évaluer la variabilité génétique et la relation entre quatorze accessions de *Vicia faba* var. major provenant de zones agro-écologiques différentes de l'Algérie en se basant sur une caractérisation agro-morphologique et moléculaire (SSR).

## **2. Matériel et méthodes**

### **2.1. Matériel végétal**

Les graines de quatorze (14) accessions locales de fève (*Vicia faba* L.) collectées dans plusieurs régions d'Algérie au cours des années 2013, 2014 et 2015 (tableau 13) sont utilisées. La collecte a été réalisée dans neuf wilayas algériennes à savoir Biskra, Bouira, Chlef, Djelfa, Médéa, Relizane, Tarf, Tiaret et Tizi Ouzou (figure 49).



**Figure 49.** Carte de l'Algérie représentant les sites d'origine des accessions de fève (*Vicia faba* L.); 1: Tizi Ouzou ; 2: Bouira; 3: Médéa ; 4: Chlef; 5: Relizane; 6: Tiaret ; 7: Djelfa ; 8: Biskra ; 9: Tarf.

**Tableau 13.** Localisation géographique de 14 accessions locales de fève (*Vicia faba* L.) en Algérie.

Accession	Origine géographique	Climat	Classe botanique
VF A1	Biskra (Sidi okba)	Climat du désert, sec et chaud	Major
VF A2	Bouira (Ain bessam)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A3	Bouira (Guerrouma)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A4	Chlef (Bouzghaia)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A5	Chlef (Abou el hassene)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A6	Chlef (Tadjena)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A8	Djelfa (Ain oussara)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A9	Relizane (El guettar)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A10	Tiaret (Sebaine)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A11	Médéa (El Aissaouia)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A12	Médéa (Beni Slimane)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A13	Tizi Ouzou (Ain el hammam)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A14	Tizi Ouzou (Ouaguenoun)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major
VF A15	Tarf (Ain el karma)	Climat méditerranéen avec étés chauds	Major

## 2.2. Caractérisation agro-morphologique

### 2.2.1. Présentation de la zone d'étude

L'essai a été conduit de décembre 2015 à mai 2016 sur une parcelle en plein champ à la station expérimentale de l'École Nationale Supérieure d'Agronomie (El Harrach-Alger) dans le Nord de l'Algérie, située à 38 m d'altitude et à 36°43' de latitude Nord et 3°09' de longitude Ouest (figure 50). Ce site expérimental, situé à un étage bioclimatique subhumide, est caractérisé par un climat de type méditerranéen, avec des hivers pluvieux et humides et des étés chauds et secs. Les précipitations annuelles varient de 570 à 700 mm avec un maximum enregistré pendant l'hiver au mois de décembre. Pendant la période humide, les vents de nord-ouest prévalent, alors que durant la période sèche les vents de l'est et parfois ceux du sud sont les plus dominants.



**Figure 50.** Image satellite de la localisation de site expérimental à l'ENSA

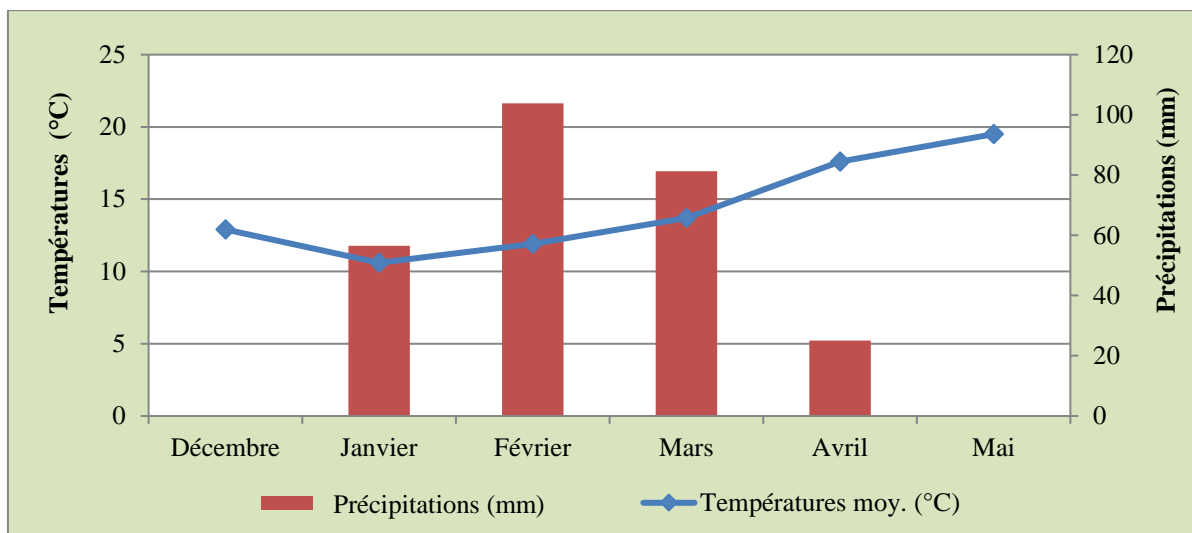
Le développement d'un végétal et l'apparition de ses différents stades de croissance est fortement liés aux conditions climatiques. Pour cela, un suivi régulier des données climatiques a été réalisé par la station météorologique de l'ENSA. Les principales données qui ont caractérisées la campagne d'étude sont rapportées dans le tableau 14 et représentées dans un diagramme climatique (figure 51).

D'après ces relevées climatiques (tableau 14), la phase végétative de la culture de la fève a coïncidé avec les mois les plus pluvieux (Janvier, Février et Mars) avec une pluviométrie maximale de 103,8 mm durant le mois de Février et des températures minimales de 10,6 °C enregistrées durant le mois de Janvier, correspondant ainsi au mois le plus froid. Au cours de la phase reproductrice et de développement de la graine, une diminution importante de la pluviométrie a été enregistrée avec une élévation considérable de la température mensuelle moyenne arrivant à 19,5 °C durant le mois de Mai.

**Tableau 14.** Données climatiques (Précipitations, températures et humidité) pour la campagne 2015-2016

Mois	Précipitations mensuelles (mm)	Température de l'air (°C)	Humidité relative (%)
Décembre	0	12,9	82,4
Janvier	56,5	10,6	85,8
Février	103,8	11,9	85,4
Mars	81,3	13,7	83
Avril	25	17,6	79,3
Mai	0	19,5	68,3

Source : Station météorologique de l'ENSA (2017)



**Figure 51.** Précipitations et températures moyennes par mois de la campagne 2015-2016.

Selon les résultats des analyses physico-chimiques du sol, la parcelle destinée à l'essai est caractérisée par un sol de texture limono-argileuse, non calcaire (2%), riche en matière organique mais très pauvre en phosphore (0,06 ppm) (tableau 1, annexe 3).

### 2.2.2. Dispositif expérimental et conduite de l'essai

Le dispositif expérimental adopté est un bloc aléatoire complet avec trois répétitions. La distance entre les blocs est de 1 m. Les accessions de fève sont réparties dans des parcelles élémentaires de 1m x 0,5 m séparées les unes des autres par une allée de 1m. Au niveau de chaque parcelle élémentaire et sur une ligne d'un mètre, 10 graines de fève sont semées.

Avant le semis, un labour profond a été réalisé à l'aide d'une charrue à disque à une profondeur d'environ 25 cm, suivi de plusieurs passages croisés de cover crop afin d'obtenir un bon lit de semences. Un apport en engrais composé d'urée à 46 % à raison de 20 U/ha et d'Agriphos (engrais phospho-potassique) (0-20-25) à raison de 80 U/ha de phosphore et 100 U/ha de potassium a été effectué. Les semences sont scarifiées à l'aide d'une lime, puis semées manuellement le 29 décembre 2015.

Pour l'entretien de l'essai, un désherbage chimique a été effectué entre les parcelles élémentaires à l'aide d'un herbicide total (Glyphosate) à raison de 0,15 l/ha, complété par un désherbage manuel à l'intérieur et entre les lignes cultivées à chaque fois qu'il y a apparition de mauvaises herbes. Pour la prévention et le traitement contre les ravageurs et les maladies, trois traitements phytosanitaires ont été appliqués : un limacide (Métaldéhyde 15 kg/ha) contre

les limaces, un insecticide (Pychlorex 1,77 l/ha) contre les pucerons et un fongicide (Occidor 1l/ha) contre la rouille. L'essai a été conduit en régime pluvial sans aucun recours à l'irrigation.

La récolte a été réalisée manuellement lorsque 75 % des gousses de chaque parcelle élémentaire sont arrivées au stade maturité. Le dégoussage de chaque accession s'est fait manuellement et séparément. Les semences ont été mises dans des sachets en papier krafts étiquetés et conservés dans la chambre froide.

### 2.2.3. Caractères étudiés

Pour la caractérisation agro-morphologique des accessions locales de fève, les traits quantitatifs sélectionnés sont décrits par les descripteurs de la fève de l'IBPGR-ICARDA (1985) « Faba Bean Descriptors » et le manuel de UPOV (2003). Les dix (10) traits mesurés sont les caractères les plus couramment utilisés pour l'évaluation agro-morphologique des populations locales de fève (tableau 15). Les mesures et les observations des accessions ont été faites sur 10 plantes, préalablement marquées dans chaque parcelle élémentaire. La caractérisation des gousses et des graines de chaque accession a été réalisée sur un échantillon de 10 gousses/bloc pris au hasard pour chaque accession.

**Tableau 15.** Description des 10 caractères morphologiques utilisés pour l'analyse de 14 accessions locales de fève (*Vicia faba* L.).

Code	Description	Période d'observation	Unité
DF	Nombre de jours du semis jusqu'à 50 % de floraison	Floraison	Jour
FS	Nombre de jours du semis jusqu'à la nouaison	Stade reproductif	Jour
NF	Nombre de fleurs par racème	Floraison	Nombre
PLH	Hauteur des plantes	Stade reproductif	Cm
NPPL	Nombre de gousses par plante	Stade reproductif	Nombre
PL	Longueur de la gousse	Après la récolte	Cm
NSP	Nombre de graines par gousse	Après la récolte	Nombre
LS	Longueur des graines	Après la récolte	Cm
WS	Largeur des graines	Après la récolte	Cm
SW	Poids de 100 graines	Après la récolte	G

### **2.3. Caractérisation moléculaire**

#### **2.3.1. Extraction de l'ADN génomique**

Les graines des accessions collectées ont été semées dans des pots contenant du sol fertile et humide composé d'un mélange de perlite, de sable et de tourbe dans un ratio de 1 : 1 : 2 respectivement. Les pots sont par la suite placés dans une serre phytotronique où la température, la photopériode et l'humidité sont contrôlées. La longueur du jour a été fixée à 16 h, moyennant un éclairage artificiel (6000 lux) (figure 1, annexe 3).

L'ADN a été extrait à partir de jeunes feuilles de plantes de *Vicia faba* âgées de 20 jours selon le protocole de Tanksley (Fulton *et al.*, 1995) dont la micro-préparation a été modifiée en 2007 par NIAB (National Institute of Agricultural Botany, Cambridge, UK) (tableau 2, annexe 3). Ce protocole nécessite une préparation instantanée du tampon d'extraction (micro-préparation) qui doit être placé dans une étuve à 65 °C pendant 15 min avant son utilisation, afin de réduire la viscosité du mélange.

Pour chaque plante, un échantillon d'environ 100 mg de tissu de jeunes feuilles fraîches ont été prélevés et congelés dans de l'azote liquide. Les échantillons sont mis un à un dans des tubes Eppendorfs de 2 ml de volume. Ces tubes sont placés par la suite dans un broyeur automatique ou homogénéiseur (Fast Prep®24, MP Biomedicals, Ohio, USA) en présence de trois billes en céramiques déposées au fond de chaque tube (figure 2, annexe 3).

Dans chaque tube, 600 µl de la micro-préparation d'extraction d'ADN (tableau 2, annexe 3), préalablement chauffée à 65°C, ont été ajoutés. Le mélange feuilles broyées – tampon est légèrement mélangé puis incubé à 65°C pendant 45 min avec une agitation par inversion toutes les 15 à 20 min (figure 2, annexe 3). Les échantillons sont placés dans un réfrigérateur à 4°C pendant 15 min pour leur refroidissement. Cette étape sert à la lyse membranaire, l'inactivation de l'ADN ase et la dénaturation des protéines.

Un volume de 500 µl de chloroforme/alcool iso-amylique (24 : 1) a été ajouté pour la déprotéinisation et l'élimination des débris cellulaires tout en agitant soigneusement les tubes (2 à 5 fois) avant la centrifugation réfrigérée à 13000 tr/min pendant 10 min. La phase supérieure (environ 400 µl du surnageant) contenant l'ADN est soigneusement prélevée, tout en évitant d'atteindre les débris cellulaires de l'interface, puis transvasée dans un nouveau tube Eppendorf de 1,5 ml de volume (figure 2, annexe 3).

Sous hotte à flux laminaire, un volume d'isopropanol glacé (400 µl) égale au surnageant a été ajouté pour faire précipiter l'ADN. Les tubes sont agités doucement jusqu'à l'homogénéisation de la solution avec l'isopropanol puis mis à -20 °C pendant 1h. Ils sont ensuite centrifugés à 13000 tr/min pendant 5 min. L'isopropanol est aspiré délicatement à l'aide d'une micropipette. Le culot d'ADN est lavé avec 500 µl d'éthanol 70 % puis centrifugé pendant 5 min à 10000 tr/min à 4°C pour faire précipiter l'ADN de nouveau (figure 2, annexe 3). Cette phase est réalisée afin de purifier l'ADN et éliminer toutes les impuretés.

Après l'élimination de l'éthanol et le séchage des tubes Eppendorf à l'aire libre (10 à 15 min) (figure 2, annexe 3), l'ADN est enfin dissout dans 100 µl de tampon TE (Tris HCl, 10 mM pH 8, EDTA 1 mM pH 8). Les tubes de l'ADN extrait sont placés à 4 °C pendant 24 h pour dissoudre l'ADN puis stockés à -20°C jusqu'à leur utilisation.

### **2.3.2. Qualité et quantification d'ADN**

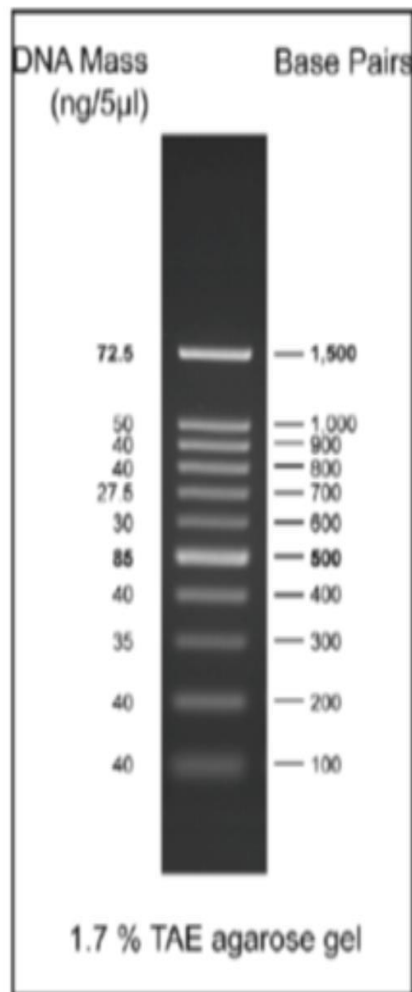
L'évaluation de la quantité et la qualité de l'ADN extrait est très utile. Elle permet d'estimer le rendement en ADN extrait qui peut varier d'un individu à l'autre. La quantification de l'ADN permet de standardiser la quantité d'ADN utilisée pour chaque réaction PCR et d'éviter de possible influences sur les résultats obtenus.

Deux méthodes peuvent être utilisées, la spectrophotométrie ou l'électrophorèse sur gel d'agarose. Dans ce travail, la méthodologie utilisée à cette fin est l'électrophorèse sur gel d'agarose 1%, coloré en Bromure d'Ethidium (BET) et visualisé aux UV. L'intensité de la fluorescence émise par les molécules de BET, intercalées entre les bases de l'ADN, est proportionnelle à la quantité de ce dernier. Le marqueur de taille *Lambda* DNA/*EcoRI*+*Hind III* (figure 52) a servi de référence pour la quantification de l'ADN extrait, par la comparaison visuelle de l'inflorescence émise par la bande d'ADN de l'échantillon avec celle du marqueur de taille.

- ***Protocole de quantification d'ADN***

Pour la préparation du gel, 1g d'agarose est dilué dans 100 ml de TBE (0,5X). Le mélange est porté à ébullition dans un micro-onde. Après dissolution total de l'agarose et refroidissement du mélange à 55 °C, une goutte de Bromure d'Ethidium (BET) est ajoutée. Le gel est par la suite coulé dans le moule où les peignes qui forment les puits sont déjà placés. Une fois que le gel est solidifié, les peignes formant les puits sont retirés délicatement. Enfin,

le gel est placé dans la cuve d'électrophorèse remplie d'environ 250 ml de TBE (0,5X) jusqu'à ce que le gel soit bien recouvert.



**Figure 52.** Marqueur de poids moléculaire *Lambda* DNA/*EcoRI*+*Hind III* utilisé comme référence pour la quantification de l'ADN.

Après la préparation du gel pour la quantification de l'ADN, le marqueur de taille *Lambda* DNA/*EcoRI*+*Hind III* est déposé dans le premier et le dernier puit du gel. Pour chaque échantillon, une solution de 3µl de colorant de charge (bleu de bromophénol) et 4 µl d'ADN et 8 µl d'eau stérile sont chargés dans chaque puit à l'aide d'une micropipette. La migration se fait en présence du tampon TBE (0.5X) pendant 40 min sous une tension de 100 Volt. Les gels ont été photographiés dans un transilluminateur de type Vilber Lourmat.

La concentration de l'ADN pour chaque échantillon quantifié a été diluée à 20 ng/µl. L'ensemble des échantillons de l'ADN dilué sont par la suite conservés à -20 °C jusqu'à leur utilisation.

### 2.3.3. Analyse par les marqueurs SSR's

L'analyse par marqueurs SSR's est une technique basée essentiellement sur la réaction de polymérisation en chaîne (PCR). Cette dernière permet, à l'aide d'un thermo-cycler, l'amplification de fragments spécifiques d'ADN. Les amorces nécessaires à l'amplification du fragment sont choisies dans des zones conservées de part et d'autre de celui-ci et le principe de l'amplification par PCR consiste, en fait, à la répétition de phases d'élongation à partir des amorces à l'aide d'une ADN polymérase (Saiki *et al.*, 1988).

#### 2.3.3.1. Optimisation des conditions d'amplification

Pour adapter les conditions d'amplification à la fève (*Vicia faba* L.), une mise au point de la réaction PCR a été réalisée par l'optimisation de ses différents paramètres.

- ***Concentrations des composants du milieu réactionnel***

Les concentrations testées pour les composants du milieu réactionnel ont été de 15, 20, 25, 50 et 75 (ng) pour l'ADN extrait, 1, 1,5 et 2 (mM) pour le MgCl<sub>2</sub>, 0,2, 0,4 et 0,8 (µM) pour les amorces et enfin 1 et 2 (unités) pour la Taq ADN-polymérase. L'essai d'optimisation s'est réalisé sur 3 échantillons d'ADN avec les amorces VFG34 et GAI167 dans un volume final de 25 µl. Le choix de la concentration optimale est fait après comparaison de la qualité des bandes générées par amplification et après migration sur gel d'agarose à 3 %.

- ***Programme d'amplification***

Deux programmes d'amplification, trouvés dans la littérature sur *Vicia faba* L., ont été testés. Le premier programme établi par Pozarkova *et al.* (2002) comporte une phase de dénaturation initial à 95 °C pendant 4 min suivie d'une phase de 30 cycles d'amplification avec une dénaturation à 95 °C pendant 45 S, une hybridation à 50 °C pendant 60 S et une extension à 72 °C pendant 60 S et au final, une phase d'élongation à 72 °C pendant 7 min. Le deuxième programme testé est celui de Gong *et al.* (2011) avec une modification dans le temps de la phase d'élongation. Le cycle modifié est composé d'une phase de dénaturation initial à 94 °C pendant 5 min suivie d'une phase de 30 cycles d'amplification (dénaturation à 94 °C pendant 25 S, une hybridation à TA°C (Température Amorce) pendant 25 s et une extension à 72 °C pendant 60 s), et une phase d'élongation à 72 °C pendant 5 min (tableau 3, annexe 3).

- **Sélection des amorces**

La sélection des amorces s'est faite sur la base des produits amplifiés chez la fève (*Vicia faba* L.). Au total onze amorces SSR ont été choisies et testées parmi celles sélectionnées par Pozarkova *et al.* (2002), Zeid *et al.* (2009) et Gong *et al.* (2011) (tableau 16).

**Tableau 16.** Liste des séquences d'amorces SSR sélectionnées

Amorces	Motif	Source
P27	(CGA) <sub>6</sub>	Gong <i>et al.</i> , (2011)
VFG34	(AAT) <sub>5</sub>	Zeid <i>et al.</i> , (2009)
GAI167	(CT) <sub>18</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
GAI168	(CT) <sub>2</sub> TT(CT) <sub>19</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
GATA2	(GA) <sub>3</sub> (GATA) <sub>4</sub> (GA) <sub>4</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
GATA11	(CT) <sub>5</sub> (CTAT) <sub>4</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
SM11	(GAA) <sub>5</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
JF1AG3	(GAA) <sub>5</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
JF1AAC2	(GAA) <sub>5</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
JF1AG2	(GAA) <sub>5</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)
GA6	(GA) <sub>2</sub> GT(GA) <sub>8</sub> TA(GA) <sub>6</sub>	Pozarkova <i>et al.</i> (2002)

### 2.3.3.2. Révélation des amplifiât par électrophorèse sur gel d'agarose

Les produits d'amplification obtenus après PCR ont été séparés par électrophorèse sur gel d'agarose à 3 % (3g d'agarose, 100 ml de tampon TBE 1X (Tris base 0,45 M, Acide borique 0,45M et EDTA0,5 mM) et colorés avec 5 µl de BET.

- **Protocole de préparation de gel d'agarose 3 %**

Pour la préparation du gel, 3 g d'agarose sont pesés puis dissout dans 100 ml de TBE (1X). La préparation est chauffée au four micro-onde jusqu'à ébullition en agitant de temps à autre pour homogénéiser le mélange. Après solubilisation totale, le mélange est refroidi jusqu'à atteindre environ 60 °C. Le gel est coulé lentement dans une cuve horizontale dans laquelle sont placées les peignes qui forment les puits. Après solidification, on retire les peignes. Le gel est prêt pour le dépôt des échantillons.

Environ 12 µl du produit de la PCR ont été chargés dans chaque puit. La migration des fragments d'ADN est réalisée à 100 Volts, pendant 1 heure.

Après le trempage du gel dans un bain de BET (Bromure d'Ethidium), l'observation des bandes générées par la PCR s'est faite sous UV par un transilluminateur « Vilber Lourmat ». La prise de photos ainsi que l'estimation de la taille des bandes amplifiées ont été assurées grâce au marqueur du poids moléculaire 100 Pb DNA step Ladder de Promega (Promega Inc., Madison, WI, USA). L'utilisation du logiciel biofusion V.18 (Vilber Lourmat) a permis d'analyser les différents profils électrophorétiques obtenus suite aux différentes amplifications de l'ADN des accessions de *Vicia faba* L. étudiées moyennant les onze marqueurs SSRs utilisés.

## **2.4. Analyse de données**

### **2.4.1. Données agro-morphologiques**

Pour les dix caractères agro-morphologiques mesurés, une analyse statistique descriptive a été réalisée par le calcul de la moyenne, du coefficient de variation (CV %) et de l'écart type afin d'étudier la distribution des différentes variables entre et à l'intérieur des accessions étudiées. L'analyse a été réalisée en utilisant le logiciel SPSS 25.0 (IBM Corp., Armonk, NY, USA).

Une analyse de la variance ANOVA a été effectuée afin de déterminer la variabilité entre et à l'intérieur des accessions. Les moyennes ont été comparées et les groupes homogènes ont été déterminés (Test de Newman-Keuls à  $p < 0,05$ ), lorsque la différence entre les accessions pour un caractère donné est révélée significative, en utilisant le même logiciel.

Le test de corrélation de Pearson a été réalisé afin d'estimer les corrélations entre paires de caractères au seuil de 5 %. La matrice de corrélation de Pearson a été élaborée sur la base de la moyenne de 10 caractères quantitatifs mesurés.

L'analyse de clusters a été réalisée à l'aide de la distance euclidienne et la méthode de Ward en utilisant la fonction hclust à l'aide de logiciel R v.3.4.3 (R Core-Team, 2020). Cette analyse permet de classer les accessions en groupes homogènes. L'analyse en composantes principales (ACP) appliquée aux variables ayant montré une différence significative entre les accessions suite à l'analyse de la variance, a été réalisée en utilisant le paquet facto extra basé sur le paquet ggplot2 (Wickham, 2009), en utilisant le même logiciel. L'ACP permet d'identifier les traits qui différencient d'une manière efficace les accessions étudiées.

#### **2.4.2. Données moléculaires**

Pour l'analyse de la diversité génétique des 14 accessions de fève par les sept marqueurs SSR, des paramètres génétiques ont été déterminés à l'aide du logiciel GenAlex version 6.5 (Peakall et Smouse, 2006). Il s'agit du nombre d'allèles par locus ( $N_a$ ), du nombre effectif d'allèles ( $N_e$ ), de l'indice de diversité génétique de Nei ( $H_e$ ), de l'indice de diversité de Shannon ( $I$ ) et du coefficient de consanguinité ( $F$ ).

Le logiciel GDA (Lewis et Zaykin, 2002) a été utilisé pour déterminer les allèles privés et le logiciel Cervus v. 3.0.7 (Copyright Tristan Marshal, Field Genetic, Ltd) pour estimer le contenu d'information polymorphique (PIC) pour chaque locus SSR. Le logiciel Arlequin v.3 a également été utilisé pour effectuer une AMOVA (analyse de la variance moléculaire) (Excoffier *et al.*, 1992) pour analyser la variation génétique entre et au sein des individus. Cette méthode analytique fondée sur le principe d'une analyse de la variance (ANOVA) permet d'analyser la structure et la distribution de la diversité génétique à différents niveaux hiérarchiques et de quantifier le niveau de différenciation génétique intra et interpopulations.

Un dendrogramme a été construit sur la base de la matrice des distances génétiques entre paires d'accessions (Nei et Li, 1979) avec la méthode de groupement du lien moyen (UPGMA) (Sneath et Sokal, 1973) à l'aide du logiciel MEGA version X (Kumar *et al.*, 2018), afin de visualiser graphiquement les distances génétiques entre les accessions.

Les relations génétiques entre les 14 accessions de fève ont été étudiées sur la base des distances génétiques  $F_{st}$  par l'analyse en coordonnées principales (PCoA) à l'aide du logiciel GenAlEx6 software version 6.5 (Peakall et Smouse., 2006). Cette analyse permet de produire une représentation géométrique des mesures de similarité entre unités afin de mieux comprendre la répartition de la diversité. Les résultats de cette analyse sont visualisés sur la base des deux premiers axes des coordonnées (PCoA) et confirment ou infirment les résultats de l'analyse du dendrogramme.

#### **2.4.3. Corrélation entre la caractérisation agro-morphologique et moléculaire**

La corrélation entre la matrice des distances Euclidiennes obtenue avec les données morphologiques et celle des distances génétiques de Nei et Li (1979) obtenue avec les marqueurs SSR a été réalisée par le test de Mantel (1967) avec 1000 permutations en utilisant le package ade4 avec la fonction Mantel.rtest du logiciel R software v.3.4.3.

### 3. Résultats et interprétation

#### 3.1. Caractérisation agro-morphologique

##### 3.1.1. Analyse de la variance et comparaison des moyennes

Une caractérisation agro-morphologique a été faite afin de comparer les quatorze accessions de fève collectées en Algérie. Le résultat des statistiques descriptives (moyenne, écart-type et coefficient de variation) et de l'analyse de la variance sont résumés dans le tableau 17 et tableau 1 (annexe 4).

L'ANOVA a révélé un effet de bloc non significatif pour tous les traits, à l'exception de NF. Une différence hautement significative ( $p < 0,01$ ) entre les accessions a été notée pour le NPPL et très hautement significative pour tous les autres caractères étudiés ( $p < 0,001$ ).

Une comparaison des moyennes des accessions collectées, basée sur le test de Newman-Keuls ( $p < 0,05$ ), a été réalisée pour chaque caractère agro-morphologique dont la variance montre un effet accession significatif. Sur la base de ces moyennes, des histogrammes ont été élaborés.

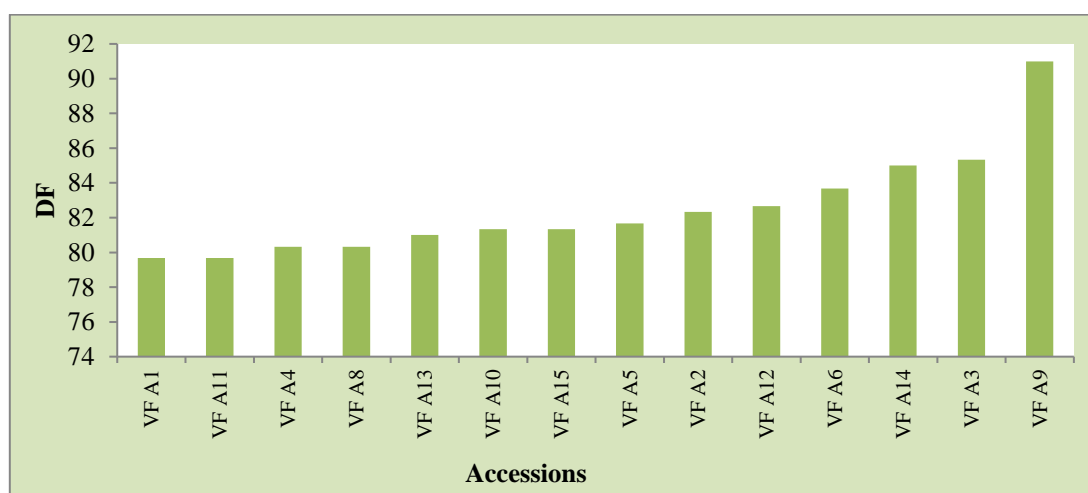
Les valeurs du coefficient de variation (CV%) ont varié de 44,57 % (NPPL) à 2,20 % (FS). Ces valeurs ont permis de mettre en évidence une grande variation phénotypique pour les caractères NPPL, NF, PL et NSP, et une faible variation pour SW, FS et DF dans la collection de fève étudiée.

Pour les caractères phénologiques, le test de Newman Keuls a permis de classer les quatorze accessions en 6 groupes homogènes pour la pleine floraison (DF), dont le groupe le plus précoce est constitué des accessions VF A1, VF A11, VF A4 et VF A8 avec une floraison de 79,67 à 80,33 jours, et le groupe le plus tardif par l'accession VF A9 avec une floraison de 91 jours (tableau 17, figure 53). Pour la précocité à la nouaison (FS), le classement des moyennes a permis de dégager 4 groupes homogènes avec VF A1, VF A4 et VF A8 qui forment le groupe des accessions les plus précoces avec une nouaison de 98,97, 99,33 et 100 jours respectivement et les accessions VF A12, VF A13, VF A3 et VF A9 qui constituent le groupe le plus tardif avec une nouaison de 107,33 à 108 jours (tableau 17, figure 54).

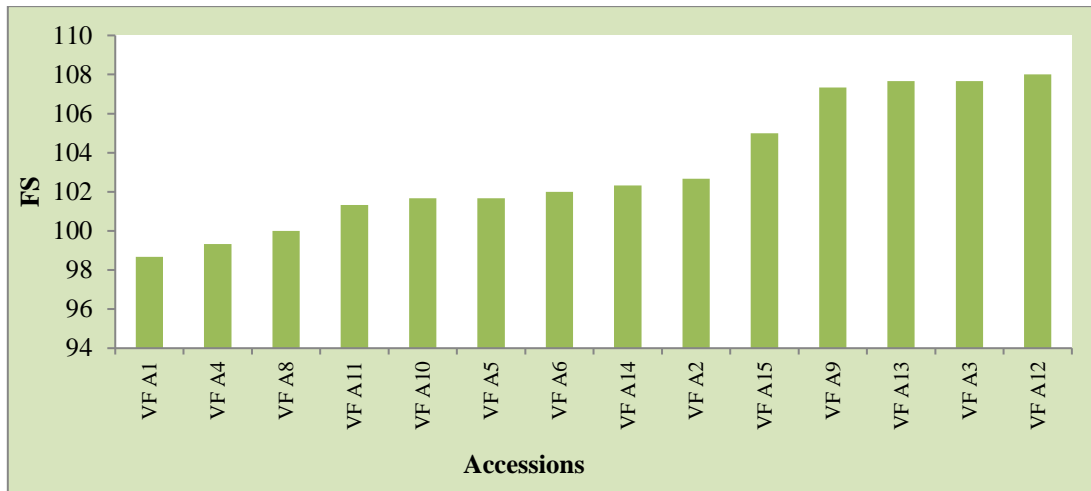
La hauteur des plantes (PLH) a varié de 68,12 (VF A15) à 90,12 cm (VF A3) avec une moyenne de 81,36 cm. Le classement des moyennes a fait ressortir 10 groupes homogènes (tableau 17, figure 56). Pour la longueur de la gousse, le test de NewmanKeuls a montré que les accessions sont distribuées sur 7 groupes. Le groupe avec les gousses les plus longues est

constitué par l'accession VF A9 (16,60 cm) et le groupe avec les gousses les plus courtes est composé par les accessions VF A5, VF A6, VF A15 et VF A13 avec des gousses de 10,69 à 11,32 cm de longueur (tableau 17, figure 58). En outre, les valeurs moyennes de la longueur et de la largeur des graines sont respectivement de 2,49 cm et de 1,72 cm. L'accession VF A15 a présenté la valeur la plus élevée en longueur et largeur des graines (2,95 cm et 2,04 cm, respectivement) et l'accession VF A5, la valeur la plus faible (2,04 cm et 1,39 cm, respectivement) (tableau 17, figure 60 et 61).

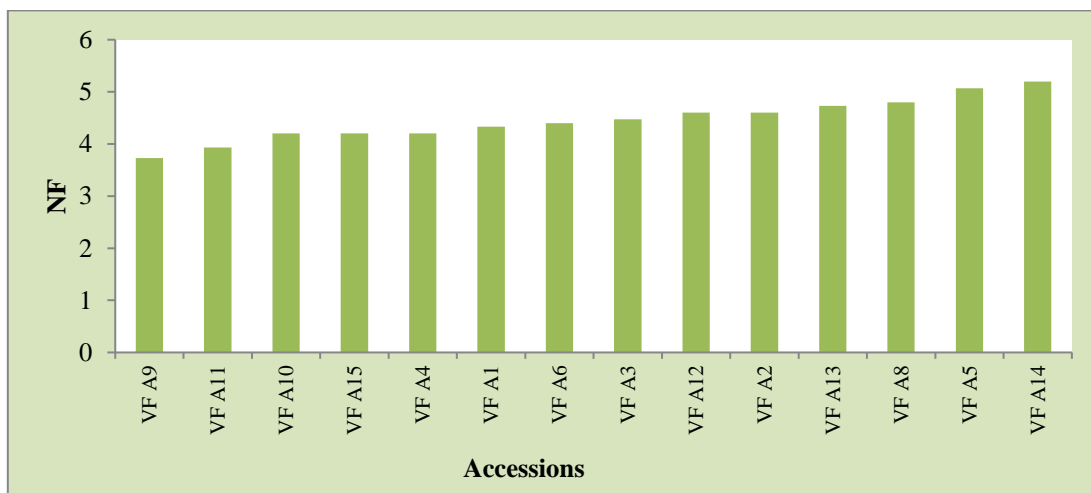
Pour les caractères agronomiques tels que le nombre de gousses par plant (NPPL) et le nombre de graines par gousse (NSP), le classement des moyennes a fait ressortir 8 groupes homogènes pour chaque caractère (tableau 17). Le groupe avec le nombre de gousses par plant le plus élevé est constitué par les accessions VF A5 et VF A15 avec 17,51 à 17,79 gousses par plant. Les accessions qui ont enregistré le NPPL le plus faible sont VF A4, VF A10, VF A1 et VF A8 avec un nombre de gousses par plant qui ne dépasse pas 6,97 (tableau 17, figure 57). Le nombre de graines par gousse le plus élevé a été enregistré par VF A2 (5,00) et VF A1 (4,83) et le nombre le plus faible par l'accession VF A15 (tableau 17, figure 59). Par ailleurs, les valeurs moyennes du poids de 100 graines (SW) ont permis de classer les accessions de fève collectées en 9 groupes homogènes. Les accessions VF A12 et VF A3 forment le groupe avec le SW le plus élevé (236,33 à 239,33 g) et l'accession VF A1 constitue le groupe avec le SW le plus faible (108,33 g) (tableau 17, figure 62).



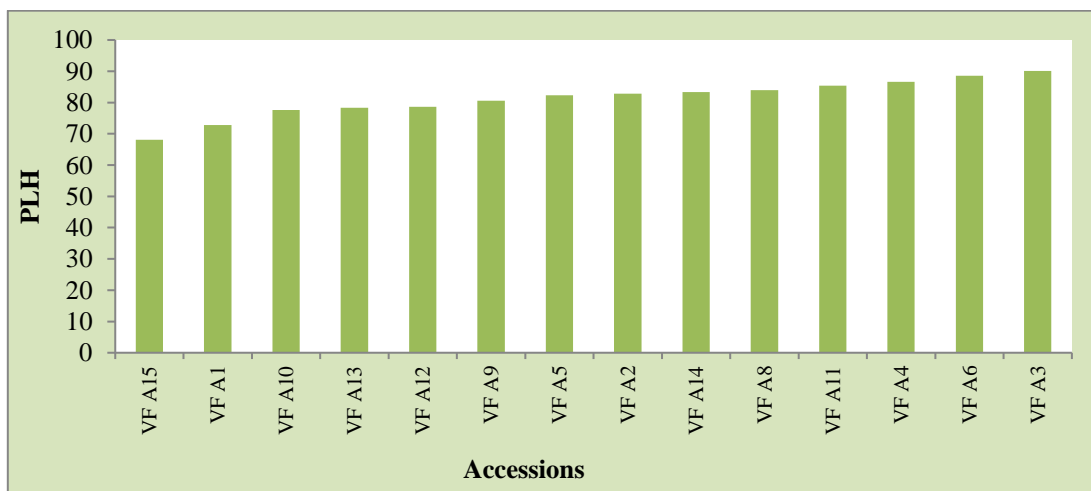
**Figure 53.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la pleine floraison des 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



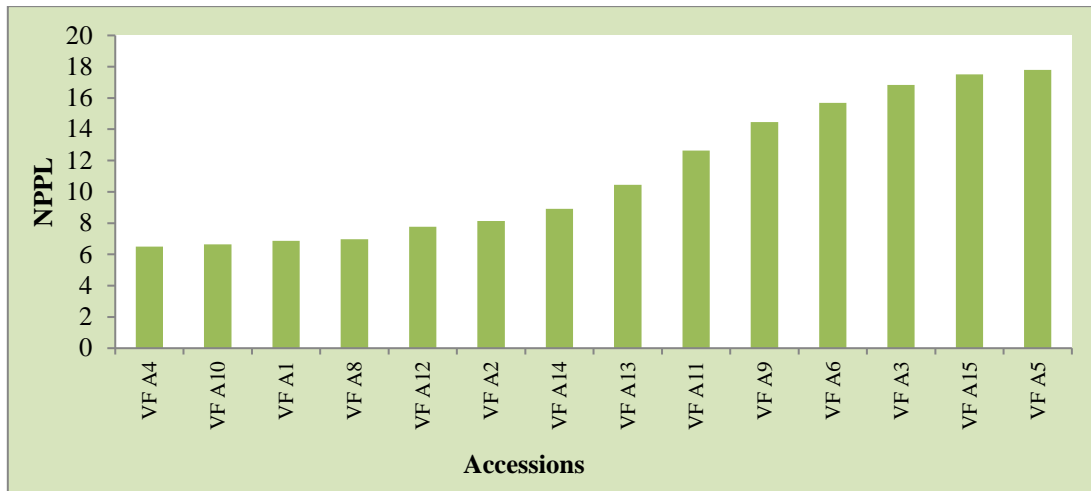
**Figure 54.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de jours à la formation de gousse de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



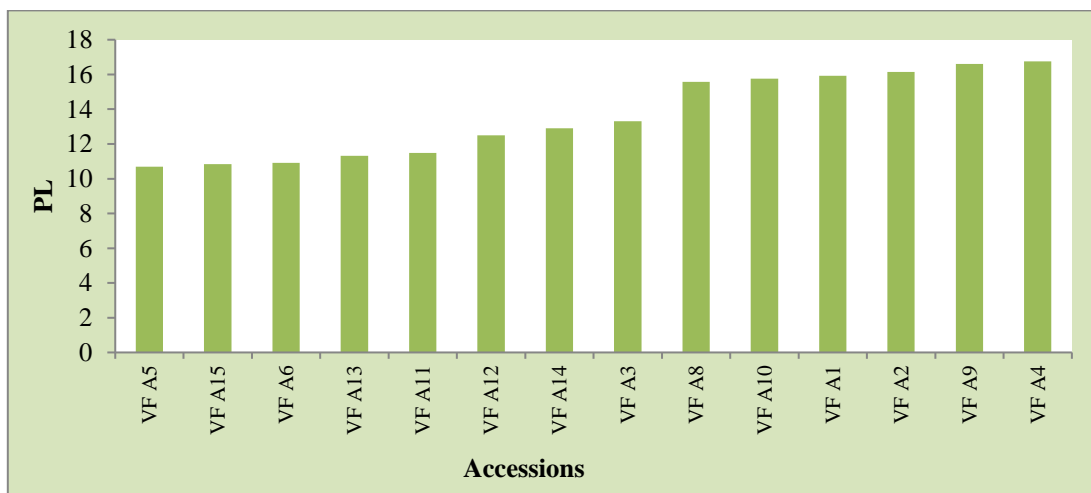
**Figure 55.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de fleurs par racème de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



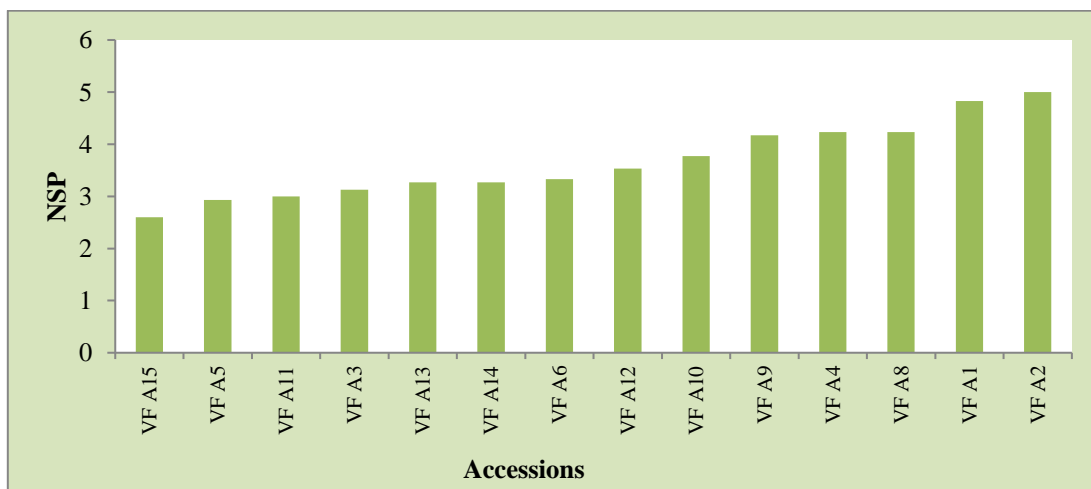
**Figure 56.** Histogramme représentant la moyenne de la hauteur des plantes de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



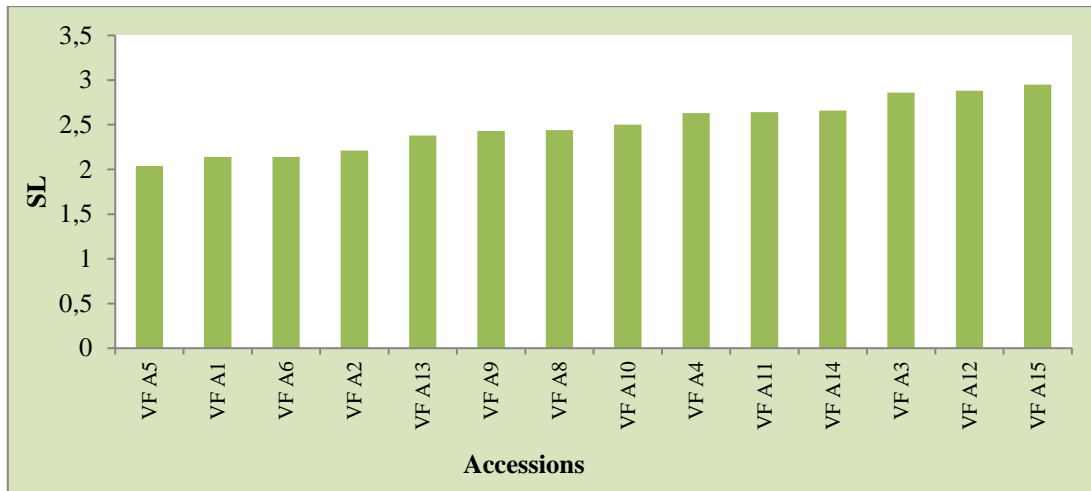
**Figure 57.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de gousses par plant de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



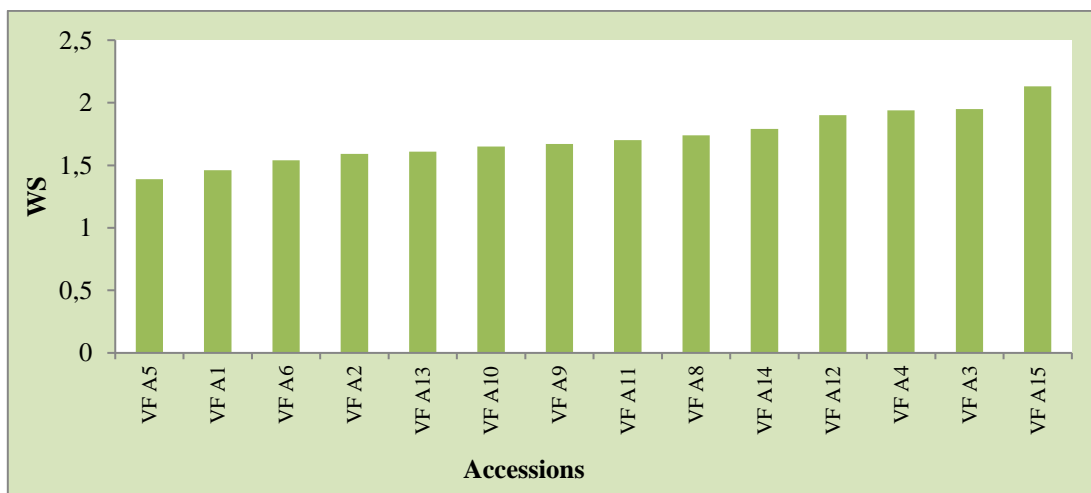
**Figure 58.** Histogramme représentant la moyenne de la longueur des gousses de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



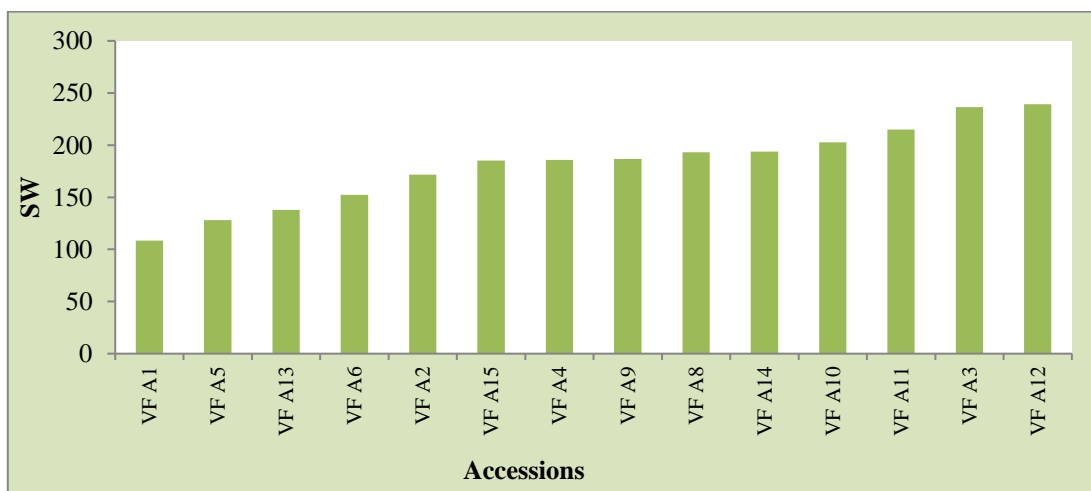
**Figure 59.** Histogramme représentant la moyenne du nombre de graines par gousse de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



**Figure 60.** Histogramme représentant la moyenne de la longueur de la graine de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



**Figure 61.** Histogramme représentant la moyenne de la largeur de la graine de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)



**Figure 62.** Histogramme représentant la moyenne du poids de cent graines de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)

**Tableau 17.** Résumé des paramètres statistiques de base (moyenne, écart-type et coefficient de variation) de 10 traits agro-morphologiques mesurés chez 14 accessions de fève algérienne.

ACC.	DF		FS		NF		PLH		NPPL		PL		NSP		SL		WS		SW	
	M	ET	M	ET	M	ET	M	ET	M	ET	M	ET	M	ET	M	ET	M	ET	M	ET
VF A1	<u>79,67</u>	1,15 a	<u>98,67</u>	1,15 a	4,33	0,90 bcd	72,85	8,51 ab	6,87	1,94 a	15,93	2,07 de	4,83	0,99 g	2,14	0,12 ab	1,46	0,12 b	<u>108,33</u>	1,53 a
VF A2	82,33	2,31 abc	102,67	2,31 ab	4,60	0,63 cde	82,79	8,06 cdef	8,14	2,95 ab	16,14	2,81 de	<u>5,00</u>	0,83 g	2,21	0,20 b	1,59	0,20 cd	171,67	7,64 d
VF A3	85,33	1,15 c	107,67	1,15 c	4,47	0,83 bcd	<u>90,12</u>	7,20 g	16,84	4,55 de	13,30	1,83 c	3,13	0,43 bc	2,86	0,17 f	1,95	0,17 i	236,33	3,21 h
VF A4	80,33	1,15 a	99,33	1,15 a	4,20	0,77 abc	86,58	13,76 efg	<u>6,50</u>	2,52 a	<u>16,75</u>	3,17 e	4,23	1,14 f	2,63	0,24 e	1,94	0,24 i	185,67	9,02 e
VF A5	81,67	1,53 abc	101,67	1,53 ab	5,07	0,96 ef	82,27	11,43 cde	<u>17,79</u>	4,12 e	<u>10,69</u>	1,31 a	2,93	0,69 ab	<u>2,04</u>	0,16 a	<u>1,39</u>	0,16 a	128,00	4,00 b
VF A6	83,67	2,52 abc	102,00	2,52 ab	4,40	0,83 bcd	88,53	14,18 fg	15,69	9,56 cde	10,91	0,84 a	3,33	0,84 bc	2,14	0,11 ab	1,54	0,11 c	152,33	8,74 c
VF A8	80,33	1,15 a	100,00	1,15 a	4,80	0,68 def	83,93	9,14 def	6,97	2,34 a	15,58	2,03 d	4,23	0,97 f	2,44	0,20 cd	1,74	0,20 gh	193,33	6,66 ef
VF A9	<u>91,00</u>	2,65 d	107,33	2,65 c	<u>3,73</u>	0,80 a	80,60	9,54 cde	14,45	13,77 bcde	16,60	3,51 de	4,17	0,83 ef	2,43	0,15 cd	1,67	0,15 efg	186,67	3,51 e
VF A10	81,33	2,52 abc	101,67	2,52 ab	4,20	0,77 abc	77,63	11,89 bc	6,63	1,37 a	15,75	2,41 de	3,77	1,04 de	2,50	0,21 d	1,65	0,21 def	202,67	5,86 f
VF A11	<u>79,67</u>	1,15 a	101,33	1,15 ab	3,93	0,80 ab	85,35	11,85 efg	12,64	6,61 abcd	11,49	1,66 ab	3,00	0,69 ab	2,64	0,29 e	1,70	0,29 fg	215,00	5,00 g
VF A12	82,67	1,53 abc	<u>108,00</u>	1,53 c	4,60	0,74 cde	78,65	7,81 bcd	7,77	4,41 ab	12,50	1,14 bc	3,53	0,68 cd	<u>2,88</u>	0,27 f	1,90	0,27 i	<u>239,33</u>	14,47 h
VF A13	81,00	2,00 ab	107,67	2,00 c	4,73	0,70 cdef	78,36	8,93 bcd	10,44	5,58 abcd	11,32	1,87 a	3,27	0,83 bc	2,38	0,21 c	1,61	0,21 cde	138,00	3,00 b
VF A14	85,00	6,00 bc	102,33	6,00 ab	<u>5,20</u>	1,32 f	83,37	9,01 cdef	8,92	3,28 abc	12,90	2,37 c	3,27	1,11 bc	2,66	0,26 e	1,79	0,26 h	193,67	3,51 ef
VF A15	81,33	2,52 abc	105,00	2,52 bc	4,20	0,77 abc	<u>68,12</u>	12,28 a	17,51	7,61 e	10,84	0,56 a	<u>2,60</u>	0,50 a	2,95	0,21 f	<u>2,13</u>	0,21 i	185,33	1,53 e
<b>Moyennes</b>	82,52		103,24		4,46		81,36		11,23		13,62		3,66		2,49		1,72		181,17	
<b>ET</b>	2,10		2,27		0,82		11,49		5,04		3,12		1,09		0,35		0,25		5,55	
<b>CV%</b>	2,54%		2,20%		18,45%		14,13%		44,57%		22,88%		29,89%		13,95%		14,39%		3,14%	
<b>Signification</b>	***		***		***		***		**		***		***		***		***		***	

ACC. Accessions ; M. Moyenne ; ET. Ecart type ; CV. Coefficient de variation. Les seuils de signification: \* =  $p < 0,05$  ; \*\* =  $0,001 < p < 0,01$  ; \*\*\* =  $p < 0,001$ .

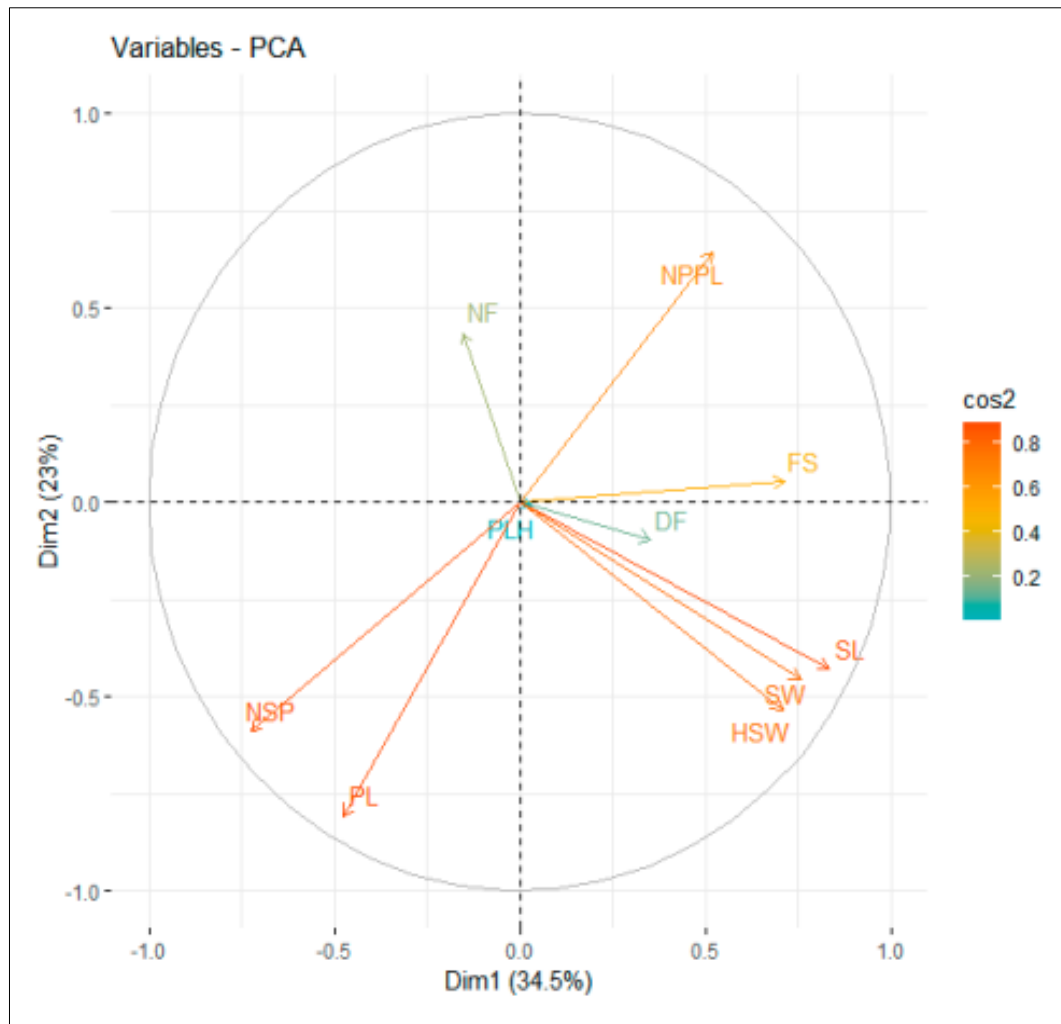
### **3.1.2. Analyse en composante principale (ACP) et classification ascendante hiérarchique (CAH)**

Une analyse en composantes principales (ACP) a été appliquée pour comprendre les sources de variance et pour regrouper les 14 accessions de fève en fonction de leur similarité sur la base des données des dix traits agro-morphologiques mesurés.

Seuls les trois premiers axes de l'ACP sont pris en compte, expliquant près de 72,7 % de la variabilité phénotypique totale entre les accessions de fève collectées (tableau 2, annexe 4). Le premier axe a absorbé 34,53 % de la variation globale avec une forte contribution positive des variables longueur de la graine (SL) (20,32 %), largeur de la graine (SW) (16,63 %), précocité à la formation de gousse (SF) (14,8 %) et poids de cent graines (14,52 %) (WS) et une contribution négative du nombre de graines par gousse (NSP) (15,13 %) (figure 63).

L'axe 2 qui a expliqué près de 22,96 % de la variation totale est associé positivement aux caractères longueur des gousses (PL) (28,61 %), nombre de graines par gousse (15,22 %) (NSP) et largeur de la graine (SW) (9,14 %), et corrélé négativement à la variable nombre de gousses par plant (NPPL) (7,75 %) (figure 63).

En outre, l'axe 3 (non représenté graphiquement) a absorbé près de 15,27 % de la variation totale avec l'association des variables précocité à la floraison (DF) (47,51 %) et longueur de la plante (PLH) (11,24 %) représentant 58,75 % de la variation totale de l'axe.



**Figure 63.** Projection graphique des 10 caractères agro morphologiques sur le plan formé par les deux premiers axes de l'ACP.

Le test de corrélation de Pearson entre les dix caractères agro-morphologiques étudiés des 14 accessions de fève collectées a montré une forte corrélation entre les variables mesurées (tableau 3, annexe 4). La précocité à la floraison a été positivement corrélée à la précocité à la nouaison ( $r = 0,565^*$ ). Le nombre de graines par gousse a été hautement et positivement corrélé avec la longueur de la gousse ( $r = 0,939^{**}$ ). Ces deux derniers caractères ont été positivement et hautement liés au poids de cent graines ( $r = 0,809^{**}$ ,  $r = 0,701^{**}$ , respectivement). Le nombre de gousses par plant a été négativement corrélé à la longueur de la gousse ( $r = -0,637^*$ ) et au nombre de graines par gousse ( $r = -0,678^{**}$ ).

La projection des points moyens des accessions algériennes de fève sur le plan défini par l'axe 1 et 2 de l'ACP a mis en évidence la diversité existante entre les 14 accessions locales de fève pour les 10 caractères agro-morphologiques étudiés (figure 64).

Le regroupement des accessions obéit à la similitude morphologique et à la performance agronomique. L'axe 1 a opposé les accessions les plus précoces à la nouaison avec des graines de grande taille et un poids de cent graines élevé (VF A3, VF A12 et VF A15) aux accessions avec un nombre de graines par gousse élevé (VF A1 et VF A2).

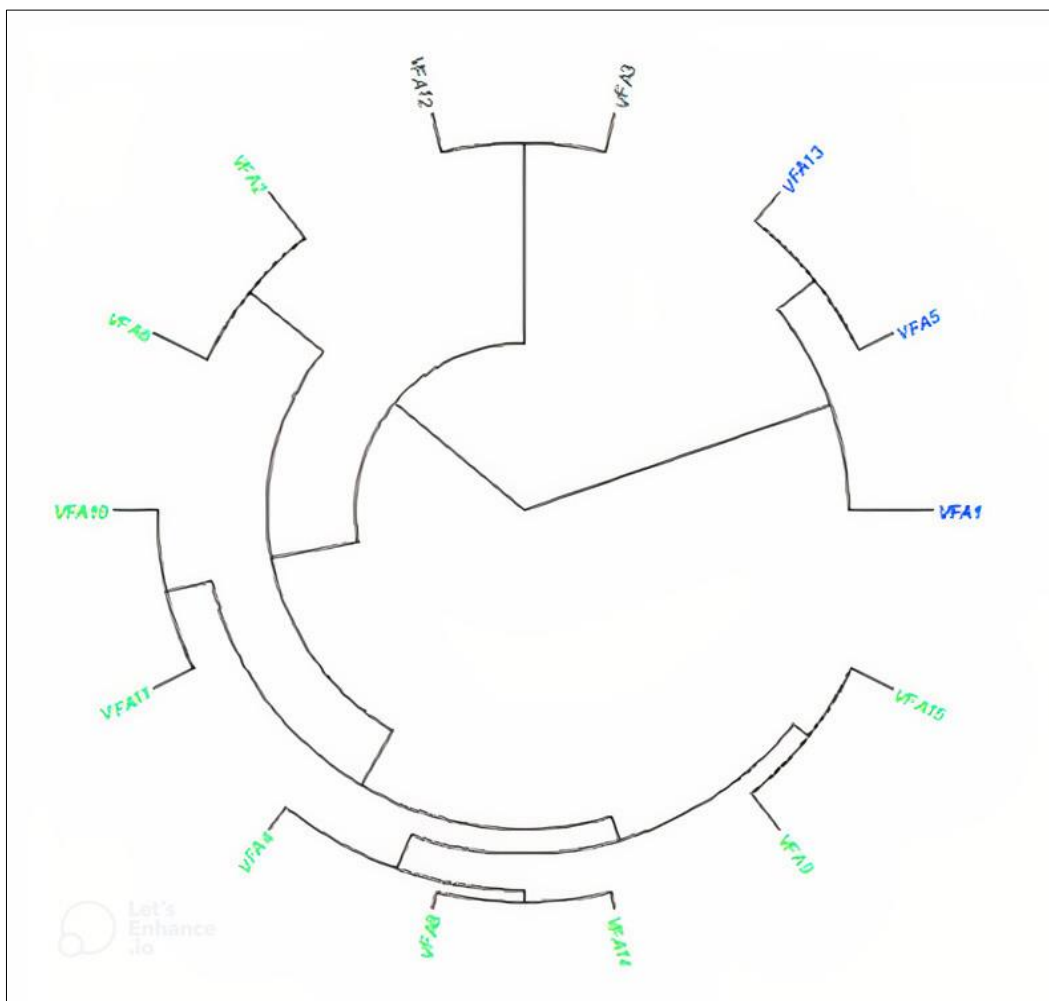
Concernant l'axe 2, il a isolé les accessions (VF A4) dont les gousses sont les plus longues et le nombre de graines par gousse ainsi que le poids de cent graines les plus élevés. Il a aussi isolé les accessions (VF A5, VF A6 et VF A6) ayant le nombre de gousses par plant important. Quant à l'axe 3 (non représenté graphiquement), il a regroupé les accessions caractérisées par les plants les plus hauts et les plus précoces à la floraison (VF A9).



**Figure 64.** Projection graphique des 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.) sur les deux premiers axes de l'ACP obtenue à partir des données des 10 caractères agro-morphologiques.

L'analyse du dendrogramme, construit à partir des distances euclidiennes avec la méthode UPGMA sur la base des données des 10 traits agro-morphologiques, a permis de classer les accessions de fève (*Vicia faba* L.) en trois clusters (figure 65). Le premier cluster comprend les accessions avec les plants les plus hauts, le poids de cent graines le plus bas et les graines les plus petits.

Le deuxième groupe est principalement composé des accessions les plus tardives à la nouaison avec un poids de cent graines élevé, des graines larges et un nombre de graines par gousse bas. Le troisième et dernier cluster comprend les neuf accessions dont la hauteur des plants est la plus petite et la taille des graines la plus grande.



**Figure 65.** Dendrogramme basé sur la distance Euclidienne et la méthode Ward's pour les traits agro-morphologiques des 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.).

### 3.2. Caractérisation moléculaire

#### 3.2.1. Analyse par les marqueurs SSR's

##### 3.2.1.1. Optimisation des conditions d'amplification

- *Concentrations des composants du milieu réactionnel*

La comparaison de la qualité des bandes d'ADN générées par amplification a permis le choix de la concentration des composants du milieu réactionnel de la PCR.

Pour un bon rendement de la PCR, cinq concentrations d'ADN ont été testées (15, 20, 25, 50 et 75 ng). Les amplifications les plus optimales ont été obtenues à partir de 20 ng d'ADN. Aussi, sur les trois concentrations testées de MgCl<sub>2</sub> (1, 1,5 et 2 mM) et d'amorce (0,2, 0,4, 0,8 μM), nous avons opté pour 2 mM de MgCl<sub>2</sub> et 0,2 μM d'amorce pour une meilleure amplification. Deux concentrations de Taq polymérase (1 et 2U) ont été testées. La concentration de 1U était suffisante pour fournir des bandes interprétables.

Après l'optimisation du milieu réactionnel, les amplifications ont été réalisées dans un volume finale de 25 μl contenant 20 ng de matrice d'ADN, un tampon 1x (25 mM Tris-HCl (pH 8.0), 100 mM KCl, 0.1 mM EDTA, 1mM DTT), 2,0 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,2 mM dNTP, 0,2μM d'amorce et 1U de Taq polymérase (Promega Corporation, Madison, WI, USA).

- *Programme d'amplification*

Entre les deux programmes d'amplification testés, le programme de Gong *et al.* (2011), avec une modification dans le temps de la phase d'élongation, est celui qui a généré une meilleure amplification de l'ADN des échantillons analysés. La réaction de polymérisation en chaîne a été effectuée dans un thermo-cycler Simplymo (Applied Biosystem, USA) programmé d'une phase de dénaturation initiale à 94 °C pendant 5 min suivie d'une phase de 30 cycles d'amplification (dénaturation à 94 °C pendant 25 S, une hybridation à TA°C (Température Amorce) pendant 25 s et une extension à 72 °C pendant 60 s), et une phase finale d'élongation à 72 °C pendant 5 min.

- *Sélection des amorces*

Sur les onze amorces de marqueurs SSR's testées, sept amorces ont été retenues (tableau 18) pour amplifier l'ensemble de nos échantillons. La sélection de ces amorces s'est faite sur la base de la clarté et la reproductibilité des profils de bandes. Seules les amorces présentant des bandes polymorphes ont été choisies. Les amorces qui ne sont pas polymorphes ou qui ont

présenté des profils de bandes polymorphes peu discernables ont été éliminées. Il s'agit de P24, GAI168, GATA2 et SM11.

**Tableau 18.** Liste des amorces des 7 marqueurs SSR sélectionnés pour la caractérisation moléculaire des 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.)

Amorces	Séquence Forward	Séquence Reverse	Temp. (°C)	Taille attendu (bp)
<b>VFG34</b>	AGATGGGAGCTGAGAATGAT	TTTAAACCAACAACAGAGT	58	200
<b>GA6</b>	GAAAGGTTTTCTGATTCCAACAA	GACAGTGTACGTAGACCCACGC	58	184
<b>GAI167</b>	GATTCAGAGAAAAGGTGGAAAGC	GTCACATGATGAAGCTAGATGGC	58	248
<b>GATA 11</b>	GTTGCACTACATTTTCGTCTTTGG	GTTGCAACAGAAGAGGCCAC	58	233
<b>JF1AG2</b>	GTGGTCGAAAACCTGACAAGA	GGAGCATCCTGAATCCAAGTACC	55	211
<b>JF1AG3</b>	GTGGTCGAAAACCTGACAAGA	GGAGCATCCTGAATCCAAGTACC	58	211
<b>JF1AAC2</b>	GATCTATGCGACACAACATGTAT	GCTCACATCCAAAGTTGAATC	55	147

### 3.2.2. Caractérisation par les SSR's

L'analyse statistique des données de génotypage et des fréquences alléliques a permis d'obtenir les indices de polymorphismes et de diversité génétique des 7 SSR pour la collection de 14 accessions de fève étudiées (tableau 19). Tous les marqueurs microsatellites sélectionnés pour le génotypage des accessions locales de fève ont généré des profils polymorphes. Le nombre total d'allèles amplifiés s'élève à 20 allèles avec une moyenne de 2,85 allèles par locus, allant de 2 (JF1AAC2, JF1AG2) à 4 (GAI167) (tableau 19).

Les valeurs du PIC (Polymorphic Information Content), qui permet l'évaluation du degré réel de polymorphisme des marqueurs moléculaires, s'étendent de 0,32 (JF1AAC2) à 0,58 (GAI167) avec une moyenne de 0,44 (tableau 19).

Pour le nombre effectif d'allèles ( $N_e$ ) et l'indice de Shannon (I) utilisés communément pour évaluer la diversité génétique des populations, les valeurs ont été estimées pour l'ensemble de la collection à 1,41 et 0,41 en moyenne, respectivement, avec les valeurs les plus élevées pour VFG34 ( $N_e = 1,92$ ,  $I = 0,64$ ) et les plus basses pour GATA11 ( $N_e = 0,78$ ,  $I = 0,14$ ) (tableau 19).

L'indice de fixation ( $F_{st}$ ), qui estime le degré de fixation allélique a été modérée ( $F_{st} = 0,30$ ) indiquant une faible corrélation des fréquences alléliques entre les accessions. La différenciation génétique entre les 14 accessions de fève a été la plus faible pour le marqueur GA6 ( $F_{st} = 0,23$ ) et la plus élevée pour le marqueur VFG34 ( $F_{st} = 0,56$ ) (tableau 19).

L'hétérozygotie observée ( $H_o$ ) était comprise entre 0,37 (GATA11) et 1,00 (GAI67) avec une moyenne de 0,72, tandis que l'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) a enregistré une valeur moyenne de 0,54 avec un minimum de 0,42 (JF1AAC2) et un maximum de 0,67 (GAI67). En comparant ces deux indices, nous constatons que l'hétérozygotie observée a été en moyenne plus élevée que l'hétérozygotie espérée ce qui indique l'existence d'un excès d'hétérozygotes dans la plupart des accessions.

**Tableau 19.** Résumé de l'analyse moléculaire des sept marqueurs SSR.

Amorces	Na	Ne	Ho	He	I	Fst	PIC
JF1AAC2	2	1,57	0,57	0,42	0,39	0,35	0,32
JF1AG3	3	1,42	0,81	0,60	0,44	0,36	0,48
JF1AG2	2	1,07	0,66	0,47	0,29	0,42	0,34
VFG34	3	1,92	0,92	0,59	0,64	0,56	0,49
GA6	3	1,71	0,71	0,58	0,49	0,23	0,46
GAI67	4	1,42	1,00	0,67	0,49	0,47	0,58
GATA11	3	0,78	0,37	0,49	0,14	0,24	0,39
<b>Total</b>	20						
<b>Moyenne</b>	2,85	1,41	0,72	0,54	0,41	0,30	0,442

Na : Nombre d'allèles ; Ne : Nombre effectif d'allèles ; Ho : Hétérozygotie observée ; He : Hétérozygotie attendue ; I : Indice de Shannon ; Fst : Différentiation génétique ; PIC : Polymorphic Information Content.

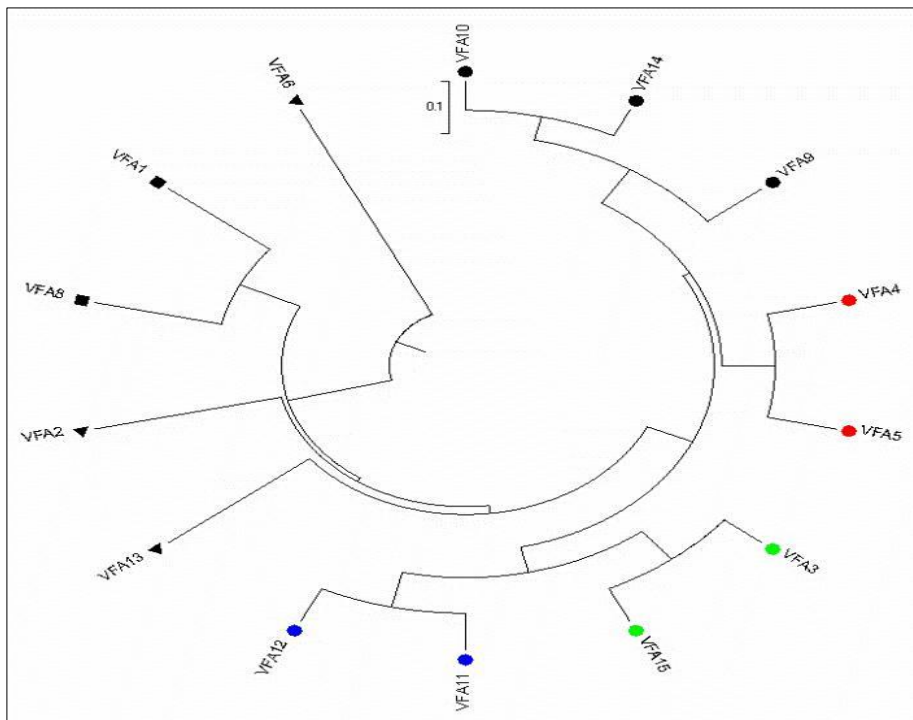
### 3.3. Structure génétique

Sur la base des données des sept marqueurs SSR, une analyse en cluster a été effectuée en utilisant les distances génétiques de Nei et Lei et le dendrogramme UPGMA (figure 66).

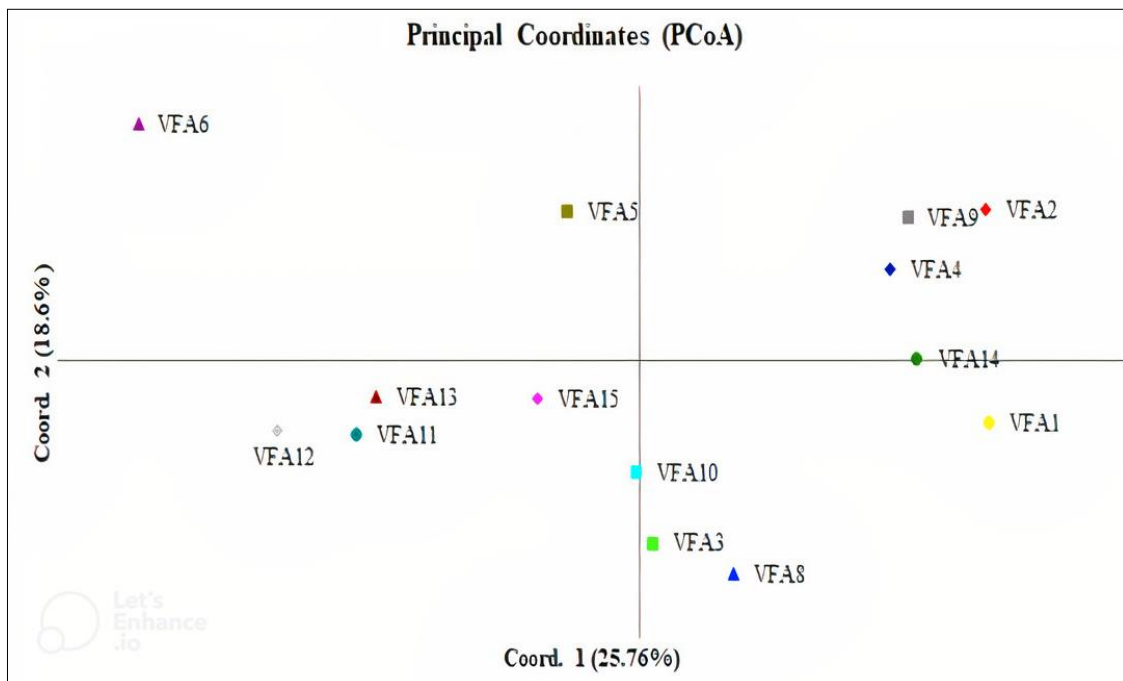
Les quatorze accessions ont été classées en deux grands groupes avec trois accessions classées comme hors-groupes. Il s'agit des accessions VF A2, VF A6 et VF A13 qui semblent être génétiquement indépendantes entre elles et du reste des accessions de la collection. Le cluster I regroupe le plus grand nombre d'accessions (neuf) et est divisé en quatre sous-clusters (Sb1, Sb2, Sb3 et Sb4). Le sous-cluster Sb1 contient trois accessions (VFA10, VFA14 et VFA9), tandis que les sous-clusters Sb2 (VFA4, VFA5), Sb3 (VFA3, VFA15) et Sb4 (VFA11, VFA12) comprennent chacun deux accessions. Le cluster II comprend deux accessions (VFA1 et VFA8) (figure 66).

Une analyse des coordonnées principales (PCoA) a été utilisée pour regrouper les accessions locales de fève en fonction de leur similarité génétique. Les deux premières composantes sont responsables de près de 44,36 % de la variation génétique globale. La première composante explique environ 25,76 % de la variation génétique totale tandis que la deuxième absorbe près de 18,60 % de cette variation (figure 67). La PCoA n'a pas permis de

distinguer les accessions selon leur origine géographique, ce qui confirme les résultats observés dans l'analyse en cluster.



**Figure 66.** Dendrogramme des relations génétiques entre les 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.) calculées sur la base des 7 marqueurs SSR par la méthode UPGMA. (● : ClusterI-Sb1; ● : ClusterI-Sb2; ● : ClusterI-Sb3; ● : ClusterI-Sb4 ; ■ : Cluster II ; ▼ : Hors Groupe)



**Figure 67.** Analyse des coordonnées principales des relations génétiques entre les 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.).

Enfin, l'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) a révélé qu'une grande partie de la variation génétique globale est attribuée à la variabilité entre les accessions locales (84 %) (tableau 4, annexe 4), tandis que le test de Mantel a montré que les matrices agromorphologiques et génétiques n'avaient aucune corrélation significative ( $r = -0,025$ ,  $p > 0,05$ ) (figure 3, annexe 4).

#### 4. Discussion

La production de la fève dans le monde a nettement diminué par rapport aux autres légumineuses alimentaires, en raison des diverses contraintes biotiques et abiotiques qui entravent sa culture (Maalouf *et al.*, 2018). La création de variétés appropriées qui résistent à ces différents stress, en se basant sur des études de diversité génétique représente un objectif principal, parmi différentes stratégies (Qahtan *et al.*, 2021).

Les accessions traditionnelles constituent une ressource génétique essentielle pour les plantes cultivées, étant donné qu'elles représentent la seule source utilisable pour le développement de nouvelles variétés dans le cadre de programmes d'amélioration (Baranger *et al.*, 2004). L'évaluation de la diversité génétique des plantes cultivées fournit des informations utiles pour le développement de programme de sélection et de gestion des ressources génétiques (Excoffier *et al.*, 1992). Pour la fève (*Vicia faba* L.), comme pour toutes les autres cultures, tout programme de sélection est essentiellement basé sur les populations locales qui contiennent une ressource génétique importante.

En Algérie, les anciennes pratiques de la culture de la fève (*Vicia faba* L.) et la diversité des zones de production ont conduit au développement de génotypes à adaptation spécifique et à forte diversité génétique (Sadiki *et al.*, 1995).

La caractérisation agro-morphologique est indispensable pour identifier les génotypes avec les caractères souhaitables qui pourraient être utilisés soit directement comme cultivars, soit comme géniteur dans les programmes de sélection et d'amélioration des espèces végétales (Archak *et al.*, 2016). Cependant, l'influence du stade de croissance de la plante et des conditions environnementales sur les caractères agro-morphologiques ainsi que la faible variation de ces caractères rend leur utilisation insuffisante dans le développement de pool génétique (Terzopoulos et Bebeli, 2008). Par conséquent, les marqueurs moléculaires sont utilisés comme un nouvel outil pour l'évaluation de la diversité génétique et du germoplasme de la fève (Torres *et al.*, 1993). Le présent travail est basé sur la caractérisation morphologique

et moléculaire pour déterminer les relations génétiques entre quatorze accessions locale de fève (*Vicia faba* L.) collectées dans différentes régions de l'Algérie.

#### 4.1. Caractérisation agro-morphologique

Selon Emperaie (2003), l'analyse des traits agro-morphologiques permet de mettre en évidence la diversité perçue et sélectionnée par les agriculteurs locaux. Cette approche est la plus pratique pour différencier les phénotypes, mais elle doit être accompagnée d'un outil statistique pour bien estimer la variation liée à l'environnement expérimental, comme le souligne Sanou (1996).

Plusieurs études de caractérisation agro-morphologique ont été réalisées et publiées dans différents pays du monde (Tunisie, Maroc, Turquie, Italie et en Espagne ...) afin d'évaluer la diversité génétique des populations de fève (Perrino *et al.*, 1991; Polignano *et al.*, 1999 ; Terzopoulos *et al.*, 2003 ; Ouji *et al.*, 2011a ; Vörösváry *et al.*, 2011 ; Yahia, *et al.*, 2012). Dans la présente étude, l'objectif principal est de définir le potentiel agro-morphologique des accessions locales de fève en se basant sur des caractéristiques quantitatives. D'après Terzopoulos *et al.* (2003), les caractères agronomiques quantitatifs sont très importants pour la caractérisation et l'évaluation des populations locales de *Vicia faba* L.

L'analyse de la variance a révélé une différence significative entre les accessions locales pour la plupart des traits agro-morphologiques étudiés, suggérant ainsi une forte variation phénotypique entre ces accessions. Ces résultats sont cohérents avec ceux obtenues par Ouji *et al.* (2011a), Terzopoulos et Bebeli (2008) et Keneni *et al.* (2005) portant sur la caractérisation agro-morphologique du germoplasme de *Vicia faba* L. éthiopien, grec et tunisien, respectivement.

Notre collection présente une grande variation en NPPL, NF, PL et NSP (tableau 17). Ces caractères morphologiques peuvent être définis comme des marqueurs essentiels pour les programmes d'amélioration et de sélection de la fève. Selon Labuda (2012), la fève est considérée comme une plante autogame partiellement allogame. Cette allogamie contribue à l'augmentation du nombre de gousses par plant et du rendement de la fève. D'après ce même auteur (2002), la variation importante en nombre de gousses par plant (NPPL) dépend des caractéristiques génétiques des populations de fève, des méthodes de culture, et principalement de la pollinisation par les insectes ainsi que les conditions environnementales. Nos résultats montrent que le nombre de fleurs par racème a enregistré une variation très hautement

significative avec une moyenne de 4,46 fleurs. Ces résultats sont très proches de ceux obtenus par Yahia *et al.* (2012) qui ont trouvé une importante variation du nombre de fleurs par racème chez des populations tunisiennes de *Vicia faba* L. avec une moyenne de 4 fleurs. Singh et Jauhar (2005) ont défini le nombre de fleurs par racème comme étant un caractère qui dépend du type variétal et de l'origine géographique des variétés locales.

Selon Chaieb *et al.* (2011), la hauteur de la plante joue un rôle important dans la réduction des pertes du rendement pendant la récolte. Elle est considérée comme un trait discriminant important des populations de *Vicia faba* L. entre les différentes régions géographiques (Suso *et al.*, 1993). D'après nos résultats, ce trait varie considérablement en fonction des accessions, allant de 68,12 à 90,12 cm, ce qui est en accord avec les résultats publiés par Al Barri et Shtaya (2013) et Karaköy *et al.* (2013) dont la hauteur de la plante varie significativement selon les géotypes, allant de 61,67 à 96,67 cm et de 40 à 97,6 respectivement. A l'opposé, les résultats obtenus par Dahmardeh *et al.* (2010) et Osman *et al.* (2010) soulignent l'absence d'une différence significative entre les géotypes en termes de hauteur de la plante. D'après Magda et Shalaby (2000) et Talaat et Abdallah (2008), ce trait est considéré comme un paramètre qui dépend du géotype. Thalji (2010) considère que la hauteur de la tige est un caractère qui est influencé par la densité de peuplement en raison de la concurrence entre les plantes.

Une variation très hautement significative du nombre de graines par gousse a été enregistrée entre les quatorze accessions locales de fève avec des valeurs allant de 2,60 à 5 grains par gousse. Ces résultats rejoignent ceux d'Al Barri et Shtaya (2013) qui ont souligné la présence d'une différence très hautement significative entre 19 géotypes palestiniens de *Vicia faba* L. Toutefois, les résultats de Daur *et al.* (2010) n'ont enregistré aucune variabilité significative du nombre de graines par gousse entre les douze géotypes de fève étudiés. D'après Bond *et al.* (1985), ce trait dépend du géotype. Il est plus influencé par des facteurs génétiques qu'environnementaux (Abdelmula et Abuanja, 2007).

D'après nos résultats, l'accession VFA12 a été, en fonction des conditions climatiques, l'accession la plus tardive avec le poids de 100 graines le plus élevé. Selon Duc (1997) et Yahia *et al.* (2012), ce dernier caractère semble être un marqueur agronomique essentiel et un trait principal dans la classification de *Vicia faba* L. Il varie considérablement en fonction des géotypes (Della, 1988). Selon les résultats d'Al Barri et Shtaya (2013), une grande variation du poids de cent graines entre 19 populations locales palestiniennes de *Vicia faba* L. a été enregistré, allant de 35,67 à 239 g. Ces résultats sont similaires à ceux que nous avons obtenus

avec un poids de cent graines qui varie de 108,33 à 239,33 g. En outre, Labuda (2012) affirme que les caractéristiques phénologiques de la fève (floraison et nouaison des gousses) sont dues aux périodes où les besoins en eau sont les plus élevés. Par ailleurs, Marcellos et Perryman (1988) ont rapporté que la formation des gousses chez *Vicia faba* L. est affectée par le moment où les insectes visitent les fleurs ouvertes.

Sur la base de 10 caractères agro-morphologiques de 14 accessions algériennes de fève, une analyse en composantes principales (ACP) a été réalisée. Karaköy *et al.* (2013) ont suggéré que l'utilisation de l'analyse multivariée permet d'estimer la contribution des variations de différents traits à la variabilité totale d'une collection de germplasm. Nos résultats sont cohérents avec ceux d'Ammar *et al.* (2014) qui ont suggéré que les traits inclus dans les trois premières composantes ont montré une quantité significative de variabilité génétique parmi les génotypes testés, et supposent leur utilité dans les programmes de sélection et d'amélioration génétique ; parmi eux, le nombre de graines par plante, le nombre de gousses par plante, la hauteur des plantes et la précocité à la floraison et à la maturité. De plus, Velcheva et Petrova (2020) ont rapporté que les résultats de l'ACP pourraient faciliter la sélection des parents pour créer une population de ségrégation optimale pour définir des QTL spécifiques.

L'analyse en cluster et l'ACP n'ont pas permis de classer les accessions de fève sur la base de leur origine géographique. Des résultats similaires ont été observés par Yahia *et al.* (2012) et Rebaa *et al.* (2017).

Nos résultats fournissent des informations utiles et constituent une première étape pour les programmes de sélection de la fève en sélectionnant les traits les plus discriminants pour les quatorze accessions de fève algériennes étudiées.

## **4.2. Caractérisation moléculaire**

Comme il a été déjà mentionné, les caractères agronomiques et morphologiques sont influencés par l'environnement. Par conséquent, l'utilisation seule de ces caractères pour l'évaluation de la diversité génétique des populations de fève est insuffisante. En effet, plusieurs marqueurs moléculaires, notamment les marqueurs SSR, sont de plus en plus utilisés pour caractériser les ressources végétales et évaluer leur diversité génétique. A notre connaissance, il n'y a pas eu encore d'études publiées portant sur l'utilisation de marqueurs moléculaires (SSR) pour l'évaluation de la variabilité génétique des accessions locale de la fève

(*Vicia faba* L.) en Algérie. Cette étude peut être définie comme un point de départ pour de futures études sur la diversité génétique et la sélection du germoplasme de fève algérien.

D'après Qahthn *et al.* (2021), le germoplasme africain de *Vicia faba* L. se distingue par sa diversité génétique exceptionnelle par rapport à d'autres zones et sites géographiques. Étant donné que cette diversité génétique tend à diminuer progressivement (Louwaars *et al.*, 2018), tout polymorphisme nouvellement identifié dans une collection pourraient représenter une précieuse ressource génétique pour l'amélioration de *Vicia faba* L. (Nurmansyah *et al.*, 2020). Ainsi, dans la présente étude, la variabilité génétique de 14 accessions locales de fève a été évaluée en utilisant l'analyse SSR.

Selon nos résultats, et en comparaison avec les études précédentes, le nombre d'allèles par locus était plus élevé (2,85) par rapport aux marqueurs AFLP (1,45) (Liu *et al.*, 2010) et SSAP (1,68) (Ouji *et al.*, 2012). Selon Abid *et al.* (2015), ces résultats confirment l'intérêt de l'utilisation des marqueurs SSR comme un outil bien adapté pour l'évaluation de la diversité génétique de la fève. Pour le nombre moyen d'allèles (2,76), nos résultats sont similaires à ceux obtenue par Ma *et al.* (2011) portant sur l'évaluation de la diversité génétique de 32 accessions de fève de Chine et quelques géotypes de fève européens. Toutefois, ce nombre est supérieur à celui obtenue pour 29 cultivars de fève provenant d'Europe et de Chine (2,30) (Gong *et al.*, 2011) et inférieur à celui enregistré par Rebaa *et al.* (2017) qui ont obtenu une moyenne de 6,62 allèles par locus pour 21 populations de fève en utilisant huit marqueurs SSR. La variation entre nos résultats et ceux des autres recherches pour le nombre d'allèles par locus peut être attribué à des différences dans la diversité des populations/landraces examinés, le nombre de landraces testées et le nombre de marqueurs SSR utilisées.

La valeur de l'indice de polymorphisme des loci (PIC) fournit une estimation du pouvoir discriminant d'un marqueur en mesurant le nombre d'allèles à un locus en tenant compte des fréquences relatives de ces allèles (Tekalign *et al.*, 2019). En effet, cet indice est considéré comme étant un paramètre plus efficient que le nombre d'allèles par locus pour mesurer la diversité génétique, car il prend en compte les fréquences relatives de chaque allèle (Laborda *et al.*, 2005). Les valeurs du PIC pour les sept loci SSR varient de 0,32 (JF1AAC2) à 0,58 (GAI67), avec une moyenne de 0,44. Selon la classification des valeurs du PIC de Botstein *et al.* (1980), l'amorce JF1AAC2 (PIC > 0,5) a été hautement informative en raison de sa grande capacité à détecter la divergence entre les accessions de fève étudiées. La valeur moyenne du PIC obtenue (0,44) est similaire à celles détectées par Zeid *et al.* (2009) sur 6 SSR analysés

pour 11 accessions de *Vicia faba* L., mais plus élevées (0,29) que celles révélées par Gong *et al.* (2011) en utilisant 11 SSRs pour 29 accessions de fève de Chine et d'Europe.

Pour les marqueurs SSR testés, la valeur moyenne de l'hétérozygotie observée ( $H_o$ ) est élevée (0,725), ce qui pourrait refléter la nature partiellement allogame de la fève (Gnanasambandam *et al.*, 2012 ; Rebaa *et al.*, 2017). L'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) ou diversité génétique est généralement utilisée pour indiquer la variation génétique et pour évaluer la divergence génétique et la relation entre les populations (Tekalign *et al.*, 2019). L'hétérozygotie attendue ( $H_e$ ) des sept loci SSR polymorphes varie de 0,42 (JF1AAC2) à 0,67 (GAI67), avec une valeur moyenne de 0,54. Selon nos résultats, la valeur de la diversité génétique est similaire à celle rapportée par Suresh *et al.* (2013) et Tahir (2015) (0,58 et 0,56 respectivement), et est supérieur (0,33) à celle révélée par Rebaa *et al.* (2017) qui ont étudié la diversité génétique de 21 landraces de fève de Tunisie. L'indice de fixation ( $F$ ) permet d'estimer le degré de fixation allélique, en comparant  $H_o$  à  $H_e$ , il varie de 0,56 (VFG34) à 0,23 (GA6), avec une valeur moyenne de 0,30. Enfin, l'indice d'information de Shannon ( $I$ ) varie de 0,29 à 0,64, avec une moyenne de 0,41. Les résultats montrent l'existence d'une variabilité génétique abondante entre les 14 accessions locales de fève. Les loci les plus polymorphes (VFG34 et GAI67) révèlent un niveau élevé de variation génétique. Suite à ces résultats, nous supposons que le haut niveau de variabilité génétique entre les accessions testées est probablement dû au système reproductif partiellement allogame de la fève, avec des taux de 10 à 70% (Alemayehu *et al.*, 2020). Marzinziga *et al.* (2018) ont signalé que l'espèce d'insectes pollinisateurs pouvait déterminer le niveau d'allogamie. Par conséquent, les populations sont très hétérogènes, et les plantes sont hétérozygotes (Gnanasambandam *et al.*, 2012).

Un dendrogramme a été construit pour comprendre la relation génétique entre les populations de fève en fonction de leur origine géographique. La méthode UPMGA a regroupé les 14 accessions de fève en cinq clusters. Quel que soit le nombre de clusters, les résultats de l'analyse en coordonnées principales (PCoA) des accessions étudiées étaient conformes à ceux obtenues avec la méthode UPMGA. Le dendrogramme a montré que les accessions originaires de la même wilaya de l'Algérie n'ont pas été regroupées dans le même cluster, ce qui indique une diversité génétique de ces populations. Des études antérieures (Yang *et al.*, 2012, Rebaa *et al.*, 2017) ont montré des résultats similaires, révélant qu'il y a une relation entre le germplasma de la fève et une variation génétique significative entre les génotypes, tant au niveau phénotypique que génétique, sans toutefois réussir à regrouper les accessions en fonction de leur origine géographique.

Le test de Mantel a montré l'absence de corrélation significative entre les matrices génétiques et morphologiques ( $r = -0,025$ ). Ce résultat peut être dû au nombre et au choix des caractéristiques mesurées et à la pression de sélection, qui a créé des formes similaires mais avec une structure génétique différente (Corrado *et al.*, 2009)

## 5. Conclusion

La diversité génétique est essentielle pour la création de nouvelles variétés avec des caractéristiques intéressantes. En effet, la présente étude est un point de départ vers le développement de la sélection et de la recherche sur la diversité génétique des accessions de fèves algériennes, compte tenu des résultats obtenus à partir des marqueurs moléculaires et des principaux traits agro-morphologiques. Au niveau moléculaire et agro-morphologique, une diversité génétique élevée et remarquable a été détectée parmi les 14 accessions évaluées. Cette variation considérable sera utile pour la gestion, la classification et la préservation du germoplasme.

Nos résultats montrent que NPPL, NSP et PL sont les caractères qui présentent la plus grande variation et qui devraient être pris en compte lors de la sélection des populations de fève. De plus, cette étude a confirmé l'efficacité des marqueurs SSR comme outil précieux pour l'évaluation de la diversité génétique de la fève.

A notre connaissance, il s'agit de la première étude publiée sur l'évaluation de la diversité génétique des accessions de fèves algériennes en utilisant des traits agro-morphologiques et des marqueurs SSR. Nos résultats ouvrent des perspectives pour la sélection de lignées parentales pour les projets d'amélioration de la fève afin de développer de nouvelles variétés tolérantes aux stress abiotiques et biotiques. Enfin, l'existence d'une diversité génétique de cette culture pourrait être très utile pour faire face aux changements environnementaux actuels, assurant ainsi la durabilité du système de production agricole.

## *Conclusion générale et perspectives*

---

## Conclusion générale et perspectives

En Algérie, la fève (*Vicia faba* L.) occupe une place de choix parmi les légumineuses alimentaires particulièrement dans la région de la Kabylie et dans certaines oasis où les populations locales sont utilisées dans l'art culinaire traditionnel mais aussi dans l'alimentation du bétail, permettant ainsi à cette espèce de préserver une diversité génétique considérable.

A la suite des missions de prospections et de collectes, l'aire de distribution de la culture traditionnelle de la fève a été délimitée en Algérie. Elle a été identifiée dans diverses localités du pays, tant au nord (Tizi Ouzou, Bouira, Médéa et Djelfa) qu'à l'ouest (Chlef, Relizane et Tiaret), à l'est (El Tarf) ainsi qu'au sud (Biskra), soulignant ainsi la richesse de ces régions en ressources phytogénétiques. Au total 15 accessions locales de fève (*Vicia faba* L.) ont été collectées puis conservées *ex situ* à l'ENSA. Ces accessions contribuent de manière significative à l'édification d'une collection représentative qui rend compte de la diversité intrinsèque de la fève en Algérie. L'évaluation initiale de cette collection a révélé une diversité morphologique importante entre les graines collectées. La caractérisation morphologique de ces graines a permis de distinguer les principaux morphotypes de fève à travers les régions prospectées.

Au terme de nos missions de prospection, nous avons constaté que les pratiques culturelles paysannes ont perduré au fil du temps et constituent actuellement le seul moyen permettant de préserver de manière efficace la diversité de la fève. Cependant, le savoir-faire des paysans, seul, ne suffit pas, d'où la nécessité de suivre une stratégie de conservation *in situ* dans les zones traditionnelles de la culture de la fève permettant une conservation plus efficace de ces ressources.

Le présent travail a pour objectif la détermination des procédures phénotypiques et moléculaires indispensables à l'établissement des fondements génétiques requis pour la gestion et l'exploitation raisonnée des ressources génétiques de la fève en Algérie, et donc la mise en place d'un programme de présélection (*pre-breeding*) de la fève (*Vicia faba* L.).

La caractérisation agro-morphologique de 46 accessions de *Vicia faba* L. y compris 13 accessions locales basée sur des traits phénotypiques a permis de révéler une large diversité inter et intra accessions et de déterminer les accessions présentant les traits agro-morphologiques les plus intéressants. La précocité, la taille de la plante, la taille des graines et

des gousses ainsi que les caractères liés au rendement ont été les caractères quantitatifs les plus discriminants. En effet, les accessions les plus précoces avec un nombre de graines par gousse élevé, un nombre de gousses par plant faible, des graines et des gousses de grande taille se distinguent des accessions les plus tardives avec un nombre de graines par gousse bas, un nombre de gousses par plant élevé, des gousses et des graines de petite taille. D'autre part, les accessions les plus courtes avec un nombre de graines par gousses et un poids de cent graines élevé se distinguent des accessions les plus hautes avec un nombre de graines par gousse et un poids de cent graines bas. Les résultats des données morphologiques qualitatives ont permis l'identification des morphotypes sans pigmentation anthocyanique et donc des graines avec des téguments sans tanin. Ce qui présente un trait de sélection important pour l'amélioration de la qualité nutritionnelle de la fève. De plus, les analyses multivariées des traits quantitatifs mesurés a permis de classer les accessions selon les caractères les plus discriminant, permettant ainsi d'identifier les accessions à intérêt agronomique. D'autres part, les analyses ACM et CAH des caractères qualitatifs observés a permis de classer les accessions étudiées en quatre groupes en identifiant les formes les plus dominantes dans notre collection. L'ensemble de ces résultats permet de créer une base de données importante qui peut être utilisée dans les programmes de sélection et d'amélioration de la fève (*Vicia faba* L.) en Algérie.

L'analyse moléculaire a été réalisé sur de l'ADN génomique de 14 accessions locales de fève par la mise au point de la méthode d'amplification en PCR par SSR. L'analyse agromorphologique et moléculaire des 14 accessions de fève a révélé une large diversité génétique. Cette variation considérable sera utile pour la gestion, la classification et la préservation du germoplasme. Ces résultats montrent l'importance de la caractérisation phénotypique des accessions locales de fève par des traits agromorphologiques et l'efficacité des marqueurs SSR dans la caractérisation moléculaire de ce germoplasme. Le PCoA et le dendrogramme construit sur la base des données moléculaires ont montré que les accessions originaires de la même wilaya de l'Algérie n'ont pas été regroupées dans le même cluster, ce qui indique une diversité génétique de ces populations. De plus, le test de Mantel a montré l'absence de corrélation significative entre les matrices génétiques et morphologiques qui peut être dû à création de formes similaires mais avec une structure génétique différente.

La majorité des objectifs retenus au préambule de cette thèse ont abouti à des résultats intéressants, qui laissent entrevoir de nombreuses perspectives qui devraient contribuer à l'évaluation de la diversité génétique de la fève (*Vicia faba* L.) en Algérie et l'identification des

accessions présentant une valeur potentielle en vue de leur intégration dans les programmes de création variétale et de sélection. Les travaux en perspectives recommandés comprennent :

- La poursuite des missions de prospection et de collecte à travers tout le territoire national afin d'élargir la collection des accessions locales de *Vicia faba* L.
- L'enrichissement de nos recherches par une étude étendue du comportement des accessions locales de *Vicia faba* L. dans diverses conditions agro-écologiques et donc approfondir notre compréhension de l'interaction génotype-environnement, tout en permettant une évaluation plus objective de la diversité des traits phénotypiques quantitatifs qui caractérisent la fève (*Vicia faba* L.).
- La réalisation d'une étude approfondie, reposant sur un nombre plus élevé de marqueurs moléculaires SSR, permet de cibler les gènes candidats associés à des traits agronomiques et d'adaptation importants.
- Elargir l'étude moléculaire (QTLs) sur les accessions locales de *Vicia faba* L. présentant des capacités d'adaptation afin de donner un nouvel élan aux recherches portant sur la résistance et la tolérance de cette espèce aux stress abiotiques et biotiques, notamment la résistance à l'orobanche qui cause toujours des pertes lourdes dans les champs de cette culture.

## *Références bibliographiques*

---

## A

- A.N.D.I., 2013.** Wilaya de Relizane. Agence Nationale de Développement de l'investissement (A.N.D.I.), Relizane. 19 p. <https://fr.scribd.com/doc/187616797/Relizane>.
- A.N.D.I., 2015a.** Wilaya de Médéa. Agence Nationale de Développement de l'investissement (A.N.D.I.), Médéa. 23 p. <https://fr.scribd.com/document/379620094/Medea>.
- A.N.D.I., 2015b.** Wilaya de Tiaret. Agence Nationale de Développement de l'investissement (A.N.D.I.), Tiaret. 16 p. <https://fr.scribd.com/document/414981621/wilaya-de-tiaret>.
- A.N.I.R.E.F., 2013.** Monographie de la wilaya de Chlef. Agence Nationale d'Intermédiation et de Régulation Foncière, Chlef. 10 p. <https://fr.scribd.com/document/425532385/chlef2>
- Abbes Z., Kharrat M., Delavault P., Simier P. et Chaïbi, W., 2007.** Field evaluation of the resistance of some faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes to the parasitic weed *Orobanche foetida* Poiret. *Crop Protection*, 26(12) : 1777-1784.
- Abbo S., Lev-Yadun S., Heun M. et Gopher A., 2013.** On the “lost crops” of the neolithic Near East. *J. Exp. Bot.* 64 : 815-822.
- Abdelguerfi A., Chehat F., Ferrah A. et Yahiaoui S., 2009.** Quatrième rapport national sur la mise en œuvre de la convention sur la diversité au niveau national. MATET-FEM-PNUD. 121 p.
- Abdelmula A.A. et Abuanja I.K.A., 2007.** Genotypic Response, Yield Stability, and association between characters among some of Sudanese Faba Bean (*Vicia faba* L.) genotypes under heat stress. *In: Proceedings of the Tropical German Conference (Utilization of diversity in land use systems: Sustainable and organic approaches to meet human needs)*, Witzenhausen, Germany. 9 -11.
- Abid G., Mingeot D., Udupa S.M., Muhovski Y., Watillon B., Sassi K., M'hamdi M., Souissi F., Mannai K., Barhoumi F. et Jebara M., 2015.** Genetic relationship and diversity analysis of faba bean (*Vicia faba* L. var. Minor) genetic resources using morphological and microsatellite molecular markers. *Plant molecular biology reporter*, 33(6): 1755-1767.
- Abu-Amer J.H., Saoub H.M., Akash M.W. et Al-Abdallat A.M., 2010.** Genetic and phenotypic variation among faba bean landraces and cultivars. *International journal of vegetable science*, 17(1): 45-59.
- Abuzayed M.A., Goktay M., Allmer J., Doganlar S. et Frary A., 2017.** Development of genomic simple sequence repeat markers in faba bean by next-generation sequencing. *Plant molecular biology reporter*, 35(1): 61-71.
- Acquaah G., 2012.** Molecular markers. *In : John Wiley and Sons (Eds.). Principles of plant genetics and breeding. Second edition, UK, 385 -401*
- Adrian J., Potus J. et Fragne R., 2002.** La science alimentaire de A à Z. Ed. Tech et Doc. Lavoisier (3ème ed.), 579 p.

- Ait-Abdellah F. et Hamadache A., 1996.** Effet de la période de semis, de la variété et de l'utilisation du Glyphosate sur le contrôle de l'orobanche chez la fève (*Vicia faba* L.) dans une zone sub-humide. *Céréaliculture*, 29 : 21-28.
- Akkaya M.S., Bhagwat A.A. et Cregan P.B., 1992.** Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in Soybean. *Genetics*, 132(4): 1131-1139.
- Al Barri T. et Shtaya M. J. Y., 2013.** Phenotypic characterization of faba bean (*Vicia faba* L.) landraces grown in Palestine. *Journal of Agricultural Science*, 5 (2): 110-117.
- Al Mohandes Dridi B.A.M., Loumerem, M., Jabbes N. et Tlahig, S., 2011.** Caractérisation phéno-morphologique de quelques lignées de fève (*Vicia faba* L.) sélectionnées et adaptées aux conditions de culture dans les régions arides en Tunisie. *Afrika Focus*, 24(1): 71-94.
- Alemayehu N. et Keneni G., 2020.** Genetic consequences of failure to control outcrossing in breeding often cross-pollinated pulse and oil crops in Ethiopia. *Ethiop. J. Crop Sci.*, 7: 1–29.
- Alghamdi S.S., 2009.** Chemical composition of faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes under various water regimes. *Pakistan Journal of Nutrition*, 8: 477- 482.
- Alghamdi S.S., Al-Faifi S.A., Migdadi H.M., Ammar M.H. et Siddique K., 2011.** Inter-simple sequence repeat (ISSR)-based diversity assessment among faba bean genotypes. *Crop. Pasture Sci.*, 62: 755–760.
- Alghamdi S.S., Migdadi H. M., Ammar M.H., Paull J. G., Siddique K.H.M., 2012a.** Faba bean genomics: current status and future prospects. *Euphytica*, 186(3): 609–624.
- Alghamdi S.S., Al-Faifi S.A., Migdadi H.M., Khan M.A., El-Harty E.H. et Ammar M.H., 2012b.** Molecular diversity assessment using sequence related amplified polymorphism (SRAP) markers in *Vicia faba* L. *Int. J. Mol. Sci.*, 13: 16457–16471.
- Al-Huqail A.A. et Abdelhaliem E., 2015.** Evaluation of genetic variations in maize seedlings exposed to electric field based on protein and DNA markers. *Biomed. Res. Int.* 2015: 1-15.
- Al-Rifae M.O.H.D., Turk M.A. et Tawaha A.R.M., 2004.** Effect of seed size and plant population density on yield and yield components of local faba bean (*Vicia faba* L. Major). *International Journal of Agriculture and Biology*, 6(2): 294-299.
- Ammar M.H., Anwar F., El-Harty E.H., Migdadi H.M., Abdel-Khalik S.M., A Alfaifi S., Farooq M. et Alghamdi S.S., 2014.** Physiological and yield responses of faba bean (*Vicia faba* L.) to drought stress in managed and open field environments. *J. Agron. Crop. Sci.*, 201: 280–287.
- Ammar M.H., Alghamdi S.S., Migdadi H.M., Khan M.A., El-Harty E.H. et Al-Faifi S.A., 2015.** Assessment of genetic diversity among faba bean genotypes using agro-morphological and molecular markers. *Saudi journal of biological sciences*, 22(3): 340-350.
- Aouar-Sadli M., Louadi K. et Doumandji S.E., 2008.** Pollination of the broad bean (*Vicia faba* L. var. major) (Fabaceae) by wild bees and honey bees (Hymenoptera: Apoidea) and its impact on the seed production in the Tizou-Ouzou area (Algeria). *African Journal of Agriculture Research*, 4: 266-272.

**Arbaoui M., et Link W., 2006.** Three approaches to screen faba bean (*Vicia faba* L.) for winter hardiness. In: Avila, C.M., Cubero, J.I., Moreno, M.T., Suso, M.J., Torres, A.M. (Eds.), *International Workshop on Faba Bean Breeding and Agronomy*. Junta de Andalucía, Córdoba, Spain, ISBN 84-8474-195-8, pp. 112-113.

**Arbaoui M., Link W., Satovic Z., et Torres A.M., 2008.** Quantitative trait loci of frost tolerance and physiologically related trait in faba bean (*Vicia faba* L.). *Euphytica*, 164 (1): pp 93-104. doi: 10.1007/s10681-008-9654-0.

**Archak S., Tyagi R.K., Harer P.N., Mahase L.B., Singh N., Dahiya O.P., Nizar M.A., Singh M., Tilekar V., Kumar V., Dutta M., Singh N.P. et Bansal K.C., 2016.** Characterization of chickpea germplasm conserved in the Indian National Genebank and development of a core set using qualitative and quantitative trait data. *The Crop Journal*, 4: 417-424.

**Arvalis, 2013.** Diagnostic des accidents de la féverole et du pois, Ed. Arvalis. Paris, 84 p.

## B

**Babay E., Khamassi K.H., Sabetta W., Miazzi M.M., Montemurro C., Pignone D., Danzi D., Finetti-Sialer M.M. et Mangini G., 2020.** Serendipitous *in Situ* conservation of faba bean landraces in Tunisia: A Case Study. *Genes*, 11: 236 - 249.

**Backouchi I.Z., Aouida M., Khemiri N. et Jebara M., 2015.** Genetic diversity in Tunisian populations of faba bean (*Vicia faba* L.) based on morphological traits and molecular markers. *Genetics and Molecular Research*, 14(3) : 7587-7596.

**Badrani S., Bencharif A., et Lacirignola C., 1994.** Rapporto Alegia, CR Roma T, S et Nomisma, Italy, 270 p.

**Baranger A., Aubert G., Arnau G., Laine A., Deniot G. et Potier J., 2004.** Genetic diversity within *Pisum sativum* using protein and PCR-based markers. *Theor. Appl. Genet.*, 108: 1309-1321.

**Bardakci F., 2001.** Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Turkish Journal of Biology*, 25 (2) : 185-196.

**Barro-Kondombo C.P., 2010.** Diversités agro-morphologique et génétique de variétés locales de sorgho (*Sorghum bicolor* [L.] Moench) du Burkina Faso. Eléments pour la valorisation des ressources génétiques locales. Thèse doctorat. Université De Ouagadougou, 126 p.

**Battle I. et Tous J., 1997.** Carob tree. *Ceratonia siliqua* L. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 17. Institute of Plant Genetic and Crops Plant Research. Gatersleben/International Plant Resources Institute. Rome. Italy, 1-79.

**Bautista-Salas A.M., 2009.** Caractérisation agro-morphologique et moléculaire d'une collection de landraces péruviennes de pigeonpea (*Cajanuscajan* L. Millsp.) pour l'analyse de sa diversité. Thèse doctorat, Faculté universitaire Notre Dame de la paix, Belgique, 224 p.

- Bay Ahmed S., 2013.** Les pucerons dans la wilaya de Ghardaïa en Algérie : biodiversité et importance dans un champ de fève (*Vicia faba* L.). Mémoire de master. Université de Ghardaïa, 77 p.
- Beck D.F., Betran J., Banziger M., Wilcox M., et Edmeades G.O., 1997.** From landraces to hybrids: Strategies for the use of source populations and lines in the development of drought tolerant cultivars. *In* : Edmeades G. O., Banziger M., Mickelson H.R., et Pena-Valdivia C.B., 1996. Developing drought tolerant and low N tolerant maize. CIMMYT/UNDP. Mexico D.F. 566 p.
- Benachour K., Kamel L. et Michaël T., 2007.** Rôle des abeilles sauvages et domestiques (Hymenoptera : Apoidea) dans la pollinisation de la fève (*Vicia faba* L. var. *major*) (Fabaceae) en région de Constantine (Algérie). *Annales de la Société Entomologique de France*, 43 : 213-219.
- Bennett M.D., Smith J.B. et Heslop-Harrison J.S., 1982.** Nuclear DNA Amounts in Angiosperms. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 216: 179-199.
- Bertenbreiter W. et Sadiki M., 1996.** Rehabilitation of faba bean. Actes éditions, 202 p.
- Beyene Y., Botha A.M. et Myburg A.A., 2006.** Genetic diversity in traditional Ethiopian highland maize accessions assessed by AFLP markers and morphological traits. *Biodiver. Conserv.* 15 : 2655- 2671.
- Bhandari H.R., Bhanu A.N., Srivastava K., Singh M.N., Shreya 1., et Hemantaranjan I.A., 2017.** Assessment of genetic diversity in crop plants - an overview. *Adv Plants Agric Res.*, 7(3) : 279-286. DOI: 10.15406/apar.2017.07.00255.
- Blum A. et Sullivan C.Y., 1986.** The comparative drought resistance of landraces of sorghum and millet from dry and humid regions. *Ann. Bot.*, 57: 853-846.
- Boichard D., Le Roy P., Levéziel H. et Elsen J.M., 1998.** Utilisation des marqueurs moléculaires en génétique animale. *Biotechnologies*, 11(1) : 67-80.
- Boizet F., Chaillet I., Crosson P., Killmayer M., Pointereau, Pierre Taupin B., Vache R C., Vannetzel E. et Verdier JC., 2014.** Féverole de printemps et d'hiver - Guide de culture 2014-2015. ARVALIS - Institut du végétal, UNIP, FNAMS, 2 : 20 - 40 p.
- Bond D.A. et Duc G., 1993.** Plant breeding as a means of reducing antinutritional factors in grain legumes. *In*: Recent advances of research in antinutritional factors in legume seeds, EAAP Publication N. 70, Wageningen Pers, Wageningen, The Netherlands: 379-396.
- Bond D.A. et Poulsen M.H., 1983.** Pollination. *In*: ed. P.D. Hebblethwaite, *The Faba Bean*. Butterworth, London, UK. 77-101.
- Bond D.A., 1976.** Field bean, *Vicia faba* (Legumillosae papilionatae). *In* : Evolution of Crop Plants. Simmonds, N.W. (Ed.), Longman, London, UK. 179-182.
- Bond D.A., 1987.** Recent developments in breeding of field beans (*Vicia faba* L.). *Plant Breeding*, 99: 1-26.

**Bond D.A., Lawes D.A., Hawtin G.C., Saxena M.C. et Stephens J.S., 1985.** Faba bean (*Vicia faba* L.). In: Summerfield, R.J., Roberts, E.H. (Eds.), Grain Legume Crops. William Collins Sons Co. Ltd., London, UK. 199-265.

**Botstein D., White R.L., Skolnick M. et Davis R.W., 1980.** Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.*, 32 : 314–331.

**Bouammar B., 2010.** Le développement agricole dans les régions sahariennes. Etude de cas de la région d'Ouargla et la région de Biskra. Thèse Doctorat en science économique. Université Kasdi Merbeh, Ouargla, Algérie. 167 p.

**Bouhadida M., Chelbi I., Sakkouhi H. et Kharrat M., 2017.** Caractérisation agromorphologique d'une collection Tunisienne de lignées pures de fêverole. 90 p.

**Bould A. et Croften G.R.A., 1987.** Variation in the expression of hilum color in field varieties in relation to seed certification standers. *Seed Science and Technology.* 15: 651-662.

**Bouzgag M., 2015.** Étude de la diversité génétique chez la fève (*Vicia faba* L.). Mémoire Ingénieur, ENSA, El harrach, Algérie. 84 p.

**Bouznad Z., Porta-Puglia A., Tivoli B., KharratM., Di Vito M., Rubiales D., Labdi M. et Meskine M., 2001.** Contraintes biotiques des légumineuses alimentaires dans le bassin Mediterranean: état des problèmes, principaux parasites et pertes de rendement. Conférence paper. Grain legumes in Mediterranean agriculture, 27-36.

**Brink M. et Belay G., 2006.** Ressources végétales de l'Afrique tropicale 1: céréales et légumes secs, Prota, Pays bas, 221-223.

**Brown H., 1989.** Size and structure of collection: the case for core collection. *In* : Brown et Camb (Eds.). The use of plant genetic resources. 136-156.

## C

**Çalışkan M. 2012.** Genetic Diversity in Plants. Mahmut Çalışkan (Ed.) 512 p.

**Carre S., Tasei J.N., Badenhauser I., Le Guen J., Morin G. et Pierre J. 1998.** Gene dispersal by bumblebees between two lines of faba bean. *Crop. Sci.* 38: 322-325.

**Catt S.C. et Paull J.G. 2017.** Effects of ambient temperature and photoperiod on flowering time in faba bean (*Vicia faba* L.). *Crop and Pasture Science*, 68(11) : 893-901.

**Chaieb N., Bouslama M. et Mars M., 2011.** Growth and yield parameters variability among faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. *J. Nat. Prod. Resource*, 1 (2): 81-90.

**Chambers GK. et MacAvoy ES., 2000.** Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochem. Physiol.*, 126: 455-476.

**Charrier A., Jacquot M., Hamon S. et Nicolas D., 1997.** L'amélioration des plantes tropicales. CIEAD ORSTOM. Montpellier-Paris, 623 p.

- Chatelain C., Medjahdi B. et Benhouhou S., 2018.** eFlore du Maghreb, une flore électronique basée sur la Nouvelle flore d'Algérie de P. Quézel et S. Santa. *Ecologia Mediterranea*, 44(2) : 131-136.
- Chaux C. et Foury C., 1994.** Production légumières secs, Tome 3, légumineuses potagères, légumes, fruits. Technique et documentation Lavoisier F75384 Paris Cedex 08, 3-15.
- Chenna C., 2002.** Ressources génétiques de *Vicia faba* L. dans la région de Biskra. In: Labdi M., Maatougui M.E.H., Bouzenad Z., Benabdelli K., Bensedik B (Eds). Séminaire national sur les légumineuses alimentaires, Hammam Bouhadjar du 10 au 12 mai 1998. Algérie, 295 p.
- Chevarria Lazo M.A., 2001.** Les enjeux des normes internationales pour la gestion des ressources phytogénétiques utiles pour l'agriculture et l'alimentation. DESS droit de l'agriculture et des filières agro-alimentaires. Université Paris I - Pantheon Sorbonne. 75 p.
- Chouplek O., Hrstkova P. et Schweigert P., 2004.** Yield and its stability, crop diversity, adaptability and response to climate change, weather and fertilization over 75 years in the Czech Republic in comparison to some European countries. *Field Crops Research*, 85: 167-190.
- Clifford H.T. et Stephenson W., 1975.** An introduction to numerical classification. Academic Press, New York, 229 P.
- Cole S., 1970.** The Neolithic Revolution. *Trustees of the British Museum (Natural History)*. London. 72 p.
- Corrado G., La Mura M., Ambrosino O., Pugliano G., Varricchio P. et Rao R., 2009.** Relationships of Campanian olive cultivars: Comparative analysis of molecular and phenotypic data. *Genome*, 52: 692–700.
- Crépon K., Marget P., Peyronnet C., Carrouéa B., Arese P. et Duc G., 2010.** Nutritional value of faba bean (*Vicia faba* L.) seeds for feed and food. *Field Crops Research*, 115: 329-339.
- Crépon K., Marget P., Peyronnet C., Carrouéa B., Arese P. et Duc G., 2010.** Nutritional value of faba bean (*Vicia faba* L.) seeds for feed and food. *Field Crops Research*, 115: 329-339.
- Crofton G.R.A. et Bond D.A., 1998.** A review on the genetics of seed coat colour and hilum colour in field beans (*Vicia faba* L.) with comments on some implications of national listing and certification. *Plant Varieties And Seeds*. 11: 97-100.
- Cubero J.I. 1984.** Taxonomy, distribution and evolution of the faba bean and its wild relatives. In: Genetic resources and their exploitation Chickpeas, Faba beans and lentils. J.R. Witcombe and W. Erskine eds. 131-144.
- Cubero J.I. et Nadal S., 2005.** Faba bean (*Vicia faba* L.). In: JS Ram, PP Jauhar (eds) Genetic Resources, Chromosome Engineering and Crop Improvement. Series II- Grain Legumes. CRC, Boca Raton, FL, USA, 163–186.
- Cubero J.I. et Suso M.J., 1981.** Primitive and modern forms of *Vicia faba*. *Kulturpflanze*, XXIX: 137-145
- Cubero J.I., 1973.** Evolutionary trends in *Vicia faba* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 43: 59-65

**Cubero J.I., 1974.** On the evolution of *Vicia faba* L. Theoretical and Applied Genetics, 45: 47-51.

**Cubero J.I., 2011.** The faba bean: a historic perspective. Grain Legumes, 56: 5-7.

**Curley J. et Jung, G., 2004.** RAPD-based genetic relationships in Kentucky bluegrass: Comparison of cultivars, interspecific hybrids, and plant introductions. Crop science, 44(4): 1299-1306.

**Curtu A.L., Finkeldey R. et Gailing O., 2004.** Comparative sequencing of a microsatellite locus reveals size homoplasmy within and between European oak species (*Quercus* spp.). Plant Molecular Biology Report, 22: 339–346.

## D

**D.P.A.T., 1993.** Direction de la Planification et de l'Aménagement du Territoire : Données statistiques annuelles de la wilaya d'El Taref. 39 p.

**D.P.S.P., 2017.** Monographie wilaya de Djelfa. Direction de la programmation et de suivi budgétaires, wilaya de Djelfa. 110 p.

**D.S.A., 1993.** Étude de développement des zones montagneuses de la wilaya d'El Tarf. Rapport 2, 142 p.

**D.S.A., 2003.** Monographie de la wilaya de Tizi Ouzou. Direction des Services Agricoles de la wilaya de Tizi Ouzou. 38 p.

**D.S.A., 2007.** Monographie de la wilaya de Djelfa. Direction des Services Agricole de la wilaya de Djelfa, 36 p.

**D.S.A., 2009.** Monographie de la wilaya de Chlef. Direction des Services Agricole de la wilaya de Chlef, 26 p.

**D.S.A., 2010.** Monographie de la wilaya de Bouira. Direction des Services Agricoles de la wilaya de Bouira. 34 p.

**D.S.A., 2016.** Statistiques de la Direction des Services Agricole de la wilaya de Bouira. 32 p.

**Dahmardeh M., Ramroodi M., Valizadeh J., 2010.** Effect of plant density and cultivars on growth, yield and yield components of faba bean (*Vicia faba* L.). African journal of Biotechnology, 9(50): 8643-7.

**Daur I., Sepetoğlu H., Marwat K.B. et Geverek M.N., 2010.** Nutrient removal, performance of growth and yield of faba bean (*Vicia faba* L.) Pakistan Journal of Botany, 42(5): 3477-3484.

**De Vicente M. et Fulton T., 2003.** Using molecular marker technology in studies on plant genetic diversity. IPGRI, Rome, Italy and Institute for Genetic Diversity, Ithaca, New York, USA.

**Della A., 1988.** Characteristics and variation of Cyprus faba bean germplasm. FABIS Newsletter, 21: 9–12.

**Demol J., Louant B.P., Otoul E., Maréchal R., Mergeai G. et Baudoin J.P., 2002.** Amélioration des plantes: application aux principales espèces cultivées en régions tropicales. Les presses agronomiques Gembloux, Belgique, 584 p.

**Dorado G., Unver T., Budak H. et Hernández P., 2017.** Molecular markers. Reference module in biomedical sciences. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.08996-0>

**Dridi B., Loumerem M., Houimli S., Jabbes N. et Tlahig S., 2011.** Caractérisation phéno-morphologique de quelques lignées de fève (*Vicia faba* L.) sélectionnées et adaptées aux conditions de culture dans les régions arides en Tunisie, 24 p.

**DUBOST D., 2002.** Écologie, aménagement et développement agricole des oasis algérienne. CRSTRA. 422 p.

**Duc G., 1997.** Faba bean (*Vicia faba* L.). Field Crops Research 53: 99–109.

**Duc G., Sixdenier G., Lila M. and Furstoss V., 1989.** Search of genetic variability for vicine and convicine content in *Vicia faba* L. A first report of a gene which codes for nearly zero-vicine and zero-convicine contents. In : « Recent advances of research in antinutritional Factors in legumes seeds », J. Huisman, A.S.M. J.F.B. Van der Poel, I.E. Liener (Eds) Pudoc, Wageningen, Netherlands (Pbs), 305-313.

**Duc G., Bao S., Baum M., Redden B., Sadiki M., Suso M.J., Vishniakova M. et Zong X., 2010.** Diversity maintenance and use of *Vicia faba* L. genetic resources. Field Crop. Res., 115: 270–278.

**Duc G., Aleksić J.M., Marget P., Mikić A., Paull J., Redden R. J., Sass O., Stoddard F.L., Vandenberg A., Vishnyakova M. et Torres A.M., 2015.** Faba Bean. In: De Ron AM (Eds.). Grain Legumes. Springer, New York. 10: 141–178.

**Duke J.A., 1981.** Handbook of legumes of world economic importance. Plenum Press, New York, 1st ed., 275-279.

**Durant C., Appleby N., Edwards D. et Batley J. 2009.** Molecular genetic markers: Discovery, applications, data storage and visualisation Current bioinformatics, 4: 16-27

## E

**El Bouhamdi K. et Sadiki M., 2002.** Evaluation d'une collection de populations marocaines locales de fève et de féverole pour la tolérance à la sécheresse. Proceedings du 2ème séminaire du réseau REMAFEVE/REMALA, « Le devenir des Légumineuses Alimentaires dans le Maghreb », Hammamet, Tunisie, 100 p.

**El-Esawi M.A., 2017.** SSR analysis of genetic diversity and structure of the germplasm of faba bean (*Vicia faba* L.). Comptes Rendus Biologies, 340(11-12) : 474-480.

**Ellis R.H., Salahi M. et Jones S.A., 1999.** Yield-density equations can be extended to quantify the effect of applied nitrogen and cultivar on wheat grain yield. *Annals of applied biology*, 13: 347-352.

**Ellis R.H., Summerfield R.J. et Roberts E.H., 1988.** Effects of temperature, photoperiod and seed vernalization on flowering in faba bean *Vicia faba*. *Annals of botany*, 61: 17-27.

**Ellis R.H., Summerfield R.J. et Roberts E.H., 1990.** Flowering in faba bean: genotypic differences in photoperiod sensitivity, similarities in temperature sensitivity, and implications for screening germplasm. *Annals of botany*, 65: 129-138.

**Ellwood S.R., Phan H.T., Jordan M., Hane J., Torres A.M., Avila C.M., Cruz-Izquierdo S. et Oliver R.P., 2008.** Construction of a comparative genetic map in faba bean (*L.*); conservation of genome structure with *Lens culinaris*. *BMC genomics*, 9(1): 1-11. [https://doi:10.1016/s0022-2836\(75\)80083-0](https://doi:10.1016/s0022-2836(75)80083-0)

**Emperaie L., Gilda S.M., Fleury M., Robert T., Mckey D. et Pujol B., 2003.** Approche comparative de la diversité génétique et de la diversité morphologique des maniocs en Amazonie (Brésil et Guyanes). *Actes du BRG.*, 4 : 247-267.

**Engelmann F., 2010.** Conservation des ressources génétiques du palmier dattier, *In* : Biotechnologie du palmier dattier. Actes du 3e Séminaire du réseau AUF-BIOVEG Montpellier (France), 18-20 novembre 2008, pp. 161-174.

**Erdogan H., Christo P., Luchezar K. et Mahinur A., 2002.** Isolation of wheat microsatellite DNA fragments by hybridization selection. *Bulg. J. Plant Physiol.* 28 (1-2): 3-10.

**Evans L.T., 1959.** Environmental control of flowering in *Vicia faba* L. *Ann. Bot.* 23: 521-546.

**Everard B., 1982.** Guía de campo de las Flores de Europa. Ediciones Omega, S.A., Casanova, 220- Barcelona, España, 545-547.

**Excoffier L.L., Smouse P.E. et Quattro J.M., 1992.** Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplo-types: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131: 479-491.

## F

**Fady B., Collin E., Ducouso A., Lefèvre F., Musch B., Fargeix JM, Villar M., 2012.** Conservation *in situ* des ressources génétiques forestières : stratégies, dimensions nationale et pan-européenne. *Rendez-vous techniques ONF*, 2 : 28 -34.

**FAO, 1989.** Ressources phylogénétiques : leur conservation *in situ* au service des besoins humains, Rome, 38 p.

**FAO, 1996.** Rapport sur l'état des ressources phylogénétiques dans le monde. Rome, Italy, 72 p.

**FAO, 2009.** Traité internationale sur les ressources phylogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture. Rome, Italie, 56 P. [www.fao.org/docrep/011/i0510f/i0510f00.htm](http://www.fao.org/docrep/011/i0510f/i0510f00.htm)

- FAOSTAT., 2016.** Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database. Available online: <http://www.fao.org/food-agriculturestatistics>.
- FAOSTAT., 2021.** Production Crops: <http://faostat.fao.org>.
- Fatemi Z., 1998.** Les cultures des légumineuses alimentaires au Maroc. INRA. Domaine expérimental de Douyet. Fès. Morocco.148: 38p.
- Fatemi Z.E., Sakr B. et Andaloussi F.A., 2005.** Amélioration génétique de la fève et féverole. In : Andaloussi F.A. et Chahbar A. (Eds.). La création variétale à l'INRA, méthodologie, acquis et perspectives. INRA, Morocco, 139-160.
- Feldmann P., 2003.** Gérer les ressources biologiques : conserver, utiliser et valoriser ?. Rapport des travaux du groupe de travail « GTRG ». CIRAD, 23 p.
- Feliachi K., 1996.** Réhabilitation de la culture des fèves. Céréaliculture, 29 : 5-15.
- Fennell S.R., Powell W., Wright F., Ramsay G. et Waugh, R., 1998.** Phylogenetic relationships between *Vicia faba* (Fabaceae) and related species inferred from chloroplast rDNA sequences. Plant Systematics and Evolution, 212: 247–259.
- Fikreselassie M., 2012.** Evaluation the performance of commercial faba bean (*Vicia faba* L.) varieties on some morpho-physiological and N-fixing Traits under Eastern Ethiopia. International Journal of Agronomy and Agricultural Research. 2(8): 29-43.
- Flores F., Nadal S., Solis I., Winkler J., Sass O., Stoddard F. L., Link W., Raffiot B., Muel F. et Rubiales D., 2012.** Faba bean adaptation to autumn sowing under European climates. Agron. Sustain. Dev. 32: 727 – 734.
- Frankel O.H., 1976.** Conservation of crop genetic resources and of their wild relatives-an overview. In: Conservation and Agriculture. Hawkes, J.G., 1978. Duckworth, London, 284 p.
- Frankham, R., Ballou J. D., Briscoe D. A., 2010.** Introduction to conservation genetics. 2nd ed. Press Syndicate for the University of Cambridge, Cambridge, U. K, 644 p.
- Free J.B., 1970.** Insect Pollination of Crops. Academic Press.London— New-York. 555 p.
- Fulton T.M., Chunwongse J. et Tanksley S.D., 1995.** Microprep protocol for extraction of DNA from tomato and other herbaceous plants. Plant Mol. Biol. Rep., 13: 207–209.

## G

- Gaad D., 2018.** Étude de la diversité génétique de la lentille (*Lens culinaris* Medik.) cultivée en Algérie par l'utilisation de marqueurs morpho-agronomiques et moléculaires (SSR). Thèse doctorat. Ecole Nationale Supérieure Agronomique, Alger. 132 p.
- Gallais A. et Bannerot H., 1992.** Amélioration des espèces végétales cultivées: objectifs et critères de sélection. INRA, Paris. 768 p.
- Garfinkel Y., 1987.** Yiftahel : a neolithic village from the seventh millennium BC in lower Galilee. Journal of field archaeology, 14 : 199-212.

**Gasim S., Hamad S. A. A., Abdelmula A. et Mohamed Ahmed I. A., 2015.** Yield and quality attributes of faba bean inbred lines grown under marginal environmental conditions of Sudan. *Food Science & Nutrition*, 1-10.

**Gates P. et Boulter D., 1979.** The use of seed isoenzymes as an aid to the breeding of field beans (*Vicia faba* L.). *New Phytologist*, 83(3): 783-791.

**Gepts P., Llaca V., Nodari R.O. et Panella L., 1992.** Analysis of seed proteins, isozymes, and RFLPs for genetic and evolutionary studies in Phaseolus. *In* : Linskens H-F, Jackson JF (Eds.). *Modern methods of plant analysis (New Series): Seed analysis*. Springer, Berlin, 63-93.

**Girard C., 1990.** Féverole. *Techniques agricoles*, 2213 : 1-16.

**Gnanasambandam A., Paull J., Torres A., Kaur S., Leonforte T., Li H., Zong X., Yang, T. et Materne M., 2012.** Impact of molecular technologies on faba bean (*Vicia faba* L.) breeding strategies. *Agronomy*, 2: 132–166.

**Gong Y.M., Xu S.C., Mao W.H., Hu Q.Z., Zhang G.W., Ding J. et Li Z.Y., 2010.** Generation and characterization of 11 novel EST derived microsatellites from *Vicia faba* (Fabaceae). *American Journal of Botany*, 97(7): e69-e71.

**Gong Y.M., Xu S.C., Mao W.H., Li Z.Y., Hu Q.Z., Zhang G.W. et Ding J., 2011.** Genetic diversity analysis of faba bean (*Vicia faba* L.) Based on EST-SSR Markers. *Agricultural Sciences in China*, 10(6): 838-844.

**Govindaraj M., Vetriventhan M. et Srinivasan M., 2015.** Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. *Genetics Research International*, 14 p. doi:10.1155/2015/431487

**Grivet L., Noyer JL., 2003.** Biochemical and molecular markers. *In* : Hamon P, Seguin M, Perrier X and Glazmann JC (Eds.). *Genetic Diversity of Cultivated Tropical Plants*. Montpellier and Enfield: CIRAD and Science Publishers Inc, 1-17.

**GTS, 2002.** Prospection, collecte, conservation, caractérisation et valorisation des ressources phylogénétiques locales et anciennement introduits de quelques espèces horticoles. Projet de recherche. Rapport du groupe de travail spécialisé GTS/RG, MADR, INRA, 7 p.

**Gutierrez N., Avila C.M., Duc G., Marget P., Suso M.J., Moreno M.T. et Torres A.M., 2006.** CAPs markers to assist selection for low vicine and convicine contents in faba bean (*Vicia faba* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 114: 59-66.

**Gutierrez N., Avila C.M., Rodriguez-Suarez C., Moreno M.T. et Torres A.M., 2007.** Development of SCAR markers linked to a gene controlling absence of tannins in faba bean. *Molecular Breeding*. 19, 305-314.

## H

**Hacisferogullari H., Gezer I., Bahtiyarca Y. et Menges H., 2003.** Determination of some chemical and physical properties of Sakızfaba bean (*Vicia faba* L. Var. major). *J. Food Eng.* 60: 475 – 479.

**Hamadache A., 2003.** La féverole. *Institut Technique des Grandes Cultures (I.T.G.C)*, 13 p.

- Hamadache A., 2014.** Grandes cultures : principaux itinéraires techniques des principales espèces de grandes cultures pluviales cultivées en Algérie et en Afrique du nord (agriculture conventionnelle). 2<sup>ème</sup> édition, tome II : Légumineuses alimentaires (Pois chiche, Fève, Lentille), 188 p.
- Hamadache A., Ait Abdellah F. et Belloula B., 1996.** Effet de l'environnement, de la date de semis et du désherbage sur le rendement en grain et ses composantes chez la fève (*Vicia faba* L.). Céréaliculture, 29 : 15-20.
- Hamrick J. L., Godt M. J., 1990.** Allozyme diversity in plant species. In: Brown, A. H. D., Clegg, M. T., Kahler, A. L. and Weir, B. S. (Eds.). Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources, 43–63.
- Hanelt P., 1972.** Zur Geschichte des Anbaues von *Vicia faba* L. und ihrer verschiedenen Formen. Kulturpflanze, 20: 209–223
- Hanelt P., Shafer H. et Schultze-Motel J., 1972.** Die Stellung von *Vicia faba* L. in der Gattung *Vicia* L. und Betrachtungen zur Entstehung dieser Kulturart Kulturpflanze, 20: 263– 275.
- Hawtin G. et Omar M., 1980.** Estimation of out-crossing between isolation plots of faba beans. Fabis Newsletter, 2: 28–29.
- Hawtin G., Iwanaga M., Hodgkin T., 1996.** Genetic resources in breeding for adaptation. Euphytica, 92 : 255-266.
- Hernandez, P., Martis M., Dorado G., Pfeifer M., Gálvez S., Schaaf S., Jouve N., Šimková H., Valárik M., Doležel J. et Mayer K.F., 2012.** Next-generation sequencing and syntenic integration of flow-sorted arms of wheat chromosome 4A exposes the chromosome structure and gene content. The Plant Journal, 69(3): 377-386.
- Hijmans R. J., Guarino L. et Mathur P., 2012.** DIVA-GIS version 7.5 manual. University of California Davis. California, USA, 71 p.
- Hireche R. et Boughani M., 1998.** Faune et flore en Algérie, menace sur les espèces rares. Revue symbiose, 4 : 24-26.
- Hopf M., 1973.** Frühe Kulturpflanzen aus Bulgarien. Jahrbuch des Romisch-Germanischer Zentralmuseums. Mainz, 20: 1–47.
- Hossain M.S. et Mortuza M.G., 2006.** Chemical composition of Kalimatar, a locally grown strain of faba bean (*Vicia faba* L.). Pak. J. Biol. Sci. 9: 1817- 1822.
- Hoxha S., Shariflou MP. et Sharp P., 2004.** Evaluation of genetic diversity in Albanian maize using SSR markers. Maydica, 49: 97-103. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819194-1.00015-3>
- Huyghe, C., 1998.** Genetics and genetic modifications of plant architecture in grain legumes: a review. Agronomie, 18(5-6): 383-411.

## I

**Ianucci A., Terribile, M.R. et Martiniello, P., 2008.** Effects of temperature and photoperiod on flowering times of forage legumes in a Mediterranean environment. *Field Crops Research*, 106: 156-162.

**IBPGR-ICARDA, 1985.** Faba bean descriptors; International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR): Rome, Italy, 31 p.

**Ingram G.B., 1984.** Conservation *in situ* des ressources phylogénétiques : les bases scientifiques et techniques. Division des ressources forestières. FAO. Rome. 47 p.

**INRAA, 2002.** Prospection, collecte, conservation, caractérisation et valorisation des ressources phylogénétiques locales et anciennement introduits de quelques espèces horticoles. Projet de recherche, MADR, INRA, pp. 1-7.

**INRAA., 2006.** Deuxième rapport national sur l'état des ressources phylogénétique. Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie. El Harrach, Algérie, 91 p.

## J

**Jaramillo S. et Baena M., 2000.** Material de apoyo a la capacitación en conservación ex situ de recursos fitogenéticos. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI) grupo Américas. Cali, Colombie, 128 p.

**Jarvis D.I., Padoch C., Coopery H.D. 2012.** Gestion de la biodiversité dans les écosystèmes agricoles. Publié par Bioversity International, 504 p.

**Jensen E.S., Peoples M.B. et Hauggaard-Nielsen H., 2010.** Faba bean in cropping systems. *Field Crops Research*, 115: 203-216.

**Johnston J., Bennett M. et Rayburn A., 1999.** Reference standards for determination of DNA content of plant nuclei. *Am. J. Bot.*, 86 (5): 609–613.

**Jonah P.M., Bello L.L., Lucky O., Midau A. et Moruppa S.M., 2011.** Review: the importance of molecular markers in plant breeding programmes. *Global Journal of Science Frontier Research*, 11: 5-12.

## K

**Kameswara N., JHanson J., Ehsan Dulloo M., Ghosh K., Nowell D. et Larinde M., 2006.** Manuel de manipulation des semences dans les banques de gènes. Manuels pour les banques de gènes N° 8. Biodiversity International, 165 p.

**Karaköy T., Baloch F.S., Toklu F. et Özkan H., 2013.** Variation for selected morphological and quality-related traits among 178 faba bean landraces collected from Turkey. *Plant Genet. Resour.*, 12: 5–13.

- Kaser HR., Steiner AM., 1983.** Subspecific classification of *Vicia faba* L. by protein and isozyme patterns. *Fabis Newsletters*, 7: 19–20.
- Kaur S., Pembleton L.W., Cogan N.O., Savin K.W., Leonforte T., Paull J., Materne M. et Forster J.W., 2012.** Transcriptome sequencing of field pea and faba bean for discovery and validation of SSR genetic markers. *Bmc Genomics*, 13(1): 1-12.
- Kaur S. Kimber R.B., Cogan N.O., Materne M., Forster J.W. et Paull J.G., 2014.** SNP discovery and high-density genetic mapping in faba bean (*Vicia faba* L.) permits identification of QTLs for ascochyta blight resistance. *Plant Sci.*, 217-218, 47–55.
- Keneni G., Jarso M., Wolabu T. et Dino G., 2005.** Extent and pattern of genetic diversity for morpho-agronomic traits in ethiopian highland pulse landraces II. faba bean (*Vicia faba* L.). *Genet. Resour. Crop. Evol.*, 52: 551–561.
- Khalifa K.A., Ibrahim S.D., El-Garhy H.A., Moustafa M.M., Maalouf F., Alsamman A., M., Hamwiah A et El Allali, A., 2021.** Developing a new genic SSR primer database in faba bean (*Vicia faba* L.). *Journal of Applied Genetics*, 62(3): 373-387.
- Khamassi K., 2014.** Analyse de la diversité génétique et cartographie des marqueurs moléculaires SNP pour le contrôle des vicine et convicine, chez *Vicia faba* L. var minor. Thèse Doctorat. INAT, Tunisie, 233 p.
- Khan H.R., Paull J.G., Siddique K.H.M. et Stoddard F.L., 2010.** Faba bean breeding for drought-affected environments: a physiological and agronomic perspective. *Field.Crop. Res.* 115: 279–286.
- Khazaei H., Street K., Bari A., Mackay M., Stoddard F.L., 2013.** The FIGS (Focused Identification of Germplasm Strategy) Approach Identifies Traits Related to Drought Adaptation in *Vicia faba* Genetic Resources. *PLoS ONE*, 8(5) : e63107. doi:10.1371/journal.pone.0063107
- Kislev M.E., 1985.** Early Neolithic horsebean from Yiftah'el. *Science*, 279: 302-303.
- Kiss G.B., Csanadi G., Kalman K., Kalo P. et Okresz L., 1993.** Construction of a basic genetic map for aflaf using RFLP, RAPD, isoenzyme and morphological markers. *Theor, Appl. Genetic.* 238: 129-137.
- Knenni G., Jarso M., Wolabu T. et Dino G., 2005.** Extent and pattern of genetic diversity for morpho-agronomic traits in Ethiopian highland pulse landraces. II. Faba bean (*Vicia faba* L.). *Genet. Resour. Crop Evol.* 52: 551–561.
- Köpke U. et Nemecek T., 2010.** Ecological services of faba bean. *Field Crop Res.* 115: 217-233.
- Kosterin O.E., 2014.** The lost ancestors of the broad bean (*Vicia faba* L.) and the origin of plant cultivation in the Near East. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 18: 831-840.
- Krap A., Isaac P.G. et Ingra DS. 1998.** Molecular tools for screening biodiversity. Chapman et Hall, London, UK, 498 p.

**Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. et Battistuzzi F.U., 2018.** MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.*, 35, 1547–1549.

## L

**Laamari M., Khelfa L. et Cœur d'Acier A., 2008.** Resistance source to cowpea aphid (*Aphis craccivora* Koch) in broad bean (*Vicia faba* L.) Algerian landrace collection. *African Journal of Biotechnology*, 7(14): 2486-2490.

**Laborda P.R., Oliveira K.M., Garcia A.A.F., Paterniani M. et De Souza A.P., 2005.** Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers? *Theor. Appl. Genet.*, 11: 1288–1299.

**Labuda H., 2002.** Flowering and pod setting of faba bean (*Vicia faba* L. var. major Harz) depending on nitrogen fertilization. *Ann. UMCS Sect. EEE*, 10: 235–240.

**Labuda H., 2012.** Flowering and characteristics of useful traits of some faba bean (*Vicia faba* L. var. major Harz) cultivars and breeding lines. *Acta Agrobot.*, 65: 139–148.

**Lazrak A., 1996.** Caractérisation des ressources génétiques de *Vicia faba* L. et utilisation en sélection. Mémoire de 3ème cycle. IAV Hassan II Rabat, Maroc, 137 p.

**Le Guen J. et Duc G., 1992.** La fève. *In*: ed. A. Gallais and H. Bannerot, Amélioration des Espèces Végétales Cultivées. INRA, 189-203.

**Lewis P. et Zaykin D., 2002.** Genetic data analysis (GDA): User's manual. <http://hydrodictyon.eeb.uconn.edu/people/plewis/downloads/gda1.1.win32.zip>

**Lhoste J., 1947.** Ce qu'il faut savoir des maladies des plantes cultivées et de leurs ennemis. Ed Paul le chevalier. Paris Tome I. 368 p.

**Lidder P. et Sonnino A., 2012.** Biotechnologies for the management of genetic resources for food and agriculture. *Advances in genetics*, 78: 1-167.

**Li-juan L., Zhao-hai Y., Zhao-jie Z., Ming-shi X. et Han-qing Y., 1993.** Study and utilization of faba bean germplasm resources. *In*: Saxena, M.C., Weigand, S., Li-Juan, L. (Eds.), *Faba Bean in China: State-of-the Art Review*. ICARDA Press, (Ch.4), pp. 51-63.

**Link W., Dixkens C., Singh M. et Schwall M., 1995.** Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germplasm revealed by RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(1): 27-32.

**Link W., Balko, C. et Stoddard F.L., 2010.** Winter hardiness in faba bean: Physiology and breeding. *In* : *Field Crops Research*, 115(3): 287-296.

**Liu Y. et Hou W., 2010.** Genetic diversity of faba bean germplasms in Qinghai and Core Germplasm identified based on AFLP analysis. *Legum. Genom. Genet.*, 1: 1-6.

**Lloveras-Vilamanya J., 1987.** Forage production and quality of several crop rotations and pastures in northwestern Spain. *Grass and Forage Science*, 42(3): 241–247.

**Lopez-Bellido F.J., Lopez-Bellido L. et Lopez-Bellido R.J., 2005.** Competition, growth and yield of faba bean. *European Journal of Agronomy*, 23(4): 359-378.

**Louette D., 1994.** Gestion traditionnelle de variétés de maïs dans la réserve de la biosphère Sierra Manantan (RBSM, états de Jalisco et Colima, Mexique) et conservation in situ des ressources génétiques de plantes cultivées. Thèse de doctorat. École Nationale Supérieure Agronomique Montpellier, France, 245 p.

**Louwaars N.P., 2018.** Plant breeding and diversity: A troubled relationship? *Euphytica*, 214: 114.

## M

**Ma Y., Yang T., Guan J., Wang S., Wang H., Sun X. et Zong X., 2011.** Development and characterization of 21 EST-derived microsatellite markers in *Vicia faba* (faba bean). *Am. J. Bot.*, 98: 22–24.

**Maalouf F.S., Suso M.J. et Moreno M.T., 1999.** Choice of methods and indices for identifying the best parentals for synthetic varieties in faba bean. *Agronomie*. 19(8): 705–712.

**Maalouf F., Khalil S., Ahmed S., Akintunde AN., Kharrat M., El Shama'a K., Hajjar S. et Malhotra R.S., 2011.** Yield stability of faba bean lines under diverse broomrape prone production environments. *Field Crops Research*, 124: 288-294.

**Maalouf F., Nawar M., Hamwiah A., Amri A., Zong X., Bao S. et Yang T., 2013.** Faba bean. *In* : Singh M, Upadhyaya H. and Singh Bisht I. (Eds.). Genetic and genomic resources of grain legume improvement. 1st edition, UK and USA. 113-128.

**Maalouf F., Hu J., O'Sullivan D.M., Zong X., Hamwiah A., Kumar S. et Baum M., 2018.** Breeding and genomics status in faba bean (*Vicia faba*). *Plant Breed.*, 138: 465–473.

**Maatougui M.E.H., 1996.** Situation de la culture des fèves en Algérie et perspectives de relance. *Céréaliculture*, 29 : 6-14.

**Mediouni K., 2001.** Synthèse de la stratégie Algérienne d'utilisation durable de la diversité biologique. Tome IX. Elaboration d'un bilan et d'une stratégie nationale de développement durable de la diversité biologique FEM/PNUD. Projet ALG/97/G31, 8 P.

**Magda A.F. et Shalaby H.M.H., 2000.** Influence du cyclocel (2- chloroéthyl tri-chlorure de méthylammonium) sur la croissance végétative, le porc photosynthétiquement, floraison, abscission et rendement de faba bean (*Vicia faba* L.). *Annales de Sciences agricoles Moshtohor*. 38: 1485-1502.

**Magoda S.F. et Gous R.M., 2011.** Evaluation of dehulled faba bean (*Vicia faba* cv. Fiord) as a protein source for laying hens. *South Afric. J. Anim. Sci.*, 41: 87-93.

**Mancini R., De Pace C., Scarscia Mugnozza G.T., Deire V. et Vittori D., 1989.** Isoenzyme gene markers in *Vicia faba* L. *Theor Appl Genet*. 77: 657–667.

**Mantel N., 1967.** The detection of disease clustering and generalized regression approach. *Cancer Res.*, 27: 209-220.

- Maoui S.B., Elhadj B., Frikh A. et Girard C., 1990.** La culture de la féverole en Tunisie .Ed. I.N.R.A.T.O.N.H., AGROPOL. et I.T.C.F. 16 p.
- Marcellos H. et Perryman T., 1988.** Pollination and fertilization in crops of *Vicia faba*. Aust. J. Agric. Res., 39: 579–587.
- Marchenay P. et Lagarde M.F., 1986.** Prospection et collecte des variétés locales de plantes cultivées. BRG et PAGE-PACA Eds., France. 211 p.
- Marchenay P. et Lagarde M.F., 1987.** A la recherche des variétés locales de plantes cultivées. Guide méthodologique. Ed. PAGE-PACA, France, 125 p.
- Marzinziga B., Brünjesb L., Biagionic S., Behlingc H., Linkb W. et Westphal C., 2018.** Bee pollinators of faba bean (*Vicia faba* L.) differ in their foraging behaviour and pollination efficiency. Agr. Ecosyst. Environ., 264: 24–33. f
- Matallah S., Belgudj M. et Salhi A., 2008.** Diagnostic rapide d'une région agricole dans le Sahara algérien, axes de recherche/ développement prioritaires (Biskra), ISBN : 978-9961-9703-0-0, 26 p.
- Matson P.A., Parton W.J., Power A.G. et Swift, M.J., 1997.** Agricultural intensification and ecosystem properties. Science, 277 : 504-509.
- Matsuoka Y., Vigouroux Y., Goodman M.M., Sanchez J., Buckler E. et Doebley J., 2002.** A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. Proc. Natl. Acad. Sci. 99: 6080-6084.
- Matthews P. et Marcellos H., 2003.** Faba bean. New South Wales, Dept. Primary Ind., Div. Plant Ind., AgFact P4.2.7, 2nd Ed., 12 p.
- Maxted N., 1995.** An Ecogeographical Study of *Vicia* subgenus *Vicia*. Systematic and ecographic studies on crop gene pool No 8. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Rome. 184 p.
- Maxted N., Khattab M.A. et Bisby A., 1991.** Domesticated legumes and their wild relatives: newly discovered relatives of *Vicia faba* L. do little to resolve the enigma of its origin. Bot Chron. 10: 435–465.
- Maxted N., Erskine W., Singh D.P., Robertson L.D. et Asthana A.N., 2000.** Are our germplasm collections museum items? In: Knight, R. (Ed.), Proceedings of the Third International Food Legumes Research Conference: Linking Research and Marketing Opportunities for Pulses in the 21st Century. Adelaide, Australia, 22-26 September 1997. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, the Netherlands. 589-602.
- Mburu D. et Hanotte O., 2005.** A practical approach to microsatellite genotyping with special reference to livestock population genetics. ILRI, Nairobi, Kenya. 82 p.
- McGregor S.E., 1976.** Insect Pollination of Cultivated Crop Plants. U.S.D.A. Agriculture Handbook, 496: 93-98.

- Mebarki L., 2009.** Analyse comparative de la diversité génétique et de la structure des populations chez l'orge (*Hordeum vulgare* L.) à l'aide de marqueurs SSR, DART et du pedigree. Mémoire de maîtrise en biologie végétale. Département de phytologie, faculté des sciences de l'agriculture et de l'alimentation université LAVAL, Québec. 71 p.
- Mejri S., Mabrouk Y., Voisin M., Delavault P., Simier P., Saidi M. et Belhadj O., 2012.** Variation in quantitative characters of faba bean after seed irradiation and associated molecular changes. *African journal of biotechnology*, 11(33), 8383-8390.
- Meskine M., Bouznad Z., Allagui M.B. et Aziri H., 2002.** La Rouille des fèves dans le Maghreb : Incidence de la Maladie et Sources de Résistance. Proceedings du 2ème séminaire du réseau REMAFEVE/REMALA, « Le devenir des Légumineuses Alimentaires dans le Maghreb », Hammamet, Tunisie, 100 p.
- Minguez I. et Rubiales, D., 2021.** Faba bean. In : Elsevier Academic Press (Eds.). *Crop Physiology : Case Histories for Major Crops*. Chapter 15: 452-481.
- Mondini L., Noorani A. et Pagnotta M.A., 2009.** Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity*, 1(1): 19-35.
- Morgante M. et Olivieri A.M., 1993.** PCR-Amplified microsatellites as markers in plant genetics. *The Plant Journal*, 3(1): 175-182.
- Moustacchi E. et Williamson D.H., 1966.** Physiological variations in satellite components of yeast DNA detected by density gradient centrifugation. *Biochemical Biophysical Research Communication*, 23: 56–61.
- Muehlbauer, F. et Tullu, A., 1997.** *Vicia faba* L. . Purdue Univ., Cent. New Crops Plants Prod., New Crop Factsheet. <https://hort.purdue.edu/newcrop/CropFactSheets/fababean.html>
- Mukhopadhyay, T. et Bhattacharjee, S. 2016.** Genetic Diversity: Its Importance and Measurements. *Conserving Biological Diversity: A Multiscaled Approach*, pp. 251-295.
- Mulugeta B., Tesfaye K., Keneni G. et Ahmed S., 2021.** Genetic diversity in spring faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes as revealed by high-throughput KASP SNP markers. *Genet. Resour. Crop. Evol.*, 68: 1971–1986.
- Muratova V.S., 1931.** Common beans (*Vicia faba* L.). *Bull. Appl. Bot. Genet. Pl. Breed. Suppl.* 50: 1-298.
- Murphy, J.P., et Phillips, T.D., 1993.** Isozyme Variation in Cultivated Oat and Its Progenitor Species *Avena sterilis* L. *Crop Science*, 33(6): 1366–1372.

## N

- Najimi B., El Jaafari S., Jlibène M. et Jacquemin J.M., 2003.** Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes *Biotechnology. Agronomy, Society and Environment*, 7 (1) : 17-35.
- Nasraoui B., 1991.** Principales maladies fongiques de trois légumineuses alimentaires dans la région du Kef (Tunisie). *Tropicultura*, 9 : 51-52.

**Nei M. et Li W., 1979.** Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci., 76: 5269–5273.

**Nkefor J.P., Ndam N., Blachmlore P.C. et Sunderland T.C.H., 1998.** Le programme de conservation par culture, mis en œuvre au jardin botanique de limbe : Réussite et avantage. FAO. Recherches actuelles et perspectives pour la conservation et le développement. Atelier international sur les produits forestiers non ligneux en Afrique centrale. Jardin Botanique de Limbe Cameroun. 8 p.

**Nurmansyah N., Alghamdi S.S., Migdadi H.M., Khan M.A. et Afzal M. 2020.** AFLP-based analysis of variation and population structure in mutagenesis induced faba bean. Diversity, 12(8): 303-317.

## O

**O’Sullivan D.M. et Angra D., 2016.** Advances in faba bean genetics and genomics. Front. Genet., 7, 150. DOI: <http://dx.doi.org/10.3389/fgene.2016.00150>

**Oliveira E.J., Padua J.G., Zucchi M.I., Vencovsky R. et Vieira M.L.C., 2006.** Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. Genetics and Molecular Biology, 29 : 294-307.

**Oliveira H.R., Tomás D., Silva M., Lopes S., Viegas W. et Veloso M.M., 2016.** Genetic diversity and population structure in *Vicia faba* L. landraces and wild related species assessed by nuclear SSRs. PLoS ONE, 11(5) : e0154801. doi:10.1371/journal.pone.0154801

**Osman A. A. M., Yagoub S. O. et Tut O. A., 2010.** Performance of faba beans (*Vicia faba* L.) cultivars grown in new agroecological region of Sudan (Southern Sudan). Aust. J. of Basic. and Appl. Sci., 4 (11): 5516-5521.

**Ouffroukh A. et Aggad H., 1996.** Identification des viroses affectant la fève (*Vicia faba* L.) en Algérie, In: proceeding rehabilitation of faba bean. Berthenbreiter W. et Sadiki M. Actes ED. Rabat (Marroco), 173-178 p.

**Ouji A., Rouaissi, M., Abdellaoui R. et El Gazzah M., 2011a.** The use of reproductive vigor descriptors in studying genetic variability in nine Tunisian faba bean (*Vicia faba* L.) populations. Afr. J. Biotechnol., 10: 896–904.

**Ouji A., Suso M.J., Rouaissi M., Abdellaoui R., 2011b.** Genetic diversity of nine faba bean (*Vicia faba* L.) populations revealed by isozyme markers. Genes and Genomics, 33(1): 31-38.

**Ouji A., El Bok S., Syed N.H., Abdellaoui R., Rouaissi M., Flavell A.J. et El Gazzah M., 2012.** Genetic diversity of faba bean (*Vicia faba* L.) populations revealed by sequence specific amplified polymorphism (SSAP) markers. Afr. J. Biotechnol., 11: 2162–2168.

**Ozenda P., 1977.** Flore du Sahara, Ed. CNRS, Paris, 250-259.

## P

- Parizeau M., 1997.** La biodiversité. Tout conserver ou tout exploiter. Sciences Ethiques. Sociologie. DeBoeck et Larcier s.a. Paris, Bruxelles, p. 209.
- Patrick J.K. et Stoddard F.L., 2010.** Physiology of flowering and grain filling in faba bean. *Field Crops Res.* 115: 234-242.
- Payman A.A., 2017.** Evaluation of yield and yield components in some genotype of faba bean (*Vicia faba* L.). *Journal of University of Duhok.*, 20 (1): 36-40.
- Peakall R. et Smouse P.E., 2006.** Genalex 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes*, 6: 288–295.
- Pérez-de-luque A., Eizenberg H., Grenz J.H., Sillero J.C., Avila C., Sauerborn J. et Rubiales D., 2010.** Broomrape management in faba bean. *Field Crops Research*, 115: 319-328.
- Pernes J., 1984.** Gestion des ressources génétiques des plantes. ACCT (France), Tome 2. 109 p.
- Peron J.Y., 2006.** Références productions légumières, Lavoisier 2ème édition, Paris, 366- 367.
- Perrino P., Robertson L.D. et Silh M.B., 1991.** Maintenance, evaluation and use of faba bean germplasm collections: Problems and prospects. *CIHEAM Options Méditerranéenne*, 110: 21–31.
- Picard J., 1976.** Aperçu sur l'hérédité du caractère absence de tanins dans les graines de féverole (*Vicia faba* L.). *Annales de l'Amélioration des Plantes*. 26 (1): 101-106.
- Polignano G.B. et Spagnoletti Zeuli P.L., 1985.** Variation and covariation in *Vicia faba* L. populations of Mediterranean origins, *Euphytica*, 34: 659-668.
- Polignano G.B., Alba E., Ugenti P. et Scippa G., 1999.** Geographical patterns of variation in Bari faba bean germplasm collection. *Genet. Resour. Crop. Evol.*, 46: 183–192.
- Pozarkova D., Koblizkova A., Roman B., Torres A.M., Lucretti S., Lysak M., Dolezel J. et Macas J., 2002.** Development and characterization of microsatellite markers from chromosome 1-specific DNA libraries of *Vicia faba*. *Biologia Plantarum*, 45: 337-345.
- Przybylska J., Zimniak-Przybylska Z. et Krajewski P., 1998.** Isoenzyme variation in the wild relatives of *Vicia faba* (Fabaceae). *Pl Syst Evol.* 213: 173–186.

## Q

- Qahtan A.A., Al-Atar A., Abdel-Salam E.M., El-Sheikh M.A., Gaafar A.R.Z. et Faisal M., 2021.** Genetic diversity and structure analysis of a worldwide collection of faba bean (*Vicia faba*) genotypes using ISSR markers. *Int. J. Agric. Biol.*, 25: 683–691.
- Quezel P. et Santa S., 1962.** Nouvelle flore de l'Algérie et des régions désertiques méridionales. Ed. C.N.R.S., Paris, 1165 p.

## R

- R Core Team., 2020.** R: A language and environment for statistical computing; R foundation for statistical computing: Vienna, Austria. Available online: <https://www.R-project.org/> (accessed on 5 March 2021).
- Rachef S.A., Ouamer F. et Ouffroukh A., 2005.** Inventaire des ravageurs de la fève en Algérie (identification et caractérisation). *Recherches agronomiques*, 16 : 36-41.
- Raina S.N. et Ogihara Y., 1995.** Ribosomal DNA repeat unit polymorphism in 49 *Vicia* species. *Theoretical and Applied Genetics*, 90: 477–486.
- Rebaa F., Abid G., Aouida M., Abdelkarim S., Aroua I., Muhovski Y., Baudoin J.P., M'Hamdi M., Sassi K. et Jebara M., 2017.** Genetic variability in Tunisian populations of faba bean (*Vicia faba* L. var. major) assessed by morphological and SSR markers. *Physiol. Mol. Biol. Plants.*, 23: 397–409.
- Robertson L.D., 1985.** Faba bean germplasm collection, maintenance, evaluation, and use. In: M.C. Saxena and S. Varma (Eds). *Faba Beans, Kabuli Chickpeas, and Lentils in the 1980s ; Proceedings of an International Workshop, ICARDA, Aleppo, Syria. 16–21 May*, pp. 15–21.
- Robertson L.D., 1997.** Faba bean. In D. Fuccillo, L. Sears and P. Stapleton (Eds.). *Biodiversity in Trust : Conservation and Use of Plant Genetic Resources in CGIAR Centres*. Cambridge University Press, U.K., pp. 168-180.
- Robertson L.D. et El-Sherbeeney M., 1991.** Distribution of discreetly scored descriptors in a pure line faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm collection. *Euphytica*, 57: 83-92.
- Rochester I.J., Peoples M.B., Hulugalle N.R., Gault R.R. et Constable G.A., 2001.** Using legumes to enhance nitrogen fertility and improve soil condition in cotton cropping systems. *Field Crops Res.* 70: 27–41.
- Roman B., Satovic Z., Pozarkova D., Macas J., Dolezel J., Cubero J.I. et Torres A.M., 2004.** Development of a composite map in *Vicia faba* L. breeding applications and future prospects. *Theor Appl Genet.* 108 : 1079-1088.
- Romesburg H.C., 1984.** Cluster analysis for researches. Wadsworth Inc, EEUU, 334 p.

## S

- Saadi H., 2014.** Contribution à l'étude de la résistance variétés locales de *Vicia faba* L. au nématode de *Ditylenchus dipsaci* dans la wilaya de Biskra. Mémoire magistère. Université Mohamed Khider – Biskra, Algérie, pp. 20-28.
- Sadiki M., Amri A., Birouk A. et Bounejmate M., 1995.** Les ressources phytogénétiques des plantes cultivées au Maroc. In : Etude de faisabilité du projet FEM/PNUD/FAO sur la Conservation et la Valorisation des Ressources Génétiques des Plantes au Maghreb; Ministère de l'Environnement: Rabat, Maroc. 23 p.
- Sadiki M., Jarvis D.I., Rijal D., Bajracharya J., Hue N.N., Camacho-Villa J.C., Burgos-May L.A., Sawadogo M., Balma D., Lope D., Arias L., Mar I., Karamura D., Williams D.,**

- Chavez-Servia J.L., Sthapit B., Rao V.R., 2007.** Les noms des variétés: un point d'entrée à la diversité génétique des cultures et à la distribution dans les écosystèmes agricoles. *In* : D.I. Jaris, C. Podocho and H.D. Copper (Eds.). Gestion de la biodiversité dans les écosystèmes agricoles. Columbia University Press, New York, 34-76
- Sadiki M., Kharrat M., Maatougui M.E. et Fatemi Z.E., 1996.** Ressources génétiques de *Vicia faba*. Rapport annuel pour 1996, REMAFEVE, Rabat, 129 p
- Sahli N., 2004.** Evaluation de la diversité génétique d'une collection de *Botrytis fabae* Sard et *Botrytis cinerea* Pers. Agent de la maladie tache chocolat de la fève. Mémoire Magister, I.N.A., El-Harrach, 135 p.
- Saiki R.K., Gelfand D.H., Stoffel S., Scharf S.J., Higuchi R. et Horn G.T., 1988.** Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science*, 239: 487-91.
- Sánchez-Pérez R., Ruiz D., Dicenta F., Egea J., Martínez-Gómez P., 2005.** Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterization, protection, and genetic relationships. *Scientia Horticulturae*, 103(3): 305-315.
- Sanou J., 1996.** Analyse de la variabilité génétique des cultivars locaux de maïs de la zone de savane ouest africaine en vue de sa gestion et de son utilisation. Thèse de doctorat. École Nationale Supérieure Agronomique Montpellier, France, 98 p.
- Santoni S., Faivre-Rampant P., Prado E. et Prat D., 2000.** Marqueurs moléculaires pour l'analyse des ressources génétiques et l'amélioration des plantes. *Cahiers d'études et de recherches francophones / Agricultures*, 4: 311-27.
- Schäfer H.I., 1973.** Zur Taxonomie der *Vicia narbonensis* Gruppe. *Kulturpfl*, 21: 211-73.
- Schneider A. et Huyghe C., 2015.** Les légumineuses pour les systèmes agricoles et alimentaires durables. Editions Quae, RD10, 78026 Versailles Cedex. 515 p.
- Schultze-Motel J., 1972.** The archaeological remains of the broad bean *Vicia faba* and the evolution of the species. *Kulturpflanze*, 19: 321-358.
- Seltzer P., 1946.** Le climat de l'Algérie. Université d'Alger, IMPG Carbonnel Eds., Alger.
- Sevilla R., et Holle M., 1995.** Recursos Genéticos Vegetales. UNALM, Lima, Peru. Singh, S.P. 1991. Genetic divergence and canonical analysis in hyacinth bean. *Journal of Genetics and Breeding* 45: 7-12.
- Sillero J.C., Villegas-Fernandez A.M., Thomas J., Rojas-Molina M.M., Emeran A.A., Fernandez-Aparicio M. et Rubiales D., 2010.** Faba bean breeding for disease resistance. *Field Crops Research*, 115: 297-307.
- Singh R.J. et Jauhar P.P., 2005.** Genetic resources, chromosome engineering and crop improvement, 1st ed.; CRC Press: Boca Raton, FL, USA. 204–228.

- Singh B.K., Gupta A. et Singh L., 2012.** Improvement of faba bean (*Vicia faba* L.). In : Jain Brother Publishing House (Eds.). Faba bean (*Vicia faba* L.) : A potential leguminous crop of India. New Delhi, 119-140.
- Sirks M. J., 1920.** Erfelijkheids-en Selectieonderzoekingen bij Vicia Soorten. *Genetica*, 2(1): 193-199.
- Small E., 2009.** Top 100 food plants : The world's most important culinary crops. NRC Presse, Ottawa, ON. 636 p.
- Smith J.S.C. et Smith O.S., 1992.** Fingerprinting crop varieties. *Adv Agron.* 47: 85-140
- Sneath P.H.A. et Sokal R.R., 1973.** Numerical taxonomy—the principles and practice of numerical classification; W.H. Freeman: San Francisco, CA, USA. 535 p.
- Soper M.H.R., 1952.** A study of the principal factors affecting the establishment and development of the field bean (*Vicia faba*). *The Journal of Agricultural Science*, 42(4), 335-346.
- Southern E.M., 1975.** Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. *Journal of Molecular Biology*, 98(3): 503-517.
- Sprent J.I. et Bradford A.M., 1977.** Nitrogen fixation in field beans (*Vicia faba*) as affected by population density, shading and its relationship with soil moisture. *The Journal of Agricultural Science*, 88(2): 303-310.
- Stoddard F.L., Nicholas A.H., Rubiales D., Thomas J. et Villegas-Fernandez A.M., 2010.** Integrated pest management in faba bean. *Field Crops Research*, 115: 308-318.
- Stützel H., 1995.** A simple model for simulation of growth and development in faba beans (*Vicia faba* L.) : 1. Model description. *European Journal of Agronomy*, 4(2): 175-185.
- Suresh S., Park J.H., Cho G.T., Lee H.S., Baek H.J., Lee S.Y. et Chung J.W., 2013.** Development and molecular characterization of 55 novel polymorphic cDNA-SSR markers in faba bean (*Vicia faba* L.) using 454 pyrosequencing. *Molecules*, 18: 1844–1856.
- Suso M.J., Moreno M.T. et Cubero J. I., 1993.** New isozyme markers in *Vicia faba*: inheritance and linkage. *Plant Breeding*, 40: 105-111.
- Suso M.J., Cubero J.I. et Moreno MT., 1995.** Outcrossing in two faba bean cultivars under dryland conditions in Spain. *Can J Plant Sci.* 75 : 441–443.
- Suso M.J., Vishniakova M., Ramos A., Duc G. et Ambrose M., 2011.** An international survey on state of the art of grain legume management in gene banks. *Journal of Agricultural Science and Technology B*, 1 (11): 975-981.

## T

- Tahir N.A., 2015.** Identification of genetic variation in some faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes grown in Iraq estimated with RAPD and SDS-PAGE of seed proteins. *Indian J. Biotechnol.*, 14: 351–356.

- Tahir N.A., Oma D.A., Lateef D.D., Ahmad D.A., Salih S.H. et Hiwa Khal L., 2019.** Diversity and population structure analysis of faba bean (*Vicia faba* L.) accessions using SSR markers. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 21(2): 463-474.
- Talaat N.B. et Abdallah A.M., 2008.** "Réponse de la fève (*Vicia faba* L.) à la double inoculation avec Rhizobium et mycorhize VA sous différents niveaux de fertilisation N et P", *Journal of Applied Sciences Research.*, 4 (9) : 1092-1102.
- Tanksley S.D. et McCouch S.R., 1997.** Seed banks and molecular maps: Unlocking genetic potential from the wild. *Science*, 277: 1063-1066.
- Tanno K. et Willcox G., 2006.** The origins of cultivation of *Cicer arietinum* L. and *Vicia faba* L.: Early finds from north west Syria. Late 10<sup>th</sup> millennium B.P. *Veg. Hist. Archaeobot.*, 15: 197-204.
- Tautz D., 1989.** Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Res.* 17: 6463-6471.
- Tekalign A., Derera J., Sibiya J. et Mumm R.H., 2019.** Molecular analysis for genetic diversity and population structure of Ethiopian faba bean (*Vicia faba* L.) accessions. *Plant Biol Crop Res*, 1: 1010-1019.
- Terzopoulos P. et Bebeli P., 2008.** Genetic diversity analysis of Mediterranean faba bean (*Vicia faba* L.) with ISSR markers. *Field Crops Res.* 108 (1): 39-44.
- Terzopoulos P.J., Kaltsikes P.J. et Bebeli P.J., 2003.** Collection, evaluation and classification of Greek populations of faba bean (*Vicia faba* L.). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50 : 373-381.
- Terzopoulos P.J., Kaltsikes P.J. et Bebeli P.J., 2008.** Determining the sources of heterogeneity in Greek faba bean local populations. *Field Crops Research*, 105(1-2): 124-130.
- Thalji T., 2010.** Effect of plant density on seed yield and agronomic characters of faba bean (*Vicia faba* L.) under greenhouse conditions. *Bios. Res*, 7(1), 22-25.
- Tilman D., 1999.** Global environmental impacts of agricultural expansion: the need for sustainable and efficient practices. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96: 5995-6000.
- Torres A.M., Weeden N.F. et Martin A., 1993.** Linkage among isozyme, RFLP and RAPD markers in *Vicia faba*. *Theoretical and Applied Genetics*, 85(8): 937-945.
- Torres A.M., Avila C.M., Gutierrez N., Palomino C., Moreno M.T. et Cubero J.I., 2010.** Marker-assisted selection in faba bean (*Vicia faba* L.). *Field Crops Research*, 115: 243-252.
- Tufan H., et Erdoğan C., 2017.** Genetic diversity in some faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes assessed by simple sequence repeats. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 31(1): 29-35.

**Türktaş M., Kurtoğlu K.Y., Dorado G., Zhang B., Hernandez P. et Ünver T., 2015.** Sequencing of plant genomes? a review. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 39(3): 361-376.

## U

**UPOV., 2000.** Examen de la conformité de la législation de la Tunisie avec l'acte de 2991 de la Convention UPOV. CONSEIL, Trente-quatrième session ordinaire Genève, 26 octobre 2000.

**UPOV., 2002.** Principes directeurs pour la conduite de l'examen de la distinction, de l'homogénéité et de la stabilité. Genève, Switzerland. FÉVEROLE (*Vicia faba* L. var. *minor*). TG/8/6 : 18 p.

**UPOV., 2003.** Principes directeurs pour la conduite de l'examen de la distinction, de l'homogénéité et de la stabilité. Genève, Switzerland. FÉVE (*Vicia faba* L. var. *major*). TG/206/1: 30 p.

## V

**Van de Ven M., Powell W., Ramsay G. et Waugh R., 1990.** Restriction fragment length polymorphisms as genetic markers in *Vicia*. Heredity, 65: 329-342.

**Van de Wouw M., Maxted N., Chabane K. et Ford-Lloyd B.V., 2001.** Molecular taxonomy of *Vicia* ser. *Vicia* based on Amplified Fragment Length Polymorphisms. Plant Syst. Evol. 229: 95–105.

**Van Hintum T.J.L., Brown A.H.D., Spillane C. et Hodgkin T., 2000.** Core collections of plant genetic resources. IPGRI Technical Bulletin No. 3. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy, 48 p.

**Velcheva N. et Petrova S., 2020.** Statistical analysis of genetic diversity using faba bean landraces database. Agric. Sci. Technol., 12: 211–215.

**Vignal A., Milan D., San Cristobal M. et Eggen A., 2002.** A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. Genet. Sel. Evol. 34: 275-305.

**Vodenicharova M., 1989.** Use of proteins as molecular-genetic markers in plants. Genet. Sel. 22: 269–277.

**Vörösváry G., Holly L., Strajeru S., Tamás J., Constantinovici D., Málnási Csizmadia G. et Horváth I., 2011.** Studies on the variation of agronomic traits in some faba bean (*Vicia faba* L.) landraces from Romania. Bulletin of University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine. Horticulture, 68: 279–283.

**Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., Van Da Lee T. et Homes M., 1995.** AFLP : a new technique for DNA fingerprinting .Nucleic Acids Research, 23: 4407- 4414.

## W

- Wang H.F., Zong X.X., Guan J.P., Yang T., Sun X.L., Ma Y. et Redden R., 2011.** Genetic diversity and relationship of global faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm revealed by ISSR markers. *Theor. Appl. Genet.*, 124: 789–797.
- Ward S. et Chapman G.P., 1986.** Third conspectus of genetic variation within *Vicia faba*. In: ed. *Fabis*. ICARDA. 54: 32.
- Welsh J. et McClelland M., 1990.** Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, 18 (24): 7213-7218.
- Wickham H., 2009.** Ggplot2: Elegant graphics for data analysis, 2nd ed.; Springer: Berlin/Heidelberg, Germany.9-26
- 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. *Nucleic Acids Research*, 18 (22): 6531-6535.
- Winch T., 2007.** Growing Food: A Guide to Food Production. Springer, 333 p.
- Witcombe J.R., 1982.** Genetic resources of faba bean. In : Hawtin G. and Webb C. (Eds.). *Faba Bean Improvement*. Martines Nijhoff Publishers, The Hague, The Netherlands. 1-13.
- Witcombe J.R., 1984.** Genetic Resources of Faba bean. In : Witcombe J.R. and Erskine W. (Eds.). *Genetic Resources and Their Exploitation : Chickpeas, Faba beans and Lentils*. ICARDA, Aleppo, Syria. 141- 159.

## Y

- Yahia Y., Guetat A., Walid E., Ferchichi A., Yahia H. et Loumerem M., 2012.** Analysis of agromorphological diversity of southern Tunisia faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm. *African Journal of Biotechnology*, 11(56): 11913-11924.
- Yahia Y., Hannachi H., Monforte A.J., Cockram J., Loumerem M., Zarouri B. et Ferchichi A., 2014.** Genetic diversity in *Vicia faba* L. populations cultivated in Tunisia revealed by simple sequence repeat analysis. *Plant Genet. Resour.*, 12: 278–285.
- Yamamoto K. et Plitmann U., 1980.** Isozyme polymorphism in species of the genus *Vicia* (Leguminosae). *Jpn J Genet.* 55: 151–164.
- Yang T., Bao S.Y., Ford R., Jia T.J., Guan J.P., He Y.H., Sun X.L., Jiang J.Y., Hao J.J. et Zhang X.Y., 2012.** High-throughput novel microsatellite marker of faba bean via next generation sequencing. *BMC Genom.*, 13: 602-618.
- Ye Y., Lang L., Xia M. et Tu J., 2003.** *Faba beans in China* (in Chinese); China Agriculture Press: Beijing, China. 1–15.
- Yucel D.O., 2013.** Optimal intra-row spacing for production of local faba bean (*Vicia faba* L. major) cultivars in the Mediterranean conditions. *Pak. J. Bot*, 45(6): 1933-1938.

## Z

- Zeid M., Mitchell S., Link W., Carter M., Nawar A., Fulton T. et Kresovich S., 2009.** Simple sequence repeats (SSRs) in faba bean: new loci from Orobanche-resistant cultivar 'Giza 402'. *Plant Breeding*, 128: 149-155.
- Zeid M., Schön C.C. et Link W., 2001.** Genetic diversity in a group of recent elite faba bean lines. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 37(1): 34-40
- Zeid M., Schon C. et Link W., 2003.** Genetic diversity in recent elite faba bean lines using AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 107: 1304–1314.
- Zeraia L., 1983.** Protection de la flore. Liste et localisation des espèces assez rares, rares et rarissimes. Station Centrale de Recherche en Ecologie Forestière, Alger, Algérie. 124 p.
- Zheng Z.J., Wang S.M. et Zong X.X., 1997.** Food legume crops in China. China Agriculture Press, Beijing, China. 93-140.
- Zohary D. et Hopf M., 1973.** Domestication of Pulses in the Old World: Legumes were companions of wheat and barley when agriculture began in the Near East. *Science*, 182(4115): 887-894.
- Zohary, D., 1977.** Comments on the origin of cultivated broad bean, *Vicia faba* L. *Israel J. Bot.* 26: 39-40
- Zong X, Liu X., Guan J., Wang S., Liu Q., Paull J.G. et Redden R., 2009.** Molecular variation among Chinese and global winter faba bean germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 118(5): 971–978. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0954-5>

# *Annexes*

---

## Annexe 1.

Tableau 1. Résultats des analyses physico-chimiques du sol.

Caractéristiques		Résultats	Méthodes
Caractéristiques chimiques	CE (ds/m)	0,45	Conductimètre
	pH eau	7,23	pH mètre
	Calcaire total (%)	2,6	Calcimètre de Bernard
	Phosphore (mg/kg)	10,05	Méthode Olsen
Caractéristiques biologiques	Carbone (%)	0,67	Méthode Anne
	Matière organique (%)	1,15	MO % = C % *1,72
	Azote totale (%)	0,075	Méthode de Kjeldahl
Granulométrie	Argile	25	Pipette de Robinson
	Limons	42	
	Sable	27	
	Texture	Limono-argileux	



**Figure 1.** Photos illustrant le dispositif expérimental à différents stades de l'essai  
 A. La mise en place de l'essai ; B. L'essai au stade développement végétatif ; C.  
 L'essai au stade floraison ; D. La récolte

**Annexe 2.****Tableau 1.** Résumé de l'analyse de la variance de 21 traits agro-morphologiques quantitatifs mesurés chez 46 accèsions de *Vicia faba* L

Source de variation	DDL	CM						
		PF	FG	NPM2	BA	RDT	NG/PL	NGN/G
ACC.	45	24,3771	31,5027	29,8457	4,0998	1,2474	73,0238	0,7390
Bloc	1	0,5326	1,3152	22,0109	0,3544	0,0466	93,4613	0,0314
Erreur	45	3,7548	2,8263	20,6109	1,8919	0,4067	18,8091	0,0530
		PMG	NRP	LT	L1G	NEN1G	LOG GS	LAG GS
ACC.	45	3645,9426	0,4541	90,7629	55,0653	1,2486	11,4402	0,1097
Bloc	1	9,4459	0,4575	0,2015	0,4731	0,0682	0,4663	0,0644
Erreur	45	138,2581	0,1920	24,7775	10,4848	0,3096	0,2613	0,0073
		LOG GN	LAG GN	NFR	LACR	LGCR	LAET	LGET
ACC.	45	0,2161	0,0859	0,6460	0,0151	0,0220	0,0257	0,0378
Bloc	1	0,0451	0,0195	0,0735	0,0001	0,0553	0,0072	0,0839
Erreur	45	0,0095	0,0045	0,4806	0,0057	0,0164	0,0108	0,0180

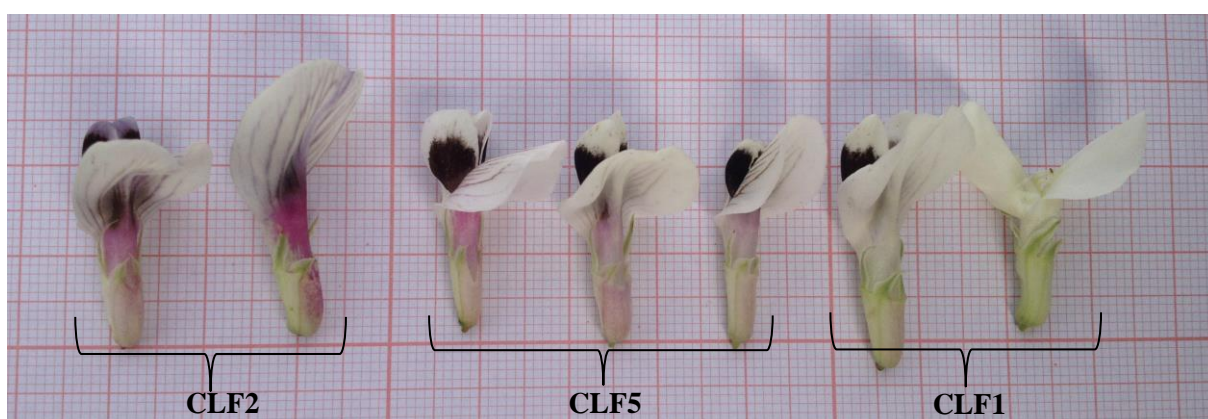
ACC. Accèsions ; DDL. Degrès de liberté

**Tableau 2.** Résultats de l'analyse en composante principale (ACP) montrant la proportion de la variation associée aux trois premiers axes

	Valeurs propres	Variabilité (%)	(%) cumulé
<b>F1</b>	<b>5,621</b>	<b>26,769</b>	<b>26,769</b>
<b>F2</b>	<b>2,338</b>	<b>11,131</b>	<b>37,900</b>
<b>F3</b>	<b>1,943</b>	<b>9,253</b>	<b>47,153</b>
F4	1,874	8,923	56,076
F5	1,486	7,078	63,154
F6	1,426	6,791	69,946
F7	1,015	4,832	74,778
F8	0,904	4,302	79,080
F9	0,832	3,963	83,043
F10	0,699	3,329	86,372



**Figure 1.** Photo illustrant la variabilité de la taille des fleurs entre les 46 accessions de *Vicia faba* L.



**Figure 2.** Photo illustrant les trois couleurs de fleurs observées chez les 46 accessions de *Vicia faba* L. CLF1. Blanche ; CLF2. Violette ; CLF5. Rose.



**Figure 3.** Photo illustrant les trois types de l'extension de la pigmentation anthocyanique observées chez les 46 accessions de *Vicia faba* L. EPA 3. Faible ; EPA 5. Moyenne et EPA 7. Forte)



**Figure 4.** Photo illustrant les deux couleurs de la tache mélanine observées chez les 46 accessions de *Vicia faba* L. PM2. Brune ; PM3. Noire.



**Figure 5.** Photo illustrant la couleur du hile observées chez les 46 accessions de *Vicia faba* L. CLH1. Noire ; CLH3. Autres couleurs (marron et blanche).

## Annexe 3.

Tableau 1. Résultats des analyses physico-chimiques du sol.

Caractéristiques	Résultats obtenus	Méthodes
Texture		Pipette de Robinson
Calcaire total (%)	2	Calcimètre de Bernard
pH eau	7,65	pH mètre
pH Kcl	6,75	pH mètre
Carbone total (%)	0,68	Méthode Anne
Matière organique (%)	1,169	MO % = C % *1,72
Azote total (%)	1,4	Méthode de Kjeldahl
Phosphore (ppm)	0,06	Méthode Olsen

Tableau 2. Composition de la micro-préparation d'extraction d'ADN (Fulton *et al.*, 1995).

Micro-préparation d'extraction d'ADN	Volume pour 96échantillons
2,5 x tampon d'extraction d'ADN CTAB 2X (*)	25 ml
2,5 x tampon de lyse nucléique (**)	25 ml
1 x Sarkosyl5%	10 ml
Bisulfite de Sodium	0,2 g
Solution RNase Dnase-free(Qiagen)	60 µl
Total volume à compléter avec l'eau ultra pure	100 ml

(\*): 0,35M sorbitol; 0,1Mtris; 5mM EDTA

(\*\*): 0,2Mtris ; 0,5M EDTA ; 2M NaCl ; 2% CTAB



Figure 1. La mise en place de l'essai en pot pour l'extraction d'ADN des quatorze (14) accessions locales de fève (*Vicia faba* L.).



**Figure 2.** Illustration par photos des différentes étapes d'extraction de l'ADN selon le protocole de Tranksley (Fulton *et al.*, 1995)

**Tableau 3.** Les deux programmes de PCR testés pour l'amplification des amorces SSR

		Programme de Pozarkova <i>et al.</i> (2002)			Programme de Gong <i>et al.</i> (2011) modifié		
Cycle		Nombre de cycles	Température s (°C)	Temps	Nombre de cycles	Température s (°C)	Temps
<b>Dénaturation initiale</b>		1	94 °C	5 min	1	94 °C	5 min
<b>Amplification</b>	<b>Dénaturation</b>	35 – 40	94 °C	1 min	30	94 °C	25 s
	<b>Hybridation</b>		TA °C	50 s		TA °C	25 s
	<b>Extension</b>		72 °C	2 min		72 °C	1 min
<b>Elongation</b>		1	72 °C	7 min	1	72 °C	5 min

TA : Température d'hybridation de l'amorce.

#### A. Composition De Tampon TBE (1X)

Pour la préparation d'un tampon TBE (1x) pH 8,0 peser:

- 10,78 g (89 mM) TRIS.
- 5,50 g (89 mM) Acide borique.
- 0,58 g (2 mM) EDTA disodium salt.

Le tout est dilué dans 1000 ml d'eau distillée

**Annexe 4.****Tableau 1.** Résumé de l'analyse de la variance de 10 traits agro-morphologiques mesurés chez 14 accessions de fève algériennes

Source de variation	DDL	Carré moyen									
		DF	FS	NF	PLH	NPPL	PL	NSP	SL	WS	SW
<b>ACC.</b>	13	27,5	32,2	2,507	107	58,721	170,96	15,91	2,564	1,268	4459
<b>BLOC</b>	2	2,2	0	2,576	44,2	9,9	7,21	0,736	0,022	0,028	6
<b>Error</b>	26	6,2	6,6	0,683	13,3	16,363	4,53	0,726	0,043	0,023	45

ACC. Accessions ; DDL. Degrès de liberté

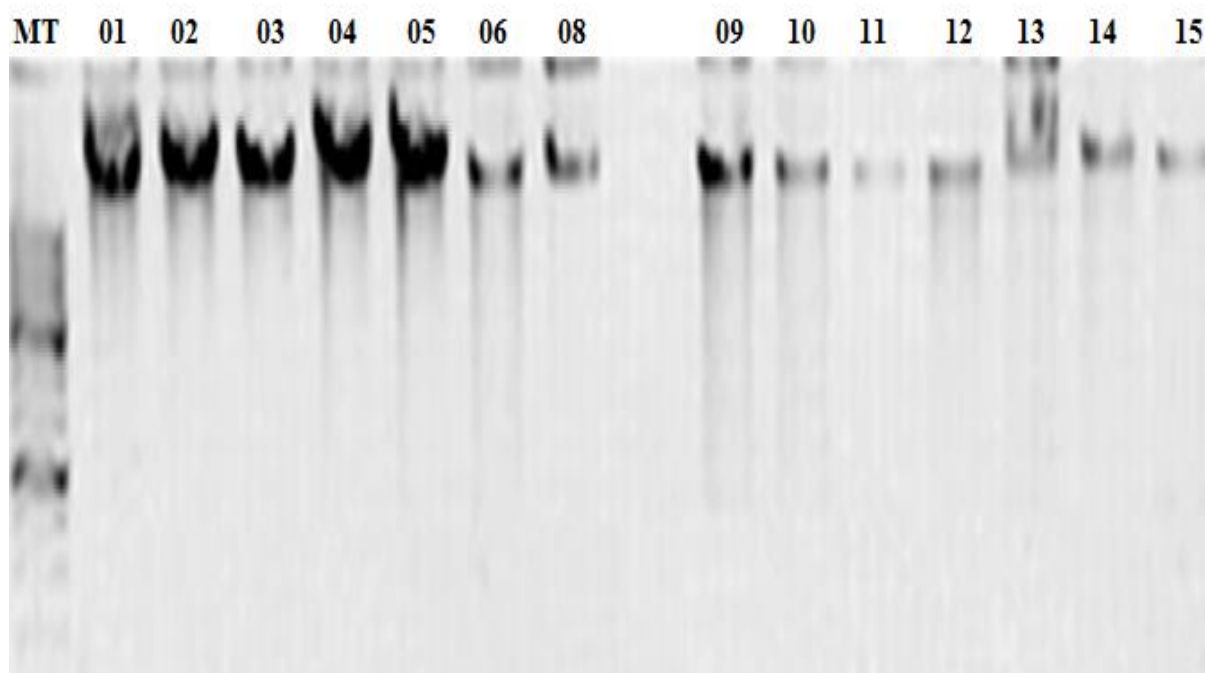
**Tableau 2.** Résultats de l'analyse en composante principale (ACP) montrant la proportion de la variation associée aux trois premiers axes

	Valeurs propres	Variabilité (%)	(%) cumulé
F1	<b>3,453202</b>	<b>34,53202</b>	<b>34,53202</b>
F2	<b>2,296495</b>	<b>22,96495</b>	<b>57,49697</b>
F3	<b>1,527162</b>	<b>15,27162</b>	<b>72,76859</b>
F4	1,186852	11,86852	84,6371
F5	0,815574	8,155739	92,79284
F6	0,349926	3,499256	96,2921
F7	0,19454	1,945399	98,2375
F8	0,105842	1,058423	99,29592
F9	0,054427	0,544268	99,84019
F10	0,015981	0,159811	100

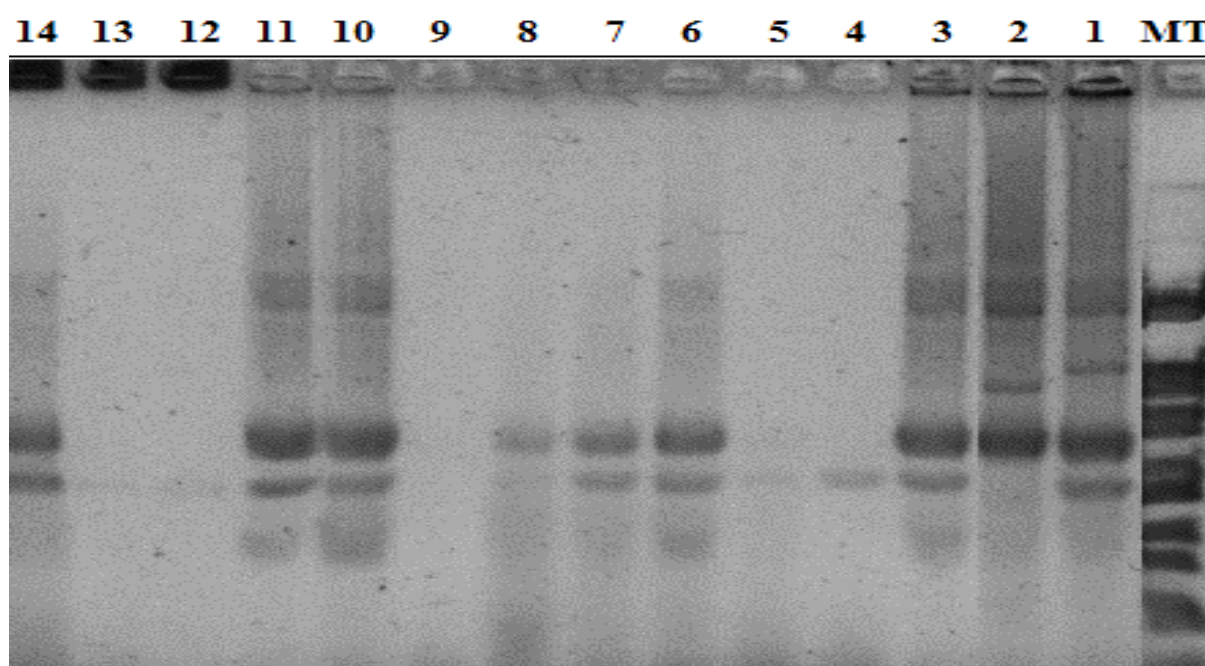
**Tableau 3.** Matrice de corrélation entre les 10 caractères agro-morphologiques mesurés

Variables	DF	FS	PLH	NPPL	PL	NSP	SL	WS	NF	SW
DF	<b>1</b>									
FS	<b>0,565</b>	<b>1</b>								
PLH	0,215	-0,072	<b>1</b>							
NPPL	0,369	0,392	0,083	<b>1</b>						
PL	0,149	-0,304	0,038	<b>-0,637</b>	<b>1</b>					
NSP	-0,015	-0,377	0,002	<b>-0,678</b>	<b>0,868</b>	<b>1</b>				
SL	0,092	0,455	-0,105	0,047	-0,122	-0,426	<b>1</b>			
WS	0,069	0,354	-0,098	0,059	-0,031	-0,316	<b>0,939</b>	<b>1</b>		
NF	-0,187	-0,072	0,130	-0,097	-0,307	-0,137	-0,198	-0,204	<b>1</b>	
SW	0,241	0,396	0,294	-0,044	0,055	-0,237	<b>0,809</b>	<b>0,701</b>	-0,206	<b>1</b>

Les valeurs en gras sont significativement différentes de 0 à un niveau de signification alpha = 0,05.



**Figure 1.** Révélation sur gel d'agarose (1%) pour quantification de l'ADN génomique des accessions de fève collectées (MT. Marqueur de taille).

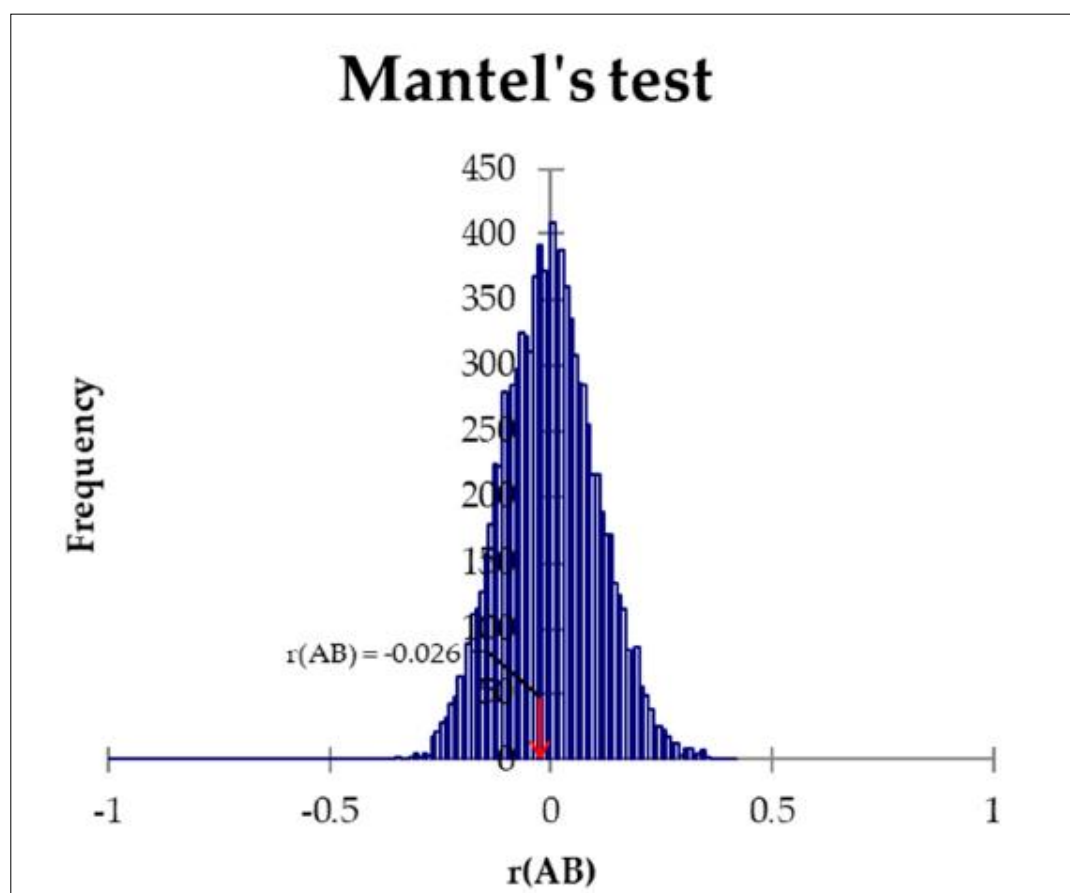


**Figure 2.** Profil d'amplification d'ADN de 14 accessions de fève (*Vicia faba* L.) par SSR obtenu avec l'amorce JF1AG3 (MT : Marqueur de taille, 1 : VF A1, 2 : VF A2, 3 : VF A3, 4 : VF A4, 5 : VF A5, 6 : VF A6, 7 : VF A8, 8 : VF A9, 9 : VF A10, 10 : VF A11, 11 : VF A12, 12 : VF A13, 13 : VF A14, 14 : VF A1 et 15 : VF A15)

**Tableau 4.** Analyse moléculaire de la variance (AMOVA) au sein des 14 accessions de fève en utilisant 7 marqueurs SSR.

Source de variation	Ddl	SCE	CM	Est. Var.	%
Entre Wilayas	8	80,952	10,119	0,742	16%
Entre accessions	5	39,333	7,867	3,933	84%
A l'intérieur des accessions	14	0,000	0,000	0,000	0%
<b>Total</b>	<b>27</b>	<b>120,286</b>		<b>4,675</b>	<b>100%</b>

Df : degré de liberté ; SS : Somme des carrés des écarts, MS : Moyenne des sommes des carrés ; Var.Est : Variance estimée ; % : Pourcentage de variation



**Figure 3.** Test de Mantel des matrices morphologiques (A) et moléculaires (B) obtenues à partir de 1000 permutations. ( $r(AB) = -0,0256$ , valeur  $p = 0,83$ )

# *Productions scientifiques*

---

## 1. Article

**Malek N., Aci M.M., Khamassi K., Lupini A., Rouissi M. et Hanifi-Mekliche L. 2021.** Agro-morphological and molecular variability among algerian Faba bean (*Vicia faba* L.) accessions. *Agronomy*, 11(8), 1456. [https://doi.org/ 10.3390/agronomy11081456](https://doi.org/10.3390/agronomy11081456).

## 2. Communication

**Malek N. et Hanifi-Mekliche L., 2016.** Genetic diversity of faba bean (*Vicia faba* L.) in Algeria. Journées Internatioanles de Biotchnologies (JIB 2016). Association Tunisienne de Biotechnologie (ATBT) (du 18-22 décembre 2016), Sousse, Tunisie.