

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

-المدرسة الوطنية العليا للفلاحة الحراش – الجزائر

ECOLE NATIONALE SUPERIEURE AGRONOMIQUE EL-HARRACH –ALGER-

Thèse

En vue de l'obtention du diplôme de doctorat 3ème cycle LMD en sciences
agronomiques

Département : Productions végétales

Spécialité : Amélioration des productions végétales et agriculture durable

THEME

**Etude éco-physiologique, agronomique, physico-
chimique et génétique d'une collection de blé dur**

Présentée par : M^{lle}. BEKADDOUR Hassiba

Devant le jury :

Président : M. KHELIFI L.

Professeur, ENSA, Alger

Directrice de thèse : M^{me}. BENKHERBACHE N.

Professeur, Université Mohamed Boudiaf, M'sila

Co-directeur de thèse : M. BENBELKACEM A.

Directeur de recherche, INRA, Constantine

Examineurs : M. MEFTI M.

Professeur, ENSA, Alger

M. BENNIOU R.

Professeur, Université Mohammed Boudiaf, M'sila

M.FELLAHI Z.E.A

M.C.A, Université Mohamed El Bachir El Ibrahimi,
Bordj Bou Arreridj

Invitée : M^{me}. DJENADI C.

INRA, Alger

Année universitaire 2025-2026

Remerciements

Je rends grâce à Allah, le Tout-Puissant, pour m'avoir accompagné tout au long de mon parcours universitaire, en m'accordant la force, la persévérance et la détermination nécessaires à l'aboutissement de ce travail.

Au terme de ce travail, mes profonds remerciements vont à ma promotrice **Mme BENKHERBACHE Nadjat**, professeur à l'Université de Mohamed Boudiaf à M'sila pour avoir accepté de diriger ce travail. Qu'elle trouve ici, l'expression de ma profonde gratitude et mon grand respect, pour, sa grande disponibilité, ses conseils utiles, sa gentillesse, ses qualités humaines et ses encouragements,

Mes sincères remerciements vont à mon co-promoteur **Dr BENBELKACEM Abdelkader** ; directeur de recherche à l'INRA-Constantine avec qui j'ai eu la chance de travailler. Son accompagnement constant, sa disponibilité, son aide sur le terrain tout au long de mes essais expérimentaux menés à El-Khroub-Constantine ont grandement contribué à la réussite de ce travail de recherche.

Mes vifs remerciements vont aussi à :

Professeur **KHELIFI Lakhdar** d'avoir accepté de présider mon jury.

Professeur **MEFTI Mohammed**, Professeur **BENNIU Ramdane** et Monsieur **FELLAHI Zine El Abidine**, d'avoir accepté d'examiner mon travail et de faire partie de mon jury.

Je tiens également à remercier chaleureusement **Mme DJENADI Chafika**, chercheuse à l'INRA-Alger, pour son aide précieuse et la qualité de son encadrement. Sa disponibilité, sa gentillesse et son dévouement ont grandement contribué à la réussite de mes travaux.

Un grand merci également à **Mme YAHIAOUI Samia**, chercheuse à l'INRA-Alger, pour son assistance, ses explications éclairées et son soutien moral tout au long de mon parcours.

Je souhaite exprimer ma sincère gratitude au **Pr. Enrico Francia** et au **Pr. Justyna Milc**, ainsi qu'à leur équipe de recherche **Federica Caradonia** et **Giovanni Caccialupi**, du département des sciences de la vie de l'université de Reggio d'Emilie, en Italie, pour leur précieuse aide, leur contribution scientifique et leur disponibilité tout au long de mon stage.

Un grand merci à **Francesca Taranto** et **Anna Paola Lavecchia** de l'institut de biosciences et de bioressources (CNR-IBBR) à Bari, en Italie, pour leur aide dans les analyses biomoléculaires effectuées durant mon stage.

Je tiens à exprimer mes sincères remerciements au personnel de l'INRA-Alger, en particulier à **Ryma et Dalia**, ainsi qu'à **Mme ARAM et Amina** de l'ITGC, pour leur précieux soutien.

Je remercie sincèrement, mes chères amies **Moussi Sonia et Bessedik Aïda**, pour leur présence constante, leur soutien moral, leurs conseils et leurs encouragements tout au long de ce travail.

Je n'oublie pas d'adresser mes remerciements à tout les personnes qui m'ont aidée et contribué, de près ou de loin, à la réalisation de ce travail.

Hassiba

Dédicaces

Je dédie ce travail :

*A mes chers parents, pour leur amour inconditionnel, leur soutien constant
et les nombreux sacrifices qu'ils ont faits pour moi tout au long de mon
parcours. Leur présence et leurs encouragements m'ont toujours porté vers
la réussite,*

A mes chers frères : Ahmed et Yacine,

A ma sœur : Djemaia

A mes chères amies ; Sonia, Aïda, Hanane, Asma, Karima, Rahil, Sara,

A toute la famille : Bekaddour et Benouaddane,

Hassiba

الملخص

الهدف من هذه الدراسة هو تقييم التنوع الوراثي لمجموعة مكونة من 125 صنف من القمح الصلب (*Triticum durum* Desf.) من أصول مختلفة، بما في ذلك الأصناف المحلية، القديمة والجديدة، وذلك باستخدام التحليل المظهري والجزيئي. تم إجراء على الاجمال أربع تجارب تحت الظروف الطبيعية في موقعين بمناخات مختلفة، وذلك خلال موسمي 2019/2018 و2020/2021 لموقع قسنطينة وموسمي 2021/2020 و2022/2021 لموقع الجزائر العاصمة وذلك من أجل تقييم سلوك وأداء الأنماط الجينية على أساس العوامل الفينولوجية، الفيزيولوجية والمورفولوجية الزراعية. أظهرت النتائج التي تم الحصول عليها أن أصناف ICARDA: Icarasha*2، وTer-1//Mrf1/Stj2، اتسمت بالدورة النباتية المبكرة في كلا الموقعين، في حين تميزت الأصناف الجزائرية المحلية وكلا الصنفين Kebir وSenatore-capelli بالتسبيل المتأخر وارتفاع طول الساق. أظهر الصنفان Gemgoum Rkhem وGR Iran ارتفاع وزن الألف حبة وكذا عدد السنبيلات الخصبة في كلا الموقعين. بالإضافة إلى الصنفين Altar 84، وOmrabi5 اللذان أظهرتا نسبة عالية من الكلوروفيل. حدد تحليل تفاعل النمط الجيني × البيئة، باستخدام نموذج AMMI للمحصول، بالإضافة إلى مؤشر القدرة على التكيف AWAI ومؤشر MTSI للاستقرار، العديد من الأنماط الجينية المشتركة في كلا النهجين، مثل 98,18,C1, C2, C3, C4, C5, 100,120,99، وتميزت هذه الأصناف الوراثية بإنتاجيتها العالية واستقرارها العالي من حيث العوامل المرتبطة بالإنتاجية. من المنظور الفيزيوي- كيميائي، وبهدف تقييم الجودة التكنولوجية للحبوب في مجموعة القمح الصلب، حددت النتائج تسعة عشر نمطاً وراثياً واعدًا باستخدام مؤشر MGIDI، مما يعكس الخصائص المطلوبة في صناعة المعكرونة. وتسلط النتائج الضوء أيضاً على إمكانات الأصناف الجزائرية المحلية، ولا سيما Guemgoum، وGloire de Mongolfier، وRkhem، وBidi 17، وOued Zenati، وDjenah-khettifa، العالي من البروتين، والغلوتين، وحجم الترسيب العالي. من المنظور الجزيئي، كشفت مؤشرات SNP المستخدمة لدراسة تنوع مجموعة مكونة من 4 9 نمط وراثي من القمح الصلب أن معظم التباين الوراثي كان داخل المجموعات وليس بينها وذلك بسبب التدفق الجيني العالي. أتاح تحليل GWAS تحديد 27 SNPs مرتبطة ببعض الصفات المهمة التي تمت دراستها، بما في ذلك ثلاثة منها ذات تأثير متعدد الصفات. ارتبط اثنان بشكل مباشر مع طول الساق والسويقة بينما ارتبط الثالث بالتسبيل المبكر وخصوبة السنبلة. كشفت النتائج أيضاً، أن المؤشرات التي تم تحديدها في موقع الجزائر العاصمة كانت مرتبطة بصفات الإنتاج والتكيف في حين أن تلك المكتشفة في قسنطينة كانت مرتبطة بالتكيف. تم تحديد الجينات المرشحة لطول الساق والسويقة لكلا الموقعين والتي تعتبر جينات مستقرة، في حين تم اكتشاف الجينات المرشحة لوزن الألف حبة وكذا عدد السنبيلات الخصبة والتسبيل المبكر ويعتبر محددًا. تسهل هذه النتائج عمل المُحسِنون الوراثيون من خلال تمكينهم من استهداف المواقع المحددة في برامج تحسين القمح بشكل مباشر.

الكلمات الرئيسية: التنوع الوراثي، استقرار المحصول، تفاعل النمط الجيني مع البيئة، جودة، مؤشر GWAS، SNPs، الجينات المرشحة.

Abstract

The aim of this study is to assess the genetic diversity of a collection of 125 durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes from different origins, including local varieties, old and new using a combined phenotypic and molecular analysis. A total of four trials were conducted under rainfed conditions on two sites with different climates, in particular during the 2018/2019 and 2020/2021 crop years for the Constantine site and during the 2020/2021 and 2021/2022 crop years for the Algiers site, based on phenological, morphological, physiological and agronomical parameters. The results obtained showed that the ICARDA genotypes 'Icarasha*2' and 'Ter-1//Mrf1/Stj2' exhibited the earliest vegetative cycle at both locations, while the local Algerian varieties and the Senatore-cappelli and Kebir genotypes demonstrated a late vegetative cycle and a long plant height. The varieties GR Iran and Guemgoum Rkhem exhibited a high thousand-kernel weight, number of fertile spikelets/spike and number of kernels/spike at both sites, while the varieties Omrabi5 and Altar84 demonstrated a high chlorophyll content at both sites. The analysis of the genotype x environment interaction, based on the grain yield results obtained with the AMMI model and its adaptability index AWAI, and the analysis of the stability and performance of the parameters via the MTSI index, identified several genotypes in common to both methods. These were C1 and 98 and 99 (ICARDA), C2, C4 and 31 (Algeria), C5, C3 and 120 (CIMMYT), 100 (Mexico) and 18 (Syria). These genotypes were distinguished by their high yields and high performance and stability in terms of yield-related parameters. From a physico-chemical perspective, with the aim of assessing the technological quality of the grains in the durum wheat collection, the results identified nineteen promising genotypes using the MGIDI index, reflecting characteristics sought after in the pasta-making industry. The results also highlight the potential of local Algerian varieties, notably Guemgoum Rkhem, Bidi 17, Oued Zenati, Djenah-khettifa and Gloire de Montgolfier. These varieties stand out for their high protein content, high-quality gluten, high sedimentation volume and high vitreousness. At the molecular level, the analysis of SNP markers used to characterize the structure of the 94 durum wheat genotypes revealed that genetic variability was predominantly found within populations rather than between them, likely due to high gene flow. GWAS association analysis identified 27 significant SNPs associated with several phenotypic traits, including three with pleiotropic effects. Two of these SNPs were directly linked to plant height and peduncle length, while the third was associated with both earliness and spike fertility. The SNPs identified in Algiers were primarily associated with traits related to production and adaptation, whereas those detected in Constantine were linked to adaptation mechanisms. Candidate genes associated with plant height and peduncle length were identified at both sites, suggesting their stability. In contrast, candidate genes linked to TKW, plant height, spike fertility and heading date appear to be specific to certain environmental conditions. These results facilitate the work of breeders by enabling them to directly target the loci identified in wheat improvement programmes.

Keywords: genetic diversity, genotype x environment interaction, stability, quality, SNPs, GWAS, gènes candidats.

Résumé

L'objectif de cette étude repose sur une évaluation de la diversité génétique d'une collection de 125 génotypes de blé dur (*Triticum durum* Desf.) issus de différentes origines, incluant des variétés locales, anciennes et nouvelles, à travers une analyse combinée, phénotypique et moléculaire. Quatre essais ont été menés sous conditions pluviales sur deux sites différents. Pour le site de Constantine, ils ont été réalisés durant les campagnes agricoles 2018/2019 et 2020/2021, tandis que pour le site d'Alger ils ont été réalisés durant les campagnes agricoles 2020/2021 et 2021/2022. L'étude s'est basée sur le suivi des paramètres phénologiques, morphologiques, physiologiques et agronomiques. Les résultats obtenus ont montré que les génotypes « Icarasha*2 » et « Ter-1//Mrf1/Stj2 » de l'ICARDA se sont distingués par leur cycle végétatif le plus précoce, dans les deux sites, tandis que les variétés locales algériennes et les génotypes Senatore-cappelli et Kebir se sont caractérisées par leur tardivité et la longue hauteur de la tige. Les variétés, GR Iran et Gemgoum Rkhem ont présenté un poids de mille grains, un nombre d'épillets fertiles/épi et un nombre de grains/épi élevés dans les deux sites, de plus les variétés Omrabi5 et Altar84 ont affiché une teneur élevée en chlorophylle sur les deux sites. A l'issue des résultats obtenus et en se basant sur ceux relatifs au rendement en grains, l'évaluation de l'interaction génotype $\times$ environnement a été réalisée selon le modèle AMMI et son indice d'adaptabilité AWAI et l'analyse de la stabilité et de performance des paramètres via l'indice MTSI. Plusieurs génotypes ont été identifiés simultanément par les deux méthodes. Il s'agit de C1 et 98 et 99 (ICARDA), C2, C4 et 31 (Algérie), C5, C3 et 120 (CIMMYT), 100 (Mexique) ainsi que 18 (Syrie). Ces génotypes se sont distingués par leur rendement élevé et leur grande performance et stabilité par rapport aux paramètres liés au rendement. Sur le plan physico-chimique, visant à évaluer la qualité technologique des grains de la collection de blé dur, les résultats ont permis d'identifier dix-neuf génotypes prometteurs grâce à l'indice MGIDI, reflétant des caractéristiques recherchées dans l'industrie de fabrication des pâtes. Ces résultats mettent, également, en évidence le potentiel des variétés locales algériennes, notamment Guemgoum Rkhem, Bidi 17, Oued Zenati, Djenah-khattifa et Gloire de Montgolfier. Ces variétés se sont distinguées par leur forte teneur en protéines, la qualité du gluten, leur volume de sédimentation élevé et leur vitrosité. Sur le plan moléculaire, les marqueurs SNPs utilisés pour étudier la structure de la collection de 94 génotypes de blé dur ont révélé que la majeure partie de la variabilité génétique se situe au sein des populations plutôt qu'entre elles, en raison d'un flux génétique élevé. L'analyse d'association GWAS a permis d'identifier 27 SNPs significatifs liés à certains paramètres phénotypiques étudiés, dont trois présentant un effet pléiotropique. Deux de ces SNPs étaient directement liés à la hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi, tandis que le troisième était associé à la précocité et à la fertilité de l'épi. Les SNPs identifiés au site d'Alger semblent être associés à des traits liés à la production et à l'adaptation et ceux détectés à Constantine ont été liés à des traits impliqués dans les mécanismes d'adaptation. Des gènes candidats liés à la hauteur de la plante et à la longueur du col de l'épi ont été identifiés dans les deux sites, suggérant leur stabilité. En revanche, les gènes candidats associés au PMG, au nombre d'épillets fertiles par épi et à la précocité d'épiaison semblent spécifiques à certaines conditions environnementales. Ces résultats obtenus aideraient les sélectionneurs en leur permettant de cibler directement les locus identifiés dans les programmes d'amélioration du blé.

Mots clés : diversité génétique, interaction génotype $\times$ environnement, stabilité, qualité, SNPs, GWAS, gènes candidats.

Table des matières

Liste des abbreviations.....	10
Liste des tableaux	11
Liste des figures	12
Introduction générale.....	1
Partie I : Synthèse bibliographique	6
1. Généralités sur le blé dur.....	6
1.1. Origine du blé	6
1.1.1. Histoire génétique et évolution	6
1.1.2. Zones d'origines et de dispersion	6
2. Importance de la culture de blé dur	7
3. Taxonomie, description botanique et exigences du blé dur	9
4. Composition biochimique du grain de blé dur	10
5. Ressources phytogénétiques et conservation du blé dur.....	11
5.1. Ressources génétique du blé dur in-situ	11
5.2. Ressources génétiques du blé dur ex-situ	12
6. Variabilité génétique du blé dur	14
6.1. Caractères phénotypiques.....	14
6.2. Les marqueurs physico-chimiques.....	17
6.3. Les marqueurs biochimiques	19
6.4. Les marqueurs moléculaires.....	19
6.4.1. Sélection assisté par marqueur (SAM)	20
6.4.2. Analyse d'association marqueur-trait par GWAS	21
7. Notion d'interaction génotype x environnement (G x E).....	22
7.1. Avantages et limites de l'interaction génotype x environnement en sélection	23
7.2. Notion de stabilité.....	23
7.3. Application du modèle AMMI pour l'analyse G x E	24
8. Stratégie ou efforts d'amélioration de la culture de blé en Algérie	25
Partie II : Expérimentation	26
Chapitre 1 : Caractérisation agro-morphologique d'une collection de blé dur et analyse d'interaction entre génotype et environnement.....	27
1. Introduction	26
2. Matériels et méthodes.....	28
2.1. Description des sites expérimentaux.....	28
2.2. Conditions édaphiques	29

2.3.	Conditions climatiques	30
2.4.	Matériel végétal	34
2.5.	Dispositif expérimental	35
2.6.	Conduite de l'essai	37
2.7.	Paramètres et mesures	37
2.8.	Traitement des données	40
3.	Résultats	42
3.1.	Description de la variabilité phénotypique d'une collection de blé dur dans deux sites différents.....	42
3.2.	Analyse des paramètres génétiques	68
3.3.	Etude des corrélations entre les paramètres mesurés	70
3.4.	Analyse du rendement en grain par le modèle AMMI et l'indice AWAI.....	73
3.5.	Indice de stabilité multi-traits (MTSI).....	77
4.	Discussion	79
5.	Conclusion.....	90
Chapitre 2 : Caractérisation physico-chimique d'une collection de blé dur		91
1.	Introduction	90
2.	Matériels et méthodes.....	92
2.1.	Matériel végétal	92
2.2.	Paramètres mesurés	92
2.3.	Traitement des données	98
3.	Résultats	100
3.1.	Description de la variabilité physico-chimique de la collection du blé dur.....	100
3.2.	Analyse des paramètres génétiques	109
3.3.	Analyse en composante principale (ACP)	110
3.4.	Classification Ascendante Hiérarchique (CAH).....	112
3.5.	Matrice de corrélation.....	114
3.6.	Indice de distance génotype-idéotype multi-traits (MGIDI)	114
4.	Discussion	117
5.	Conclusion.....	123
Chapitre 3 : Evaluation de la variabilité génétique d'une collection de blé dur par les marqueurs moléculaires SNPs		124
1.	Introduction	123
2.	Matériels et méthodes.....	125
2.1.	Matériel Végétal.....	125
2.2.	Extraction d'ADN, quantification et qualité	125

2.3.	Génotypage par les marqueurs SNPs	126
2.4.	Traitement des données	126
3.	Résultats	129
3.1.	Distribution, taille génomique et contenu d'information en polymorphisme des SNPs.....	129
3.2.	Décroissance de déséquilibre de liaison	130
3.3.	Analyse de la structure de population	131
3.4.	Estimation des indices de diversité génétique des populations.....	134
3.5.	Analyse de la variance moléculaire (AMOVA).....	134
3.6.	Analyse phylogénétique.....	135
3.7.	Etude d'association marqueur-trait (GWAS).....	136
3.8.	Détection des gènes/QTLs	141
4.	Discussion	143
5.	Conclusion	150
	Conclusion générale et perspectives.....	151
	Références bibliographiques.....	155
	Annexes	173

Liste des abbreviations

AACC: American Association of Cereal Chemists
AMMI: Additif Main and Multiplicatif Intercation
BIPEA : Bureau Interprofessionnel des Etudes Analytiques
CCG : Commission Canadienne des Grains
CIE : Commission International d'Eclairage
CIMMYT: International Maize and Wheat Improvement Center
CTAB: Cetyltrimethylammonium Bromide
DAPC: Discriminant Analysis of Principal Components
FAO: Food and Agriculture Organization
GWAS : Genome-Wide Association Studies
ICARDA : Le Centre international de recherche agricole dans les zones arides
ICC: International association for Cereals science and Technology
ISO: International Organization for Standardization
iTOI: Interactive Tree of Life
KnetMiner: Knowledge Network Miner
LD: Linkage Disequilibrium
LOESS: Locally Weighted Scatter-plot Smoother
MAF: Minor Allele Frequency
MLMM: Multiple Locus Mixed Linear Model
PIC : Polymorphism Information Content
QTL : Quantitative Trait Loci
SNPs : Single Nucleotide Polymorphisms
UPOV : Union International pour la Protection des Obtentions Végétales.

Liste des tableaux

Tableau 1: Classification botanique du blé dur	9
Tableau 2: Réserves in situ pour la conservation des ressources génétiques du blé et d'autres céréales dans quelques pays du monde (Guzzon et al., 2022).....	12
Tableau 3: Principales banques de gènes de blé dur dans le monde (Martínez-Moreno et al., 2020).	13
Tableau 4 : Analyses des sols des deux sites expérimentaux.....	30
Tableau 5: Présentation des 125 génotypes de blé dur par pays et centre de recherche.....	34
Tableau 6 : Comparaison de la précocité à l'épiaison des 125 génotypes entre les deux sites	43
Tableau 7 : Comparaison de la hauteur de la plante et la longueur de l'épi des 125 génotypes entre les deux sites	46
Tableau 8 : Comparaison du poids de mille grains des 125 génotypes entre les deux sites.....	58
Tableau 9: Paramètres génétiques de l'ensemble des paramètres étudiées sur le site d'Alger.....	69
Tableau 10: Paramètres génétiques des paramètres étudiés sur le site de Constantine	70
Tableau 11 : Corrélation entre les différents paramètres étudiés et le rendement en grain dans chaque environnement.	73
Tableau 12: Analyse de la variance du modèle AMMI appliqué sur le rendement en grain	74
Tableau 13 : Distribution des 125 génotypes en fonction de l'indice AWAI et le rendement.....	76
Tableau 14 : Contribution des facteurs, différentiel de sélection et gain de sélection de l'ensemble des paramètres identifiés par l'indice MTSI.....	78
Tableau 15 : Description des génotypes en fonction du taux de moucheture	100
Tableau 16 : Description des génotypes en fonction du taux de vitrosité	101
Tableau 17 : Description des génotypes en fonction de la coloration du semoule.....	103
Tableau 18 : Description des génotypes en fonction de la teneur en protéine	104
Tableau 19 : Description des génotypes en fonction de la teneur en gluten humide et sec.....	105
Tableau 20 : Description des génotypes en fonction de l'indice de gluten	106
Tableau 21 : Description des génotypes en fonction de volume de sédimentation	107
Tableau 22 : Description des génotypes en fonction de la teneur en cendres	108
Tableau 23: Analyse des paramètres génétiques pour l'ensemble des paramètres physico-chimiques étudiés.....	110
Tableau 24 : Pourcentage de contribution des paramètres étudiés sur la variation totale dans les trois premiers axes de l'ACP	111
Tableau 25 : Groupe, nombre de génotypes et caractéristiques de chaque groupe.	113
Tableau 26: Contribution des paramètres physico-chimiques choisis à la formation du facteur FA	116
Tableau 27 : Type de mutation de substitution et leur fréquence dans l'ensemble des SNPs.....	130
Tableau 28 : Les résultats de l'analyse de structure de population des 94 génotypes de blé dur.....	131
Tableau 29 : Tableau d'analyse de la variance moléculaire.....	135
Tableau 30 : Liste des SNPs détectés par GWAS pour les quatre environnements étudiés	140
Tableau 31 : Liste des gènes associés à chaque SNP identifié pour chaque paramètre identifié par l'analyse GWAS.....	141

Liste des figures

Figure 1: Origine géographique et domestication du blé (Clerget, 2011)	7
Figure 2: Statistiques du blé de la campagne 2016 jusqu'au 2021 (FAOSTAT, 2021)	8
Figure 3: Illustration du principe de la technique d'association GWAS (Rao et al., 2023)	22
Figure 4: Présentation du site expérimental d'Alger (à gauche) et de Constantine (à droite) au stade épiaison.....	29
Figure 5 : Diagramme ombrothermique du site d'Alger de la campagne agricole 2020/2021	31
Figure 6 : Diagramme ombrothermique du site d'Alger de la campagne agricole 2021/2022.....	32
Figure 7: Diagramme ombrothermique du site de Constantine de la campagne 2018-2019.....	33
Figure 8: Diagramme ombrothermique du site de Constantine de la campagne 2020-2021	33
Figure 9 : Schéma montrant le dispositif expérimental en Augmented design	36
Figure 10 : Mesure de la longueur et la plus grande largeur de la feuille éabddard.....	38
Figure 11: Détermination de la teneur en chlorophylle à l'aide du SPAD (à gauche) et la température du couvert végétal à l'aide du thermomètre à infra-rouge (à droite).....	39
Figure 12: Précocité à l'épiaison des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles	43
Figure 13: Précocité à l'épiaison des génotypes en fonction de leur origine durant les deux	44
Figure 14 : Variation de la précocité à l'épiaison pour les génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiés.	45
Figure 15 : Variation des paramètres morphologiques des génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiés.	47
Figure 16 : Hauteur de la plante des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles	48
Figure 17 : Surface foliaire de la feuille étendard des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles	49
Figure 18 : Longueur de l'épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles	49
Figure 19 : Longueur du col de l'épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	50
Figure 20 : Hauteur de la plante des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.	51
Figure 21 : Surface foliaire de la feuille étendard des génotypes en fonctions de leur origine durant les deux campagnes agricoles.	51
Figure 22: Longueur de l'épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.	52
Figure 23 : Longueur du col de l'épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.	52
Figure 24 : Variation des paramètres physiologiques des génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiés.	54
Figure 25: Teneur en chlorophylle des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles	55
Figure 26 : Température du couvert végétal des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	55
Figure 27 : Teneur en chlorophylle des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles	56
Figure 28 : Température du couvert végétal des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	57

Figure 29 : Variation des paramètres agronomiques des génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiées.	60
Figure 30 : Nombre d'épis/m ² des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	61
Figure 31 : Nombre d'épillets fertiles/épi des génotypes en fonction de leur origine sur les deux campagnes agricoles.....	62
Figure 32 : Nombre de grains/épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	62
Figure 33 : Poids de mille grains des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	63
Figure 34 : Rendement en grain réel des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	63
Figure 35 : Rendement en grain estimé des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	64
Figure 36 : Nombre d'épis/m ² des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	65
Figure 37 : Nombre d'épillets fertiles/épi des génotypes en fonction de leur origine sur les deux campagnes agricoles.....	66
Figure 38 : Nombre de grains/épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	66
Figure 39 : Poids de mille grains des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	67
Figure 40 : Rendement en grain réel des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	67
Figure 41 : Rendement en grain estimé des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.....	68
Figure 42 : Matrice de corrélation de Pearson pour le site d'Alger (a) : Campagne 2020/2021, (b) : Campagne 2021/2022.....	71
Figure 43 : Matrice de corrélation de Pearson du site Constantine (a) : Campagne 2018/2019, (b) : Campagne 2020/2021.....	73
Figure 44 : AMMI2 biplot montre la distribution des 125 génotypes (en bleu) par rapport aux deux PCs en fonction de leurs rendements dans les quatre environnements étudiés (en rouge).....	75
Figure 45 : Biplot montre la stabilité du rendement (AWAI) en fonction du rendement en grain de chaque génotype.	76
Figure 46 : Sélection des génotypes stables et performants par l'indice de stabilité multi-traites (MTSI) ..	77
Figure 47 : Graphe montre les forces et les faiblesses des génotypes identifiés par rapport aux facteurs regroupant les paramètres étudiées.....	79
Figure 48 : Détermination du taux de mitadinage (à droite) et taux de moucheture (à gauche)	93
Figure 49 : Mesure de la couleur du semoule à l'aide d'un colorimètre	94
Figure 50 : Mesure du gluten humide et sec.....	95
Figure 51 : Mesure du volume de sédimentation	96
Figure 52 : Détermination de la teneur en protéines.....	97
Figure 53 : Détermination de la teneur en cendres	98
Figure 54 : Variation du taux de moucheture entre les génotypes en fonction de leur origine	101
Figure 55 : Variation du taux de vitrosité entre les génotypes en fonction de leur origine	102
Figure 56 : Variation du teneur en humidité du graine (à gauche) et de la semoule (à droite) entre les génotypes en fonction de leur origine	102
Figure 57 : Variation de la coloration de la semoule évalué par l'indice de jaune (à gauche) et luminosité (à droite) entre les génotypes en fonction de leur origine	103

Figure 58 : Variation de la teneur en protéines entre les génotypes en fonction de leur origine.....	104
Figure 59 : Variation de la teneur en gluten humide (à droite) et en gluten sec (à gauche) entre les génotypes en fonction de leur origine	106
Figure 60 : Variation de l'indice de gluten entre les génotypes en fonction de leur origine.....	107
Figure 61 : Variation du volume de sédimentation entre les génotypes en fonction de leur origine.....	108
Figure 62 : Variation de la teneur en cendres entre les génotypes en fonction de leur origine	109
Figure 63 : Graphique de l'analyse en composante principale de l'ensemble des paramètres étudiés	111
Figure 64 : Biplot de l'ACP montrant la distribution des génotypes de blé dur en fonction des paramètres mesurés.....	112
Figure 65 : Classification des 125 génotypes de blé dur en fonction des paramètres physico-chimiques	113
Figure 66 : Corrélation de Pearson entre les différents paramètres physico-chimiques.....	114
Figure 67 : Sélection des génotypes performants par l'indice multi-trait génotype-idéotype (MGIDI) ..	115
Figure 68 : Graphe montre les forces et les faiblesses des génotypes identifiés par rapport aux facteurs regroupant les paramètres étudiées.....	117
Figure 69 : Distribution et taille génomique des SNPs de chaque chromosome de blé dur	129
Figure 70 : Diagramme de dispersion de paires de SNP montrant la décroissance de déséquilibre de liaison de 94 génotypes de blé dur	130
Figure 71 : Détermination du valeur de K basant sur le test d'Evanno delta K.....	132
Figure 72 : Classification de 94 génotypes de blé dur on utilisant STRUCTURE ou l'axe X montre les génotypes et l'axe Y montre la probabilité Q d'appartenance de chaque génotype à une population : P1 (rouge) et P2 (verte)	132
Figure 73 : Détermination du nombre de populations optimales on basant sur les valeurs de BIC et le résultat du scatter plot de l'analyse DAPC montrant les différents populations obtenus.....	133
Figure 74 : Schémas et variations alléliques dans les quatre populations étudiées	134
Figure 75 : l'arbre phylogénétique Neighbor-joining basant sur la distance génétique de 94 de génotypes de blé dur utilisant 2353 SNPs	136
Figure 76 : Graphique de Manhattan des résultats de GWAS pour quelques paramètres phéno-morphologiques et agronomiques détectés.....	139

Publication et communications

Hassiba BEKADDOUR, Nadjat BENKHERBACHE, Samia YAHIAOUI, Chafika DJENADI, Abdelkader BENBELKACEM, Hamza HEBBACHE, Amina AKKOUICHE (2024). Multivariate analysis of agro-morphological and quality traits of a durum wheat collection under rainfed Algerian conditions. *Journal of Central European Agriculture*, 25(2), p.362-374. DOI : /10.5513/JCEA01/25.2.4083

BEKADDOUR H, DJENADI C, BENKHERBACHE N, BENBELKACEM A. Evaluation de la variabilité phéno-morphologique et agronomique d'une collection de blé dur. Séminaire national sur l'apport des biotechnologies sur la protection de l'environnement, 15-16 décembre 2019. Université Mohamed Boudiaf de M'sila, Algérie (**Communication affichée**).

BEKADDOUR Hassiba, Djenadi Chafika, Benkherbache Nadjat, Benbelkacem Abdelkader, Mefti Mohamed, Yahiaoui Samia. CARACTERISATION PHENOTYPIQUE DU BLE DUR CULTIVEE EN ALGERIE. 1st International Symposium 'Environment and Sustainable Development', 10-11/02/2020. Université Ahmed Zabana, Relizane, Algeria. (**Communication affichée**).

BEKADDOUR H, BENKHERBACHE N, DJENADI C, BENBELKACEM A, YAHIAOUI S. Analyse de la diversité génétique d'une collection de blé dur par le biais des marqueurs physico-chimiques. 1^{er} séminaire National sur l'agriculture et le développement durable en zones semi-arides. 15-16/11/2022. Université Mohamed Chérif Messadia de Souk Ahras, Algérie. (**Communication orale**).

BEKADDOUR Hassiba, BENKHERBACHE Nadjat, DJENADI Chafika, BENBELKECEM Abdelkader et YAHIAOUI Samia. Etude de la variabilité phénotypique d'un germoplasme de blé dur sous un climat méditerranéen en Algérie. Le 1^{er} symposium international sur la production du blé et de la sécurité alimentaire (SIBSA 23). 11-12/12/2023. Institut National de la Recherche Agronomique d'Alger, Algérie (**Communication affichée**).

BEKADDOUR Hassiba, BENKHERBACHE Nadjat, DJENADI Chafika, BENBELKECEM Abdelkader et YAHIAOUI Samia. Mise en évidence des distinctions de performance entre les génotypes de blé dur en milieu semi-aride. Le deuxième séminaire National des sciences Agronomiques et Environnementales en Zones Arides et Semi-arides. 18-19/05/2024. Université de Batna1, Algérie (**Communication orale**).

BEKADDOUR Hassiba, BENKHERBACHE Nadjat, BENBELKECEM Abdelkader, DJENADI Chafika. Selection of durum wheat genotypes based on favorable traits for pasta. 1st International Seminar of AgriFood and Industrial Biotechnology. 26-27/06/2024. Université Djilali bounaama de Khemis Miliana, Algérie (**Communication affichée**).

BEKADDOUR Hassiba, BENKHERBACHE Nadjat, BENBELKECEM Abdelkader, DJENADI Chafika. Changement climatique et sécurité alimentaire : Analyse de la diversité des génotypes de blé dur en milieux sub-humide et semi-aride. 1^{er} Séminaire National sur les enjeux de l'agriculture de demain, développement durable, autonomie alimentaire et changement climatique. 25/11/2024. Université Ahmed Zabana de Relizane, Algérie (**Communication orale**).

Introduction générale

Le blé (*Triticum* spp.) constitue une céréale essentielle à l'alimentation humaine, elle joue un rôle crucial dans la sécurité alimentaire et nutritionnelle en fournissant environ 20 % des besoins en calories (Krishnappa et *al.*, 2022). En tant qu'aliment de base de haute qualité, le grain de blé, est très apprécié pour sa teneur élevée en fibres et minéraux, ainsi qu'en composés bioactifs d'un intérêt particulier (De Santis et *al.*, 2021).

Le blé dur est une culture d'importance majeure dans la région méditerranéenne, principalement cultivé dans des conditions pluviales (De Santis et *al.*, 2021). Il est, également, cultivé en Amérique du Nord (Canada et États-Unis) et en Amérique centrale (Mexique), ainsi que dans des aires de production plus petites en Russie, en Australie, en Argentine et en Éthiopie (Fiore et *al.*, 2019).

En 2021, l'Algérie a consacré à la culture de blé dur une superficie de 1,49 million d'hectares, et a obtenu une production de 2,58 millions de tonnes, soit un rendement de 1,8 tonne par hectare (FAOSTAT, 2021). La plus grande partie des emblavures se trouve dans des régions semi-arides, où les précipitations sont faibles et irrégulières.

Malgré sa résilience aux conditions difficiles, le blé dur fait face à des défis liés au changement climatique, notamment la sécheresse (De Vita et Taranto, 2019) et l'élévation des températures. En effet, des recherches ont indiqué qu'un degré de Celsius (1°C) d'élévation de la température durant les 29 derniers années a contribué à la chute de 4,1 à 6,4% de la production du blé (Liu et *al.*, 2016).

Pour répondre aux besoins d'une population en expansion et augmenter la production du blé en dépit de conditions climatiques changeantes, il est nécessaire d'évaluer, sur le terrain, le matériel végétal existant, et identifier de nouveaux allèles pouvant être exploités pour le développement de nouveaux caractères intéressants (Alemu et *al.*, 2020). L'approche comparative basée sur le balayage de l'origine géographique des ressources génétiques et l'identification des liaisons peut faciliter la compréhension des divergences existantes au sein des populations (Mengistu et *al.*, 2015).

La caractérisation phénologique et agro-morphologique est considérée comme l'étape la plus importante pour l'évaluation de la variabilité génétique. Elle permet d'établir les variabilités géographiques, composer des collections de base et classer les accessions par ordre de priorité en vue d'une exploitation efficace dans les programmes de sélection (Gharib et *al.*, 2021 ; Kaur et *al.*,

2022). La présence de variabilité génétique dans le matériel de sélection est essentielle à l'élargissement du pool génétique et donc à la réussite des programmes de sélection végétale (Taneva et *al.*, 2019).

Selon Gharib et *al.* (2021) et Aleksandrov et *al.* (2021), la caractérisation des variétés locales de blé est importante en raison de leur adaptation particulière aux conditions défavorables, elles pourraient être hybridées avec des variétés hautement productives afin d'intégrer leur potentiel à des fins de sélection.

L'objectif principal de cette caractérisation est de détecter d'autres caractéristiques prédictives permettant d'optimiser le rendement en grains, qui est un caractère polygénique influencé par plusieurs facteurs (Hannachi et Fellahi, 2023). Il s'agit également d'étudier des caractères dont l'héritabilité est élevée, pour prédire la performance phénotypique, qui est un indicateur de la valeur d'amélioration, et fournit des informations sur la transmission des caractères des parents aux descendants (Heidari et *al.*, 2020).

Dans un environnement donné, la recherche d'un rendement à la fois stable et élevé est essentielle, car les fluctuations des rendements en grains résultent des interactions complexes entre les génotypes et l'environnement (Ait-Slimane-Ait-Kaki, 2008). De ce fait, l'augmentation du nombre d'essais sur divers sites et plusieurs années permet d'identifier le génotype à haut rendement et qui est le mieux adapté aux différents environnements, ce qui rend le domaine de la sélection des cultures exigeant, surtout en zone aride (Reynolds et *al.*, 2012).

Le défi actuel pour les sélectionneurs de blé dur ne se limite pas à l'augmentation du rendement en grains, mais vise, également, l'amélioration de la qualité des produits finaux, à savoir les caractéristiques physiques et chimiques adaptées aux différents usages culinaires (Abebe, 2019). L'industrie alimentaire exige des cultivars de blé dur à teneur élevée en pigments jaunes, une forte vitrosité, un poids spécifique élevé et un gluten de qualité et particulièrement résistant (Brankovic et *al.*, 2014). Selon Guzmán et Ibba (2023), il est possible d'atteindre à la fois un rendement élevé et une qualité de grains supérieure en mettant en place les bonnes approches d'amélioration et de sélection.

Les limites associées aux marqueurs morphologiques et physico-chimiques, poussent les chercheurs à explorer des alternatives de marqueurs plus ciblés (Özbek, 2022). Le recours au marquage moléculaire, constitue un outil puissant pour une analyse précise de la diversité

génétique, en permet d'éviter les erreurs de classification dues aux effets de l'environnement (Fiore et *al.*, 2019).

Le développement de la technique de polymorphisme nucléotidique « SNP array » à haut débit est l'outil le plus innovant pour l'estimation de la diversité génétique et de la structure de la population dans les collections de blé dur, notamment les cultivars et les variétés locales (Wang et *al.*, 2014). L'étude d'association phénotype-génotype ou Genome-Wide Association Study (GWAS) est une méthode qui permet d'identifier des gènes ou des QTLs ayant une pertinence agricole et de faciliter leur transfert depuis des ressources génétiques sauvages ou locales vers des variétés modernes via des approches de sélection assistée par des marqueurs ou une sélection génomique, afin de les introduire dans un programme d'amélioration (Pascual et *al.*, 2020 ; Akhtar et *al.*, 2023).

Dans le but de contribuer à l'amélioration et à la gestion des ressources génétiques du blé dur, trois objectifs majeurs ont été fixés dans cette étude :

- 1- L'évaluation d'une collection de 125 génotypes de blé dur cultivés sur deux sites aux conditions climatiques contrastées, en vue d'analyser leur comportement phénologique, morphologique, physiologique et agronomique et leur interaction génotype $\times$ environnement (G $\times$ E).
- 2- L'étude de la variation phénotypique des génotypes à travers les caractéristiques des produits finaux (graine et semoule), afin d'identifier ceux présentant de bonnes qualités physico-chimiques, reconnues comme critères de sélection dans les programmes d'amélioration du blé dur.
- 3- L'exploration de la diversité génétique de 94 génotypes de blé dur à l'aide de 7 000 marqueurs SNP issus de la technologie Illumina Infinium array, pour analyser la structure génétique des populations et réaliser une analyse d'association (GWAS) visant à identifier des gènes d'intérêt liés à des caractères agronomiques, utiles à la sélection assistée par marqueurs.

Dans cette optique, la présente thèse s'articule autour de deux parties principales :

Partie I : Cette partie est consacrée à la synthèse bibliographique, abordant les bases de l'espèce blé dur, sa conservation ex-situ et in-situ au niveau mondial et en Algérie, ainsi que les différents types de marqueurs utilisés pour évaluer sa variabilité génétique. Elle traite également de l'interaction génotype $\times$ environnement, du modèle utilisé pour l'analyser afin d'étudier la stabilité et l'adaptation des génotypes, et des stratégies ou efforts nécessaires pour améliorer sa culture en Algérie.

Partie II : est dédiée à la partie expérimentale et est subdivisée en trois chapitres :

Chapitre 1 : est consacré à la caractérisation phénotypique d'une collection de blé dur dans deux sites distincts et sur deux campagnes agricoles, à travers les paramètres phénologiques, agromorphologiques et physiologiques.

Chapitre 2 : vise à analyser la variabilité de la collection par rapport aux propriétés physico-chimiques, en évaluant divers paramètres liés à la qualité du grain de blé dur, afin d'identifier les génotypes offrant les meilleures caractéristiques correspondant aux critères d'amélioration de la qualité.

Chapitre 3 : est dédiée à l'évaluation de 94 génotypes issus de la collection de base à l'aide de marqueurs moléculaires SNPs, afin d'analyser la structure de population, d'évaluer la diversité génétique à travers divers indices, et de réaliser une analyse GWAS pour identifier les gènes/QTLs associés à des traits phénotypiques importants.

Partie I

Synthèse bibliographique

Partie I : Synthèse bibliographique

1. Généralités sur le blé dur

1.1. Origine du blé

1.1.1. Histoire génétique et évolution

Le blé appartient au genre *Triticum*, qui regroupe plusieurs espèces, leur génome de base comporte sept chromosomes, avec plusieurs variations, les plus importantes pour la genèse du blé sont A, B et D (Le Stum et *al.*, 2017).

Le blé dur est une espèce allotétraploïde (AABB) possédant un génome de 12 Gb et un nombre total de chromosomes de $2n = 4x = 28$, intégrant l'ensemble du complément diploïde de chacune de ses espèces ancestrales (Ranieri, 2015).

Le blé dur moderne a évolué à partir d'un tétraploïde sauvage *T. ssp dicoccoides*, ou blé Emmer. Ce tétraploïde, originaire du Proche-Orient est issu par hybridation d'une espèce diploïde *Triticum urartu* (AA) et un autre diploïde *Aegilops speltoides*. *T. dicoccoides* (BB) (Kadkol et Sissons, 2016). La première étape de la domestication a été l'Emmer décortiqué (*Triticum turgidum ssp. dicoccoides*), qui a ultimement conduit à l'évolution du blé dur (*Triticum turgidum ssp. durum*) et du blé tendre (*Triticum aestivum ssp. aestivum*) (Luo et *al.*, 2007).

1.1.2. Zones d'origines et de dispersion

La culture du blé dur remonte aux débuts de l'agriculture au Néolithique (Feillet, 2000). Selon cet auteur, la transition d'une civilisation de nomades vers une civilisation d'agriculteurs sédentaires, résultant de la domestication progressive des graminées cultivées marqué par l'apparition de l'espèce blé dur.

Le croissant fertile (la Turquie méridionale, le nord de l'Irak et les régions voisines en Iran et en Syrie, ainsi que la vallée du Jourdain) semble être le lieu qui abrite les géniteurs de plusieurs espèces annuelles qui produisent des grains comestibles à savoir le blé, l'orge, le pois et la lentille (Ceccarelli, 2009) (figure 1).

Selon Doussinault et *al.* (2004), jusqu'au XIX^e siècle, l'évolution du blé s'est déroulée indépendamment dans divers écosystèmes. Après sa domestication, vers la moitié du XIX^e siècle, le blé était cultivé en association avec des adventices et fréquemment en mélange avec d'autres céréales, telles que le seigle ou l'orge (Bonjean, 2001).



Figure 1: Origine géographique et domestication du blé (Clerget, 2011)

2. Importance de la culture de blé dur

Le blé est la culture la plus répandue au monde et constitue l'aliment de base des pays tempérés, couvrant 20 à 50 % de l'apport calorique total (De Santis et *al.*, 2018). Il est consommé sous forme de pain des aliments typiques tels que le couscous et le bourghoul en Afrique du Nord (Yacoubi et *al.*, 2020).

Dans les pays industrialisés, environ 19 % de la production de blé est actuellement destiné à l'alimentation animale, principalement pour les monogastriques ainsi que pour les poissons d'élevage (Le Stum et *al.*, 2017). La paille du blé est utilisée comme engrais organique, ou comme aliment de moindre qualité pour les polygastriques (Le Stum et *al.*, 2017).

Le grain de blé dur possède des bienfaits nutritionnels (vitamines, minéraux). De plus, la digestion lente des sucres dans le blé dur contribue à réduire l'indice glycémique et à modérer la réponse insulinémique chez les individus (Saini et *al.*, 2023).

En Algérie, les superficies cultivées en blé sont d'environ 2 millions d'hectares (FAOSTAT, 2021), dont 1,49 million d'hectares consacrées pour le blé dur et 0,35 million d'hectares pour blé tendre. La production totale est 3,11 millions de tonnes (2,58 blé dur et 0,53 blé tendre) et un rendement moyen de 1,8 tonnes/ha (figure 2).

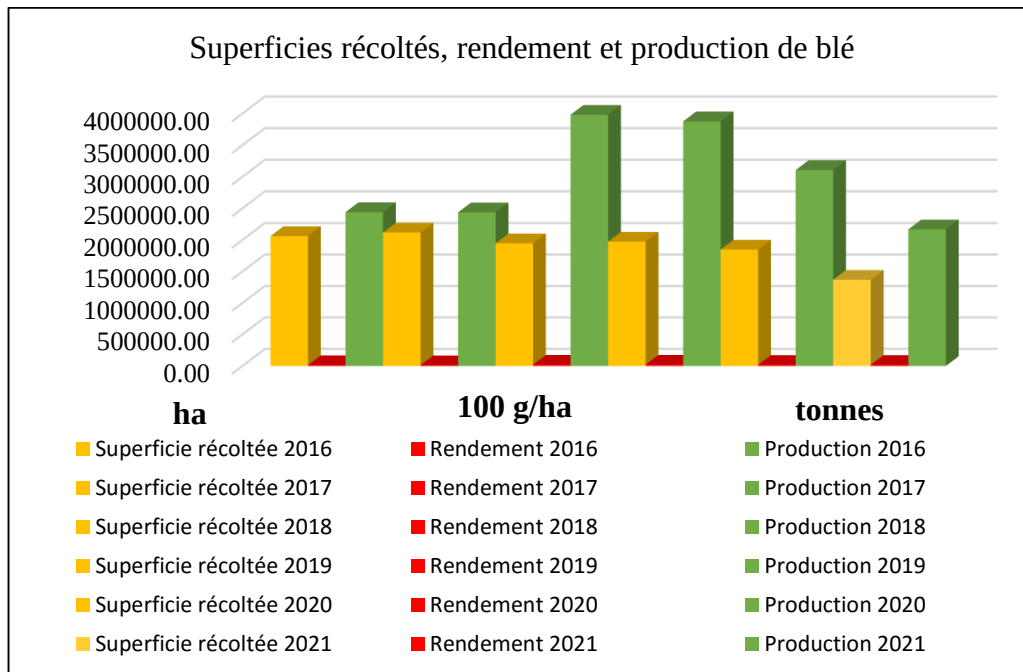


Figure 2: Statistiques du blé de la campagne 2016 jusqu'au 2021 (FAOSTAT, 2021)

Différents obstacles freinent la régularité et le rendement de la production de blé dur en Algérie :

- ❖ Les facteurs climatiques, constituent une sérieuse contrainte pour la culture qui est affectée dans son développement par les fortes chaleurs survenant en fin de cycle et les précipitations irrégulières et aléatoires notées durant l'année agricole avec une incidence négative sur la production (Zouaoui et Bensaid, 2007).
- ❖ Les facteurs agronomiques, tels que la non maîtrise des itinéraires techniques, l'absence d'entretien de la culture (traitement phytosanitaires, éléments fertilisants, désherbage, irrigation ...) et le mauvais réglage de la moissonneuse batteuse engendrent des pertes importantes (Djermoun, 2009).
- ❖ Le manque de variétés à haut rendement et résistantes aux maladies cryptogamiques endémiques notamment la septoriose et les rouilles (Mbarek et Boubaker, 2017) peut être un frein à l'augmentation de la production.

- ❖ Les contraintes financières : les coûts de production élevés résultent de deux facteurs, le prix élevé des intrants et équipements agricoles, ainsi que l'approvisionnement insuffisant et retardé en intrants, tant en qualité qu'en quantité.

3. Taxonomie, description botanique et exigences du blé dur

La classification taxonomique du blé dur s'établit comme suit :

Tableau 1: Classification botanique du blé dur

Règne	Plantae
Embranchement	Angiospermes
Sous-embranchement	Spermaphytes
Classe	Monocotylédones
Sous-classe	Commélinidés
Ordre	Poales
Famille	Poaceae
Sous- famille	Pooïdées
Genre	<i>Triticum</i>
Espèce	<i>Triticum durum</i>

Source : http://botaniagro.sg86.pagesperso-orange.fr/Taxonomie/f_poacees.html

❖ Description botanique

Le blé dur est une plante autogame, caractérisé par un cycle végétatif annuel. Elle possède un système racinaire fasciculé (Mbarek et Boubaker, 2017). La tige est vide et souple, constituée de nœuds où s'insèrent les feuilles (Amallah, 2017). Les feuilles sont en position alterne, s'entourent étroitement à la base en formant une gaine avec une fine bande de membrane appelée ligule, puis rubanées avec des stries parallèles (Clerget, 2011). L'inflorescence est un épi avec rachis portant des épillets, et renfermant deux à cinq fleurs (Ahmadi, 2000). Chaque appareil reproducteur

contient trois étamines à anthère biloculaire et deux styles à stigmates plumeux (Mbarek et Boubaker, 2017). Le grain est un fruit sec indéhiscant, appelé *caryopse*, il est bombé et creusé sur toute sa longueur d'un sillon et dont l'extrémité la plus grande s'orne d'une fine brosse (Merouche, 2015).

❖ Exigences du blé dur

Le blé dur est une espèce qui a des besoins thermiques variables selon le stade végétatif : des températures inférieures à 5 °C sont favorables à partir de la levée, tandis que le développement optimal se produit entre 8 et 10 °C. Lors des phases d'épiaison, de floraison et de maturation, des températures comprises entre 22 et 24 °C sont nécessaires (Zouaoui et Bensaid, 2007). Les besoins en eau du blé sont variables avec une moyenne de 550 mm (Mbarek et Boubaker, 2017). De la période suivant la floraison jusqu'à la maturité physiologique du grain, il est essentiel de maintenir une disponibilité en eau adéquate pour garantir le plein développement des grains et minimiser les risques d'échaudage (Belaid, 2015). Une durée spécifique de la lumière du jour (photopériodisme) est impérative pour le processus de la floraison et le développement des plantes (Soltner, 2005). Le blé se développe plus favorablement dans des sols de texture bien équilibrée, sains, profonds et à pH voisin de la neutralité puisqu'il favorise l'assimilation de l'azote. L'apport de 92 unités d'azote, fractionnés (semis, stade épi à 1cm, montaison) permet d'obtenir le meilleur rendement et la meilleure qualité du grain (Belaid, 2015). Le blé dur par ailleurs, est sensible à la salinité de l'eau d'irrigation (Mbarek et Boubaker, 2017).

4. Composition biochimique du grain de blé dur

Le grain de blé dur est constitué essentiellement de :

- 1) L'albumen : il correspond au tissu de réserve et est constitué de l'albumen amylicé et de la couche à aleurone qui correspond à 80 % - 85 % du grain (Feillet, 2000). La teneur en protéines et en enzymes de la couche d'aleurone est abondante et essentielle au processus de germination. L'endosperme est riche en amidon producteur d'énergie et se compose principalement des réserves alimentaires nécessaires à la croissance de la plantule (Šramková et al., 2009).
- 2) Le germe : il renferme d'un côté l'axe embryonnaire qui générera la tigelle, le mésocotyle et la radicule, et de l'autre le scutellum, à l'origine du cotylédon (Surget et Barron, 2005). Il est riche

en protéines (25 %) et lipides (8-13%) et une teneur élevée en minéraux (4,5 %) (Šramková et al., 2009).

- 3) Les enveloppes : elles sont constituées de quatre tissus : le péricarpe externe, le péricarpe interne, la testa et la couche nucellaire qui correspond à l'épiderme du nucelle (Debiton, 2010). Les protéines et les hydrates de carbone composent 16 % de la matière sèche du son, tandis que la teneur en minéraux atteint 7,2 %, un niveau relativement élevé (Šramková et al., 2009).

Les éléments constitutifs du grain de blé ainsi que leurs caractéristiques physico-chimiques jouent un rôle crucial dans la détermination des propriétés de qualité du grain (Guzmán et Ibba, 2023).

5. Ressources phytogénétiques et conservation du blé dur

Selon Rao (2012), les ressources phytogénétiques étant la diversité biologique des plantes cultivées et de leurs ancêtres sauvages, elles englobant à la fois les différences dans l'apparence et les caractéristiques génétiques. L'objectif est de maintenir une diversité génétique allélique maximale afin de conserver et rendre accessibles les traits d'intérêt pour la sélection des cultures (Guzzon et al., 2022).

Les ressources génétiques du blé doivent être préservées et rendues accessibles pour la biodiversité, l'amélioration variétale et la valorisation des produits alimentaires traditionnels (Guzzon et al., 2022). Ceux utilisées pour la sélection du blé dur sont catégorisées en quatre groupes distincts : les parents sauvages (blé amidonnier sauvage, *T. turgidum* spp. *dicoccoides*), les blés primitifs (*T. turgidum* ssp. *dicoccum*) et les variétés locales et modernes de blé dur (Mazzucotelli et al., 2020).

L'exemple de l'introduction de gènes visant à réduire la hauteur des plantes chez le blé tout en renforçant leur résistance aux maladies et aux infections virales a posé les fondations de la « révolution verte », illustrant ainsi l'énorme impact que les ressources génétiques peuvent avoir sur la production agricole (Hoisington et al., 1999).

5.1. Ressources génétique du blé dur in-situ

Il s'agit de la conservation des plantes sauvages et implique l'utilisation de mesures légales pour protéger l'écosystème de l'empiètement par l'homme (Acquaah, 2009). La conservation in situ a l'avantage de permettre aux espèces d'évoluer dans leur lieu d'origine et de conserver une plus

grande diversité génétique par rapport aux accessions des banques de semences (Guzzon et *al.*, 2022). Sahu et *al.* (2023) ont discuté deux sortes de stratégies pour la conservation in situ :

- 1- La conservation des ressources génétiques implique la préservation des espèces sauvages de divers taxons, tout en favorisant leur évolution,
- 2- La conservation des espèces végétales dans la ferme : les agriculteurs pratiquent la conservation à la ferme en conduisant les variétés locales et les variétés indigènes selon leurs pratiques agricoles coutumières et en maintenant leurs environnements naturels.

La préservation des types de l'espèce de blé in-situ dans quelques pays au monde est présentée dans le tableau suivant :

Tableau 2: Réserves in situ pour la conservation des ressources génétiques du blé et d'autres céréales dans quelques pays du monde (Guzzon et *al.*, 2022).

Nom de la réserve	Pays	Taxons
Erebuni	Arménie	Blé sauvage (<i>T.urartu</i> , <i>Triticum monococcum</i> subsp, <i>Aegilopoides</i> et <i>T.timopheevii</i> subsp, <i>armeniicum</i>), orge sauvage (<i>Hordeum</i> spp,)
Ammiad Projet	Israël	<i>Triticum</i> spp, (aussi <i>Hordeum</i> spp,)
Ham	Liban	<i>Triticum</i> spp, (aussi <i>Hordeum</i> spp,)
Wadi Sweid	Liban	<i>Ae,biuncialis</i> , <i>Ae,geniculata</i> , <i>Ae,triuncialis</i> , <i>T,urartu</i>
Sale-Rsheida	Syrie	<i>T.dicoccoides</i> (aussi <i>Hordeum</i> spp,)
Ceylanpinar State Farm	Turquie	<i>Triticum</i> spp,, <i>Aegilops</i> spp,, (aussi <i>Avena</i> spp et <i>Hordeum</i> spp,)

5.2. Ressources génétiques du blé dur ex-situ

Aussi désignée sous le nom de banque de gènes, elle a pour objectif de conserver à la fois des variétés cultivées et sauvages. Les centres internationaux tels que le CIMMYT et l'ICARDA, ont participé d'une manière significative à l'élargissement de la diversité génétique des variétés actuelles de blé dans le monde entier (Royo et *al.*, 2009). Plusieurs banques de gènes dans le monde ont également contribué à la préservation de ces ressources génétiques (tableau 3). L'Algérie est figuré parmi les pays impliqués dans ces efforts de conservation aux côtés de l'ICARDA.

De même, au fil du temps, l'Inde et la Chine ont mis en place une solide gestion scientifique pour la préservation ex situ des ressources génétiques du blé (Krishnappa et *al.*, 2022).

Tableau 3: Principales banques de gènes de blé dur dans le monde (Martínez-Moreno et *al.*, 2020).

Centre	Pays	N° entries	Statut biologique				Les plus importants pays représentatifs
			Lignée d'amélioration	cultivar	Race/variété	autre	Nombre entries
CIMMYT	Mexique	20779	7971	5173	4006	3629	Mexique, Ethiopie, Iran, Turquie, Espagne
ICARDA	Liban	18276	3288	-	12486	2502	Turquie, Tunisie, Algérie, Jordanie, Ethiopie
Collection nationale de petites céréales	USA	10690	1269	678	6660	2083	Turquie, Iran, Israël, Portugal, Ethiopie
Banque de gènes des céréales australiennes	Australie	9966	-	-	-	9966	Italie, Turquie, Mexique, Portugal, Ethiopie
Institut des biosciences et des bio ressources à Bari	Italie	1216	-	-	-	1216	Grèce, Italie, Turquie, Espagne, Tunisie

❖ Gestion et sauvegarde des ressources du blé dur en Algérie

En Algérie, plusieurs actions de conservation des ressources phytogénétiques ont été engagées, à titre d'exemple nous pouvons citer :

- ❖ L'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA) joue un rôle majeur en préservant des lignées de blé sous forme d'échantillons génétiques dans sa collection de base, en quantités limitées ou encore par la caractérisation des blés sahariens collectés dans la région d'Adrar.
- ❖ La préservation de certaines variétés locales adaptées au sein de l'ITGC et de l'INRAA, ainsi que leur utilisation par les agriculteurs de la région, qui tirent parti de leur biomasse végétative pour l'alimentation du bétail.
- ❖ L'étude par l'Institut Technique de Développement de l'Agronomie Saharienne (ITDAS), du comportement variétal des céréales à paille (local et importé) de différentes espèces (blé dur, blé tendre et orge).

6. Variabilité génétique du blé dur

L'analyse de la diversité génétique des ressources génétiques permet de mieux caractériser et classer les variétés conservées dans les banques de germoplasme et identifier les sous-ensembles d'accessions clés susceptibles d'être utilisées pour une sélection spécifique (Mohammadi et Prasanna, 2003).

Des études sur le blé dur ont été menées pour évaluer la diversité génétique ou développer des collections, que ce soit en examinant des caractères phénotypiques au champ (Haddad et al., 2021), ou des caractéristiques liées à la qualité de la graine (Amallah, 2017 ; Derbal, 2015), ou par le biais d'analyses moléculaires (Kabbaj et al., 2017 ; Khennaoui, 2018 ; Marzario et al., 2018).

Les descripteurs utilisés pour évaluer la variabilité génétique de cette espèce sont les suivants :

6.1. Caractères phénotypiques

La caractérisation agro- morphologique constitue l'étape préliminaire de l'exploitation et de l'identification des espèces (Marzario et al., 2018). Cela implique une description rigoureuse des traits morphologiques, en s'assurant que ces traits sont héréditaires, distincts sur les plans taxonomique et agronomique, facilement observables, mesurables avec précision, et exprimés de manière uniforme (Sion et al., 2021). Cette dernière présente l'avantage d'évaluer la diversité en présence de variations environnementales (Mondini et al., 2009).

Les méthodes conventionnelles utilisées pour caractériser et identifier les variétés de blé sont basées sur la caractérisation morphologique et les observations phénologiques selon les descripteurs de l'unité pour la protection des obtentions végétales (UPOV) et l'institut international des ressources phytogénétiques (IPGRI) (Zarkti et *al.*, 2010).

6.1.1. Précocité

Pour permettrait d'accroître le potentiel de production de grains, les cultivars devrais avoir des taux de croissance plus rapides pour accumuler une biomasse suffisante sur une période réduite (Krishnappa et *al.*, 2022).

Les cultivars à épiaison précoce ont surpassé ceux à épiaison tardive en raison de deux avantages : une durée de remplissage du grain plus étendue et un processus de remplissage du grain qui débute plus tôt, profitant de températures plus propices. Par ailleurs, ils maintiennent un plus grand nombre de feuilles vertes jusqu'à la floraison (Tewolde et *al.*, 2006).

6.1.2. Facteurs de performance agronomique

Le poids de mille grains est un paramètre crucial de la productivité en grains, qui reflète non seulement la qualité des grains mais aussi l'efficacité de l'approvisionnement en eau et en minéraux de la culture. Sa variation est essentiellement déterminée par l'espèce, la date et densité de plantation et les techniques agricoles employées (Mbarek et Boubaker, 2017). Sa faible sensibilité au environnement, c'est-à-dire une héritabilité plus ou moins stable et élevé le rend, indirectement un caractère important dans l'étude de l'amélioration du rendement en grain (Xu et *al.*, 2017).

Selon des études historiques sur le rendement (Dolferus et *al.*, 2011), le nombre de grains est considéré comme étant un facteur clé pour augmenter le rendement en grains des céréales. Selon Xiao et *al.* (2022), le nombre de grains est influencé par la fécondité des fleurons et le nombre d'épillets par épi mais le contrôle de ce nombre reste mal compris malgré son importance pour le rendement. En période de conditions difficiles, les plantes ont tendance à prioriser la production d'un nombre de graines réduits mais de plus grosse taille (Dolferus et *al.*, 2011). L'héritabilité de ce dernier est relativement élevée chez le blé (Xiao et *al.*, 2022).

6.1.3. Marqueurs morphologiques

La hauteur de la plante est un caractère morphologique important directement associée à la capacité de production de la plante (Alam et *al.*, 1970). La corrélation entre ce paramètre et le rendement est complexe. Une plus grande hauteur peut être liée à des augmentations ou des baisses du rendement. Par conséquent, la hauteur idéale pour maximiser le potentiel de rendement reste ambiguë et a été estimée entre 70 et 100 cm (Berry et *al.*, 2015).

La hauteur est principalement contrôlée par les gènes Rht et est fortement associée à des traits comme l'indice de récolte, la longueur du pédoncule et la capacité de stockage des glucides. Une tige courte peut offrir des bénéfices en matière de récolte et de capacité de stockage, alors qu'une tige plus longue pourrait causer des difficultés liées à la verse (Torres et Pietragalla, 2012).

La feuille étandard est un autre paramètre morphologique, essentielle pour la photosynthèse de la mi- floraison au remplissage des grains, et est cruciale dans l'absorption lumineuse, représentant jusqu'à 75 % de la surface totale, ses dimensions génétiquement déterminées, influent sur la surface totale (Torres et Pietragalla, 2012). Dans les programmes de sélection du blé visant à augmenter le rendement, il est crucial d'optimiser la morphologie de la feuille étandard, en particulier sa longueur, sa largeur et sa surface, car un génotype avec une surface de feuille étandard idéale est essentiel pour l'activité photosynthétique indispensable (Zhao et *al.*, 2018).

6.1.4. Marqueurs physiologiques

La chlorophylle, est l'un des marqueurs les plus importants de l'activité photosynthétique d'une plante. Une faible teneur en chlorophylle se traduit par une plus faible capacité d'activité photosynthétique. Une légère diminution de la teneur en chlorophylle a été observée lorsque différents génotypes de blé ont été examinés ; ces variations peuvent indiquer des niveaux de tolérance variables entre les génotypes (Salam et *al.*, 2022).

La température du couvert végétal, en tant qu'indicateur de l'adaptabilité environnementale d'un génotype, a été associée au rendement dans diverses situations. En période de sécheresse, une température du couvert basse peut signaler une capacité génétique des racines à explorer efficacement l'humidité du sol. Cependant, en cas de carences en micro-éléments ou de maladies affectant le développement des racines, seuls les génotypes porteurs des gènes correspondants présentent une température plus basse (Reynolds et *al.*, 2012).

6.2. Les marqueurs physico-chimiques

Pour satisfaire les exigences des fournisseurs de blé dur, des meuniers, des transformateurs et consommateurs, il est crucial de considérer les propriétés physiques et chimiques de qualité du grain (Pandey et *al.*, 2022). Cette dernière est déterminée par chaque composant du grain, qui peut agir individuellement ou en combinaison avec d'autres composants pour influencer la qualité globale du grain (Ait-Slimane-Ait-Kaki, 2008).

La méthode optimale de production d'une semoule de haute qualité consiste à partir d'une matière première de haute qualité caractérisée par une bonne taille des grains, un poids spécifique élevé, un pourcentage élevé de grains vitreux durs, ainsi que toutes les qualités physiques et fonctionnelles nécessaires (Sissons, 2022).

6.2.1. Vitrosité

La vitrosité de l'amande a un impact sur la taille des grains, la couleur et le contenu en protéines de la semoule : une amande moins translucide produit une granulation plus fine et un taux de protéines réduit (Dziki et Laskowski, 2005). Elle est considérée comme un élément qualitatif essentiel dans le secteur des pâtes, car elle influence la valeur commerciale en garantissant un rendement élevé en semoule ainsi qu'une granulation et une pureté optimales (Pinheirobr et *al.*, 2013).

6.2.2. Coloration de la semoule

D'après Schulthess et *al.* (2013), la couleur des pâtes est un critère de qualité crucial, qui découle des caractéristiques intrinsèques de couleur de la semoule provenant du blé dur. C'est essentiellement attribué à la présence de deux pigments naturels, les caroténoïdes et les anthocyanes (Aoun et *al.*, 2021). La présence de ces pigments dans le grain est un facteur crucial dans les programmes de sélection destinés à accroître la valeur nutritive du blé dur et de ses produits finis (Ficco et *al.*, 2014).

L'indice de jaune demeure l'un des paramètres privilégiés par les sélectionneurs pour anticiper la qualité du matériel génétique du blé dur, en raison de sa concentration élevée en pigments caroténoïdes (Hammami et *al.*, 2017).

Le processus de brunissement des pâtes, évalué par l'indice de brunissement, est stimulé par la peroxydation des acides gras insaturés contenus dans la semoule. Cependant, des recherches ont

démontré que la couleur foncée est principalement influencée par le facteur génétique, en faisant un critère variétal essentiel (Ait-Slimane-Ait-Kaki, 2008).

6.2.3. Teneur en protéines

Le taux de protéines présent dans les céréales a une influence majeure sur leur valeur nutritive, les choix de transformation, la qualité des produits finaux tels que le pain et les pâtes, et également sur la valeur marchande du blé (Saini et *al.*, 2020).

La proportion de protéines dans le blé peut différer largement, oscillant entre 6 % et approximativement 20 %. Cette fluctuation est déterminée par le type de blé, les conditions du sol, le climat, les zones de culture et l'apport en azote (Carson et Edwards, 2009). Dimitrios (2023) a montré que le blé dur contenant plus de 11,5 % de protéines est approprié pour la fabrication de pâtes, tandis qu'une teneur inférieure à ce seuil est généralement considérée comme de moindre qualité et est plutôt utilisée comme ressource fourragère.

6.2.4. Gluten

Le gluten est l'élément fonctionnel de la protéine et il détermine plusieurs propriétés de résistance et de transformation de la farine de blé. La gluténine et la gliadine sont les deux protéines particulières qui composent le gluten (Singh et *al.*, 2022). Les valeurs élevées de ce dernier correspondent à un gluten plus fort (Kaplan Evlice et *al.*, 2023).

Le gluten sec est utilisé pour améliorer la qualité des farines plus faibles destinées à la panification, ainsi que pour augmenter la teneur en protéines des céréales et autres produits nutritionnels (Cornell, 2012). La qualité du gluten, qui existe en deux variétés - faible et fort - est essentielle pour un produit donné. Alors que le gluten fort est préférable pour créer d'énormes pains, le gluten faible est surtout nécessaire pour les gâteaux et les biscuits (Kaukab et *al.*, 2022).

6.2.5. Force du gluten

La force du gluten est évaluée par un test appelé volume de sédimentation. Ce test fournit des indications sur la qualité des gluténines contenues dans les protéines de l'endosperme (Kumar et *al.*, 2013), et sert d'outil de choix lors de la sélection des variétés de blé ainsi que dans les procédés de mouture (Singh et *al.*, 2022).

6.3. Les marqueurs biochimiques

La qualité des pâtes dépend non seulement de la teneur en protéines, mais également de la composition du gluten, constitué de gluténines et de gliadines. En général, les gluténines sont associées à la force et à l'élasticité du gluten, tandis que les gliadines contribuent à sa viscosité et à son extensibilité. Les principaux gènes impliqués dans la régulation de ces protéines sont *Glu-1*, *Glu-3* et *Gli-2*, dont les différents allèles ont été largement corrélés à des caractéristiques de qualité du gluten (Krishnappa et al., 2022). Les gluténines se subdivisent en sous-unités de haut et de bas poids moléculaire (HMW-GS et LMW-GS), codées respectivement par les locus *Glu-1* et *Glu-3*. Bien que les gluténines de bas poids moléculaire exercent généralement un effet dominant sur celles de haut poids dans le blé dur, les allèles des HMW-GS influencent de manière significative la qualité globale du gluten (Kroupina et al., 2023).

L'analyse approfondie des sous-unités de gluténine, qu'elles soient de haut ou de faible poids moléculaire, revêt une importance capitale, puisqu'elles constituent les unités fondamentales des polymères de gluténine, dont la structure, la composition et la taille influencent directement les propriétés du gluten et par conséquent les caractéristiques de la pâte de blé (Lafiandra et al., 2012).

6.4. Les marqueurs moléculaires

Un système récent de marqueurs génétiques permettant d'afficher directement les variations sur la séquence d'ADN des organismes a été créé et est connu sous le nom de marqueurs moléculaires. Ces derniers sont devenus une ressource précieuse pour la détection des accessions renfermant des gènes et des allèles d'intérêt, souvent en masquant des phénotypes indésirables (Royo et al., 2009).

Selon Joshi et al. (1999), les critères désirables que doit être présents dans les différents marqueurs moléculaires sont :

- Hautement polymorphe
- Héritage codominant
- Manipulation facile et rapide
- Haute reproductibilité
- Facilité d'échange des données entre laboratoires

6.4.1. Sélection assisté par marqueur (SAM)

La découverte d'un grand nombre de marqueurs moléculaires spécifiques pour les QTLs associés à des traits qualitatifs et quantitatifs a considérablement accéléré l'utilisation de cette technique, cela inclut la disponibilité de marqueurs liés à la résistance aux maladies et à divers caractères agronomiques et qualitatifs du blé (Pandurangan et *al.*, 2022). Elle offre l'avantage d'être utile en l'absence d'évaluation phénotypique, permettant une sélection efficace dès le stade de plantule, notamment pour des caractères visibles à maturité (Monika et *al.*, 2023).

Les marqueurs moléculaires les plus utilisées dans cette technique dans les études de blé sont :

6.4.1.1. Les microsatellites (SSRs)

Les marqueurs SSR se distinguent par leur statut codominant et leur présence répandue sur l'ensemble du génome. Ils visent à étudier la diversité génétique et les relations phylogénétiques des ressources génétiques, en vue de leur valorisation pour des actions de conservation et d'exploitation future (Sagar et *al.*, 2023). Les SSRs ont permis de localiser avec précision la position chromosomique de divers traits de sélection importants, tels que les gènes de résistance aux maladies et les caractéristiques de qualité. Leur utilisation dans le processus de sélection assistée par marqueurs est en croissance constante, notamment pour la sélection du blé (Ganal et Roder, 2007).

Plusieurs types de marqueurs SSR ont été développés pour le blé notamment dans les études de cartographies (Song et *al.*, 2002 ; Somers et *al.*, 2004), création des collections de base et mener des analyses de diversité du pool génétique du blé Balfourier et *al.* (2007), étude phylogénique Zhang et *al.* (2007) et d'une façon indirecte pour identifier des gènes ou QTLs d'intérêt agronomique (Graziani et *al.*, 2010).

6.4.1.2. Polymorphismes de longueur de fragments de restriction (RFLPs)

Dans cette technique, le matériel génétique est coupé à l'aide d'enzymes de restriction et les fragments qui en résultent sont séparés en fonction des différences de taille par électrophorèse sur gel (Rao et *al.*, 2023). Les RFLPs ont été utilisés dans le blé pour cartographier les gènes impliqués dans la vernalisation et la résistance au gel. Elles ont également servi à l'identification des cultivars et à la détection de loci associés à divers caractères, tels que la couleur de la farine, le nanisme et la tolérance à la germination précoce (Bhakti Rana et *al.*, 2009).

6.4.1.3. Polymorphismes nucléotidiques simples (SNPs)

Les marqueurs de polymorphisme mononucléotidique (SNP) ont suscité un intérêt accru en raison de leur nature bi-allélique et de leur présence bien plus fréquente dans le génome, ce qui accroît les chances d'identifier des marqueurs proches des loci d'intérêts (Ren et *al.*, 2013), de leur codominance, de leur ciblage précis, de leur compatibilité avec les méthodes de génotypage/détection à haut débit et de leur coût abordable (Kumar et *al.*, 2021).

La plate-forme de génotypage à base de SNP, également appelée SNP array, ou les puces Illumina utilise des billes enveloppées d'oligos spécifiques à un allèle et placées dans des micro-puits pour permettre une identification hautement multiplexée des SNPs (Tripodi, 2023). Cette technique se démarque par ses caractéristiques variées, notamment une densité élevée de marqueurs, des coûts réduits, une efficacité élevée, une large diffusion et une grande adaptabilité. Ces atouts la rendent particulièrement recommandée pour les études d'association (GWAS) du blé (Saini et *al.*, 2022). Le 9K Infinium SNP Array a été le premier SNP array développé pour le blé par Cavanagh et *al.* (2013), qui a été utilisé pour le génotypage de 2 994 lignées de blé tendre. Pour arrivera par la suite, au réseau de 90 000 SNP (Wang et *al.*, 2014).

6.4.2. Analyse d'association marqueur-trait par GWAS

L'analyse d'association (GWAS) implique le génotypage d'une vaste gamme d'échantillons à l'aide de multiples polymorphisme mononucléotidiques (SNPs) répartis sur l'ensemble du génome. Ces marqueurs sont ensuite analysés pour établir leur corrélation avec les traits phénotypiques d'intérêts (Alemu et *al.*, 2020).

Ces analyses facilitent l'identification de gènes d'intérêt agricole et leur intégration dans des variétés modernes grâce à la sélection assistée par marqueurs ou la sélection génomique, en exploitant les ressources génétiques sauvages ou locales (Pascual et *al.*, 2020) (figure 3).

Cette technique a permis la détection des allèles rares dans une large collection et les introduire dans un programme d'amélioration (Akhtar et *al.*, 2023). Les travaux menés sur des espèces céréalières, telles que le maïs, en utilisant cette méthode d'analyse, ont permis, également, d'identifier des régions génomiques liées à la floraison. Pour le riz, des régions génomiques associées à la résistance à la bactériose ont été identifiées (Rao et *al.*, 2023). Tandis que pour le blé dur les travaux ont été réalisés sur des caractères d'intérêt à savoir le rendement en grain (Anuarbek et *al.*, 2020 ; Wang et *al.*, 2019), la résistance au pathogène par Aoun et *al.* (2021), la tolérance à la

sécheresse par Wang et *al.* (2019), l'architecture du système racinaire par Maccaferri et *al.* (2016), l'ajustement osmotique par Condorelli et *al.* (2022) et la phénologie et les traits liés à la qualité (Fiedler et *al.*, 2017).

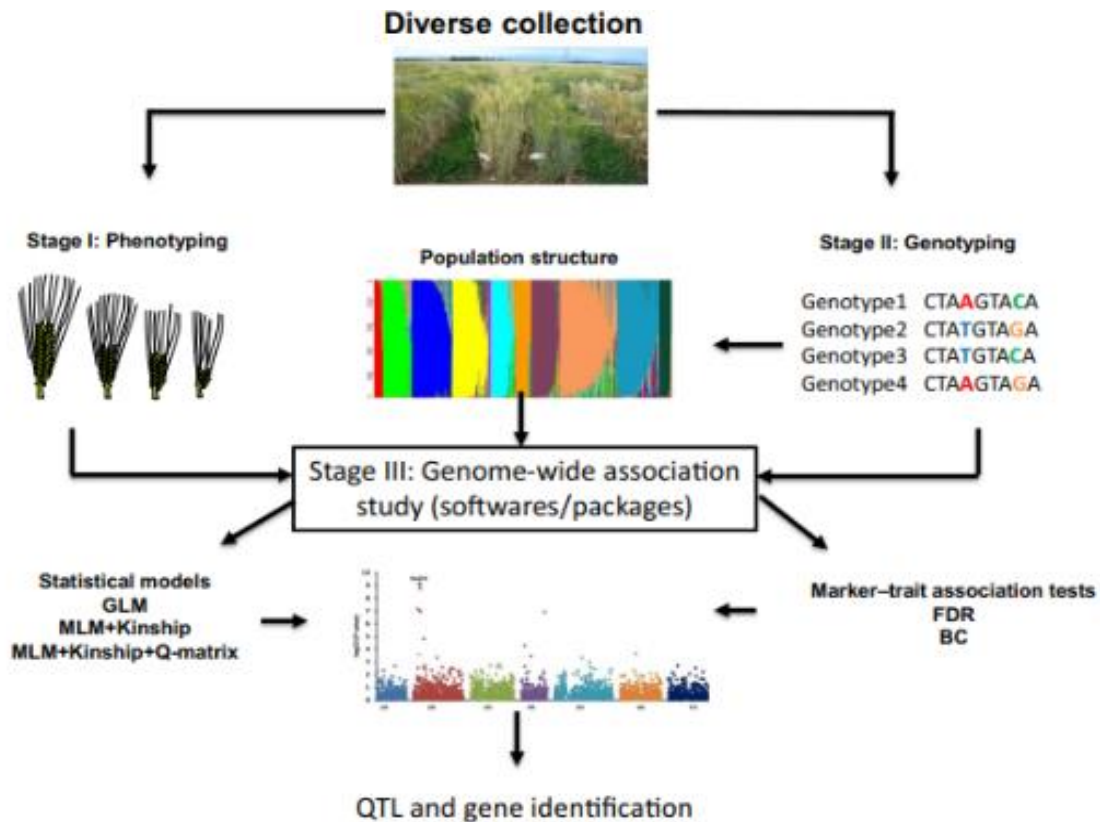


Figure 3: Illustration du principe de la technique d'association GWAS (Rao et *al.*, 2023)

7. Notion d'interaction génotype x environnement (G x E)

Lorsqu'un génotype est cultivé dans différents environnements ou au fil des ans, ses performances varient souvent par rapport à d'autres génotypes, principalement en raison des conditions environnementales, ce qui est appelé "interaction génotype-environnement" (De Vita et *al.*, 2010).

On peut distinguer deux types d'interactions $G \times E$:

- Les interactions quantitatives ou non-cross-overs, lorsque les classements relatifs des génotypes dans différents environnements demeurent similaires, mais les différences de performance entre les génotypes sont modifiées (Dieng, 2007).

-Les interactions qualitatives ou cross-over lorsque la variation de la performance des cultivars dans différents environnements entraîne un changement de classement des cultivars d'un environnement à un autre (Kang, 2002). Les interactions qualitatives sont les plus importantes pour les sélectionneurs du fait que le choix du meilleur génotype est déterminé par l'environnement (Malosetti et *al.*, 2013).

7.1. Avantages et limites de l'interaction génotype x environnement en sélection

L'interaction G x E est utilisée comme mesure de la capacité d'adaptation des génotypes en ce qui concerne la façon dont certains traits se présentent dans divers contextes environnementaux en d'autres termes ce qu'on appelle la plasticité phénotypique (Teressa et *al.*, 2021). Elle peut aider les programmes d'amélioration à mieux comprendre les types et les degrés d'interactions qui sont susceptibles de se produire dans une zone donnée ainsi que leurs causes sous-jacentes et définir si nécessaire un plan pour réussir à faire face aux effets des interactions (Annicchiarico, 2002).

Les interactions G x E déterminent les décisions concernant l'adaptation large ou spécialisée et l'uniformité génétique ou la variété génétique. Elles orientent également les méthodes de sélection (Begna, 2020), et aident à repérer des génotypes qui démontrent une réponse favorable dans des localités particulières et sous des conditions environnementales spécifiques (Menad et *al.*, 2011).

L'interaction entre le génotype et l'environnement affecte négativement l'héritabilité puisqu'elle fait partie de la variance phénotypique totale. Une proportion plus élevée de G x E entraîne une estimation d'héritabilité plus faible, limitant par conséquent le potentiel de progrès par sélection (Kang, 2002).

L'interaction entre le génotype et l'environnement réduit la stabilité des performances des génotypes, compliquant ainsi leur sélection et leur progression vers les étapes suivantes d'amélioration, surtout dans des environnements variés (De Leon et *al.*, 2016).

7.2. Notion de stabilité

Un génotype stable se définit par un phénotype qui montre peu de variation par rapport au caractère attendu, même lorsqu'il est évalué dans divers environnements (Zakir, 2018). On constate deux types de stabilité : la stabilité statique (biologique) et la stabilité dynamique (agronomique).

Dans le sens statique, une variété stable pour un trait particulier est celle qui conserve ses caractéristiques dans divers contextes (années et lieux) (Salimi et *al.*, 2023). La pertinence du concept statique est maximale pour certains traits de qualité ou de résistance aux maladies, particulièrement lorsque l'on recherche une réponse uniforme dans tous les environnements visés (Arjona et *al.*, 2020).

La stabilité agronomique est définie comme la performance supérieure d'un génotype dans différents environnements, les valeurs moyennes pour chaque environnement étant différentes, ce type est recherché pour les performances de rendement (Arjona et *al.*, 2020).

La stabilité des variétés est influencée par les changements dans l'environnement d'essai et par des variations saisonnières, comme le type et la fertilité du sol, ainsi que la densité de plantation. Certaines conditions, comme les précipitations, la température et l'humidité, restent imprévisibles (Begna, 2020). Cependant, une variété stable peut également être obtenue en combinant plusieurs gènes favorables à des loci contrôlant des interactions discrètes avec l'environnement (Zaïm et *al.*, 2024).

7.3. Application du modèle AMMI pour l'analyse G x E

L'importance des effets d'interaction par ANOVA, qui révèle la variabilité de la performance des génotypes dans différents environnements, indique la nécessité d'une analyse plus approfondie pour améliorer l'efficacité du processus de sélection des variétés. L'analyse AMMI se présente comme un outil potentiel pour approfondir la compréhension des facteurs qui contribuent à l'expression de l'interaction G x E (Verma et *al.*, 2016).

Le modèle AMMI combine l'analyse de la variance et l'analyse des composantes principales pour mieux comprendre l'interaction génotype x environnement (G x E) et fournir des estimations de rendement plus fiables. Cette interaction est visualisée sur un graphique à deux axes, facilitant l'inspection et l'interprétation des composantes de la G x E (Bacha et *al.*, 2015). Tout génotype avec une valeur IPCA 1 proche de zéro s'est adapté aux environnements testés en général (Begna, 2020).

L'objectif final de cette analyse est d'améliorer la précision des recommandations et des sélections pour optimiser les gains génétiques (Priyadarshan, 2019). Les résultats de cette analyse

aident à orienter les décisions du programme de sélection, notamment en matière d'adaptation des génotypes et de choix environnemental (Mohammadi et *al.*, 2018).

8. Stratégie ou efforts d'amélioration de la culture de blé en Algérie

Le choix d'une variété est un élément central pour initier une stratégie d'amélioration visant à garantir une stabilité et une production satisfaisante, malgré les fluctuations climatiques. Cela peut être accompli par :

8.1. Adaptation au milieu physique

-L'étude du type de variété à semer, a pour but d'identifier celles qui conviennent le mieux aux zones favorables, en prenant en compte les conditions climatiques particulières. Cela permettra de synchroniser efficacement les semis avec les stades physiologiques de la plante.

-Le choix d'une variété résistante à la verse est essentiel, notamment pour nos variétés locales, caractérisées par une taille haute de paille et des épis denses susceptibles de se casser. Ainsi, le choix doit s'orienter vers des variétés présentant soit une réduction de la hauteur du chaume, soit une meilleure lignification des premiers entre-nœuds (Grignak, 1978).

-Il est essentiel de choisir des variétés qui présentent une résistance au froid, surtout dans les régions des hauts plateaux où le gel et les températures basses sont fréquents.

-Sélection de génotypes précoces tolérants au stress de fin de cycle, surtout en zones semi-arides.

8.2. Adaptation au milieu biotique

La sélection de variétés résistantes aux maladies qui permet d'éviter tout traitement fongicide notamment vis-à-vis de l'oïdium, la rouille jaune, la rouille brune, les septorioses et la fusariose, qui sont les maladies du blé les plus favorisées par nos conditions climatiques (Brabant et *al.*, 2006).

8.3. Formation des agriculteurs

Il est essentiel de mener des essais expérimentaux en collaboration avec les universités et les centres de recherche (ITGC et INRA), pour identifier l'espèce la mieux adaptée à chaque région. Cette démarche s'inscrit dans ce qu'on appelle l'approche participative (Benbelkacem, 2014).

Partie II

Expérimentation

Chapitre 1

**Caractérisation agro-morphologique
d'une collection de blé dur et analyse
des interactions entre génotype et
environnement**

1. Introduction

L'évaluation phénotypique sur le terrain, qui repose sur divers critères de diversité génétique, représente une étape cruciale pour appréhender la variabilité présente entre les génotypes. Elle délivre des données significatives concernant leurs performances agronomiques ainsi que leur capacité à s'adapter aux différentes conditions environnementales, formant ainsi une base solide pour les programmes d'amélioration génétique (Khennaoui, 2018). Une compréhension approfondie de la variabilité génétique des caractères d'intérêt est en effet essentielle pour le succès de tout programme de sélection. L'application de critères de sélection adéquats permet de repérer les génotypes prometteurs qui affichent une combinaison favorable de traits agronomiques. De plus, l'évaluation de l'héritabilité de ces caractères fournit des indications précieuses sur leur transmission d'une génération à l'autre, facilitant ainsi la sélection des génotypes les plus performants (Deepika et *al.*, 2021).

Les caractères quantitatifs tels que le rendement en grain résultent d'interactions complexes entre les processus physiologiques de la plante, les conditions climatiques et les facteurs environnementaux tout au long du cycle de croissance (Taranto et De Vita, 2023). Ces interactions, regroupées sous le terme d'interaction génotype $\times$ environnement ($G \times E$), traduisent la réponse variable des génotypes face aux changements de milieu et peuvent parfois masquer le véritable potentiel génétique des variétés (Taleghani et *al.*, 2023). Pour mieux comprendre et exploiter cette variabilité, les essais multi-locaux et pluriannuels sont largement utilisés afin d'évaluer l'ampleur de l'interaction $G \times E$ et d'identifier les génotypes les plus stables et les mieux adaptés à un large éventail d'environnements (Boussakouran et *al.*, 2021). Toutefois, cette interaction peut aussi être mise à profit pour sélectionner des génotypes présentant une adaptation spécifique à certaines conditions, contribuant ainsi à une amélioration ciblée et durable des variétés de blé dur (Taleghani et *al.*, 2023).

Parmi les différentes approches développées pour analyser cette interaction, le modèle AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) s'est imposé comme une méthode de référence. Il permet de décomposer les effets additifs du génotype et de l'environnement ainsi que leur interaction, offrant ainsi une vision claire de la stabilité et de l'adaptation des génotypes (Miroslavljević et *al.*, 2016). Les résultats issus de l'analyse AMMI constituent un outil d'aide à la

décision pour les sélectionneurs, notamment pour identifier les génotypes stables et bien adaptés à des environnements spécifiques (Mohammadi et *al.*, 2018).

Enfin, dans une optique d'amélioration intégrée, l'évaluation conjointe de la performance moyenne et de la stabilité des génotypes demeure un enjeu majeur. Les indices de sélection multi-caractères, tels que le MTSI (Multi-Trait Stability Index), offrent une approche innovante permettant d'identifier simultanément des génotypes performants et stables pour plusieurs traits d'intérêt agronomique. Cette méthode, qui tient compte des corrélations entre caractères tout en simplifiant l'interprétation des résultats, constitue un outil efficace pour orienter la sélection dans des contextes marqués par une forte interaction $G \times E$ (Olivoto et al., 2019).

Basant en ce qui précède, ce chapitre a pour objectif de caractériser une collection de blé dur d'origines diverses à l'aide de marqueurs phénologiques, morphologiques, physiologiques et agronomiques dans deux sites distincts sur deux campagnes agricoles, d'étudier les interactions génotype $\times$ environnement pour identifier les génotypes les plus performants, stables et adaptés, en mettant l'accent sur l'expression favorable des traits liés au rendement et sur le rendement lui-même et d'analyser les relations entre les différents traits étudiés dans les deux sites afin d'identifier ceux qui contribuent à l'amélioration du rendement, dans une perspective de sélection future.

2. Matériels et méthodes**2.1. Description des sites expérimentaux**

Quatre essais expérimentaux au total ont été menés, sur deux sites, la présentation des sites est décrite ci-dessous :

2.1.1. Site d'Alger

L'essai a été réalisé lors des campagnes agricoles 2020/2021 et 2021/2022 à la station de recherche et d'expérimentation de l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie de Mehdi Boualem à Baraki située à une altitude de 18 m, à 3°60 de longitude Est et 36 ° 41 de latitude Nord. Cette région, fait partie de la plaine fertile de la Mitidja, caractérisée par un étage bioclimatique sub-humide, des étés chauds et secs et des hivers doux et humides. Cette région est propice aux cultures de céréales, légumes parce que, les sols sont enrichis par les dépôts alluviaux, ce qui les rend fertiles et adaptés à l'agriculture (figure 4).

2.1.2. Site de Constantine

L'essai a été mené lors des campagnes agricoles 2018/2019 et 2020/2021 à la ferme pilote d'El-khroub, situé à 14 Km au sud-est de Constantine, à une altitude de 640 m, à 6°67 de longitude Est et 36°28 de latitude Nord. Cette zone se caractérise par un étage bioclimatique semi-aride, dominé par des conditions continentales et de fortes amplitudes thermiques, tant annuelles que journalières, les hivers y sont rigoureux, un régime de précipitations irrégulier, et la fréquence des gelées au printemps est élevée. De plus, des vents chauds et asséchants soufflent en fin de cycle de culture des céréales (Baldy et *al.*, 1993). La pluviométrie annuelle moyenne atteint 450 mm. Ce site est également caractérisé par des terrains ondulés, souvent fertiles (figure 4).



Figure 4: Présentation du site expérimental d'Alger (à gauche) et de Constantine (à droite) au stade épiaison

2.2. Conditions édaphiques

Les deux sites ont fait l'objet d'une série d'analyses physico-chimiques du sol et les résultats sont rassemblés dans le tableau 4.

Le sol du site 1 (Alger) est d'une texture argileuse selon l'interprétation de (Hénin et *al.*, 1969), son pH est alcalin avec un faible teneur en calcaire. Il est non salé (USSLS, 1954). C'est un sol assez riche en azote et très riche en phosphore selon les normes établies (MDLC, 1993). La teneur en matière organique est moyennement riche en MO% selon l'interprétation de (Clavet et Viellemin, 1986).

Le sol du site 2 (Constantine) est d'une texture argileuse, son pH est basique, avec un teneur en calcaire actif élevé. Il est non salé. C'est un sol pauvre en azote et très riche en phosphore, il est moyennement riche en MO%. Le rapport C/N pour les deux sites indique une activité minéralisatrice assez élevée permettant une bonne décomposition de la matière organique.

Tableau 4 : Analyses des sols des deux sites expérimentaux

Types d'analyses	Paramètres	Résultats d'analyses		Méthodes d'analyses
		Alger	Constantine	
Analyses granulométriques	Argiles (%)	51,14	69,25	Pipette de Robinson
	Limons fins (%)	25,97	19,50	
	Limons grossiers (%)	9,87	2,03	
	Sable fins (%)	7,85	7,23	
	Sable grossiers (%)	3,27	1,99	
Analyses chimiques	Calcaire totale (%)	1,71	28,63	Calcimètre de BERNARD
	Calcaire actif (%)	-	18,5	
	pH eau	8,45	8,32	pH mètre
	CE (mmhos/cm)	0,23	0,38	Conductimètre
	Phosphore (ppm)	24,80	338,33	JORET –HEBERT
	Azote total (%)	0,18	0,098	KDJELDAHL
Analyses biochimiques	Carbone (%)	1,38	1,14	Méthode ANNE
	MO (%)	2,37	1,96	MO (%)= 1,72 X C
	Rapport C/N	7,70	11,63	

2.3. Conditions climatiques

Les données climatiques essentielles qui ont caractérisé les deux sites durant les campagnes agricoles étudiées sont présentées dans les figures 5,6,7 et 8.

❖ Site d'Alger

Durant la campagne agricole 2020-2021, un total annuel pluviométrique de 474,2 mm a été enregistré, soit 12,8 mm de plus par rapport à la campagne 2021-2022 qui a enregistré 461,4 mm. Les précipitations les plus importantes ont été enregistrées en Décembre, avec 146,5 mm au cours de la première campagne agricole, tandis que la deuxième campagne agricole a connu deux pics en Novembre et en Mars, avec des précipitations de 180,2 mm et 121,6 mm, respectivement. Le dernier pic a coïncidé avec le stade montaison-épiaison (figure 5 et 6).

Au cours des deux campagnes, des températures relativement basses ont été enregistrées de Décembre à Février. À partir de Mars, les températures ont commencé à augmenter pour atteindre leur maximum en Juin et Juillet, ce qui a coïncidé avec la période de récolte. L'écart de température entre le mois le plus froid et le mois le plus chaud est de 13,9°C durant la campagne 2020/2021 et 15,7°C durant la campagne 2021/2022 (figure 5 et 6).

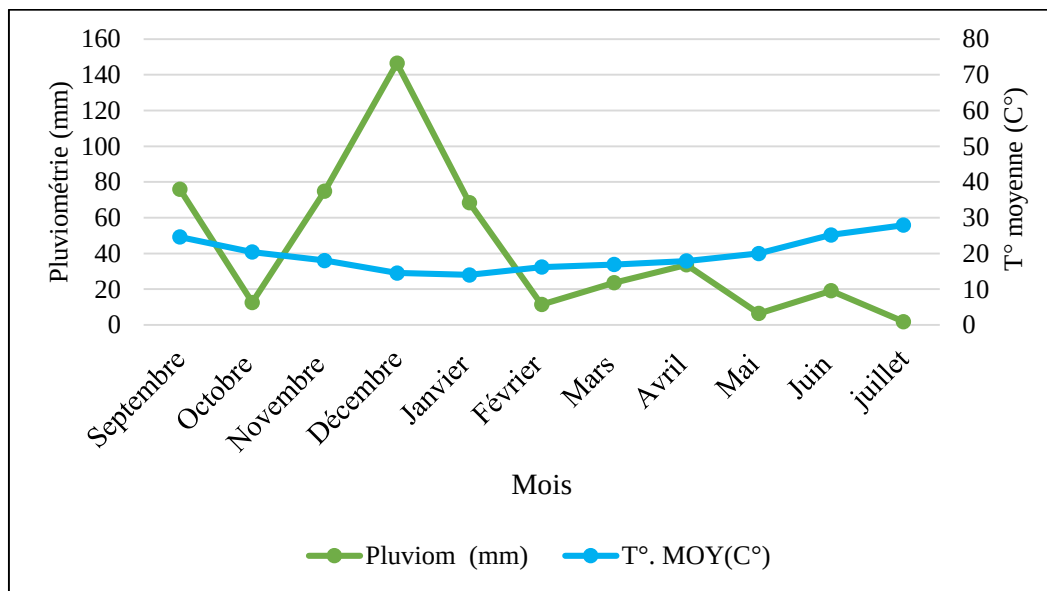


Figure 5 : Diagramme ombrothermique du site d'Alger de la campagne agricole 2020/2021

(Source : www.infoclimat.fr/climato)

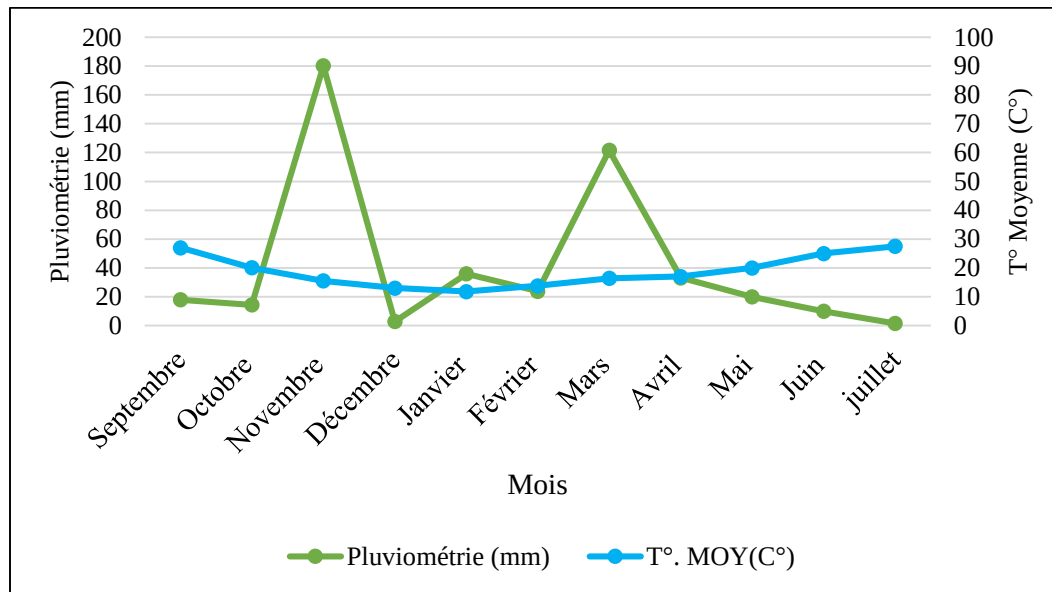


Figure 6 : Diagramme ombrothermique du site d'Alger de la campagne agricole 2021/2022

(Source : www.infoclimat.fr/climato)

❖ Site de Constantine

Durant la campagne agricole 2018-2019, un total annuel pluviométrique de 467,6 mm a été enregistré, la campagne 2020-2021 a enregistré 326,4 mm, soit 142,2 mm de moins. Deux pics ont été enregistré en Octobre avec 142 mm et en Janvier avec 97,2 mm pour la campagne 2018-2019. Lors de la campagne 2020/2021, les précipitations maximales ont été enregistrées en Décembre avec 55 mm, ce qui a coïncidé avec l'installation de la culture (figure 7 et 8).

Les températures les plus basses ont été enregistrées entre Décembre et Février, période durant laquelle plusieurs jours de gel ont été observés aussi dans la région. La température à commencer à augmenter rapidement en Mars, avec des températures relativement élevées en Mai coïncidant avec la montaison et l'épiaison. Une période de sécheresse est apparue au mois de Juin et Juillet pour les deux campagnes coïncidant avec le stade maturation. L'amplitude thermique pour la première et la deuxième campagne agricole est de 21,8 °C et 19,6 °C, respectivement, donc cette région à un fort amplitude thermique par rapport au site d'Alger (figure 7 et 8).

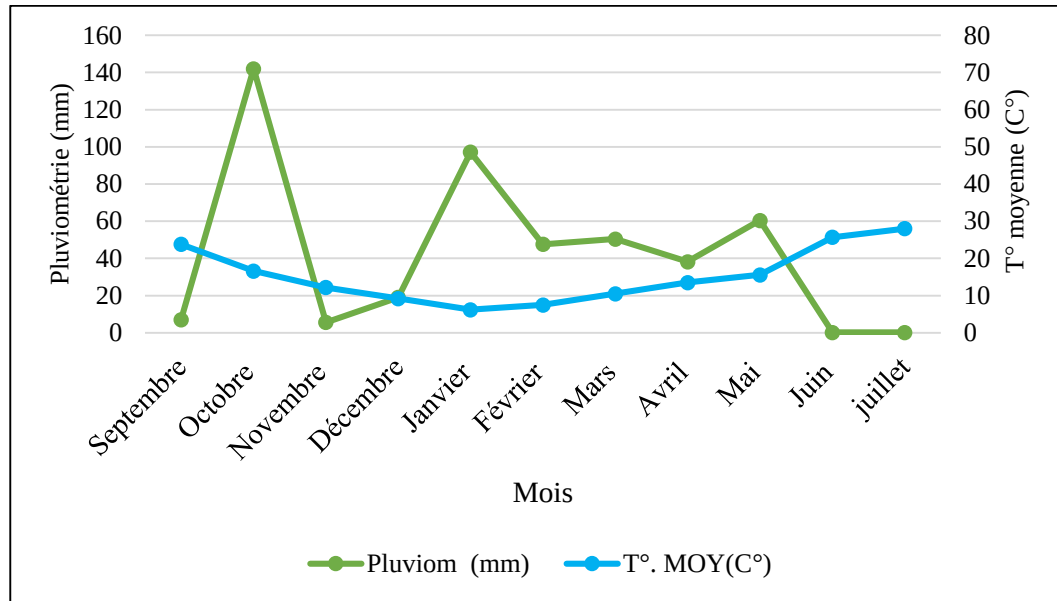


Figure 7: Diagramme ombrothermique du site de Constantine de la campagne 2018-2019

(Source : Station Ain El bey, Constantine)

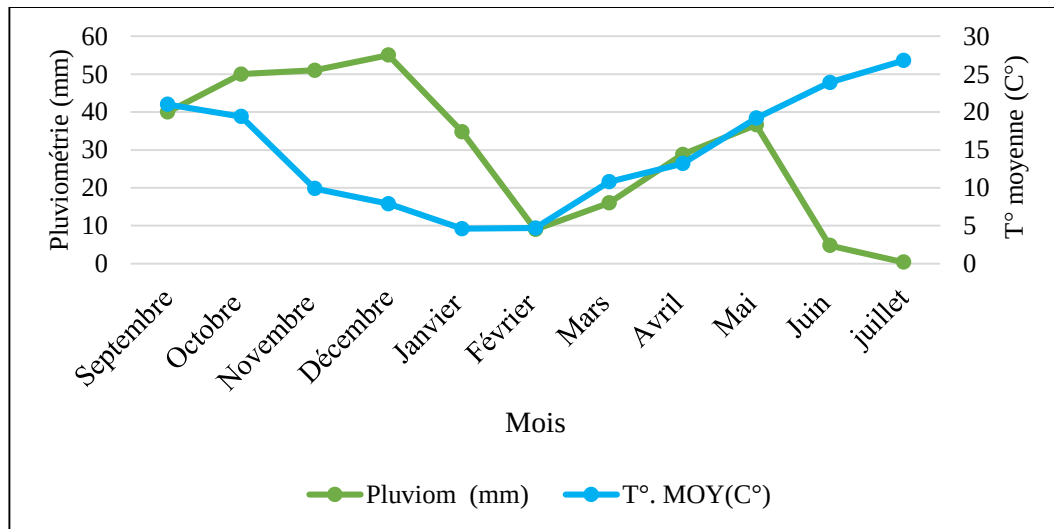


Figure 8: Diagramme ombrothermique du site de Constantine de la campagne 2020-2021

(Source : Station Ain El bey, Constantine)

2.4. Matériel végétal

Le matériel végétal utilisé dans cette étude est composé de 125 génotypes de blé dur constitué de variétés locales, anciennes et nouvelles, provenant de divers pays et centres de recherche regroupés selon le tableau ci-dessous :

Tableau 5: Présentation des 125 génotypes de blé dur par pays et centre de recherche

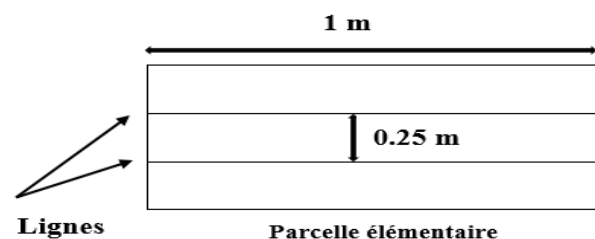
Pays/Centre de recherche	Nombre de génotypes
Algérie	22
Tunisie	3
Maroc	1
Espagne	2
France	7
Italie	7
Chypre	1
Syrie	6
Iran	1
Jordanie	1
U.S.A	2
Mexique	28
Australie	2
CIMMYT	13
ICARDA	29

Cinq génotypes ont servi comme témoins : **C1** : Waha ; **C2** : Cirta ; **C3** : Sigus ; **C4** : Beni Mestina et **C5** : GTA/Dur, sur la base de leur performance et leur adaptation aux conditions climatiques. Le code, le nom, le pedigree et l'origine de matériel végétal sont présentés dans le tableau 1 de l'annexe 1.

2.5. Dispositif expérimental

Les essais ont été réalisés en utilisant un dispositif expérimental appelé plan en blocs complets randomisés augmentés (Augmented design) (ARCBD), composé de 4 blocs, avec un espacement de 1m entre blocs. Chaque bloc est composé de 40 parcelles élémentaires, avec 5 témoins (contrôles) répétés deux fois par bloc et les autres 120 génotypes (tests) (non répétés) présentés une seule fois dans le dispositif expérimental. À l'intérieur de chaque bloc, la position des témoins et des génotypes non répétés a été randomisée et chaque génotype a été semé en deux rangées de 1 mètre de long, avec un espacement de 25 cm entre les rangées (parcelle élémentaire) (figure 9).

Le logiciel, disponible sur le serveur de ressources de conception à l'adresse <http://www.iasri.res.in/design/AugmentedDesigns/home.htm> a permis de déterminer le nombre de répétitions pour les génotypes témoins (contrôles) dans le but d'optimiser l'efficacité des comparaisons entre les génotypes test (non répétés) (Gupta et *al.*, 2016).



C1 : Waha ; **C2** : Cirta ; **C3** : Sigus ; **C4** : Beni mestina ; **C5** : Gta/dur

Bloc I		BLOC II		BLOC III		BOC IV	
N° Parcelle	Génotype	N° Parcelle	Génotype	N° Parcelle	Génotype	N° Parcelle	Génotype
1	C5	41	C1	81	C2	121	C4
2	122	42	49	82	59	122	43
3	12	43	91	83	62	123	1
4	65	44	116	84	26	124	124
5	C2	45	68	85	C1	125	C3
6	8	46	107	86	71	126	21
7	117	47	C4	87	14	127	105
8	97	48	36	88	76	128	55
9	C4	49	9	89	C3	129	C1
10	119	50	82	90	29	130	31
11	77	51	C1	91	30	131	101
12	54	52	99	92	20	132	66
13	C3	53	100	93	7	133	86
14	106	54	78	94	25	134	C4
15	48	55	32	95	C1	135	123
16	111	56	C5	96	63	136	85
17	C2	57	87	97	83	137	109
18	112	58	125	98	C4	138	C5
19	45	59	47	99	72	139	70
20	C1	60	C3	100	126	140	64
21	18	61	50	101	53	141	C3
22	73	62	102	102	C2	142	17
23	22	63	39	103	95	143	37
24	4	64	C2	104	52	144	34
25	C5	65	3	105	103	145	C2
26	79	66	5	106	C5	146	98
27	46	67	C4	107	74	147	94
28	27	68	115	108	96	148	23
29	60	69	92	109	56	149	C1
30	C4	70	120	110	15	150	114
31	84	71	C5	111	108	151	42
32	44	72	121	112	C4	152	118
33	51	73	80	113	67	153	C5
34	81	74	33	114	24	154	28
35	C3	75	104	115	16	155	10
36	57	76	C2	116	41	156	2
37	19	77	88	117	C3	157	38
38	35	78	61	118	13	158	11
39	90	79	58	119	93	159	75
40	C1	80	C3	120	C5	160	C2

Figure 9 : Schéma montrant le dispositif expérimental en Augmented design

2.6. Conduite de l'essai

Un semis manuel a été effectué en fin Décembre pour les deux sites, avec un contrôle chimique des mauvaises herbes. La récolte a eu lieu à la fin du mois de Juin pour le site d'Alger et en Juillet pour le site de Constantine.

2.7. Paramètres et mesures

Divers paramètres phénologiques, morphologiques, physiologiques et agronomiques ont été évalués.

- Paramètres phénologiques

Fait référence à la précocité à l'épiaison (PE), qui a été déterminée par le calcul du nombre de jours entre la date de semis et la date d'épiaison lorsque 50 % des tiges de chaque génotype ont leurs épis dégagés (Mazouz et Bouzerzour, 2017).

- Paramètres morphologiques

Tous les paramètres morphologiques mentionnés ci-dessous ont été mesurés à l'aide d'une planche graduée en centimètres (cm), avec trois échantillons prélevés sur chaque parcelle élémentaire.

➤ Hauteur de la plante (HP ; cm)

Il est déterminé par la mesure de la distance entre la base de la tige et l'extrémité de l'épi, barbes non incluse, au stade maturation.

➤ Longueur du col de l'épi (LC ; cm)

Elle est déterminée en mesurant la distance entre la base du limbe de la dernière feuille et la base de l'épi, au stade maturation.

➤ Longueur de l'épi (LE ; cm)

Elle est mesurée en prenant la distance depuis la base de l'épi jusqu'à son extrémité, à l'exclusion des barbes, au stade maturation.

➤ Surface foliaire (SF ; cm²)

La surface de la feuille étandard est un paramètre morphologique important et a un impact direct sur le rendement car une surface plus grande favorise une plus grande production de photosynthèse, qui est ensuite transférée aux graines pour augmenter leur production, ce qui augmente le rendement (Muhu-Din Ahmed et *al.*, 2020).

La surface foliaire a été estimée au stade épiaison à partir d'un échantillonnage de trois feuilles étendards en utilisant la formule suivante : $SF (cm^2) = 0,607 (L \times l)$ estimée par la formule : $SF (cm^2) = 0,607 (L \times l)$ où **L** = Longueur de la feuille, **l** = La plus grande largeur de la feuille et **0,607** = Coefficient de régression reliant la surface des feuilles photocopiées sur papier grammage sur celle déduite par le produit $L \times l$ (Spagnoletti Zeuli et Qualset, 1990) (figure 10).



Figure 10 : Mesure de la longueur et la plus grande largeur de la feuille étandard

- Paramètres Physiologiques

➤ Température du couvert végétal (TCV)

La mesure de ce paramètre permet une évaluation de la végétation de nombreuses plantes dans une parcelle et offre des avantages par rapport à d'autres méthodes de détection du stress (Pask et *al.*, 2012).

Ce paramètre a été mesuré à l'aide d'un thermomètre portable infrarouge lorsque toutes les plantes atteignent le stade épiaison. Trois répétitions sont prélevées pour chaque parcelle par beau temps, dans une plage horaire de 11h à 14h (figure 11).

➤ **Teneur en Chlorophylle (CHL)**

L'analyse de la composition des pigments verts des feuilles est utilisée dans les études éco-physiologiques des plantes (Murdock et *al.*, 2004). Pour évaluer la quantité de chlorophylle dans les feuilles, l'utilisation d'un SPAD mètre est une méthode simple, rapide et non destructive (Pask et *al.*, 2012). Cette appareil fonctionne en utilisant la pression du pouce pour fermer une chambre et en mesurant la transmittance et l'absorbance de la lumière pour déterminer la teneur en chlorophylle (Murdock et *al.*, 2004).

La mesure de la teneur en chlorophylle a été effectuée au stade épiaison en utilisant un SPAD-502, avec trois répétitions pour chaque parcelle élémentaire, en prenant la moitié de la feuille étendard comme point de référence (figure 11).



Figure 11: Détermination de la teneur en chlorophylle à l'aide du SPAD (à gauche) et la température du couvert végétal à l'aide du thermomètre à infra-rouge (à droite)

- **Paramètres agronomiques**

Tous les paramètres agronomiques cités ci-dessous ont été effectués au stade maturité.

➤ **Nombre d'épis par mètre carré (NEM)**

Le dénombrement s'effectue en comptant le nombre d'épis sur les deux mètres linéaires, puis en rapportant ce chiffre à la superficie d'un mètre carré.

➤ **Nombre de grains par épi (NGE)**

Il est évalué en comptant le nombre de grains sur chaque épi, avec dix épis prélevés pour chaque parcelle élémentaire, en le divisant par 10.

➤ **Nombre des épillets fertiles par épi (NEF)**

Il est réalisé en comptant le nombre d'épillets qui renferment au moins une graine pour chaque épi.

➤ **Poids de mille grains (PMG ; g)**

Pour ce trait, des échantillons de 1000 grains ont été comptés à l'aide d'un compteur à grains, puis pesés avec une balance de précision et le résultat est exprimé en grammes.

➤ **Rendement en grain estimé (RE ; q/ha)**

Ce paramètre est calculé en utilisant la formule suivante :

$$\text{RE (q/ha)} : \text{NEM} \times \text{NGE} \times \text{PMG} \times 10^{-4}$$

➤ **Rendement en grain réel (RR ; q/ha)**

Les grains de chaque génotype au niveau de chaque parcelle élémentaire ont été pesés puis la valeur obtenue est rapportée à l'hectare.

2.8. Traitement des données

En traitant la combinaison site x campagne agricole comme environnement, l'analyse de la variance (ANOVA) de chaque environnement a été réalisé séparément sous le logiciel R à un seuil de signification de 0,05 utilisant le package « augmentedRCBD » et dont les moyennes ajustés pour chaque environnement sont utilisées pour l'analyse combiné en suivant un modèle linéaire simple avec témoins, génotypes, environnements, blocs et l'interaction génotype x environnement traité comme effets fixes. Le modèle est décrit comme suit : `Modèle <- lm (formula = Trait ~ Génotypes +Témoins +Bloc+ Témoin x génotype +Environnement + Génotypes * Environnement.`

- ✓ Les résultats obtenus de différents paramètres ont été présentés selon l'origine des génotypes.
- ✓ La variance phénotypique (σ^2_p), la variance génotypique (σ^2_g) ainsi que, l'héritabilité au sens large (H^2), le gain génétique (GG) et le gain génétique en pourcentage de la moyenne (GGM)

pour chaque environnement ont été obtenu en utilisant la formule suggérée par Johnson et *al.* (1955) et Acquaah, (2009) comme suit :

$$H^2 = \sigma^2_g / (\sigma^2_p) \times 100, GG = H^2 \times k \times \sigma_p$$

Où σ^2_p est la variance phénotypique, σ^2_g est la variance génotypique, μ est la moyenne générale du caractère et k est l'efficacité de la sélection, qui est de 2,06 à une intensité de sélection de 5 %. Selon Robinson et *al.*, (1949), la valeur h^2_{sl} de classée comme faible (0 à 30 %), modérée (30 à 60 %) et élevée (> 60 %). $GGM = (GG/\mu) \times 100$,

Selon (Falconer et Mackay, 1996), la GGM a été classée comme faible : 0 à 10 %, modérée : 10 à 20 % et élevée : 20 % et plus.

- ✓ Les coefficients de corrélations Pearson sont calculés utilisant le package « metan » de R.
- ✓ Le rendement en grain a été analysé à travers les quatre environnements par le modèle AMMI, utilisant le package « metan » de R, en prenant chaque combinaison « site x campagne agricole » comme environnement. Le modèle s'appuie sur la formule décrite par (Verma et *al.*, 2016) .
- ✓ La valeur de stabilité de rendement a été calculée par l'indice d'adaptabilité large d'AMMI (AWAI) qui est basé sur les résultats de l'interaction G x E issu de l'analyse AMMI en utilisant la formule suivante de Bassi et Sanchez-Garcia (2017),

$$AWAI = \%CP1 * CP1 \text{ score} + \%CP2 * CP2 \text{ score} + \%CP3 * CP3 \text{ score}$$

%CPs : est le pourcentage de variance expliqué par les composants significatifs issu de l'interaction G x E ; **CPs score** : sont les scores de chaque génotype pour chaque CP.

- ✓ L'indice de stabilité multi-trait (MTSI) a été réalisé utilisant la fonction « waasb » du package « metan » dans R. Cet indice combine la performance et la stabilité pour identifier les génotypes à hautes performances et grande stabilité, selon une formule développée par (Olivoto et *al.*, 2019).

3. Résultats

3.1. Description de la variabilité phénotypique d'une collection de blé dur dans deux sites différents

3.1.1. Paramètre phénologique

L'analyse de la variance combinée des quatre environnements a révélé une différence très hautement significative $P \leq 0,001$ pour la précocité à l'épiaison entre les témoins, les génotypes, les environnements et l'interaction génotype x environnement (annexe 1, tableau 2).

Selon la classification donnée par Couvreur (1985), la majorité des génotypes à Alger ont présenté un cycle végétatif précoce lors des deux campagnes, avec un cycle d'épiaison moyen de 97,03 jours en 2020/2021 et 95,66 jours en 2021/2022 (tableau 6) (annexe 1, tableau 3). À Constantine, la majorité des génotypes ont eu un cycle végétatif plus long lors de la première campagne, tandis que ce cycle s'est raccourci lors de la deuxième campagne (tableau 6), passant d'un cycle d'épiaison moyen de 124,84 jours en 2018/2019 à 114,68 jours en 2020/2021 (annexe 1, tableau 4) (figure 14).

Certains génotypes communs ont été identifiés comme précoces lors des deux campagnes menées sur le site d'Alger, notamment les génotypes 11, 111, 10, 1, 101, 102, 104, 106, 114 et 115. Parmi eux, les génotypes 10, 109, 11 et 111 ont été identifiés comme semi-précoces durant les deux campagnes du site de Constantine. En revanche, les variétés locales algériennes MBB, Djenah-Khetifa et Gloire de Mont-Golfier (66,76 et 80), ainsi que la variété italienne Senatore Capelli (62) et le génotype de l'ICARDA Kebir (61), ont présenté un cycle végétatif tardif lors de la deuxième campagne du site de Constantine. Les autres génotypes ont affiché des variations de classification entre les deux sites (tableau 6).

Les cinq témoins de cette étude ont été précoces sur le site d'Alger, tandis qu'ils ont présenté un cycle allant de semi-précoce à tardif sur le site de Constantine.

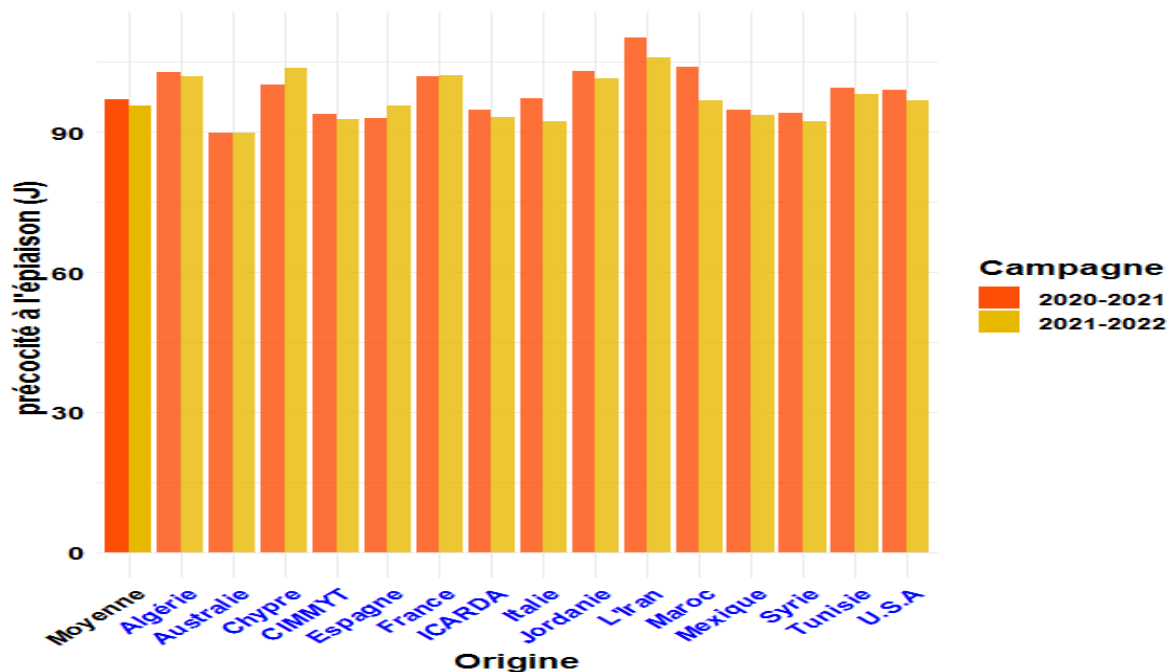
Tableau 6 : Comparaison de la précocité à l'épiaison des 125 génotypes entre les deux sites

Description	Alger		Constantine	
	2020-2021	2021-2022	2018-2019	2020-2021
*Précoce <100 J	84	96	0	0
*Semi-précoce 100-120 J	41	29	15	118
*Tardive >120 J	0	0	110	7

* Selon Couvreur, (1985)

❖ Site d'Alger

Les génotypes australiens ont été les plus précoces (89,78 j ; 89,75 j), tandis que le génotype iranien a été le plus tardif (110,17 j ; 105,95 j), durant les deux campagnes agricoles, respectivement (figure 12). Les génotypes algériens ont montré aussi une certaine tardivité par rapport à la moyenne des deux campagnes agricoles.

**Figure 12**: Précocité à l'épiaison des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

❖ Site de Constantine

Les géotypes les plus précoces durant la campagne agricole 2018/2019 sont ceux du Maroc (120,68 j), suivie par celui de Syrie (121,69 j), l’Australie (121,93 j), tandis que pour la campagne 2020/2021 les géotypes de l’Italie sont les plus précoces (112,99 j) suivie par ceux de l’Australie (113,4 j). Les géotypes tardifs sont ceux de l’Iran (130,48 j ; 119,55 j) durant les deux campagnes, respectivement (figure 13).

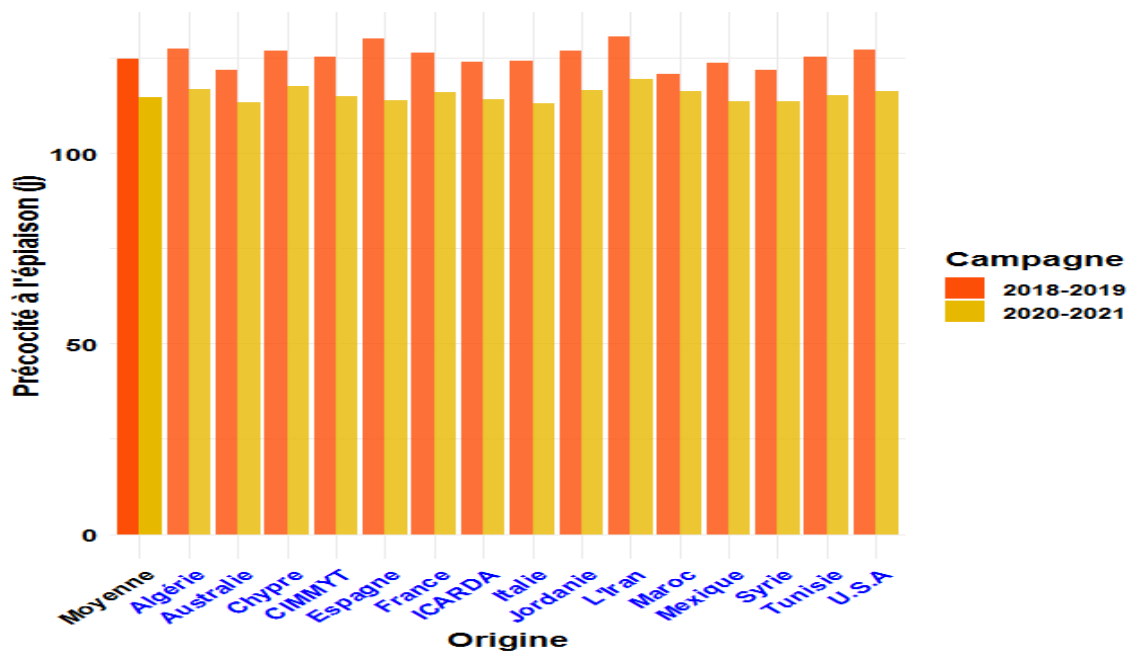


Figure 13: Précocité à l’épiaison des géotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

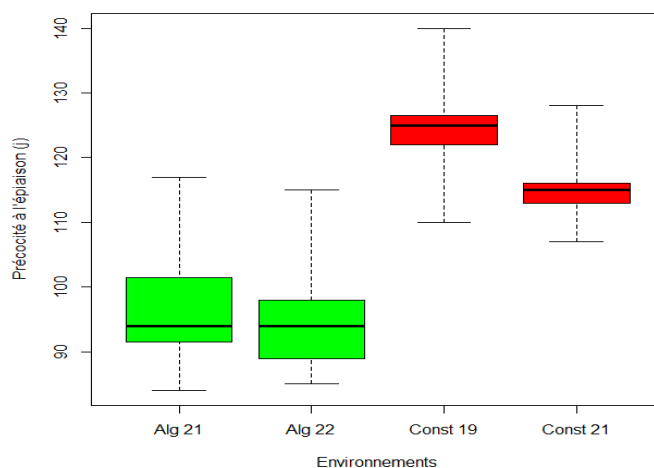


Figure 14 : Variation de la précocité à l'épiaison pour les génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiés.

3.1.2. Paramètres morphologiques

L'analyse de la variance combinée a révélé une différence très hautement significative $P \leq 0,001$ pour l'ensemble des paramètres morphologiques entre les témoins, les génotypes, les environnements et l'interaction génotype x environnement (annexe 1, tableau 2).

Plus de la moitié des génotypes ont présenté une hauteur moyenne à Alger lors de la première campagne et entre moyenne et courte lors de la deuxième (tableau 7). Tandis qu'à Constantine, ils étaient de taille moyenne lors de la première campagne et courts lors de la seconde, avec une réduction moyenne de 13,11 cm, passant de 93,46 cm à 80,35 cm (annexe 1, tableau 4) (figure 15).

La longueur de l'épi était courte lors de la première campagne à Alger et très courte lors de la seconde, avec une tendance inverse à Constantine pour la majorité des génotypes (tableau 7). Le col de l'épi a principalement été de longueur moyenne à Alger, mais plus court à Constantine durant la deuxième campagne. Quant à la surface foliaire, elle est restée globalement proche de la moyenne avec une légère augmentation sur la deuxième campagne pour le site d'Alger.

Le génotype 121 a présenté une hauteur de la plante très courte à Alger, tandis que le génotype 51 a montré la même caractéristique à Constantine (tableau 7). Les génotypes 3, 26, 57 et 105 ont montré une hauteur courte sur les deux sites durant les deux campagnes.

Plusieurs génotypes (21), dont 101, 102, 11, 122, 123, 124, 5, 53, 54, 61, 62, 64, 66, 68, 72, 74, 76, 78, 80, 82 et 90, ont affiché une hauteur très élevée à Alger et lors de la première campagne à Constantine. Parmi eux, certains (122, 123, 124, 61, 62, 74, 76, 78, 80 et 82) ont maintenu cette caractéristique lors de la seconde campagne à Constantine. La majorité d'entre eux correspondent à des variétés locales d'Algérie. Les génotypes (14) : 101, 102, 121, 122, 123, 41, 46, 62, 76, 78, 80, 8, C2 et 92 ont présenté une longueur moyenne de l'épi à Alger lors de la première campagne, tandis que le génotype 123 a conservé cette caractéristique durant la seconde campagne, accompagné des génotypes 101 et 50 à Constantine. Enfin, une longueur élevée du col de l'épi a été observée chez les génotypes 52, 61, 90, 80.

Les cinq témoins ont présenté une hauteur moyenne sur le site d'Alger, tandis qu'à Constantine, ils ont été de taille moyenne lors de la première campagne et plus courts lors de la seconde. La longueur de leur épi est variée de très courte à courte sur les deux sites sauf pour le témoin C2 qui a affiché une longueur moyenne lors de la première campagne du site d'Alger. Le col d'épi des témoins était généralement proche de la moyenne, sauf lors de la deuxième campagne à Constantine où il était plus réduit. La surface foliaire est restée proche de la moyenne, avec une légère augmentation au cours de la deuxième campagne sur les deux sites.

Tableau 7 : Comparaison de la hauteur de la plante et la longueur de l'épi des 125 génotypes entre les deux sites

Paramètres	Description	Alger		Constantine	
		2020-2021	2021-2022	2018-2019	2020-2021
HP	*Très court < 64 cm	0	1	0	1
	*Court 65 à 79 cm	15	41	12	74
	*Moyen 80 à 94 cm	68	52	75	36
	*Longue 95-104 cm	17	9	15	4
	*Très longue > 105 cm	25	22	23	10
LE	*Très court < 7 cm	26	90	98	44
	*Court 7 à 9 cm	85	34	27	78
	*Moyen 9 à 12 cm	14	1	0	3

* basant sur les descripteurs de l'UPOV

Les résultats de l'effet site ont montré qu'au niveau moyenne de la campagne agricole 2020/2021, le site d'Alger a favorisé la croissance et le développement de la biomasse aérienne, reflétés par la hauteur de la plante, la surface foliaire, la longueur de l'épi et la longueur du col de

l'épi, par rapport au site de Constantine, ayant des valeurs moyennes de 94,68 et 80,35 cm, 28,02 et 24,52 cm², 7,74 et 7,30 cm et 19,70 et 13,67 cm, soit des écarts de 14,33 cm, 3,5 cm², 0,44 cm et 6,03 cm en faveur du site d'Alger (figure 15).

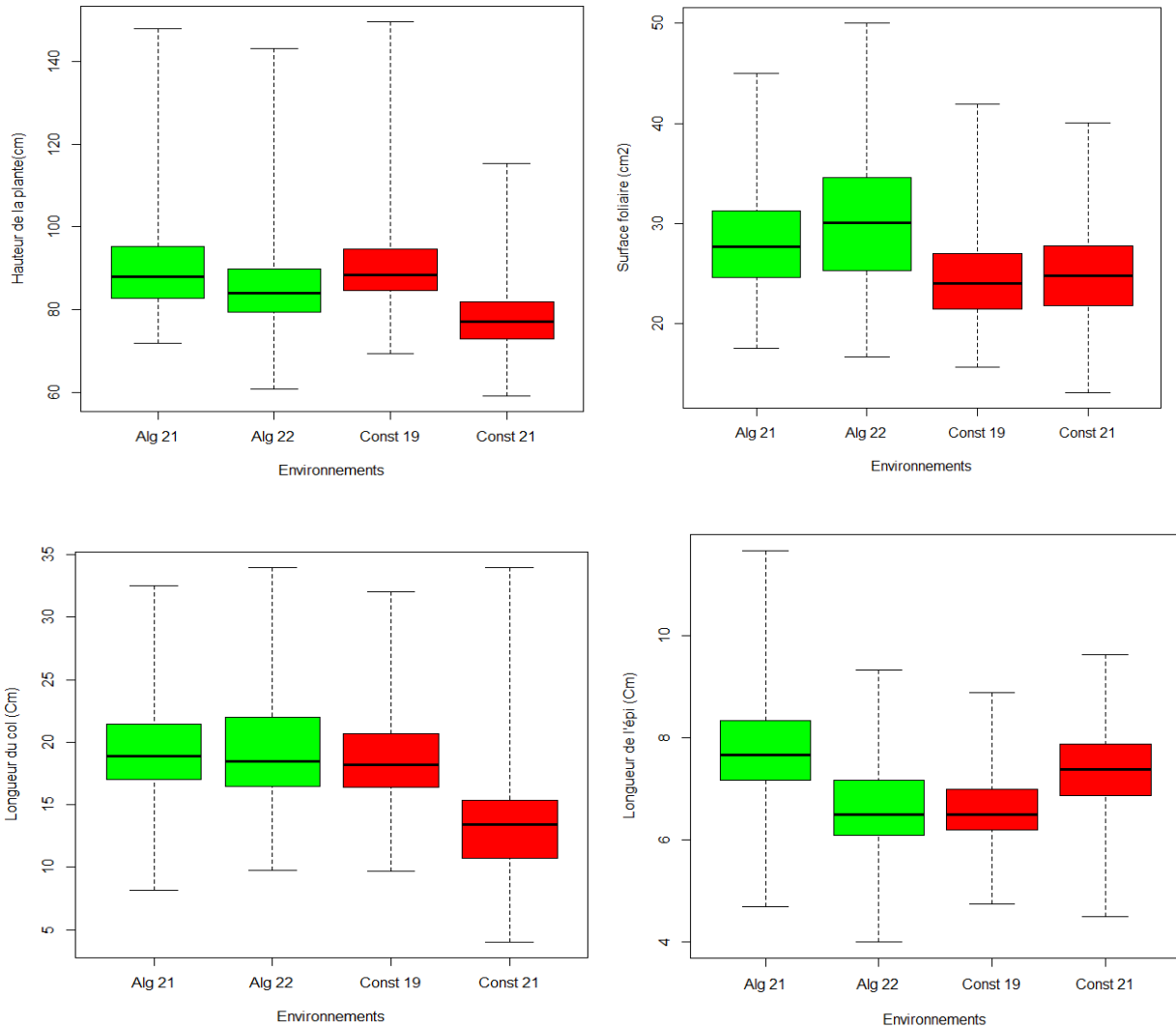


Figure 15 : Variation des paramètres morphologiques des génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiés.

❖ Site d'Alger

Les génotypes d'Australie (79,68 cm ; 78,96 cm) et du U.S.A (80,06 cm ; 70,7 cm ;) ont montré les hauteurs de plantes les plus faibles, tandis que le génotype iranien (135,68 ; 130,65 cm) a montré les valeurs les plus élevées, respectivement. La surface foliaire de la feuille étendard la

plus large a été noté pour le génotype iranien ($41,27 \text{ cm}^2$; $46,46 \text{ cm}^2$), tandis que les génotypes de U.S.A ($23,2 \text{ cm}^2$) et de Chypre ($23,71 \text{ cm}^2$) ont présenté les valeurs les plus réduites en première et deuxième année, respectivement. Le génotype iranien a montré aussi des valeurs les plus élevés de la longueur de l'épi ($11,71 \text{ cm}$; $8,62 \text{ cm}$) respectivement, tandis que la valeur la plus faible a été enregistré pour les génotypes de Syrie ($6,84 \text{ cm}$) en première année et pour les génotypes de U.S.A ($5,65 \text{ cm}$) en deuxième année. La longueur du col de l'épi a atteint son maximum chez le génotype jordanien ($30,54 \text{ cm}$; $32,24 \text{ cm}$) et son minimum chez les génotypes de U.S.A ($12,87 \text{ cm}$; $14,86 \text{ cm}$) pour les deux campagnes, respectivement (figure 16, 17, 18 et 19).

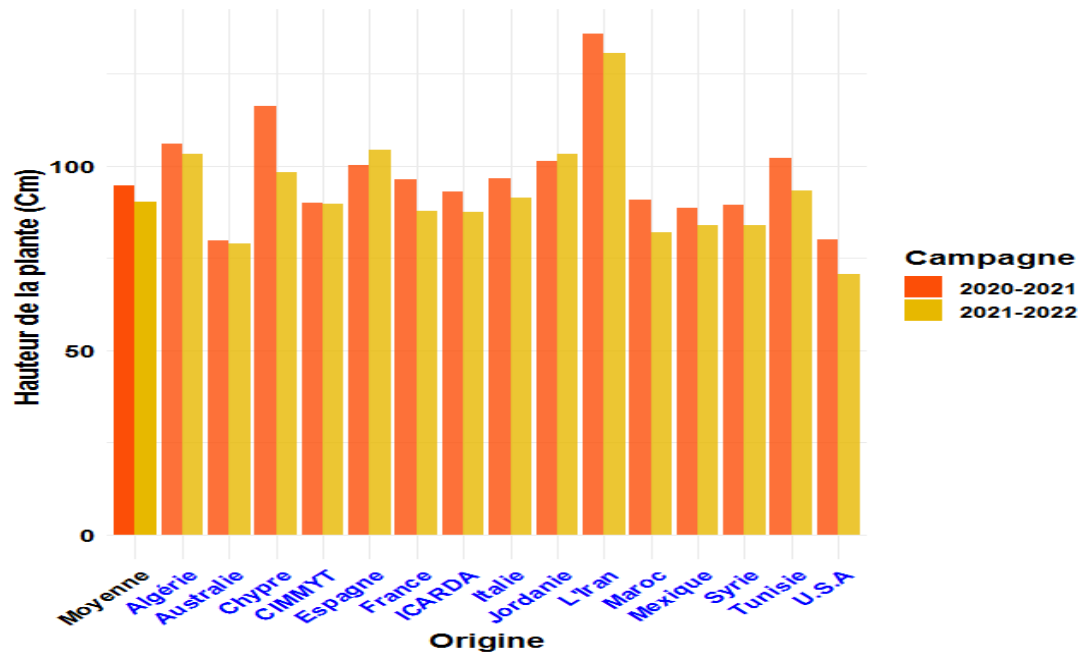


Figure 16 : Hauteur de la plante des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

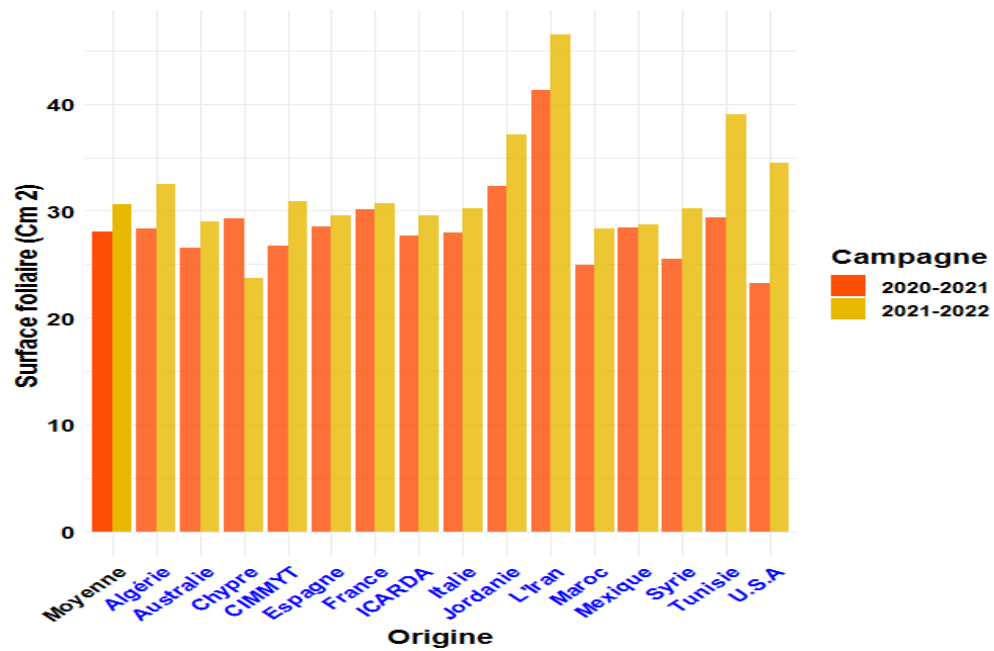


Figure 17 : Surface foliaire de la feuille étendard des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

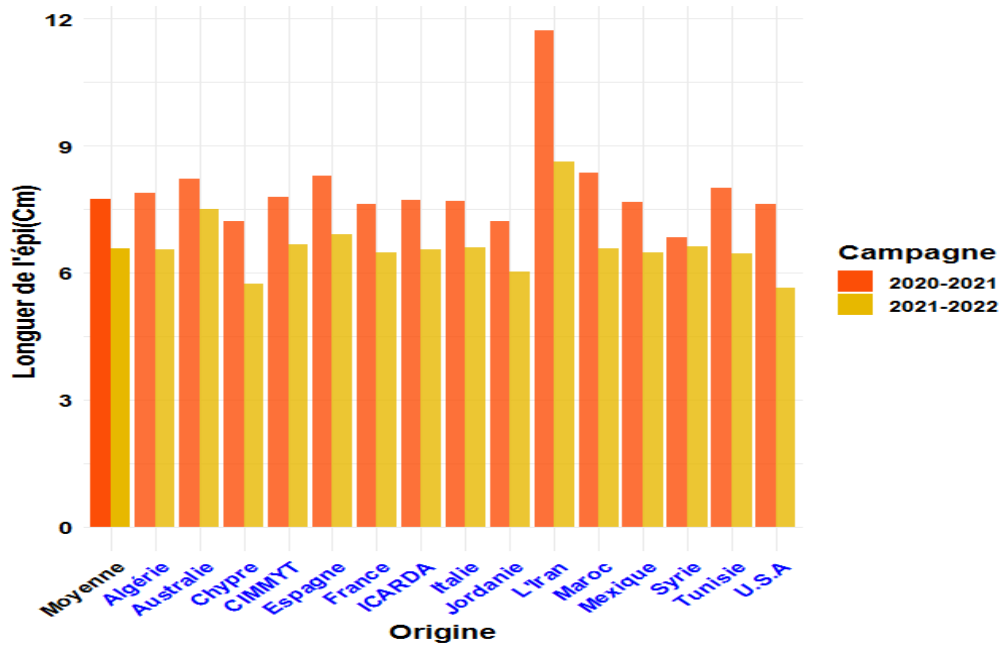


Figure 18 : Longueur de l'épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

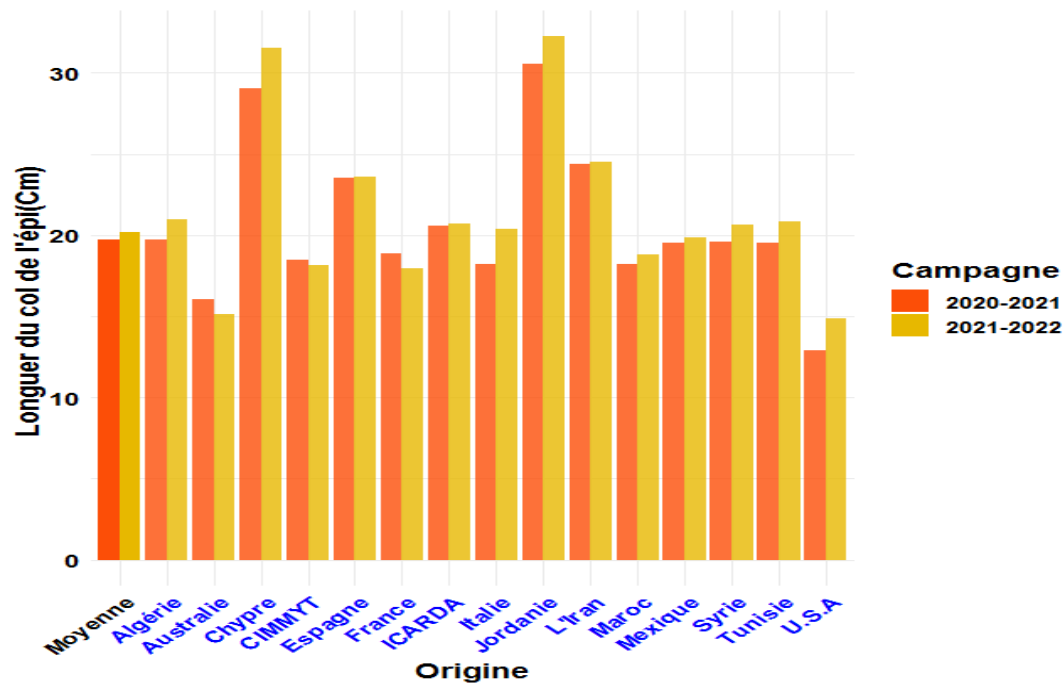


Figure 19 : Longueur du col de l'épi des géotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

❖ Site de Constantine

Sur les deux campagnes agricoles, les géotypes d'Australie (81,87 cm ; 69,88 cm) et des U.S.A (80,89 cm ; 74,78 cm) ont montré les hauteurs de plantes les plus faibles, tandis que le géotype iranien (122,35 cm ; 110,82 cm) a montré les valeurs les plus élevées, respectivement. La surface foliaire la plus large a été enregistrée pour le géotype iranien ($40,25 \text{ cm}^2$) en première année et pour le géotype jordanien ($37,17 \text{ cm}^2$) en deuxième année, tandis que les géotypes des U.S.A ($19,76 \text{ cm}^2$) et de l'Italie ($22,32 \text{ cm}^2$) ont présenté les valeurs les plus réduites, respectivement en première et deuxième année. Les géotypes d'Australie ont montré les valeurs les plus élevées de la longueur de l'épi (7,61 cm) durant la première campagne, tandis que la valeur la plus faible a été enregistrée pour le géotype marocain (5,68 cm). Le géotype iranien (8,42 cm) a montré la valeur la plus élevée de la longueur de l'épi, tandis que le géotype chypriote (5,92 cm) a montré la valeur la plus faible durant la deuxième campagne. La hauteur du col de l'épi la plus élevée a été observée pour le géotype jordanien (32,54 cm) et la plus faible pour les géotypes australiens (16,04 cm), durant la saison 2018/2019. Au cours de la saison suivante, le géotype

iranien a montré la valeur la plus élevée avec (19,51 cm), tandis que les valeurs les plus faibles ont été enregistrées pour les génotypes français (10,33 cm) (figure 20, 21, 22 et 23).

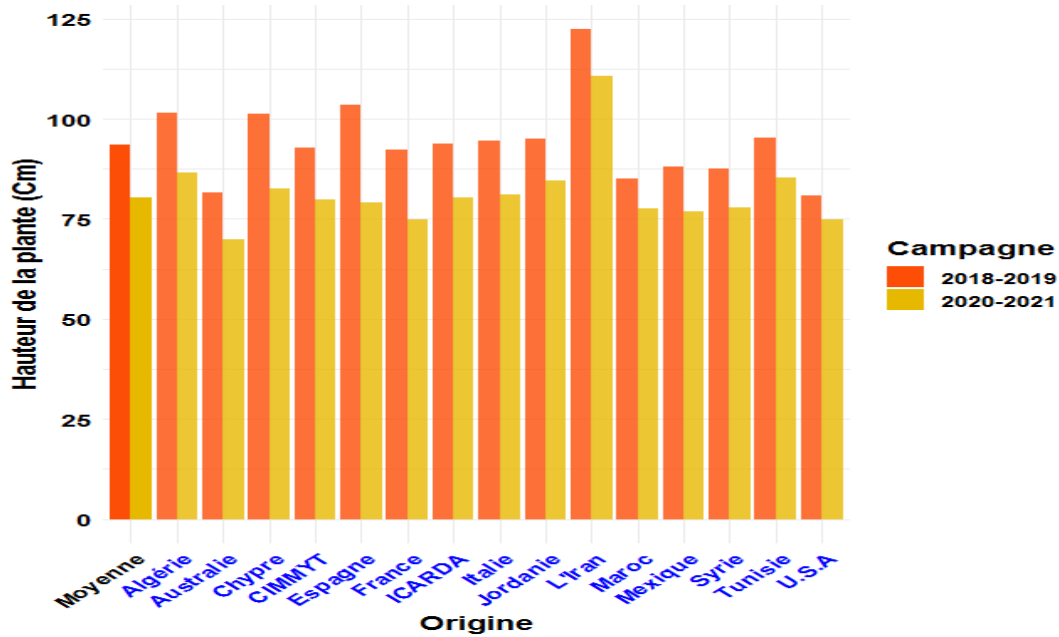


Figure 20 : Hauteur de la plante des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.

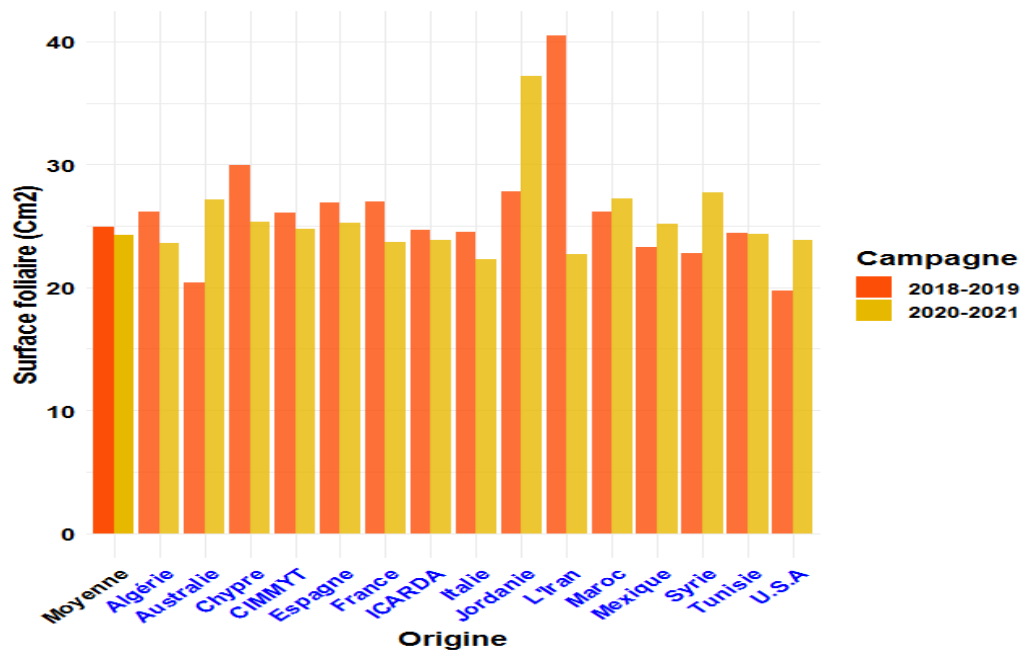


Figure 21 : Surface foliaire de la feuille étendard des génotypes en fonctions de leur origine durant les deux campagnes agricoles.

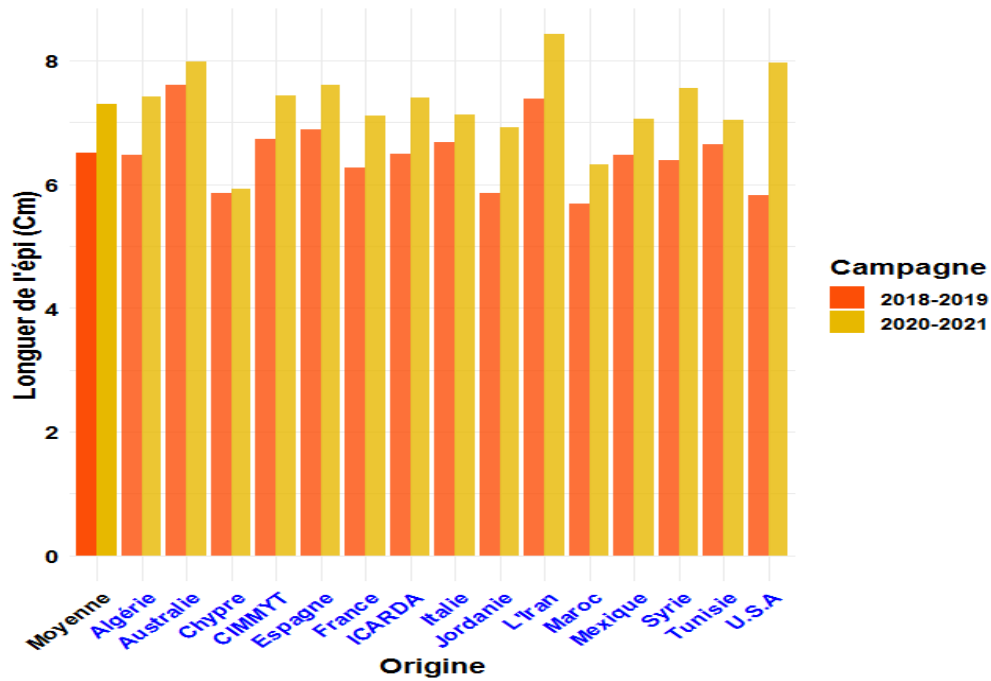


Figure 22: Longueur de l'épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.

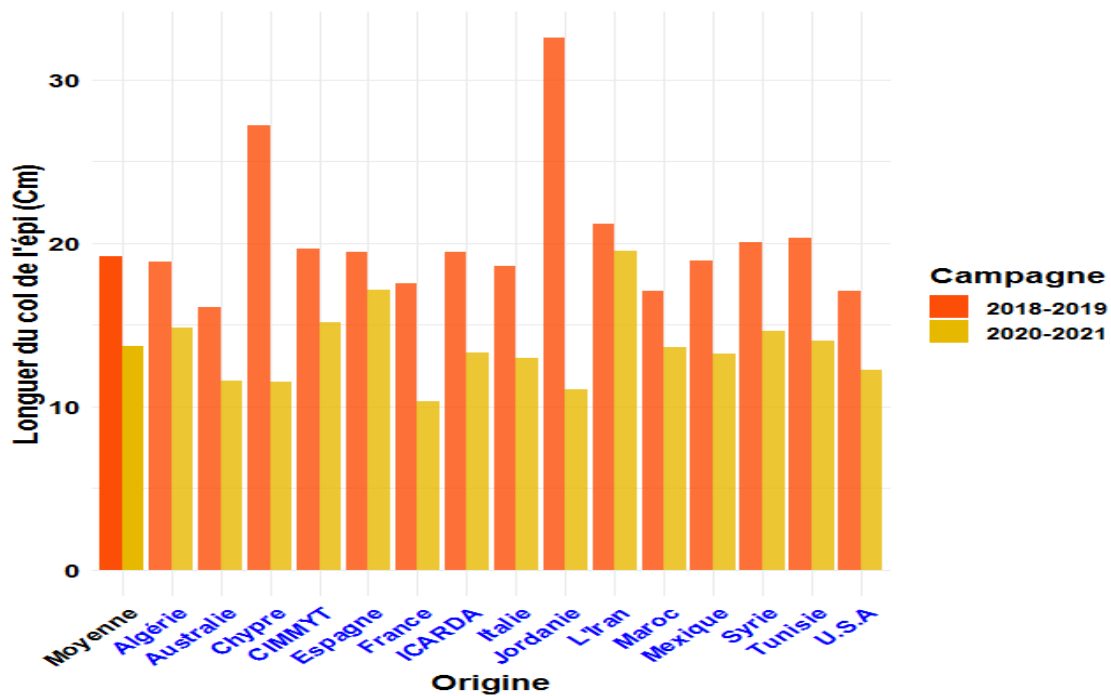


Figure 23 : Longueur du col de l'épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles.

3.1.3. Paramètres physiologiques

L'analyse de la variance combinée a révélé une différence très hautement significative $P \leq 0,001$ pour la teneur en chlorophylle entre les témoins, les génotypes, les environnements et l'interaction génotype x environnement, tandis que la température du couvert végétal n'a montré aucun effet significatif pour les témoins (annexe 1, tableau 2).

Près de la moitié des génotypes ont présenté une teneur en chlorophylle supérieure à la moyenne sur les deux sites, avec les meilleures teneurs et une stabilité pour les génotypes 10 et 120, tandis que le génotype 123 a affiché une faible teneur sur les deux sites. La température du couvert végétal est restée globalement peu variée entre l'ensemble des génotypes. Une baisse moyenne de 13 unités SPAD pour la chlorophylle et de 3°C pour la température du couvert végétal a été observée lors de la deuxième campagne à Alger, avec des valeurs passant de 50,46 à 37,54 unités SPAD et de 25,8 à 22,72°C (figure 24) (annexe 1, tableau 3). À l'inverse, une hausse moyenne de 5 unités SPAD et de 15°C a été relevée à Constantine durant la même campagne, atteignant respectivement 55,12 unités SPAD et 36,01°C (figure 24) (annexe 1, tableau 4).

Les cinq témoins ont présenté des teneurs élevées en chlorophylle, avec une température du couvert végétal avoisinant 24°C à Alger, 21°C lors de la première campagne à Constantine et 35°C lors de la seconde.

Les résultats de l'effet site a montré qu'en moyenne durant la saison 2020/2021, le climat du site de Constantine a entraîné un déclenchement plus marqué du processus physiologique de la plante avec une teneur en chlorophylle et une température du couvert végétal plus élevées par rapport au site d'Alger, avec des valeurs moyennes de 55,12 et 50,46 unité SPAD et 36,01 et 25,8 °C soit des écarts de 4,66 unité SPAD et 10,21°C en faveur du site de Constantine (figure 24).

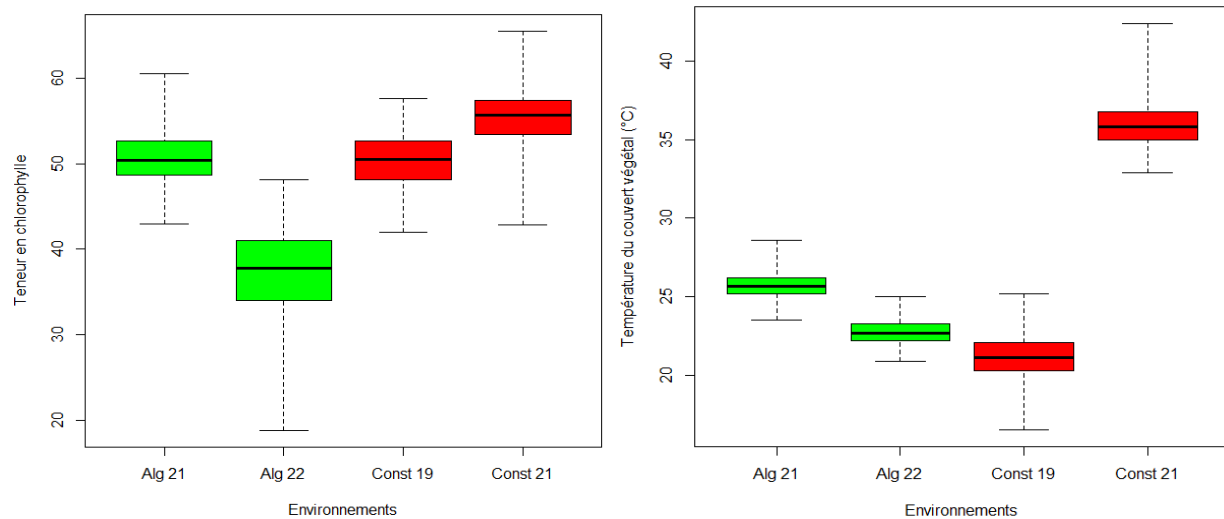


Figure 24 : Variation des paramètres physiologiques des génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiés.

❖ Site d'Alger

Le génotype marocain a montré la teneur la plus élevée en chlorophylle avec 55,27 unité SPAD tandis que ceux d'Australie ont enregistré les teneurs les plus faibles avec 49,56 unités SPAD lors de la première campagne agricole. Cependant, pendant la deuxième campagne, les génotypes d'Australie ont montré les teneurs en chlorophylle les plus élevés avec 43,46 unités SPAD et le génotype chypriote a montré la teneur la plus faible avec 30,13 unités SPAD. En ce qui concerne la température du couvert végétal, une légère variation a été notée entre les différents génotypes durant les deux campagnes agricoles, à l'exception du génotype chypriote (28,5 C° ; 23,3 C°) qui a présenté des températures plus élevées durant les deux campagnes agricoles (figure 25 et 26).

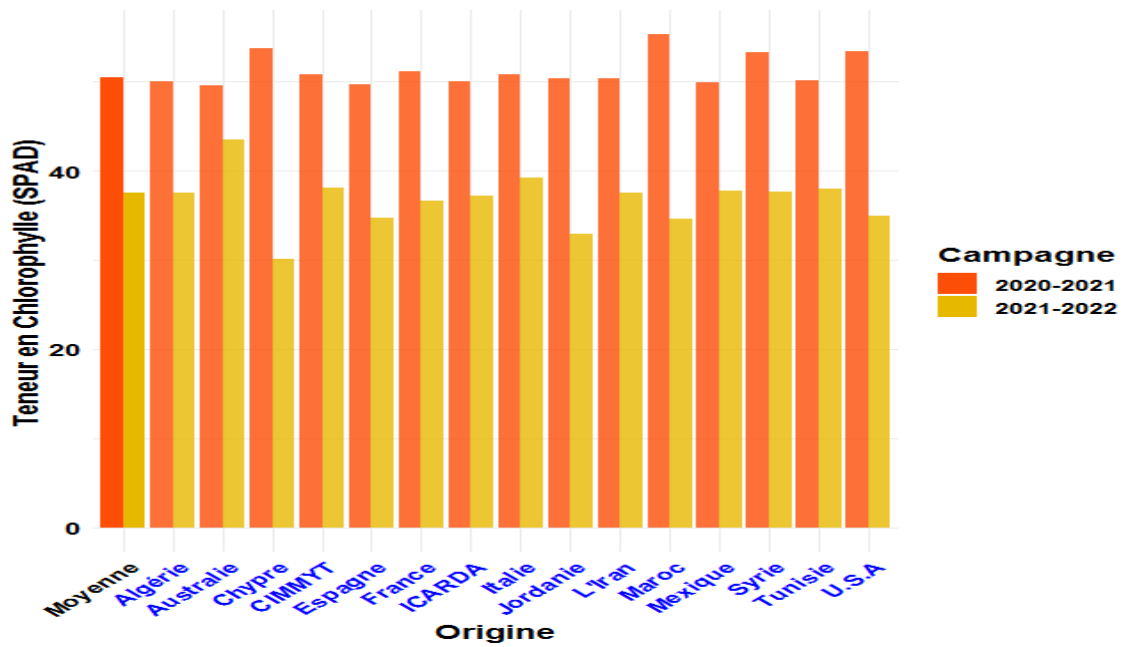


Figure 25: Teneur en chlorophylle des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

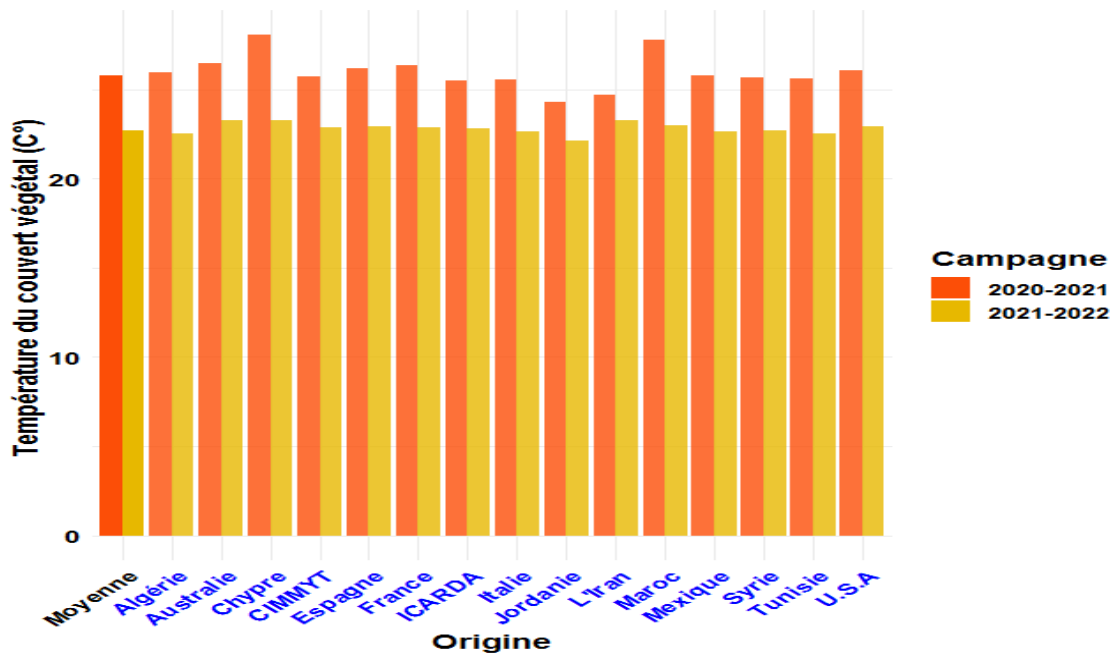


Figure 26 : Température du couvert végétal des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

❖ Site de Constantine

Le génotype marocain a montré la teneur en chlorophylle la plus élevée avec 55 unités SPAD et 58,74 unités SPAD, cependant le génotype jordanien a montré la teneur la plus faible lors de la première année avec 46,77 unités SPAD et les génotypes espagnols pendant la deuxième année avec 50,92 unités SPAD. La température du couvert végétal a été similaire entre les différents génotypes lors de la première campagne, cependant au cours de la deuxième campagne, la température la plus élevée a été enregistrée pour les génotypes australiens avec 37,5 C° et la plus faible pour le génotype chypriote avec 34,16 C° (figure 27 et 28).

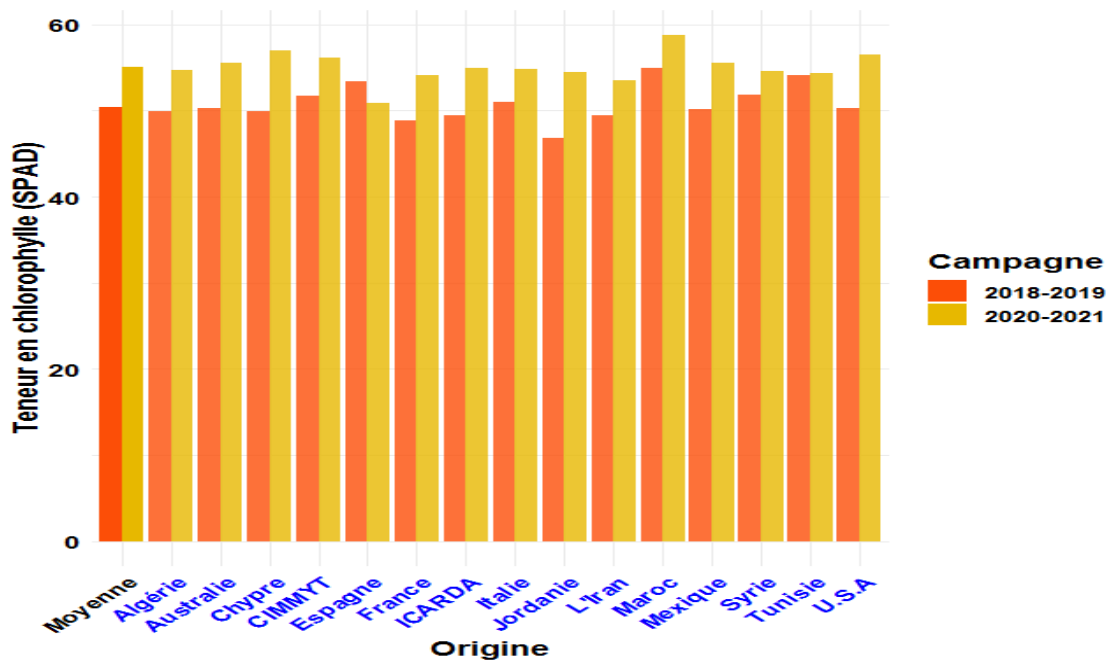


Figure 27 : Teneur en chlorophylle des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

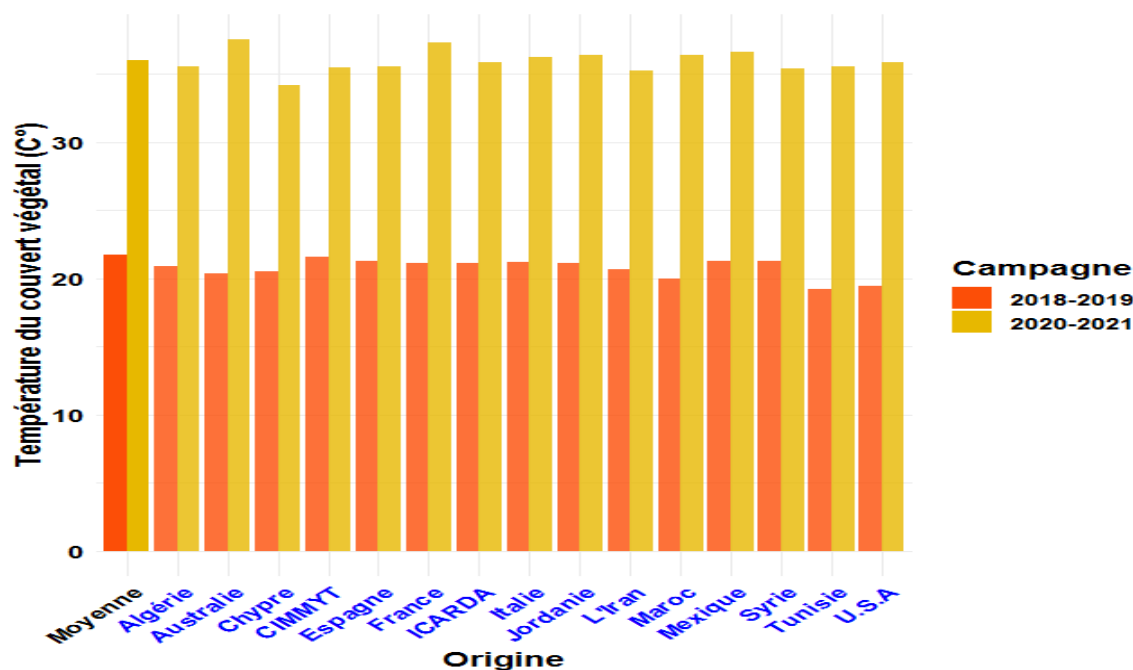


Figure 28 : Température du couvert végétal des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

3.1.4. Paramètres agronomiques

L'analyse de la variance combinée a montré une différence très hautement significative ($P \leq 0,001$) pour l'ensemble des paramètres agronomiques étudiés entre les témoins, les génotypes, les environnements et l'interaction génotype $\times$ environnement, à l'exception du nombre d'épis/m² et du rendement en grain réel, qui ont présenté un effet significatif pour les témoins ($P \leq 0,05$), tandis que le rendement estimé n'a montré aucun effet significatif pour les témoins (annexe 1, tableau 2).

Pour le site d'Alger, une légère diminution moyenne du nombre d'épis/ m², nombre d'épillets fertiles/épi, nombre de grains/épi a été notée lors de la deuxième campagne agricole de l'ordre de 9,55 d'épis/ m², de 1,46 épillets et 7,17graines/épi, respectivement, avec un classement différent des génotypes d'une campagne à l'autre. Cependant une légère augmentation du PMG a été notée de l'ordre de 1,84 g sur la même campagne agricole. Pour les rendements en grains réels et estimés, une légère similitude a été observée durant les deux campagnes agricoles (annexe 1, tableau 3) (figure 29).

Cependant pour le site de Constantine, une diminution remarquable durant la deuxième campagne agricole a été notée pour le nombre d'épis/m², le nombre de grains/épi et le PMG de l'ordre de 58,9 d'épis/m², 10,12 grains/épi et 4,7 g, respectivement avec un classement différent des génotypes d'une campagne agricole à l'autre. Une diminution remarquable a été observé aussi sur le rendement en grain réel et estimé de l'ordre de 21,43 q/ha et 32,84 q/ha respectivement, sur la même campagne agricole (annexe 1, tableau 4) (figure 29).

Le classement des génotypes a varié selon les campagnes et les sites, mais environ la moitié ont affiché des valeurs supérieures à la moyenne pour le nombre d'épillets fertiles par épi, le nombre de graines par épi, le nombre d'épis/m² et le rendement en grains.

D'après l'interprétation de Boulal et *al.* (2007) sur le PMG, la majorité des génotypes à Alger ont affiché un PMG élevé lors de la première campagne, atteignant un niveau très élevé durant la seconde. À Constantine, la plupart des génotypes ont présenté un PMG allant d'élevé à très élevé lors deux campagnes agricoles (tableau 8).

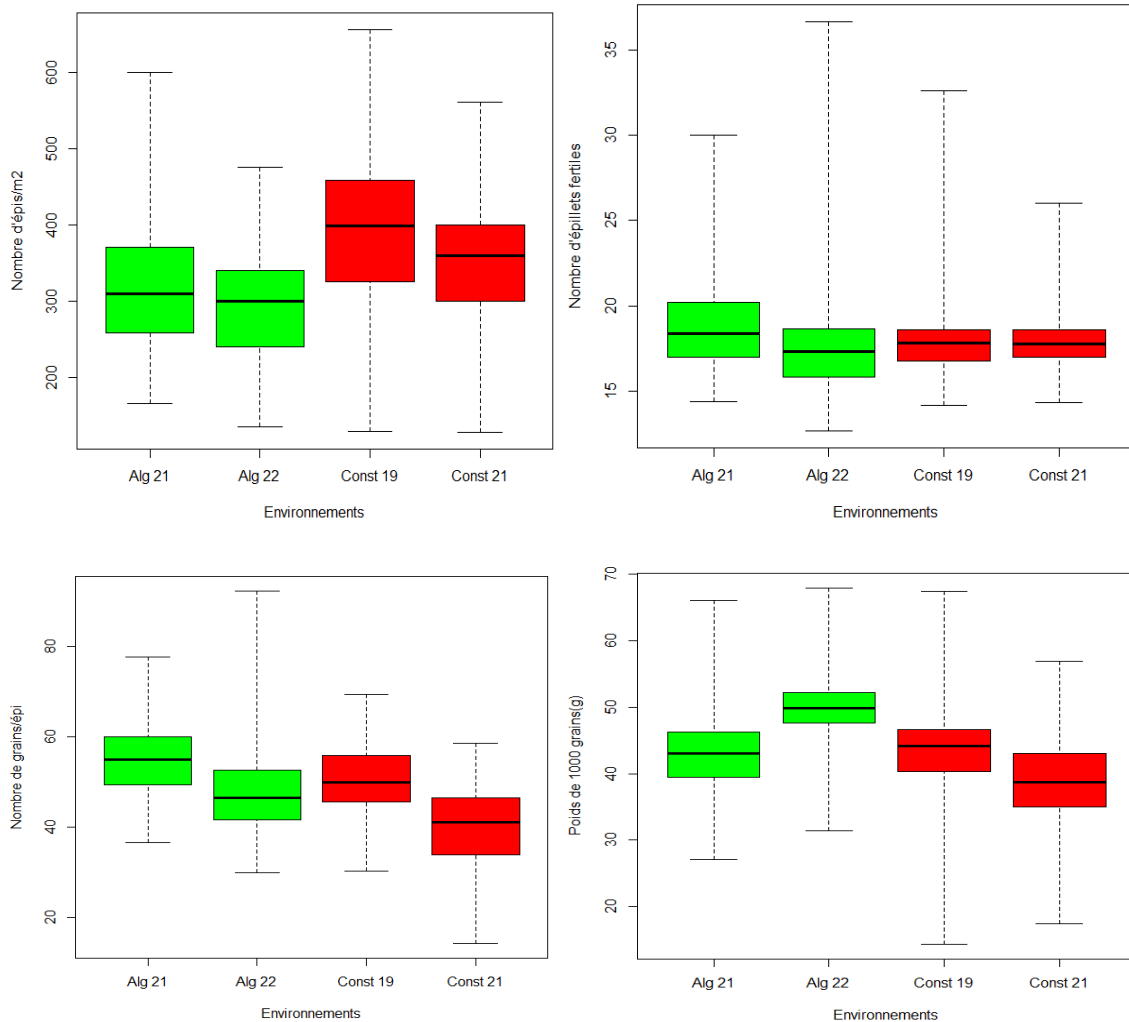
Du fait de leur rapprochement génétique et de leur gros grain, la variété locale algérienne Guemgoum Rkhem (78) et le génotype Gr Iran (122) ont affiché des valeurs élevées de PMG, du nombre d'épillets fertiles par épi et du nombre de grains par épi, mais un nombre d'épis/m² faible sur les deux sites. Les cinq témoins ont montré une bonne performance pour l'ensemble des composantes du rendement, avec un PMG allant d'élevé à très élevé sur les deux sites.

Tableau 8 : Comparaison du poids de mille grains des 125 génotypes entre les deux sites

Description	Alger		Constantine	
	2020-2021	2021-2022	2018-2019	2020-2021
*Faible <30 g	3	0	3	13
*Moyen 30-35 g	8	2	5	21
*Elevé 35-45 g	77	14	62	63
*Très élevé > 45 g	37	109	55	28

*Selon Boulal et *al.* (2007)

La majorité des paramètres liés au rendement ont été plus élevés sur le site d'Alger que sur celui de Constantine durant la campagne agricole 2020/2021. En moyenne, les valeurs sont passées de 18,9 à 17,73 épillets fertiles par épi, de 54,23 à 39,09 grains par épi, de 41,87 à 38,98 grammes pour le PMG et de 53,88 à 30,35 q/ha pour le rendement en grain, en faveur du site d'Alger. Cependant, le nombre d'épis par m² était plus élevé à Constantine avec 348,50 épis/m², contre 309,07 épis/m² à Alger (figure 29).



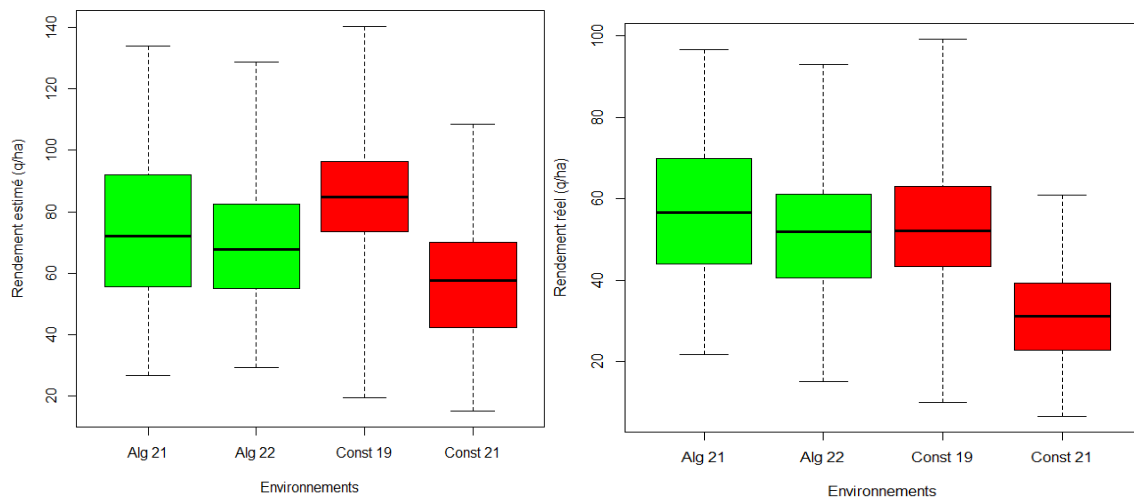


Figure 29 : Variation des paramètres agronomiques des génotypes de blé dur dans les quatre environnements étudiées.

❖ Site d'Alger

Durant la campagne agricole 2020/2021, le génotype chypriote a enregistré le nombre d'épis/m² le plus élevé (489,85 épis/m²) et le génotype iranien (170,85 épis/m²) a enregistré le nombre le plus faible. Ce dernier a enregistré le nombre d'épillets fertiles le plus élevé (24,45 épillets) et le plus faible a été enregistré par les génotypes australiens (16,28 épillets). Le nombre de grains/épi le plus élevé a été noté chez le génotype marocain (70,07 grains/épi) et le plus faible chez le génotype chypriote (39,57 grains/épis). Le PMG a atteint son maximum chez le génotype iranien (65,13 g) et son minimum chez le génotype chypriote (34,73 g), qui est à son tour a enregistré le rendement en grain réel le plus élevé (66,75 q/ha), tandis que le génotype marocain a enregistré le rendement le plus faible (25,25 q/ha). Le rendement estimé s'est montré élevé pour les génotypes d'Australie (80,13 q/ha) et faible pour le génotype jordanien (48,59 q/ha) (figure 30,31, 32, 33, 34, 35).

Durant la campagne agricole 2021/2022, les génotypes australiens ont montré les valeurs les plus élevées pour le nombre d'épis/m² (401,55 épis/m²) tandis que le génotype iranien a montré la valeur la plus faible (140,55 épis/m²). Ce dernier a montré le nombre d'épillets fertiles/épi le plus élevé (22,33 épillets), cependant le nombre le plus faible a été noté chez les génotypes des U.S.A (13,68 épillets). Les génotypes du CIMMYT ont enregistré le nombre de grains/épi le plus élevé (53,36 grains/épi), tandis que les génotypes d'Australie ont montré les valeurs les plus faibles

(37,19 grains/épis). Ces derniers ont enregistré le PMG le plus faible (46,16 g), tandis que le génotype iranien a noté le PMG le plus élevé (67,68 g). Le rendement en grain réel est marqué élevé pour le génotype marocain (68,31 q/ha) et faible pour le génotype chypriote (33,15 q/ha). Le rendement en grain estimé a atteint son maximum pour les génotypes de Syrie (82,22 q/ha) et son minimum pour les génotypes espagnols (45,22 q/ha) (figure 30,31, 32, 33, 34, 35).

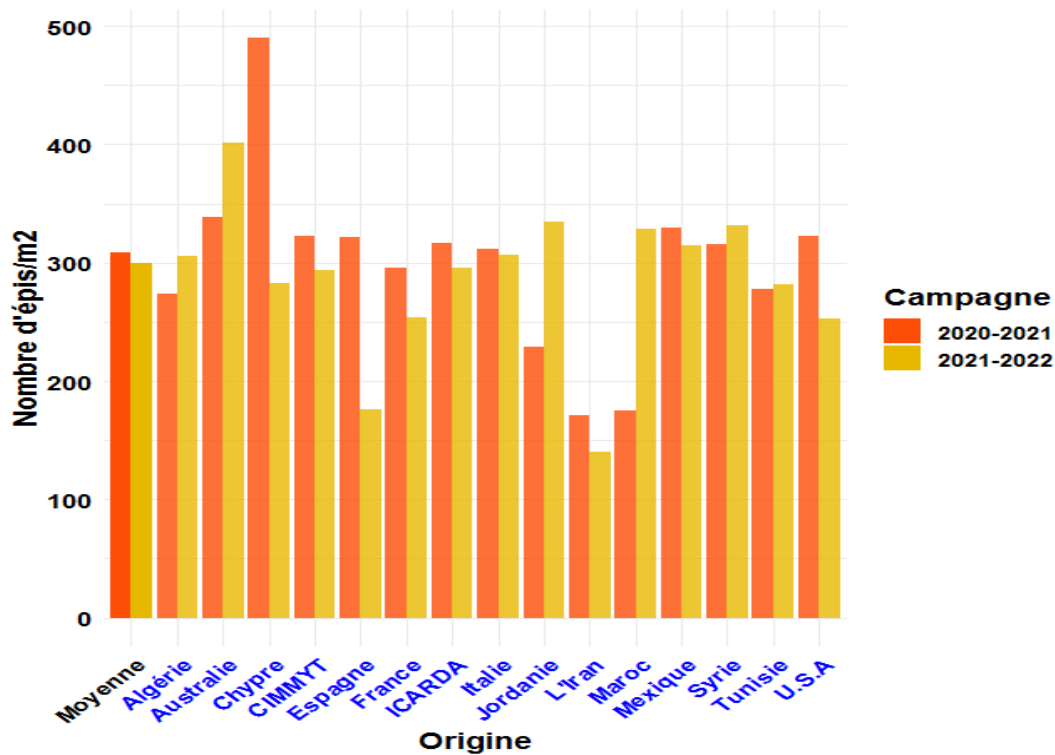


Figure 30 : Nombre d'épis/m² des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

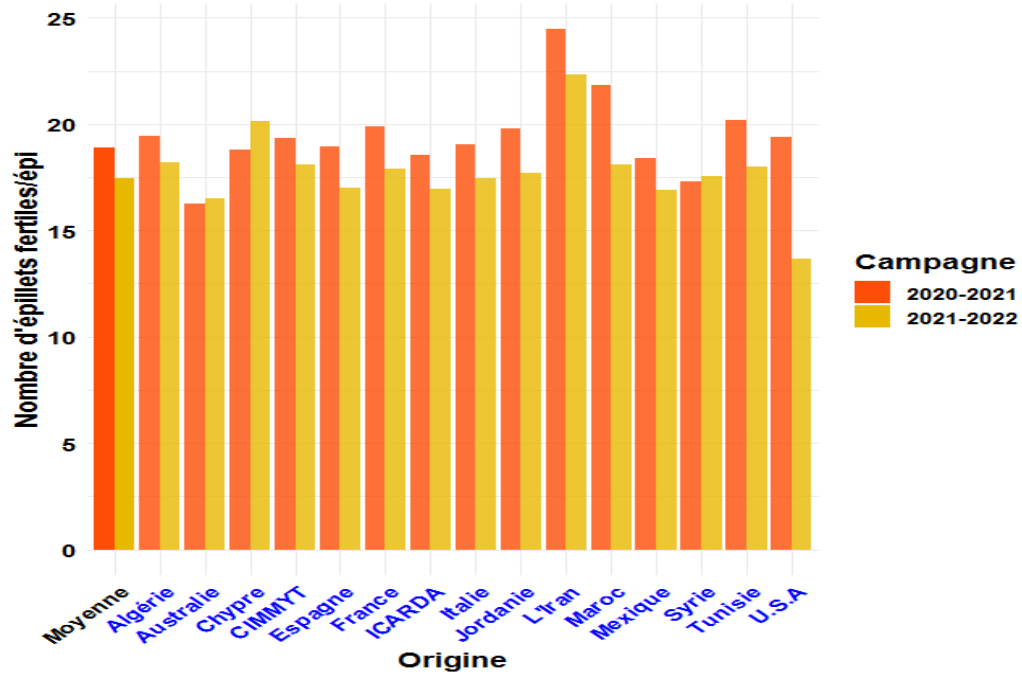


Figure 31 : Nombre d'épillets fertiles/épi des génotypes en fonction de leur origine sur les deux campagnes agricoles

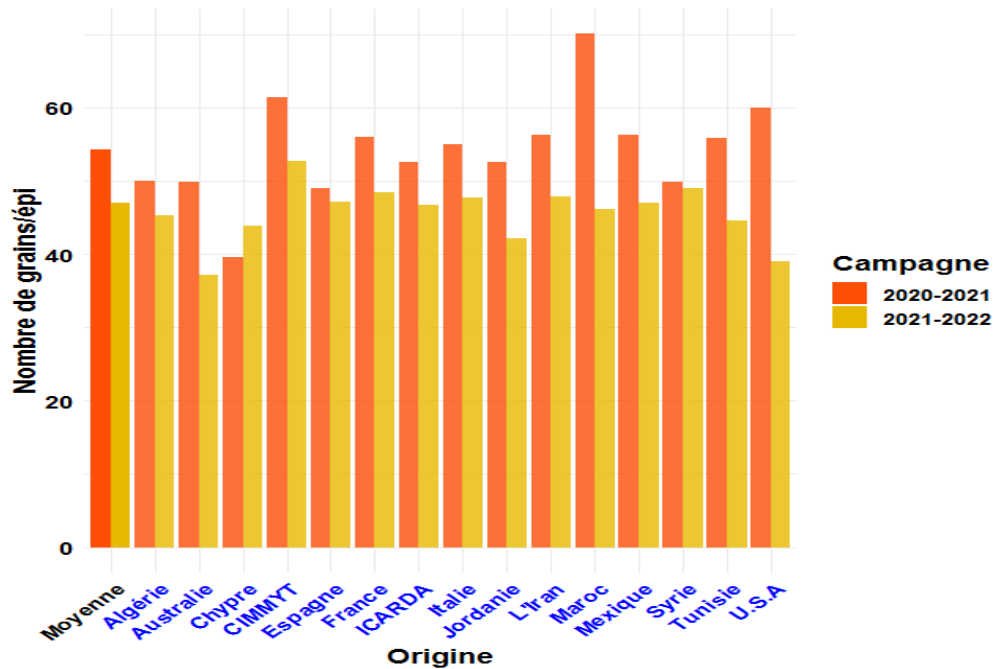


Figure 32 : Nombre de grains/épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

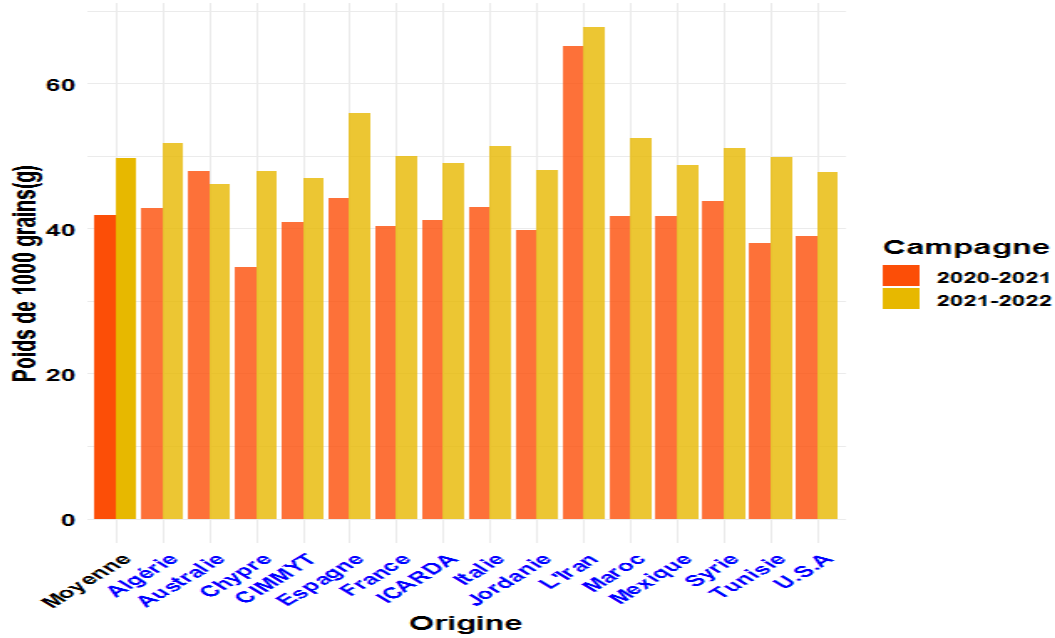


Figure 33 : Poids de mille grains des géotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

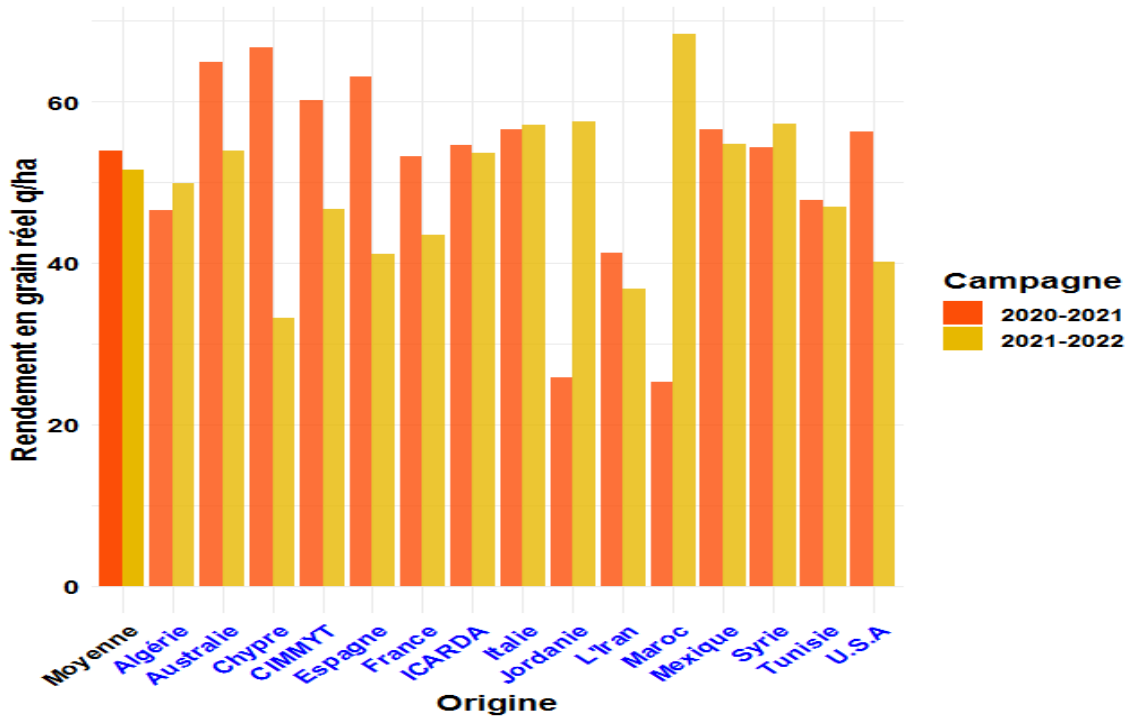


Figure 34 : Rendement en grain réel des géotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

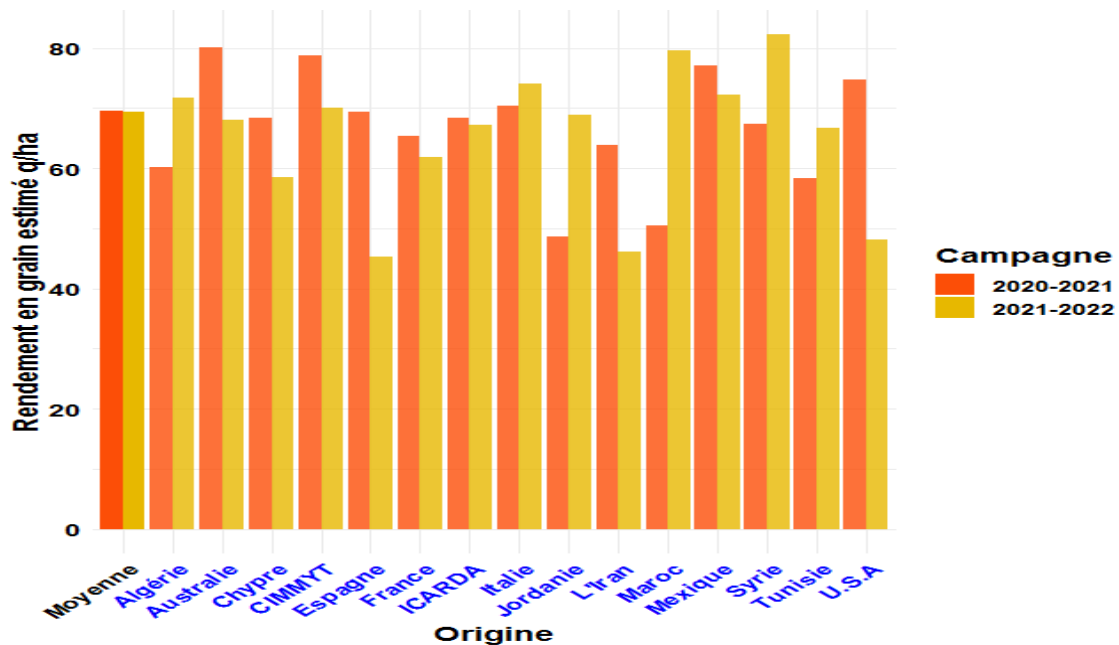


Figure 35 : Rendement en grain estimé des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

❖ Site de Constantine

Durant la campagne agricole 2018/2019, le génotype marocain a enregistré le nombre d'épis/m² le plus élevé (536 épis/m²) et les génotypes espagnols ont enregistré le nombre le plus faible (258,6 épis/m²). Le nombre d'épillets fertiles le plus élevé a été obtenu pour les génotypes du CIMMYT (18,94 épillets) et le plus faible pour le génotype marocain (15,67 épillets). Le nombre de grains/épi le plus élevé a été noté chez les génotypes espagnols et du CIMMYT (56,05 grains/épi ; 54,52 grains/épi), respectivement et le plus faible chez le génotype iranien (34,91 grains/épis). Ce dernier a noté le PMG le plus élevé (69 g), tandis que les génotypes espagnols ont montré le PMG le plus faible (39,11 g). Ces derniers ont enregistré le rendement en grain réel le plus faible (12,22 q/ha), tandis que le génotype marocain a enregistré le rendement en grain réel et estimé les plus élevés (61,5 q/ha ; 127,31 q/ha), respectivement, et le rendement estimé le plus faible a été obtenu pour le génotype jordanien (52,72 q/ha) (figure 36, 37, 38, 39, 40, 41).

Au cours de la saison agricole 2020/2021, les génotypes australiens ont présenté le nombre d'épis/m² le plus élevé, atteignant 467,7 épis/m², tandis que les génotypes de l'Iran et de Chypre ont enregistré les valeurs les plus faibles, avec 281,4 épis/m². Le nombre d'épillets fertiles/épi le

plus élevé a été observé pour le génotype jordanien (19,36 épillets) et le plus faible chez le génotype marocain (16,86 épillets). Les génotypes des U.S.A ont enregistré le nombre de grains/épi le plus élevé (51,92 grains/épi), soit les plus fertiles, tandis que le génotype iranien a montré le nombre le plus faible (25,77 grains/épis). Ce dernier a enregistré le PMG le plus élevé (54,41g), tandis que les génotypes australiens ont affiché le PMG le plus faible (26,21 g). Le rendement en grain réel est élevé chez les génotypes des U.S.A (44,8 q/ha) et faible pour le génotype iranien (20,72 q/ha). Le rendement en grain estimé a atteint son maximum pour les génotypes espagnols (72,42 q/ha) et son minimum pour les génotypes australiens (38,2 q/ha) (figure 36, 37, 38, 39, 40, 41).

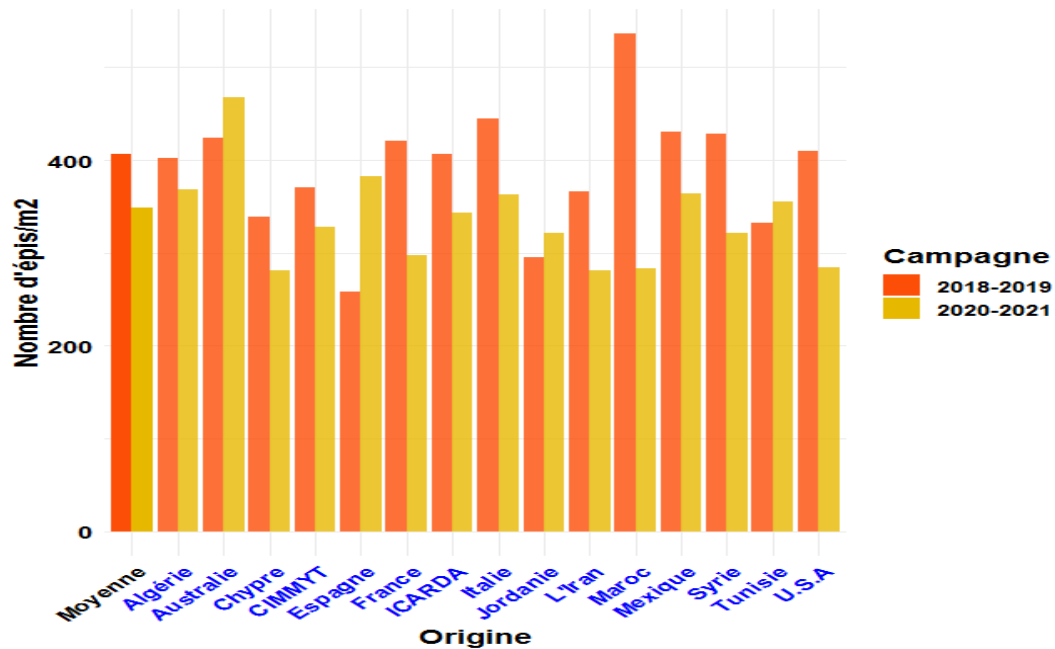


Figure 36 : Nombre d'épis/m² des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

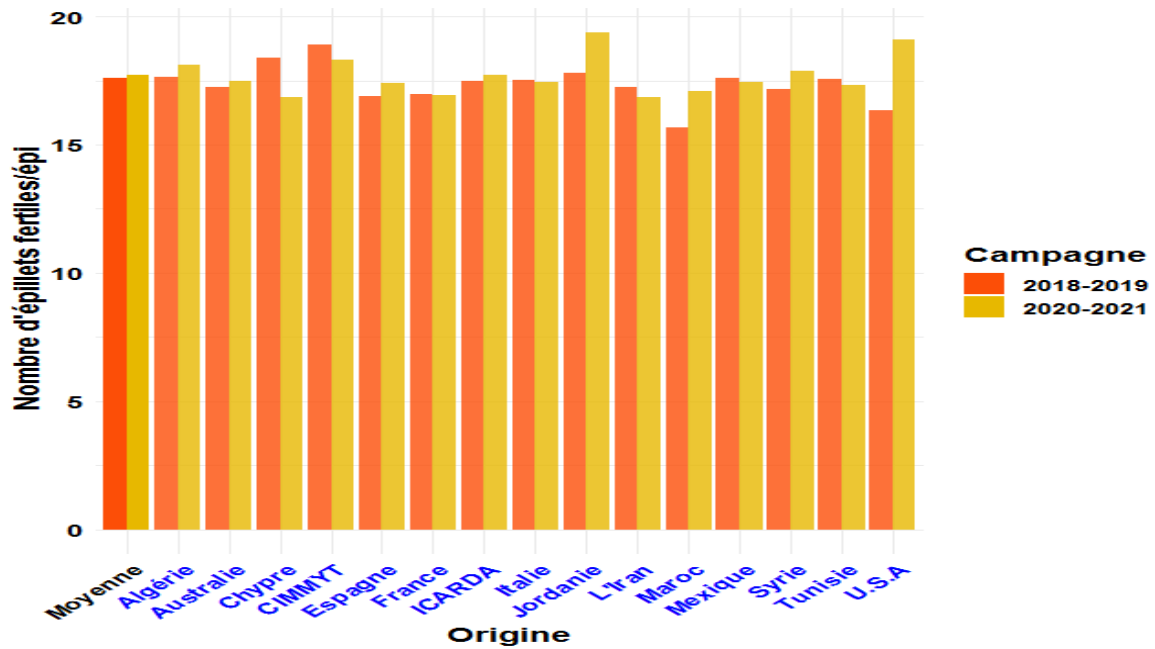


Figure 37 : Nombre d'épillets fertiles/épi des génotypes en fonction de leur origine sur les deux campagnes agricoles

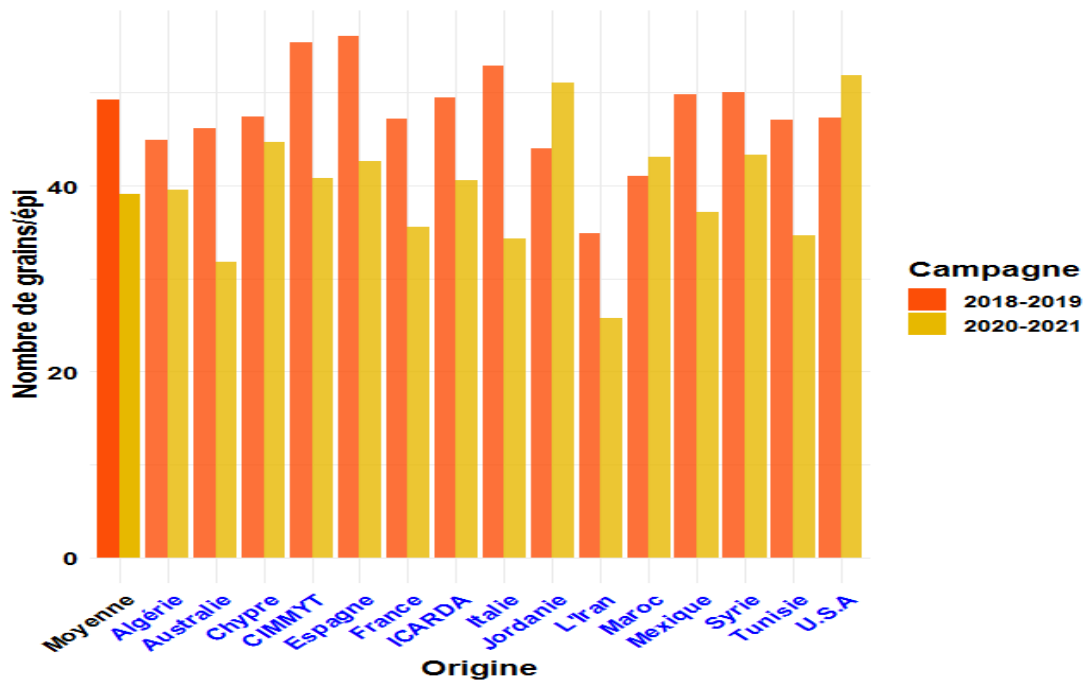


Figure 38 : Nombre de grains/épi des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

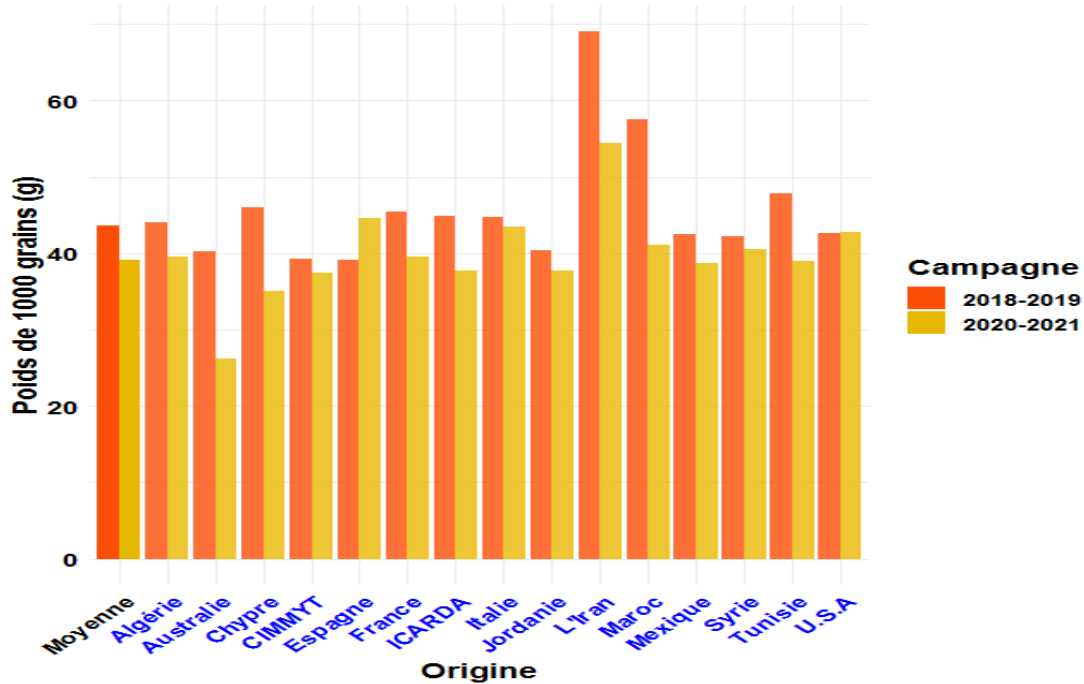


Figure 39 : Poids de mille grains des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

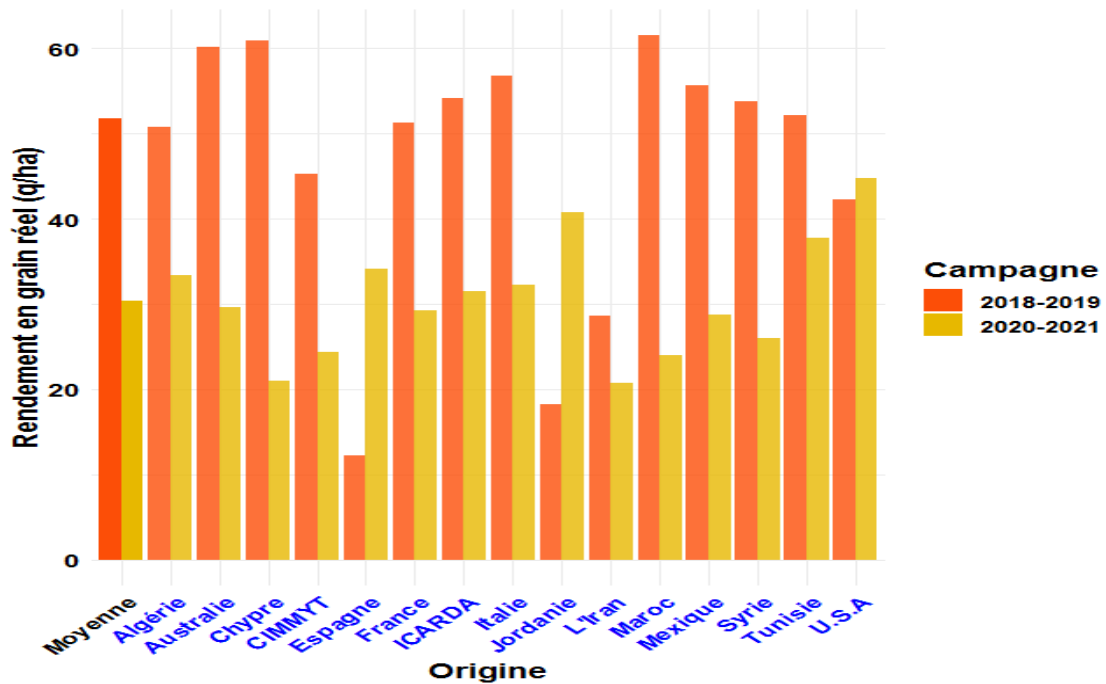


Figure 40 : Rendement en grain réel des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

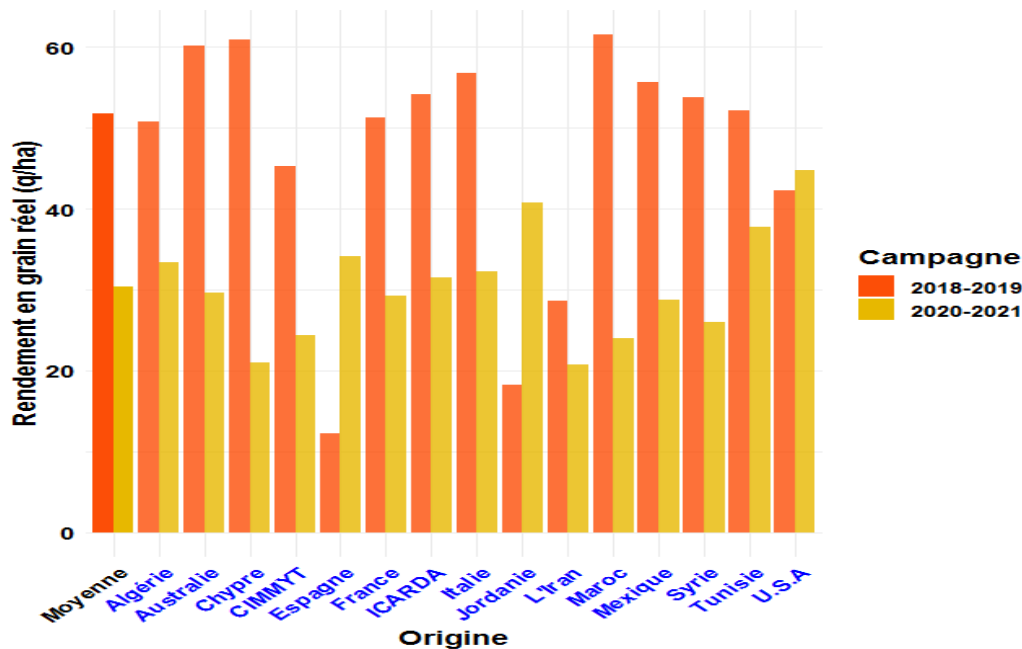


Figure 41 : Rendement en grain estimé des génotypes en fonction de leur origine durant les deux campagnes agricoles

3.2. Analyse des paramètres génétiques

❖ Site d'Alger

Les résultats des paramètres génétiques mettent en évidence une héritabilité au sens large élevée pour PE, SF, NGE, PMG, HP, LC, LE, et NEF, modérée pour CHL, TCV, RR, et RE au cours des deux campagnes agricoles. Cependant, NEM a montré une héritabilité élevée pendant la campagne 2020/2021 et modérée durant la campagne 2021/2022. Une héritabilité élevée, associée à un GGM élevé, a été constatée pour SF, NGE, HP, LC, LE, et NEF au cours des deux campagnes agricoles. Ces résultats suggèrent que ces paramètres sont sous contrôle d'effets génétiques additifs (tableau 9).

Tableau 9: Paramètres génétiques de l'ensemble des paramètres étudiées sur le site d'Alger

2020-2021						2021-2022				
Paramètres	σ^2_p	σ^2_g	H^2	GG	GGM	σ^2_p	σ^2_g	H^2	GG	GGM
PE	53,92	45,96	85,23	12,91	13,31	60,81	56,67	93,2	14,99	15,67
CHL	10,98	6,12	55,74	3,81	7,55	25,16	5,92	23,52	2,43	6,48
SF	23,02	14,32	62,2	6,16	21,98	55,86	41,75	74,74	11,52	37,68
NGE	70,29	62,36	88,73	15,35	28,3	78,77	56,73	72,02	13,19	28,02
PMG	31,85	29,7	93,25	10,86	25,93	27,94	24,66	88,25	9,62	19,36
TCV	0,92	0,48	51,62	1,02	3,97	0,76	0,39	50,94	0,92	4,03
HP	296,86	294,54	99,22	35,27	37,25	366,89	353,07	96,23	38,03	42,13
LC	19,69	17,54	89,11	8,16	41,41	28,59	26,72	93,45	10,31	51,08
LE	1,16	0,97	84,05	1,87	24,1	0,71	0,54	76,36	1,33	20,24
NEF	7,32	5,83	79,64	4,44	23,51	7,52	5,57	74,15	4,19	24,06
NEM	6782,13	4966,97	73,24	124,42	40,26	5082,4	2530,01	49,78	73,21	24,45
RE	421,16	194,47	46,17	19,55	28,09	398,63	165,1	41,42	17,06	24,57
RR	340,71	151,57	44,49	16,94	31,44	276,31	143,04	51,77	17,75	34,44

σ^2_p : Variance phénotypique ; σ^2_g : Variance génotypique H^2 : Héritabilité au sens large ; **GG** : Gain génétique, **GGM** : Gain génétique en pourcentage de la moyenne.

PE : Précocité à l'épiaison, **CHL** : Teneur en chlorophylle, **SF** : Surface foliaire, **NGE** : Nombre de grains/épi, **PMG** : Poids de mille grains, **TCV** : Température du couvert végétale, **HP** : Hauteur de la plante, **LC** : Longueur du col de l'épi, **LE** : Longueur d'épi, **NEF** : Nombre d'épillettes fertiles/épi, **NEM** : Nombre d'épis /m², **RE** : Rendement en grain estimé et **RR** : Rendement en grain réel.

❖ Site de Constantine

Les résultats des paramètres génétiques ont montré une héritabilité au sens large élevée pour NGE, PMG, HP, LC, LE, NEM et RE, modérée pour SF et TCV au cours des deux campagnes agricoles. En revanche, elle est élevée pour PE, NEF, et RR durant la campagne 2018/2019, et modérée durant la campagne 2020/2021 pour les mêmes paramètres. CHL a montré une héritabilité modérée durant la première campagne agricole, tandis qu'elle est élevée pour la deuxième campagne. Une héritabilité élevée associée à un GGM élevé a été observée pour PMG, HP, LC, NEM,

RE pour les deux campagnes agricoles. Tandis que pour les autres paramètres une héritabilité élevée à modérée associé à un GGM modéré ou faible a été observée (tableau 10).

Tableau 10: Paramètres génétiques des paramètres étudiés sur le site de Constantine

2018-2019						2020-2021				
Paramètres	σ^2_p	σ^2_g	H^2	GG	GGM	σ^2_p	σ^2_g	H^2	GG	GGM
PE	19,37	16,25	83,88	7,62	6,1	10,65	6,16	57,87	3,9	3,4
CHL	10,99	4	36,41	2,49	4,94	16,61	12,23	73,63	6,19	11,23
SF	24,71	11,33	45,85	4,7	18,89	23,1	8,99	38,92	3,86	15,74
NGE	48,69	29,55	60,68	8,74	17,75	69,21	47,16	68,14	11,69	29,91
PMG	44,49	34,27	77,03	10,6	24,27	50,23	46,32	92,2	13,48	34,59
TCV	2,77	1,36	49,1	1,69	8	2,21	0,68	30,6	0,94	2,61
HP	220,12	211,32	96	29,38	31,44	144,14	127,22	88,26	21,86	27,21
LC	15,85	12,22	77,09	6,33	32,96	22,82	18,34	80,38	7,92	57,93
LE	0,48	0,34	69,44	1	15,3	0,74	0,5	66,89	1,19	16,28
NEF	3,33	2,58	77,49	2,92	16,58	2,47	0,66	26,8	0,87	4,9
NEM	9977,84	7079,28	70,95	146,21	35,93	6831,84	5156,13	75,47	128,69	36,93
RE	495,87	408,4	82,36	37,84	44,01	377,36	317,41	84,11	33,71	63,45
RR	347,79	302,49	86,98	33,46	64,62	115,74	50,14	43,32	9,61	31,68

3.3. Etude des corrélations entre les paramètres mesurés

3.3.1. Site d'Alger

L'étude des corrélations entre les différents paramètres sur le site d'Alger durant les deux campagnes agricoles a été réalisé par la matrice de corrélation de Pearson (figure 42). Le rendement en grains réel et estimé ont montré une corrélation positive avec le nombre de grains par épi, le nombre d'épis/m² et le poids de mille grains, tandis que le nombre d'épillets fertiles/épi a affiché une corrélation négative avec le rendement durant la campagne 20/21 et positive mais non significative durant la campagne 21/22.

Le nombre de grains par épi et le nombre d'épis/m² ont montré des associations négatives avec le poids de mille grains suggérant un effet de compensation. Le rendement en grain est corrélé

négativement à la tardivité d'épiaison suggérant que les génotypes précoces sont plus productifs aux génotypes ayant une épiaison tardive.

Une corrélation négative a été observée entre le rendement en grain et les paramètres morphologiques en 2020/21, tandis qu'en 2021/22, une corrélation positive significative a été enregistrée avec la longueur de l'épi et positive mais non significative avec la surface foliaire et la longueur du col de l'épi.

La température du couvert végétal a présenté une corrélation négative avec le rendement en grain, tandis que la teneur en chlorophylle a montré une corrélation positive significative en 2021/22 et positive mais non significative en 2020/21.

Tous les paramètres morphologiques étaient positivement corrélés à l'épiaison. La hauteur de la plante était positivement corrélée à la surface foliaire, la longueur de l'épi, la longueur du col de l'épi et le nombre d'épillets fertiles. La surface foliaire de la feuille étandard a eu un effet positif significatif sur le PMG et le nombre d'épillets fertiles/épi en 2020/21 (effet photosynthétique), mais un effet non significatif sur le PMG en 2021/22.

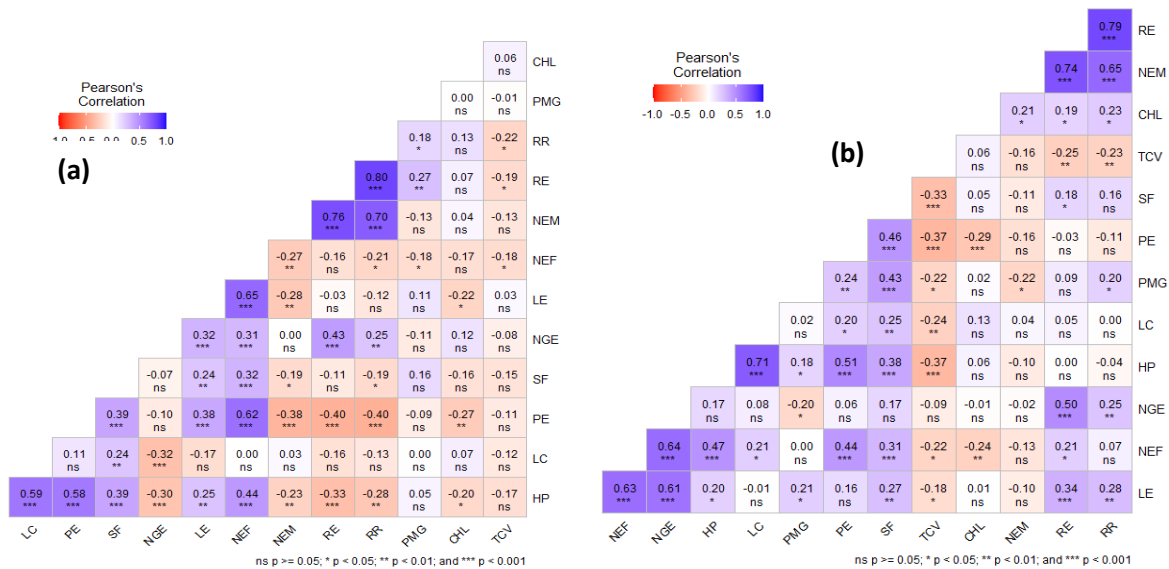


Figure 42 : Matrice de corrélation de Pearson pour le site d'Alger **(a)** : Campagne 2020/2021, **(b)** : Campagne 2021/2022.

3.3.2. Site de Constantine

L'étude de corrélation sur le site de Constantine durant les deux campagnes a montré une corrélation négative entre le rendement en grains et la tardivité à l'épiaison durant la campagne 2018/19, tandis qu'une relation positive a été enregistrée avec la tardivité en 2020/21 (figure 43).

Une corrélation négative a été observée entre le rendement en grain et les paramètres morphologiques en 2018/19, tandis qu'en 2020/21, la hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi ont montré une corrélation positive significative avec le rendement.

Une Corrélation négative a été enregistrée entre le rendement en grain et la température du couvert végétal. Tandis qu'une corrélation positive non significative a été trouvée entre la teneur en chlorophylle et le rendement en grain.

Toutes les composantes de rendement ont montré une corrélation positive significative avec le rendement en 2020/21, sauf le nombre d'épi/m², seul facteur significatif, tandis que le nombre de grains/épi et le PMG étaient positivement mais non significativement corrélés, et le nombre d'épillets fertiles présentait une corrélation négative durant la campagne 2018/19.

La hauteur de la plante a montré une corrélation positive significative avec la longueur du col de l'épi, une corrélation positive non significative avec la longueur de l'épi, une corrélation significative avec la surface foliaire en 2018/19 mais non significative en 2020/21. Cette dernière était significativement corrélée au nombre d'épillets fertiles/épi.

Une corrélation positive a été observée entre la précocité à l'épiaison et la hauteur de la plante. Ce dernier a montré une corrélation positive significative avec le nombre d'épillets fertiles/épi et le PMG en 2020/21.

La température du couvert végétal a montré une corrélation négative avec tous les paramètres en 2020/21, tandis qu'elle a présenté une corrélation positive significative avec le nombre de grains/épi en 2018/19.

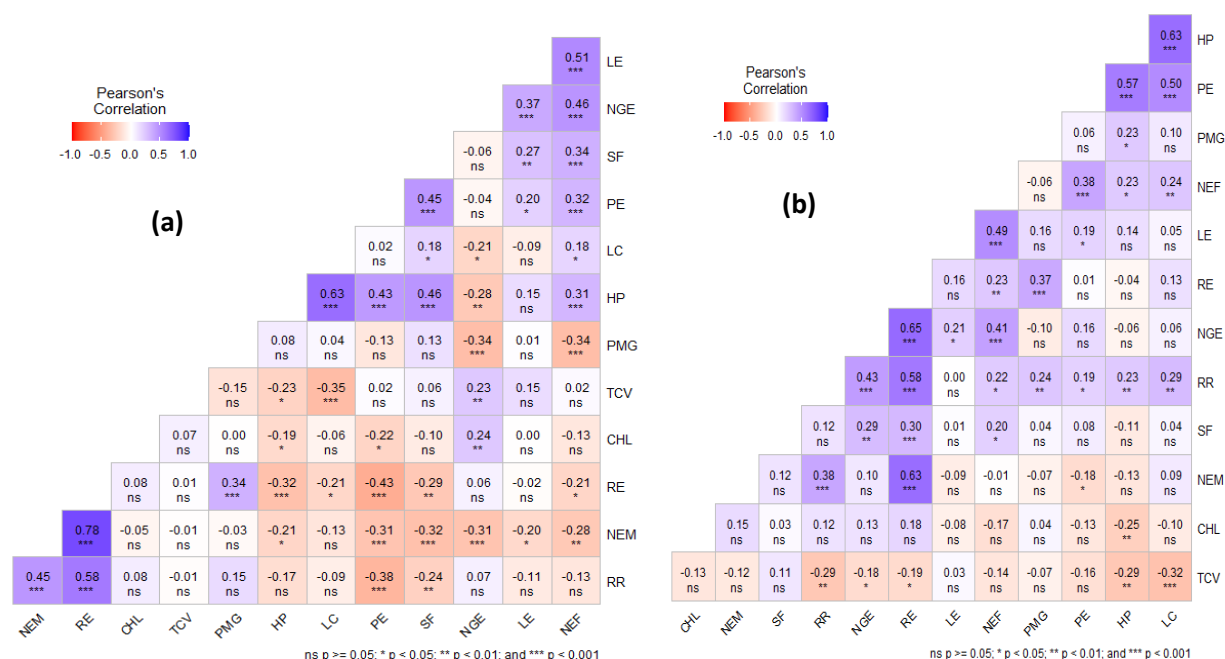


Figure 43 : Matrice de corrélation de Pearson du site Constantine **(a)** : Campagne 2018/2019, **(b)** : Campagne 2020/2021.

Tableau 11 : Corrélation entre les différents paramètres étudiés et le rendement en grain dans chaque environnement.

Paramètres	Alg 20-21	Alg 21-22	Const 18-19	Const 20-21
PE	-0,40***	-0,11ns	-0,38***	0,19*
HP	-0,28***	-0,04ns	-0,17ns	0,23**
SF	-0,19*	0,16ns	-0,24***	0,12ns
LE	-0,03ns	0,28**	-0,11ns	0,00ns
LC	-0,16ns	0,00ns	-0,09ns	0,29**
NEM	0,70***	0,65***	0,45***	0,38***
NEF	-0,21*	0,07ns	-0,13ns	0,22*
NGE	0,25***	0,25**	0,07ns	0,43***
PMG	0,18*	0,20*	0,15ns	0,24**
TCV	-0,22*	-0,23**	-0,01ns	-0,29**
CHL	0,16ns	0,23*	0,08ns	0,12ns

3.4. Analyse du rendement en grain par le modèle AMMI et l'indice AWAI

L'analyse de la variance réalisée sur le rendement en grain a montré une différence très hautement significative ($P \leq 0,001$) pour les facteurs génotypes, environnements et interaction génotypes x environnement. Cette dernière a montré le pourcentage de variation le plus élevé avec 50,64 % par rapport à la somme des carrés des écarts totales ($G + E + G \times E$), suivie par l'effet

environnement avec 27,37 % et enfin l'effet génotype avec 21,99 % (tableau 12). L'interaction G x E a été divisée en trois CPs significatifs expliquant un pourcentage de variation de 46,8 %, 32,9 % et 20,3 %, respectivement.

Le biplot AMMI2, représentant CP2 en fonction de CP1, a montré l'intensité des interactions entre les génotypes et les environnements (figure 44). CP1 a expliqué 46,8 % de la variation liée à l'interaction, tandis que CP2 en a capturé 32,9 %. Les génotypes (11, 18, 23, 60, 61) ont présenté des scores CP1 et CP2 proches de zéro, ce qui suggère une faible interaction avec l'environnement et donc une adaptation générale et stable à l'ensemble des conditions testées.

Trente-deux génotypes (3,9,10,25,27,28,28,33,35, 46,47,48,50,52,54,67,73,77,78,79,85,90,94,96,100,102,104,105,106,122,123 et C5), ont affiché des scores CP1 et CP2 ayant le même signe que ceux des environnements Const 20-21 et Alg 21-22. Parmi eux : les génotypes 52 et 46 ont montré une interaction fortement positive avec l'environnement Const 20-21, indiquant une adaptation spécifique à celui-ci. Les autres génotypes restants ont affiché une adaptation partielle ou modérée, suggérant un comportement stable mais sans spécialisation marquée pour un environnement donné. Aucun génotype n'a cependant démontré d'adaptation aux environnements Alg 20-21 et Const 18-19, situés à l'extrémité inférieure des quadrants de biplot AMMI2 (figure 44) (annexe 1, tableau 5).

Tableau 12: Analyse de la variance du modèle AMMI appliqué sur le rendement en grain

Source	Df	SCE	CM	F	Pr(>F)	% (G + E + G x E)
Environnements (E)	3	51871,6269	17290,5423	175,469104	3,5603E-10***	27,37
Génotypes (G)	124	41681,8521	336,143969	5,88953585	2,0069E-10***	21,99
Interaction (G X E)	372	95965,6327	257,947930	4,51989699	5,9571E-09***	50,64
CP1	126	171937,429	1364,58277	23,91	0,00000000***	46,8
CP2	124	120793,967	974,1449	17,07	0,00000000***	32,9
CP3	122	74898,4397	613,92164	10,76	0,00000000***	20,3
Résiduel	48	2739,58949	57,074781			
Total	931	561071,005	602,654141			

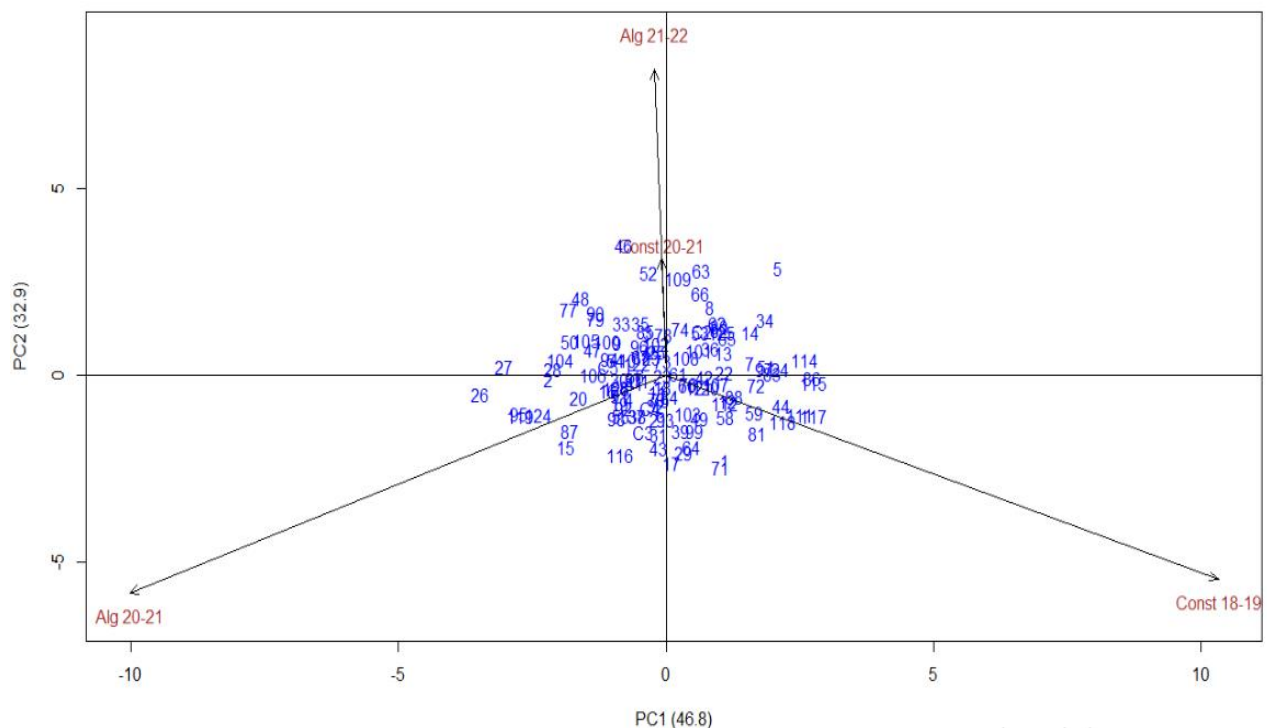


Figure 44 : AMMI2 biplot montre la distribution des 125 génotypes (en bleu) par rapport aux deux PCs en fonction de leurs rendements dans les quatre environnements étudiés (en rouge)

En utilisant les composantes principales significatives de l'interaction $G \times E$, un biplot a été réalisé pour illustrer la stabilité du rendement par l'indice d'adaptabilité large d'AMMI (AWAI) en fonction du rendement en grain pour chaque génotype (figure 45) (annexe 1, tableau 5). 74 génotypes ont présenté une valeur AWAi inférieure à la moyenne ($<0,96$), répartis dans les deux quadrants inférieurs. Ce regroupement est également visible dans le biplot AMMI2 (figure 44), où l'on observe une concentration importante des génotypes près du centre de l'axe, selon l'interprétation de (Bassi et Sanchez- Garcia, 2017), qui ont indiqué que des valeurs faibles de l'AWAI indiquent des génotypes proches de l'axe du graphique AMMI, ce qui reflète leur stabilité.

Parmi ces 74 génotypes, 37 ont été identifiés comme les plus intéressants, car ils combinent une valeur d'AWAI faible (stabilité élevée) et un rendement supérieur à la moyenne (46,89 q/ha) (annexe 1, tableau 5) (tableau 13). Ces génotypes, entourés en vert sur la figure, représentent les candidats les plus prometteurs en termes de performance agronomique et de stabilité, et peuvent être considérés comme ayant une adaptabilité large. Les autres génotypes ont une valeur de AWAi $> 0,96$, traduisant une certaine interaction avec les environnements.

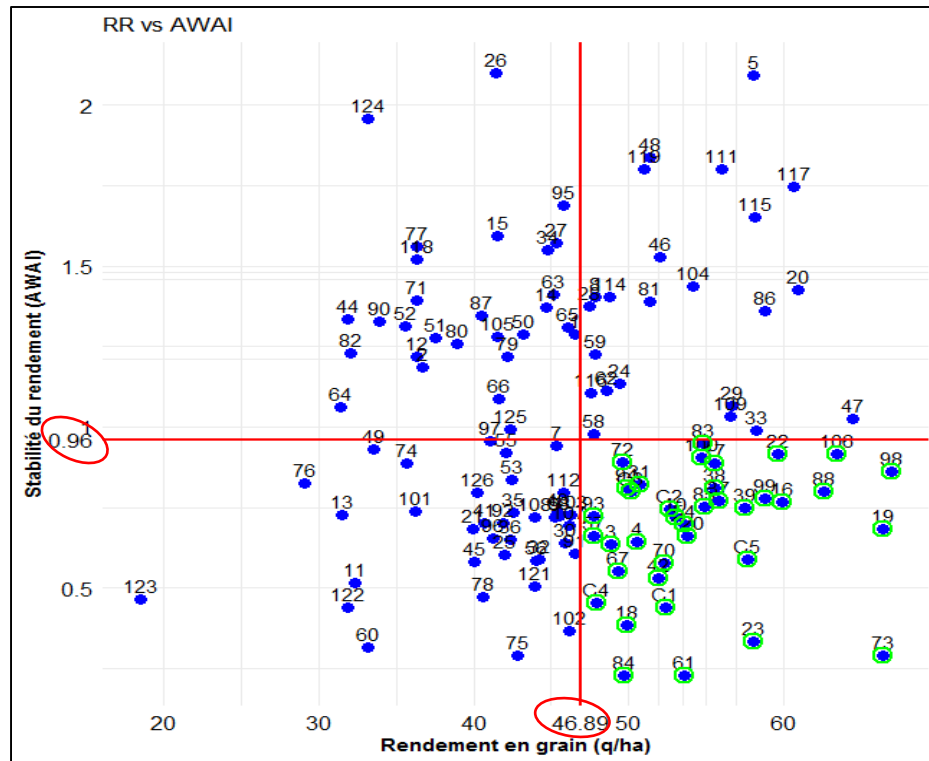


Figure 45 : Biplot montre la stabilité du rendement (AWAI) en fonction du rendement en grain de chaque génotype.

Tableau 13 : Distribution des 125 génotypes en fonction de l'indice AWAI et le rendement

Code génotype	Origine	Description
31,39,54,70,72,88,C2,C4	Algérie	37 génotypes AWAI<0,96 et RR > 46,89 q/ha
3,17	Australie	
120,42, C3,C5	CIMMYT	
106,23,61,67,85,98,99,C1	ICARDA	
16	Italie	
100,19,22,37,4,73,83,84,93,94	Mexique	
10,18,38	Syrie	
57	U.S.A	
108,35,49,53,55,74,76,78	Algérie	37 génotypes AWAI<0,96 et RR < 46,89 q/ha
123,126,30,32,75	CIMMYT	
101,102,11,112,13,21,25,92,96	ICARDA	
103,107,41,60,45,125,7	Mexique	
36,9,97	Syrie	
68	France	
43	Chypre	
121	Tunisie	
122	Iran	
56	U.S.A	
Autres génotypes (51)	Diverses	AWAI > 0,96

3.5. Indice de stabilité multi-traits (MTSI)

L'analyse de l'indice MTSI sur les quatre environnements a permis d'identifier à la fois les génotypes les plus performants et stables en fonction des paramètres évalués, en fixant des critères spécifiques pour l'indice MTSI, favorisant des valeurs élevées pour NEF, NGE, PMG, NEM, CHL, SF, LE et RR, et faibles pour PE, HP, TCV et LC.

Les résultats de l'ANOVA de cet indice ont révélé une différence significative ($p < 0,05$) pour l'interaction génotype $\times$ environnement sur les paramètres évalués.

Les génotypes identifiés (en rouge) par cet indice à un taux de sélection de 15 % sont : C5, C3, 98, C4, C2, C1, 120, 31, 29, 46, 100, 20, 47, 22, 18, 7, 99, 91 et 01. Leurs origines sont réparties comme suit : ICARDA (01, 46, 98, 99, C1), CIMMYT (120, 29, C3, C5), Mexique (100, 47, 07, 91, 22), Algérie (20, 31, C2, C4) et Syrie (18) (figure 46).

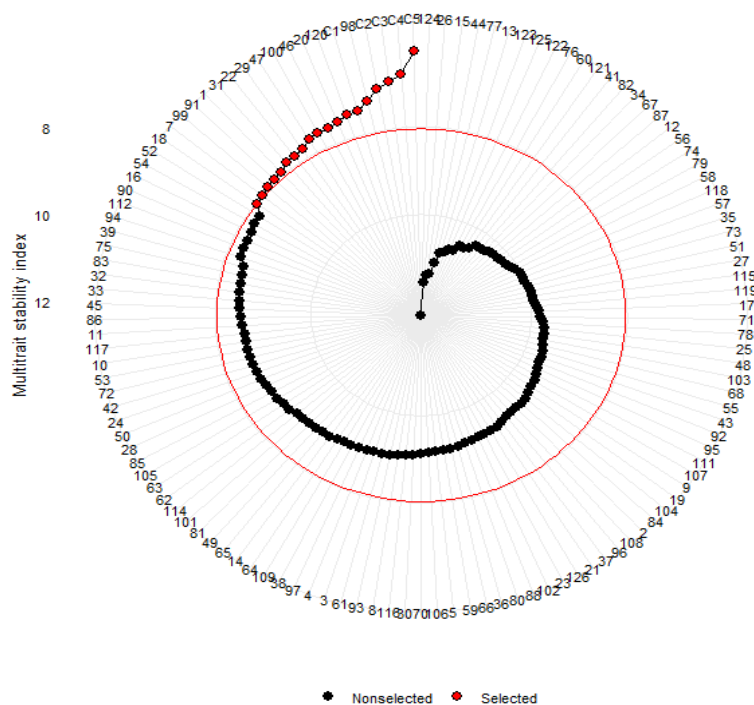


Figure 46 : Sélection des génotypes stables et performants par l'indice de stabilité multi-traits (MTSI)

Quatre facteurs principaux ont été identifiés par l'indice MTSI pour regrouper les 12 paramètres évalués : FA1 (PE, HP, TCV, LC), FA2 (NEF, LE, NGE), FA3 (CHL, NEM, RR) et FA4 (SF, PMG) (tableau 14).

Le graphe de contribution de chaque facteur révèle que FA1 contribue faiblement chez les génotypes 1, 46, 47 et 120, indiquant leur précocité, leur taille réduite et leur faible température du couvert. Les facteurs FA2, FA3 et FA4 ont présenté des contributions similaires pour tous les génotypes, traduisant des valeurs similaires pour ces paramètres (figure 47).

Le gain de sélection le plus élevé a été enregistré pour le nombre de grains/épi (8,65 %) et le rendement en grain (8,11 %). Ces pourcentages représentent l'amélioration attendue de ces traits en sélectionnant les génotypes identifiés.

Tableau 14 : Contribution des facteurs, différentiel de sélection et gain de sélection de l'ensemble des paramètres identifiés par l'indice MTSI

Paramètres	Facteurs	Moyenne initiale	Moyenne des génotypes sélectionnés	Différentiel de sélection	Différentiel de sélection (%)	Gain de sélection	Gain de sélection (%)	Objectif
PE	FA 1	108	107	-1,52	-1,4	-1,04	-0,959	Diminution
HP	FA 1	89,7	84,9	-4,75	-5,29	-4,46	-4,97	Diminution
TCV	FA 1	26,4	26,4	-0,0248	-0,0938	-0,0139	-0,0527	Diminution
LC	FA 1	18,2	17,3	-0,935	-5,14	-0,754	-4,14	Diminution
NGE	FA 2	47,4	52,9	5,55	11,7	4,1	8,65	Augmentation
NEF	FA 2	17,9	18,4	0,466	2,6	0,389	2,17	Augmentation
LE	FA 2	7,03	7,29	0,266	3,79	0,2	2,85	Augmentation
CHL	FA 3	48,4	49,4	1,05	2,18	0,673	1,39	Augmentation
NEM	FA 3	341	364	23,3	6,84	6,02	1,77	Augmentation
RR	FA 3	46,9	54,1	7,17	15,3	3,8	8,11	Augmentation
PMG	FA 4	43,6	42,5	-1,1	-2,52	-0,771	-1,77	Augmentation
SF	FA 4	27,0	26,7	-0,299	-1,11	-0,0918	-0,34	Augmentation

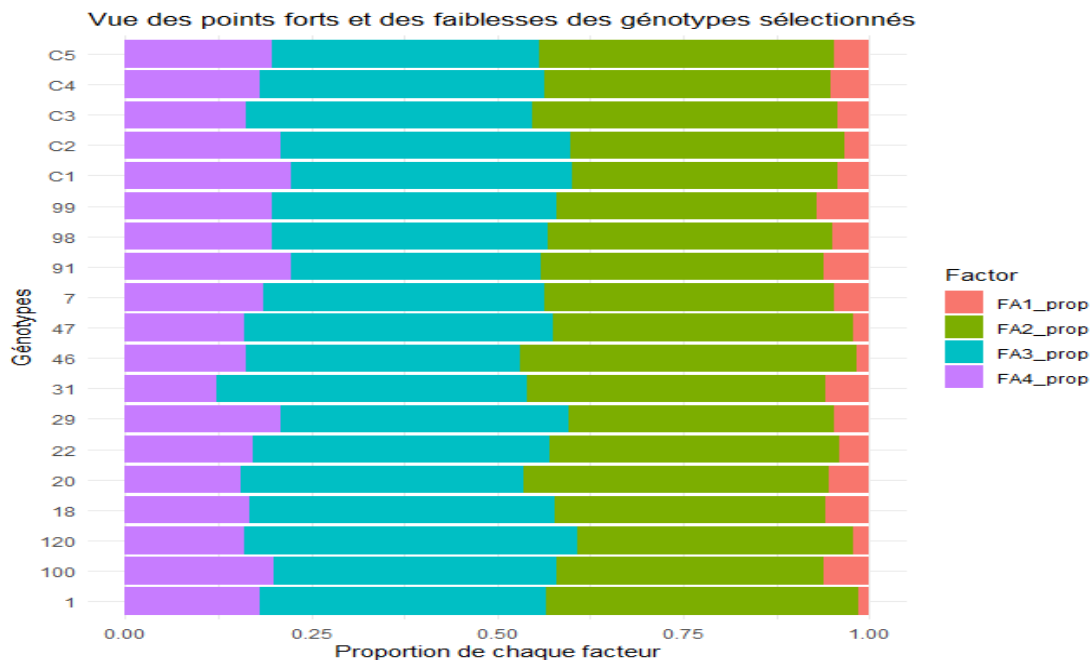


Figure 47: Graphe montre les forces et les faiblesses des génotypes identifiés par rapport aux facteurs regroupant les paramètres étudiées.

4. Discussion

La présente étude a montré une variabilité entre les génotypes vis à vis des paramètres phénologiques, physiologiques et agro-morphologiques en réponse aux variations climatiques et environnementales, révélant des aspects de caractères distincts et des divergences génétiques. Diverses études menées sur l'espèce blé dur en mis en évidence une variation phénotypique entre les génotypes (Mansouri et *al.*, 2018 ; Robbana et *al.*, 2019 ; Haddad et *al.*, 2021 ; Bendjama et Ramdani, 2022 ; Fellahi et *al.*, 2024).

La variation observée au niveau d'un même paramètre entre les deux campagnes agricoles des deux sites étudiés est attribuée à plusieurs facteurs, notamment des facteurs abiotiques comme la nature du climat, l'humidité et la température journalières, la quantité et la fréquence des précipitations tout au long du cycle végétatif de la plante. La plante et les facteurs biotiques, y compris l'impact des pathogènes (pucerons) et des maladies fongiques qui attaquent la biomasse aérienne des génotypes, tous ces facteurs influençant indirectement sa physiologie, conduisant finalement à la synthèse de métabolites défensifs ou à un changement de leur architecture. Des aspects techniques, comme la période à laquelle les paramètres sont mesurés, peuvent également influencer la variation observée. De plus, l'effet de bordure peut avoir un impact significatif sur la performance des génotypes.

✓ Paramètre phénologique

La précocité est un paramètre phénologique essentiel en céréaliculture, qui aide à réduire l'effet du stress hydrique et de la chaleur en fin de cycle sur la période de formation des grains (Slama et *al.*, 2005). La variation de ce paramètre a été bien marquée sur le site de Constantine durant la deuxième campagne agricole où on a noté une réduction remarquable de nombre du jour à l'épiaison à cause des hautes températures enregistrées durant le printemps, provoquant un raccourcissement du cycle végétatif de la plante. Ce qu'on appelle le phénomène de l'esquive (Mekhlouf et *al.*, 2006). Les génotypes d'Australie et des Etats-Unis ont présenté un cycle végétatif plus court sur les deux sites, suivie par les génotypes du CIMMYT, de l'ICARDA et du Mexique. De Vita et *al.* (2007) ont indiqué que les cultivars modernes sont sélectionnés pour une maturité précoce et une hauteur réduite afin d'améliorer leur adaptation aux environnements semi-arides. Les variétés locales d'Iran, de Chypre, de Jordanie et d'Algérie (Guemgoum Rkhem, Beliouni, MBB, Djenah-Khetifa, Bidi 17), ont montré un cycle végétatif plus long sur les deux sites. Ces observations sont cohérentes avec la littérature sur les espèces locales par Royo et *al.* (2007), ainsi qu'avec les travaux de Khennaoui, (2018) portant sur 26 génotypes de blé dur, incluant des variétés locales algériennes dans la région d'El-Khroub à Constantine.

✓ Paramètres morphologiques

Sur les deux sites et durant les différentes campagnes agricoles, les génotypes australiens et ceux des États-Unis ont présenté la plus petite taille. Les génotypes du CIMMYT, ICARDA et Mexique issuent de même pool génétique ont présenté aussi des tailles semi-naines, tandis que la majorité des variétés locales de Chypre, de Jordanie et d'Algérie ont présenté la plus haute taille. Nos résultats sont en accord avec l'étude porté par Amokrane et *al.* (2002) sur des variétés de blé dur d'origine algérienne, syrienne et européenne, où ils ont trouvé que les variétés locales anciennes ont été manifestées par leur haute taille par rapport aux variétés syriennes et européennes. Selon Royo et *al.* (2007), l'écart de hauteur des plantes entre le matériel génétique importé et locale et dû à la présence ou à l'absence des gènes de nanisme Rht1 et Rht2.

Une réduction marquée de la hauteur des plantes a été constatée sur le site de Constantine lors de la deuxième campagne agricole pour la majorité des génotypes. Cette campagne, marquée par une faible pluviométrie et des températures élevées durant la période montaison-épiaison, a

poussé les plantes à concentrer leur énergie prioritairement sur la production de graines au détriment de la croissance végétative, tout en limitant la perte d'eau par transpiration. Dans des conditions de sécheresse, le déficit hydrique entrave la photosynthèse ainsi que le transport des métabolites et des nutriments, notamment au stade d'élongation des tiges, ce qui entraîne une réduction de la hauteur (Sarto *et al.*, 2017).

Amokrane *et al.* (2002), ont observé que la réduction de la taille des plantes sous contrainte environnementale est plus marquée chez les variétés anciennes hautes, avec une perte d'environ 40 cm, contre seulement 10 cm pour les variétés récentes semi-naines. Ce qui est en accord avec nos résultats, où on a enregistré une diminution de hauteur de plante durant la deuxième campagne du site de Constantine de l'ordre de 39 cm pour Bidi17, 31 cm pour Djennah-khetifa, 23 cm pour MBB, 18 cm pour Montpellier, variété ancienne de la France tandis qu'elle est de l'ordre de 12 cm pour Waha et 8 cm pour Ofanto.

Une surface foliaire plus développée a été observée sur le site d'Alger, probablement grâce à des conditions climatiques optimales. En revanche, dans un environnement semi-aride, la réduction ou l'enroulement de la feuille étandard limite la perte d'eau et atténue l'effet du stress. Zhao *et al.* (2018), ont suggéré que les génotypes de blé ayant une taille relativement plus large de la feuille étandard tendent à produire un plus grand nombre de grains par épi, ce qui pourrait optimiser un haut potentiel productif. Les variétés anciennes et locales de France, Jordanie, Algérie et Iran présentent des épis plus longs et une surface foliaire plus grande que les variétés modernes introduites du CIMMYT, de l'ICARDA, du Mexique, d'Australie, des États-Unis et d'Italie.

Une réduction inter-année pour le site de Constantine a été notée pour la longueur du col de l'épi. Ces résultats sont en accord avec ceux trouvés par Hebbache, (2021) qui a montré qu'une diminution de la longueur du col de l'épi assure un acheminement rapide des éléments nutritifs stockés vers l'épi, constituant ainsi un mécanisme d'adaptation à la sécheresse.

✓ Paramètres physiologiques

Une diminution de la teneur en chlorophylle a été observée sur le site d'Alger, tandis qu'une augmentation a été notée sur le site de Constantine au cours de la deuxième campagne agricole. Selon Atar *et al.* (2020), les variations saisonnières de la teneur en chlorophylle diffèrent selon les

espèces et peuvent être attribuées à leurs caractéristiques génétiques. De plus, la quantité de chlorophylle dans les plantes est fortement influencée par divers facteurs environnementaux, notamment les conditions spécifiques du site. Dans cette étude, deux génotypes à savoir Omrabi5 de Syrie et Altar 84 du CIMMYT se sont distingués par une teneur élevée en chlorophylle, observée sur les deux sites et au cours des deux campagnes. D'autres génotypes provenant d'Italie, de l'ICARDA, du CIMMYT, du Mexique et d'Algérie ont également montré une présence constante, bien que les génotypes de ces pays ont varié entre les sites et les campagnes. Beche et *al.* (2014), ont montré que les nouveaux cultivars de blé présentent des teneurs en chlorophylle légèrement supérieures à celles des variétés plus anciennes, faisant de ce caractère un critère clé dans les progrès de la sélection. Ce qui est en accord avec les résultats trouvés.

La teneur élevée de la chlorophylle observée sur le site de Constantine durant la deuxième campagne peut être un signe à un stress. Selon Anjum et *al.* (2011), la forte concentration en chlorophylle notée dans ces échantillons est un signe de leur potentiel à stocker de la matière sèche sous des conditions de stress oxydatif induit par les contraintes hydriques et thermiques. Hebbache, (2021) a trouvé dans son étude sur quelques génotypes d'orge dans un milieu semi-aride une bonne teneur en chlorophylle malgré des conditions sèches. Ce phénomène a été expliqué par le mécanisme de « stay-green » pour assurer le fonctionnement de la chaîne photosynthétique. Selon Khadka et *al.* (2020), les variétés ayant une teneur plus élevée en chlorophylle et une dégradation lente de la chlorophylle sont potentiellement plus tolérantes à la sécheresse. Par conséquent, ce trait est un caractère important, qui peut être exploité pour évaluer un stress et prédire une production plus élevée.

Une légère variation et une faible température du couvert végétal ont été observées sur le site d'Alger durant les deux campagnes agricoles et lors de la première campagne à Constantine, avec des conditions climatiques favorables et peu de différences entre les génotypes. Rabeti (2021), a montré que les températures basses du couvert végétal sont des indicateurs d'un meilleur état hydrique de la plante, maintenu par la présence de mécanismes favorisant l'absorption de l'eau du sol. Cette constatation peut être expliquée dans notre cas par la texture argileuse du sol des deux sites étudiés, qui permet de conserver l'humidité pendant une longue période. Tandis qu'une augmentation significative d'environ 15°C a été notée sur le site de Constantine au cours de la deuxième campagne agricole. Cet écart est, dans une certaine mesure, justifié par le fait que la mesure

a été effectuée dans la plage horaire prévue pour ce paramètre (entre 11 et 14 heures), un jour où la température maximale de l'air était d'environ 42°C, ce qui affectera inévitablement le feuillage par une augmentation de sa température. Dans l'étude actuelle, 24 génotypes de blé dur ont été analysés, selon Talebi (2011), présentant des températures variant de 20,3 à 23,6°C dans des conditions standards et de 34,4 à 42,5°C en situation de stress. Selon Reynolds et *al.* (1994), les génotypes tolérants aux stress hydriques et thermiques ont la capacité de garder la température de leur feuillage en dessous de celle de la température maximale environnante. Nos résultats sont concordés aussi à ceux de Rabti (2021), qui a étudié les caractéristiques thermiques de variétés récentes et anciennes de blé dur dans un environnement semi-aride, révélant des différences minimales. Ses résultats ont montré que les températures moyennes étaient respectivement de 27,81 °C et 27,77 °C. Selon Singh et *al.* (2022), la température du couvert végétal a été documentée comme un critère de sélection important pour identifier les génotypes potentiels qui peuvent éviter l'impact du stress thermique en absorbant plus efficacement l'eau du sol grâce à leurs caractéristiques racinaires supérieures.

✓ Paramètres agronomiques

Dans cette étude, la performance des génotypes pour les paramètres liés au rendement, varie d'un site à l'autre et d'une saison agricole à une autre. Ces variations s'expliquent par l'interaction entre le génotype et l'environnement dans lequel il évolue et sa capacité à s'adapter aux conditions climatiques spécifiques. Ce qui donne lieu à un classement différent des génotypes.

Les génotypes du CIMMYT, de l'ICARDA et du Mexique ont affiché des moyennes similaires pour les paramètres agronomiques, reflétant probablement des échanges génétiques entre ces centres de recherche visant à améliorer la productivité. Les génotypes d'Australie et des États-Unis ont également montré des rendements élevés, confirmant la supériorité des génotypes précoces en termes de productivité. Plusieurs études réalisées sur différents germoplasmes de blé dur, concernant les composants du rendement, comme celle d'Amokrane et *al.* (2002), qui ont mené une étude dans la région de Sétif et ont trouvé que les divergences entre les sources de germoplasme (algérienne, syrienne et européenne) étaient minimales en ce qui concerne le nombre d'épis par mètre carré, tandis qu'elles étaient plus significatives pour le rendement en grains et le PMG. Ils ont constaté que les anciennes variétés locales présentaient une productivité supérieure, donc, les per-

formances des germoplasmes varient davantage selon l'environnement de production que leur origine. De plus, Amallah (2017) a constaté que les génotypes issus des centres de recherche de l'ICARDA et du CIMMYT présentaient le nombre de grains par épi le plus élevé, tandis que les variétés marocaines affichaient les valeurs les plus élevées pour le PMG. Royo et *al.* (2007), ont trouvé que, les composants du rendement des génotypes italiens et espagnols ont peu varié, probablement en raison des différentes approches de sélection utilisées par les deux pays pour améliorer le rendement des céréales au cours du 20^{ème} siècle. Cela concorde avec nos résultats pour ces deux types de germoplasme, qui ont présenté des moyennes similaires pour le nombre d'épillets fertiles par épi, ainsi qu'une légère variation concernant le nombre de grains par épi et le PMG.

Une réduction significative des composantes du rendement a été constatée chez la plupart des génotypes lors de la deuxième campagne agricole à Constantine, en raison d'une année agricole sèche. Le manque d'eau et l'élévation des températures en fin de cycle sont les causes principales qui contribuent à la réduction du rendement, ceci est justifié par l'avortement des épillets, la stérilité ou le dessèchement du pollen ce qui affecte la fertilité de l'épi (Sall et *al.*, 2018). Anjum et *al.* (2011), ont rapporté que la sécheresse perturbe la croissance et le développement des plantes, entraînant une réduction du transport des réserves stockées et une baisse des activités enzymatiques impliquées dans la synthèse de l'amidon nécessaires au remplissage du grain, ce qui impacte le PMG. Ces facteurs sont indispensables à la formation du rendement en grain. De nombreuses recherches (Sohail et *al.*, 2020 ; Singh et *al.*, 2022) ont également mis en évidence une baisse considérable du rendement en grains due à la sécheresse.

Cependant Bahlouli et *al.* (2004) ont mentionné que les génotypes ayant un PMG élevé compensent la réduction du nombre de grains par mètre carré causée par le stress. Aussi, il a été démontré que les cultivars de blé dur caractérisés par un poids de grain élevé sont plus stables dans tous les environnements (Royo et *al.*, 2007). Ces résultats ont été observés pour la variété Ofanto de l'Italie, la variété locale de l'Algérie Guemgoum Rkhem, et la variété GR Iran de l'Iran sur les deux sites étudiés et les deux campagnes agricoles.

Selon Fellah et *al.* (2002), l'emploi de génotypes tolérants peut réduire la perte de rendement en grains lors d'années marquées par des conditions contraignantes. À l'inverse, les génotypes sensibles offrent un meilleur potentiel dans les sites et les années les plus propices à la réalisation d'un niveau de production élevé.

✓ Héritabilité

Les estimations de l'héritabilité fournissent des informations sur la mesure dans laquelle un trait génétique spécifique est transmis aux générations suivantes (Muhu-Din Ahmed et *al.*, 2020). Diverses études sur le blé dur ont trouvé une héritabilité élevée pour certains paramètres agromorphologiques comme la précocité à l'épiaison et la hauteur de la plante (Mansouri et *al.*, 2018 ; Robbana et *al.*, 2021 ; Bendjama et Ramdani, 2022), le poids de mille grains et la surface foliaire (Haddad et *al.*, 2021), teneur en chlorophylle, longueur de l'épi, nombre de grains/épi et rendement en grain (Fellahi et *al.*, 2013). Dans cette étude, des valeurs élevées et stables d'héritabilité ont été constatées pour le poids de mille grains, la hauteur de la plante, la longueur de l'épi et celle du col de l'épi, sur les deux campagnes agricoles et dans les deux sites étudiés. Selon Xu et *al.* (2017), le PMG constitue une composante clé pour étudier indirectement l'amélioration du rendement en grains, grâce à son héritabilité relativement stable et élevée. De leur côté, Chehili et *al.* (2017), ont souligné que la longueur de l'épi est un paramètre peu affecté par les changements environnementaux, elle dépend de la quantité d'eau disponible pendant le cycle végétatif. En revanche, les autres paramètres ont montré des variations selon les campagnes agricoles et les sites, indiquant un effet marqué de l'environnement sur leur expression.

Fellahi et *al.* (2024), ont rapporté que les paramètres sensibles aux facteurs environnementaux, sont moins héréditaires, par conséquent, la sélection de ces derniers est difficile. Une condition favorable à la sélection est la présence d'un gain génétique élevée combinée à des estimations d'héritabilité élevées, ce qui signifie la présence d'effets génétiques additifs contrôlant le caractère (Ogunniyan et Olakojo, 2014). Dans cette étude, deux paramètres morphologiques ont réuni cette notion à savoir la hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi sur les deux sites.

Corrélation entre les différents paramètres à travers les quatre environnements

Une association positive entre le PMG et le rendement en grains a été trouvée dans les environnements Alg 20/21, Alg 21/22 et Const 21/22, sauf dans l'environnement Const 18/19, où la corrélation était positive mais non significative, ceci est en accord avec les résultats obtenus par (Benkadjia et *al.*, 2024). Selon Erchidi et *al.* (2000), la production de grains chez le blé est plus étroitement liée à la fertilité de l'épi qu'au poids moyen du grain. Cependant, d'autres études ont montré que le nombre de grains par épi et le nombre d'épis par mètre carré sont les facteurs clés

de détermination de la productivité du blé dur en milieux méditerranéens (Royo et *al.*, 2007 ; De Vita et *al.*, 2010), ce qui est en accord avec nos résultats.

Mirosavljević et *al.* (2016), ont mentionné que les cultivars à haut rendement en grains se distinguent par une croissance rapide et une faible hauteur, en raison de la relation négative de ces deux paramètres et le rendement, ce qui corroborent avec nos résultats et les résultats trouvés par (Mulugeta et *al.*, 2023 ; Abdelrady et *al.*, 2024). Cependant, cette association a été trouvée positive pour l'environnement Const 20/21, ce qui peut être expliqué par le fait que les plantes ont allongé leur cycle de croissance pour éviter le stress terminal et favoriser davantage le stockage des assimilats.

Haddad et *al.* (2021) ont signalé une corrélation positive entre la durée du cycle de développement végétative et la hauteur de la plante, ce qui est en accord avec nos résultats, signifiant que les cultivars hauts présentaient un retard d'épiaison mais produisaient plus de paille.

La température du couvert végétal a montré une corrélation négative avec le rendement. Des résultats similaires ont été trouvés par (Singh et *al.*, 2022 ; Benkadja et *al.*, 2024). Selon Talebi, (2011), sous stress hydrique une température de couvert végétal élevée a provoqué une baisse de rendement car les plantes n'ont pas pu maintenir une transpiration suffisante pour compenser la perte d'eau. Une corrélation significative positive entre la teneur en chlorophylle et le rendement dans l'environnement Alg 21-22 mais elle est positive mais non significative pour les autres environnements, ceci est en accord avec les résultats trouvés par Gao et *al.* (2017). Ozturk, (2020) a mentionné que sous conditions pluviales, les génotypes avec un rendement élevé sont ceux qui ont une teneur en chlorophylle élevée et une température du couvert végétal faible.

Une corrélation négative a été trouvée entre la hauteur de la plante, le nombre de grains/épi et le nombre d'épis/m². Fellahi et *al.* (2024), ont mentionné que les cultivars courts produisent des épis plus lourds, une meilleure fertilité, un nombre élevé des épis et une translocation efficace des assimilats, augmentant ainsi les rendements. Cela indique un lien entre les gènes nanifiants et ceux contrôlant les traits des épis et la répartition des assimilats vers les grains.

La hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi ont présenté une corrélation positive significative avec le rendement dans l'environnement Const 20/21. Ces deux paramètres ont été suggérés comme des critères importants pour le choix des génotypes en période de sécheresse, en

raison de leur rôle dans l'accumulation et le transfert des nutriments vers la graine (Gate et *al.*, 1993 ; Meriem et *al.*, 2016).

Les résultats de l'analyse de corrélation entre les différents paramètres du blé varient parfois d'une étude à l'autre. Les simples coefficients de corrélation linéaires peuvent ne pas refléter clairement l'association entre deux caractères lorsqu'elle est influencée principalement par des facteurs environnementaux, car cela peut avoir une incidence positive sur certaines variétés et l'effet inverse sur d'autres, révélant des comportements distinctes (Fellahi et *al.*, 2013 ; Ohm et *al.*, 2017).

En considérant l'effet de chaque paramètre sur le rendement en grains dans chaque site, certains peuvent être identifiés comme critères de sélection contribuant au rendement, aussi bien en conditions favorables qu'en situation de stress. La précocité à l'épiaison, la hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi se sont distinguées en situation de stress, comme dans l'environnement Const 20-21, tandis que la teneur en chlorophylle et les composantes du rendement ont principalement émergé en conditions favorables. Selon Cattivelli et *al.* (2008), la sélection indirecte, basée sur des critères associés au rendement qui sont davantage héritable et moins sensibles aux variations environnementales, tend à être généralement plus efficace que la sélection directe.

✓ **Analyse de la stabilité du rendement et les différents paramètres étudiés**

Dans cette étude, l'analyse du rendement en grain sur les quatre environnements, a montré que la grande variation a été attribuée à l'interaction génotype x environnement. Des résultats similaires ont été trouvés par (Farshadfar et *al.*, 2012 ; Sharifi et *al.*, 2017 ; Wodebo et *al.*, 2023). Tandis que pour (Sall et *al.*, 2018 ; Derbew et *al.*, 2024), la grande variation a été attribuée à l'effet environnement, et pour Shimray et *al.* (2022), la grande variation a été attribuée à l'effet génotype. Selon Farshadfar et *al.* (2012), la forte variation due à l'interaction G×E s'explique par la présence de divers environnements générant à la fois des interactions croisées (cross over) et non croisées (non cross over). Les interactions croisées reflètent un changement de classement des génotypes selon les environnements, tandis que les interactions non croisées montrent un classement stable des génotypes malgré les variations environnementales. Tandis que pour Sharifi et *al.* (2017), la forte variation liée à G×E reflète des différences marquées entre les environnements, résultant en des variations dans les mécanismes génétiques déterminants les processus physiologiques responsables de la stabilité du rendement dans diverses situations.

Un ensemble des génotypes ont été regroupé au centre de l'axe de biplot AMMI2 montrant une interaction G x E faible. Selon Malosetti et *al.* (2013), les génotypes qui se ressemblent ont tendance à se regrouper. Ce qui s'explique dans notre cas par l'effet minime de la variation attribué aux génotypes, due à l'existence des parents en commun ou bien une diversité génétique modérée dans la collection étudiée. Un génotype s'adapte mieux à un environnement lorsqu'il interagit positivement avec ses conditions spécifiques (Shimray et *al.*, 2022). Dans cette étude, les génotypes 52 et 46 ont présenté des scores de CPs de même signe que l'environnement Const 20-21, suggérant une interaction fortement positive (adaptation spécifique).

L'indice d'adaptabilité large d'AMMI (AWAI) a révélé 74 génotypes avec une valeur $AWAI < 0,96$, parmi lesquels 37 d'origines diverses ont été identifiés comme les plus stables et très productifs. Des résultats similaires ont été rapportés par Sall et *al.* (2018), qui, dans une étude portant sur 384 variétés de blé dur originaires de 30 pays, ont identifié 36 variétés issues de l'ICARDA et du CIMMYT, 3 d'Italie, 3 d'Espagne, 3 d'Australie, ainsi qu'une variété du Maroc, de Tunisie, des États-Unis et du Canada, présentant un rendement supérieur à la moyenne et une stabilité caractérisée par un AWAI inférieur à la moyenne ($AWAI < 5$). De même Zaïm et *al.* (2024), ont trouvé que deux lignées élites, l'une provenant de CIMMYT et l'autre de l'ICARDA, étaient les plus stables et performantes utilisant l'indice AWAI.

De nouvelles approches multivariées, telles que les indices MTSI et MGIDI, ont été appliquées pour identifier des génotypes stables présentant des caractéristiques multiples adaptées à une large gamme d'environnements (Benakanahalli et *al.*, 2021). Dans cette étude, l'indice de stabilité multi-traités (MTSI) a permis d'identifier 19 génotypes d'origines diverses (C5, C3, 98, C4, C2, C1, 120, 31, 29, 46, 100, 20, 47, 22, 18, 7, 99, 91 et 01) comme étant les plus performants et stables pour l'ensemble des paramètres étudiés sur l'ensemble des environnements. Cet indice a déjà été utilisé dans plusieurs études sur diverses cultures, dans des conditions climatiques variées, notamment en pluvial, en irrigation, sous stress hydrique, thermique et salin. Hussain et *al.* (2021) ont montré que cette technique est idéale pour les pays aux ressources limitées, car elle permet de réduire le temps et les coûts.

En se basant sur les résultats du rendement en grains obtenus avec le modèle AMMI et son indice AWAI et l'indice MTSI, certains génotypes ont été identifiés simultanément aux deux méthodes. Il s'agit de C1 et 98 et 99 (ICARDA), C2, C4 et 31 (Algérie), C5, C3 et 120 (CIMMYT),

100 (Mexique) ainsi que 18 (Syrie). Ces génotypes se sont distingués par leur rendement élevé, leur stabilité et leurs caractéristiques recherchées dans l'amélioration du rendement du blé.

Les deux approches ont également confirmé la performance et l'adaptation des cinq témoins aux conditions climatiques des environnements étudiés, choisis dès le départ selon ces critères.

5. Conclusion

Cette étude a démontré une variabilité génétique au sein des génotypes étudiés à travers les paramètres phénologiques, physiologiques et agro-morphologiques. L'évaluation réalisée sur deux sites aux conditions climatiques contrastées, sur différentes saisons agricoles, a permis de mieux comprendre le comportement des génotypes et leur interaction avec l'environnement, se traduisant par des différences dans leur morphologie et leurs performances agronomiques, aussi bien en conditions favorables que contraignantes. L'application du modèle AMMI et les indices AWAI et MTSI ont permis d'identifier des génotypes stables, performants et bien adaptés, provenant de plusieurs origines, reflétant les progrès réalisés depuis la révolution verte pour optimiser le rendement en grains.

Par ailleurs, certains génotypes algériens ont également montré une stabilité remarquable et une bonne expression des paramètres liés au rendement, méritant d'être suivis pour confirmer leur potentiel afin d'améliorer la productivité dans le secteur céréalier national.

L'étude d'association entre les différents paramètres a permis d'identifier ceux liés directement au rendement en conditions climatiques favorables, tels que le PMG, le nombre de grains par épi, le nombre d'épis par m² et la teneur en chlorophylle. En situation de déficit hydrique, des paramètres comme la hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi se sont révélés importants. De plus, ces deux derniers ont montré une forte héritabilité au sens large associée à un gain génétique élevé, ce qui pourrait faciliter les progrès en sélection.

Ce travail a également souligné l'importance des cinq témoins choisis dans notre étude expérimentale, qui ont démontré leur performance et leur stabilité dans les différents essais réalisés et donc bien choisi pour l'étude.

L'apparition de diverses formes de produits alimentaires dérivés de cette espèce et les attentes culinaires variées des consommateurs a conduit les transformateurs à chercher d'autres caractères liés à la qualité du grain de blé dur.

Chapitre 2

**Caractérisation physico-chimique
d'une collection de blé dur**

1. Introduction

L'amélioration de la qualité des produits agricoles constitue aujourd'hui un axe majeur de recherche à l'échelle mondiale, particulièrement après l'atteinte de l'autosuffisance en céréales alimentaires dans de nombreux pays (De Santis et *al.*, 2021). Parmi les cultures vivrières, le blé occupe une position stratégique de par son utilisation diversifiée sous forme de farine, de semoule et de produits transformés tels que le pain, les pâtes et autres dérivés céréaliers (Šramková et *al.*, 2009). Au-delà de sa valeur calorique, le blé présente un intérêt nutritionnel remarquable grâce à sa richesse en fibres alimentaires, en éléments minéraux et en composés bioactifs aux propriétés bénéfiques pour la santé humaine (De Santis et *al.*, 2021). Dans un contexte de croissance démographique soutenue et d'augmentation prévisible de la demande céréalière, l'enjeu actuel ne se limite plus à l'accroissement des rendements, mais intègre également l'amélioration de la valeur nutritionnelle, contribuant ainsi à la prévention des carences alimentaires. Toutefois, force est de constater que les programmes d'amélioration génétique ont historiquement privilégié les performances agronomiques quantitatives au détriment des aspects qualitatifs et nutritionnels (Šramková et *al.*, 2009).

Concernant spécifiquement le blé dur (*Triticum turgidum* L. var. *durum*), sa valorisation industrielle s'articule autour de deux dimensions complémentaires : la valeur semoulière, qui reflète l'aptitude du grain à la mouture et à la production de semoule de qualité, et la valeur pastière, qui caractérise les propriétés technologiques de la semoule pour la fabrication de pâtes alimentaires. L'évaluation standardisée de ces critères s'appuie sur des normes nationales et internationales homologuées, permettant d'harmoniser les référentiels qualité et de faciliter les échanges commerciaux (Amallah, 2017). Les critères de sélection pour la production de pâtes de haute qualité reposent principalement sur les caractéristiques intrinsèques du grain de blé dur, notamment sa teneur protéique élevée, la force et la ténacité de son gluten, ainsi que sa pigmentation jaune ambrée caractéristique (Roncallo et *al.*, 2012). Ces attributs déterminent in fine les propriétés culinaires et organoleptiques du produit fini.

Les facteurs qui influencent la qualité des grains de blé sont généralement divisés en deux catégories : les caractéristiques physiques et chimiques. Les attributs physiques englobent des éléments tels que l'apparence du grain, sa dureté, son aspect vitreux, son poids pour 1 000 grains, ainsi

que sa taille et sa forme. Les attributs chimiques comprennent la teneur en protéines, la qualité protéique et les tests de sédimentation (Goutam et *al.*, 2013).

Pour cela, l'objectif de ce chapitre est de caractériser une collection de blé dur à travers divers paramètres physico-chimiques, d'identifier les relations entre ces paramètres à l'aide d'une matrice de corrélation, afin de sélectionner les traits clés contribuant à l'amélioration de la qualité du grain de blé dur et de choisir les génotypes les plus performants en termes de qualité.

2. Matériels et méthodes

2.1. Matériel végétal

Le matériel végétal étudié comprend 125 génotypes de blé dur, qui ont déjà été caractérisés dans le premier chapitre, sur la base des grains récoltés lors de la campagne agricole 2020/2021 sur le site d'Alger.

2.2. Paramètres mesurés

Tous les paramètres physico-chimiques ont été mesurés en deux répétitions pour chaque génotype afin d'obtenir une valeur moyenne.

2.2.1. Paramètres physiques

1) Taux de mitadinage

Le mitadinage est une propriété qui se manifeste par une apparence opaque et farineuse des grains et est indésirable en raison de son impact négatif sur le rendement en semoule du blé dur.

La vitrosité a été déterminée sur un échantillon de 300 grains selon les normes ISO5532-1980 et NA1183-1990. Les grains ont été sectionnés transversalement à l'aide d'un scalpel et d'un farinotome de Pohl (plaque à 50 alvéoles). Six opérations de coupe successives ont été nécessaires pour analyser la totalité de l'échantillon (figure 48). Les résultats sont exprimés en pourcentage de grains mitadinés :

$$M (\%) = M_1 / M_2 \times 100$$

M₁ : nombre de grains entiers mitadinés présent dans les 300 grains

M₂ : nombre de grains entiers du prélèvement (300 grains)

2) Taux de vitrosité

Elle est calculée comme suit :

$$V (\%) = 100 - M \quad \text{avec}$$

M : pourcentage des grains mitadinés

3) Taux de Moucheture

Il se distingue par une couleur brun foncé ou noire, au niveau du germe et de la zone adjacente (CGC, 2022). La détermination de ce paramètre se fait selon la méthode BIPEA, norme ISO 7970, et est évaluée visuellement sur un échantillon de 20 grammes de grains de blé dur (figure

48), et les résultats sont exprimés en grammes de grains mouchetés pour 100 g de l'espèce considérée selon cette formule :

$$M (\%) = M_1 / M_2 \times 100$$

M₁ : masse en gramme de grains entiers mouchetés présents dans un échantillon de 20 g

M₂ : masse en gramme du prélèvement (20 g)

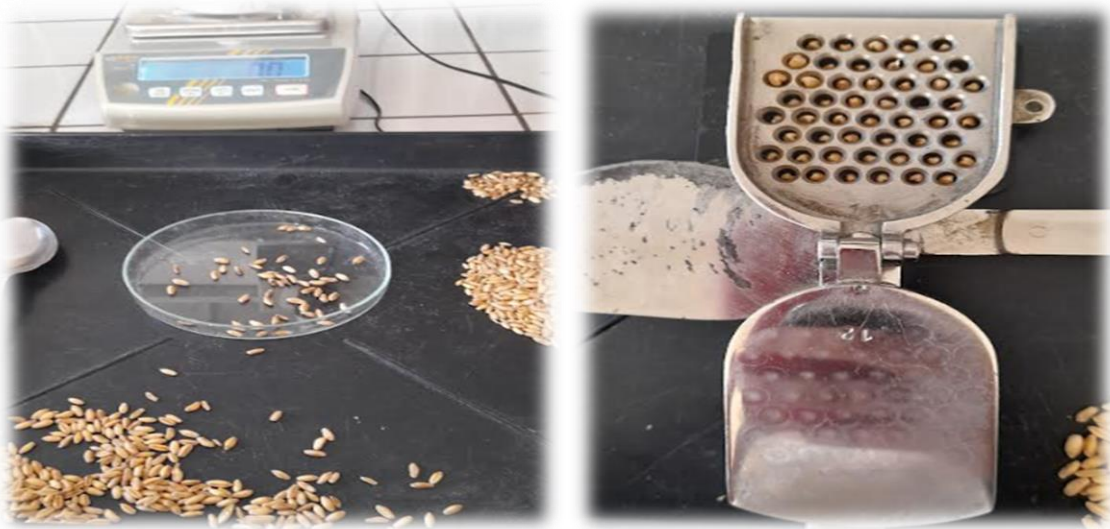


Figure 48: Détermination du taux de mitadinage (à droite) et taux de moucheture (à gauche)

4) Teneur en humidité des grains et de la semoule

La teneur en eau est mesurée en exposant à la chaleur un prélèvement, soit des grains entiers pendant deux heures, soit de la semoule pendant une heure et demie à 130 °C dans un four Chopin semi-automatique, en suivant la méthode 44-15.02 de l'AACC International et les normes de la commission internationale de l'éclairage (CIE). Les résultats sont obtenus comme suit : **H (%) = {(M₁-M₂) / (M₁ – M₀)} x 100** avec

H : teneur en eau

M₁ : le poids de prélèvement + récipient métallique (avant séchage)

M₂ : le poids du récipient

M₀ : le poids de la prise d'essai + le récipient (après séchage)

5) Coloration de la semoule

Elle est évaluée à l'aide d'un colorimètre Minolta de modèle CR-200 équipé d'un illuminant D65, en suivant la méthode 14.22 de l'AACC International. L'analyse de la couleur de la semoule a révélé deux composantes : l'indice de jaune (**b**) et luminosité (**L**) (figure 49).

b : lecture à la longueur d'onde 480 nm

L : lecture à la longueur d'onde 550 nm



Figure 49: Mesure de la couleur du semoule à l'aide d'un colorimètre

2.2.2. Paramètres chimiques

1) Teneur en gluten humide, sec et indice de gluten

Le gluten humide est obtenu à partir de 10 g d'échantillon de semoule mélangé avec une solution saline pour éliminer l'amidon et d'autres composants solubles à l'aide d'un extracteur de gluten (Glutomatic 2200, Perten Instruments, USA). La centrifugeuse Gluten Index permet de filtrer le gluten humide à travers une cassette à tamis spécialement conçue. La fraction de gluten retenue sur le tamis, appelée gluten résiduel, est ensuite utilisée pour obtenir l'indice de gluten. Le gluten humide est ensuite séché dans le Glutork 2020 pendant 4 min à une température 150°C pour donner la teneur en gluten sec, conformément à la méthode normalisée n° 38-12-A de l'AACC International. Les résultats sont exprimés par rapport à la matière sèche (figure 50).

Teneur en Gluten Humide (TGH %) = gluten humide totale (g) / poids du prélèvement (10g) x 100

Teneur en Gluten Humide (TGS%) = gluten sec totale (g) / poids du prélèvement (10g) x 100

Indice de gluten (IG) = $\frac{\text{gluten résiduel}}{\text{gluten humide totale (g)}} \times 100$



Figure 50 : Mesure du gluten humide et sec

2) Test de sédimentation (SDS)

Ce test est utilisé pour évaluer la qualité des protéines du gluten et permet d'obtenir des informations sur l'élasticité et la résistance du gluten. Elle est basée sur la procédure normalisée n° 56-70 de (AACC, 2000) International et le protocole d'Axford et *al.* (1979).

Le volume de sédimentation est obtenu en mélangeant 6 g de semoule avec 50 ml d'eau distillée, agitant ce mélange pendant 15 secondes, répétant l'agitation trois fois toutes les deux minutes, puis en ajoutant immédiatement 50 ml de la solution sodium-dodecyl sulfate-acide lactique préparée (composée de 1 L de SDS à 30% et 20 ml de solution d'acide lactique diluée à 88 %). Après une agitation de 15 secondes, répétée quatre fois chaque deux minutes, on laisse reposer pendant 20 minutes. Ensuite, on lit directement sur l'éprouvette graduée le volume de sédimentation en ml (figure 51).



Figure 51: Mesure du volume de sédimentation

3) Teneur en protéines

Elle est déterminée en utilisant la méthode de Kjeldahl. Cette méthode implique la minéralisation d'un échantillon de 1g de grains entiers moulus avec de l'acide sulfurique concentré en présence d'un catalyseur à base de silinium, suivie d'une distillation du produit obtenu après neutralisation avec une solution de soude à 40%. L'ammoniaque formée est entraînée par la vapeur et neutralisée avec de l'acide borique (figure 52). La teneur en azote totale N est calculée à l'aide d'une formule, et en multipliant ce résultat par un coefficient de conversion de 5,7 (Nassif et *al.*, 2012). La teneur en protéines est déterminée par rapport à la matière sèche comme suit :

$$P (\%) = (N \times 5,7) \times 100/100-H \quad \text{où}$$

N : teneur en azote totale, **H** : teneur en humidité des grains entiers



Figure 52: Détermination de la teneur en protéines

4) Teneur en cendres

La proportion de minéraux constitue un paramètre essentiel de sa qualité et de son utilisation, permettant de déterminer le rendement d'extraction de la semoule. Les grains de blé entiers contiennent entre 1,17 % et 2,96 % d'éléments minéraux (Obert et *al.*, 2004).

La teneur en cendres a été évaluée en pesant le résidu qui demeure après avoir incinéré un échantillon de 2 g de mouture de grains entiers jusqu'à ce que toutes les matières organiques soient entièrement brûlées et deviennent de couleur gris clair (figure 53). Cette incinération est effectuée dans un four à moufle électrique à une température de 550 °C pendant 4 heures, conformément à la méthode n° 08.08.01 de l'AACC International. Les résultats sont rapportés à la matière sèche comme suit :

$$C (\%) = (M_2 - M_1) \times 100 / M_0 \times 100 / 100 - H \text{ où}$$

M₀ : est la masse en (g) de la prise d'essai

M₁ : est la masse en (g) de la capsule d'incinération

M₂ : est la masse en (g) de la capsule d'incinération et du résidu d'incinération

H : teneur en eau des grains entiers



Figure 53: Détermination de la teneur en cendres

2.3. Traitement des données

Une analyse descriptive de l'ensemble des paramètres physico-chimiques a été calculée en utilisant la fonction « summary » du logiciel R version 4.1.2.

Une analyse de la variance a été réalisée à un seuil de signification de 0,05 en utilisant le package « augmentedRCBD » dans R studio version 4.1.2. La variance phénotypique (σ^2_p), la variance génotypique (σ^2_g) ainsi que le coefficient de variation génotypique et phénotypique (CVG), (CVP), l'héritabilité au sens large (H^2), le gain génétique (GG) et le gain génétique en pourcentage de la moyenne (GGM) ont été obtenus en utilisant la formule suggérée par Johnson et *al.* (1955) et Acquah, (2009) comme suit :

$$CVP = 100 \times (\sqrt{\sigma^2_p}) / \mu,$$

$$CVG = 100 \times (\sqrt{\sigma^2_g}) / \mu,$$

$$H^2 = \sigma^2_g / (\sigma^2_p) \times 100,$$

$$GG = H^2 \times k \times \sigma_p$$

Où σ^2_p est la variance phénotypique, σ^2_g est la variance génotypique, μ est la moyenne générale du caractère et k est l'efficacité de la sélection, qui est de 2,06 à une intensité de sélection de 5 %.

Les valeurs du CVP et du CVG ont été classées comme faibles (0-10%), modérées (10-20%) et élevées (>20%) (Sivasubramaniam et Madhava Menon, 1973).

Selon Robinson et al, (1949), la valeur h^2_{sl} de classée comme faible (0 à 30 %), modérée (30 à 60 %) et élevée (> 60 %).

$GGM = (GG/\mu) \times 100$, Selon (Falconer et Mackay, 1996), la GGM a été classée comme faible : 0 à 10 %, modérée : 10 à 20 % et élevée : 20 % et plus.

L'analyse en composantes principales (ACP) a été réalisée sous le logiciel R à l'aide des packages « factoextra » et « Factoshiny ». Les coefficients de corrélations Pearson sont calculés utilisant le package « metan » de R. La classification hiérarchique a été réalisée à l'aide de package R « factoextra ».

L'indice de distance génotype-idéotype multi-traits (MGIDI), utilisé pour estimer les performances des génotypes sur la base de plusieurs paramètres, a été calculé à l'aide des fonctions *gamem* et *mgidi* du package « metan » de R.

3. Résultats

3.1. Description de la variabilité physico-chimique de la collection du blé dur

L'analyse de la variance a révélé une différence hautement significative entre les génotypes, les témoins et génotype x témoin, pour l'ensemble des paramètres physico-chimiques étudiées, $P \leq 0,01$ (annexe 2 ; tableau 1). Le coefficient de variation le plus élevé a été observé pour le taux de moucheture (63,24 %) et le plus faible pour la luminosité (1,80 %) (annexe 2 ; tableau 2).

3.1.1. Paramètres physiques

❖ Taux de moucheture

Il est varié de 0,38 % pour le génotype 61 à 13,88 % pour le génotype 99, avec une moyenne de 4,08 % (figure 54). Selon les normes du BIPEA, certifié ISO 9001, la majorité des génotypes ont présenté un taux de moucheture (Mou) inférieur à 5 %, les classant comme résistants (tableau 15). Les cinq témoins ont présenté un taux de moucheture < 5%.

En fonction de l'origine des génotypes, le génotype iranien a présenté le taux de moucheture le plus faible (0,38 %), tandis que les génotypes syriens ont enregistré la valeur la plus élevée (5,35 %) (figure 54). Toutes les variétés locales algériennes ont présenté un taux de moucheture inférieur à 5 %

Tableau 15 : Description des génotypes en fonction du taux de moucheture

Paramètre	Description	Génotypes
Taux de moucheture	résistance < 5%	88
	> 5%	37

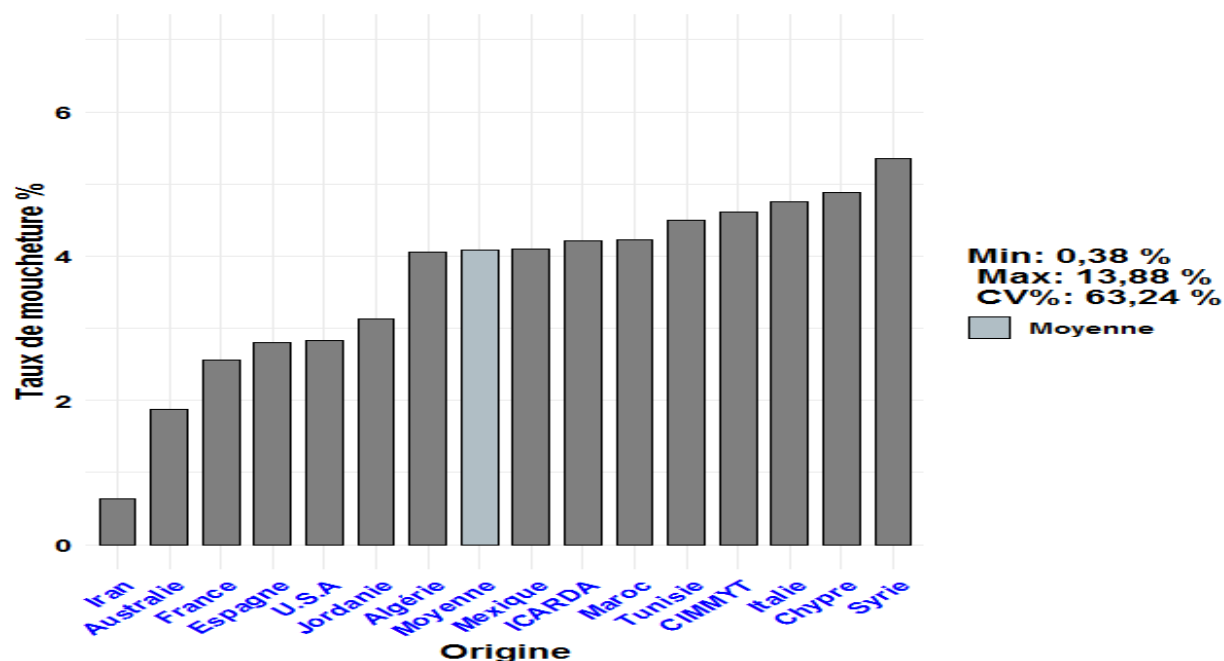


Figure 54: Variation du taux de moucheture entre les géotypes en fonction de leur origine

❖ Taux de vitrosité

Quarante-quatre géotypes ont affiché un taux de vitrosité (Vit) supérieur à 80 % selon les normes établies par ISO 5532-1980 et NA 1183-1990 (Tableau 16). Le géotype 64 a affiché le taux le plus élevé (97,04 %), tandis que le géotype 124 a enregistré le plus faible (7,54 %). Le témoin C2 a dépassé 80 %, tandis que les autres témoins variaient entre 50 et 70 %.

En se basant sur l'origine des géotypes, le géotype iranien a enregistré le pourcentage le plus élevé de vitrosité (97,01 %), tandis que les géotypes du CIMMYT ont affiché la valeur la plus faible (61,89 %) (figure 55).

Tableau 16 : Description des géotypes en fonction du taux de vitrosité

Paramètre	Description	Géotypes
Taux de vitrosité	résistance >80 %	44
	< 80 %	81

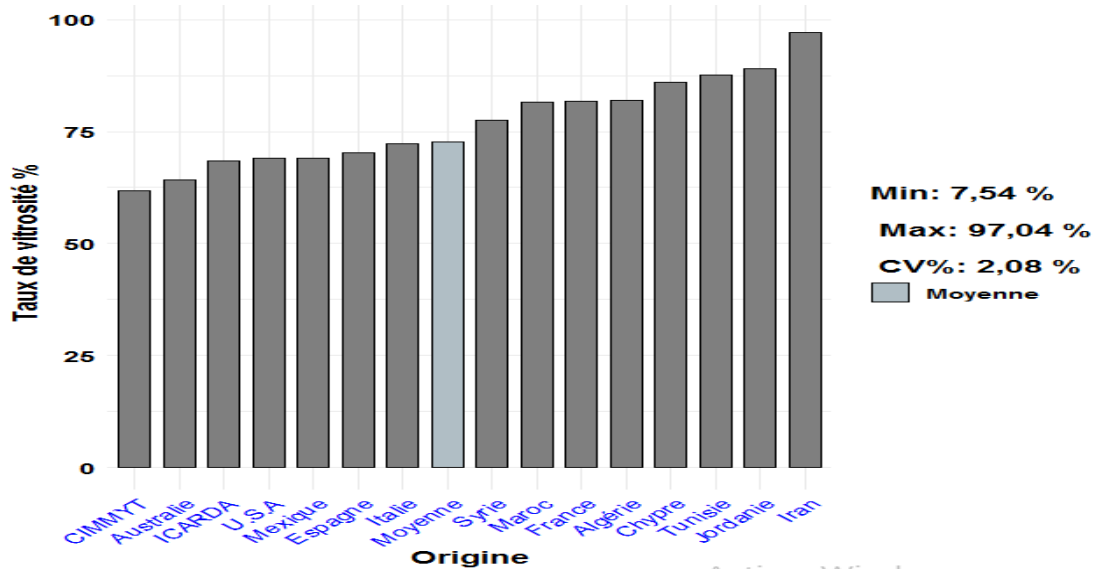


Figure 55 : Variation du taux de vitrosité entre les génotypes en fonction de leur origine

❖ Humidité du grain et de la semoule

Les valeurs moyennes d'humidité du grain (Hum) et de la semoule (Hse) étaient respectivement de 11,74 % et 11,99 %, conformes à la norme ISO, 2019 qui fixe un seuil maximal de 14,5 %. La majorité des génotypes ont montré des valeurs d'humidité globalement concentrées autour de la moyenne (figure 56).

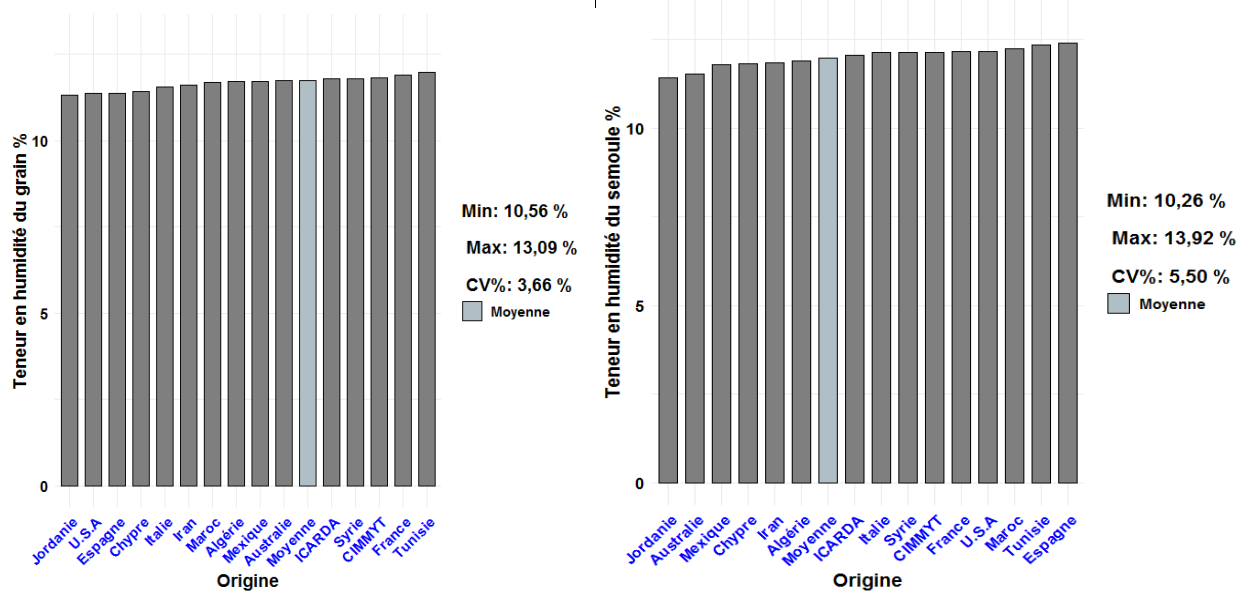


Figure 56: Variation du teneur en humidité du graine (à gauche) et de la semoule (à droite) entre les génotypes en fonction de leur origine

❖ Coloration de la semoule

Les valeurs de l'indice de jaune (InJ) variaient de 8,63 pour le génotype 124 à 24,38 pour le génotype 121, tandis que la luminosité (Lum) fluctuait entre 82,14 (génotype 11) et 92,84 (génotype 124) (figure 57). Conformément aux normes établies par la Commission Internationale de l'Éclairage (CIE), les 125 génotypes ont présenté un faible indice de jaune et de brun (tableau 17).

Tableau 17 : Description des génotypes en fonction de la coloration du semoule

Paramètres	Description	Génotypes
Indice de jaune	Faible < 28	125
	Moyen 28-35	0
	Elevé > 35	0
Luminosité ou Indice de brun (100-Lum)	Faible < 18	125
	Moyen 18-21	0
	Elevé > 21	0

En fonction de l'origine des génotypes, les génotypes de l'ICARDA ont présenté l'indice de jaune le plus faible (13,89), tandis que les génotypes australiens ont affiché les valeurs les plus élevées (20,7). Concernant, la Lum, les valeurs observées pour l'ensemble des génotypes étaient globalement proches de la moyenne (figure 57).

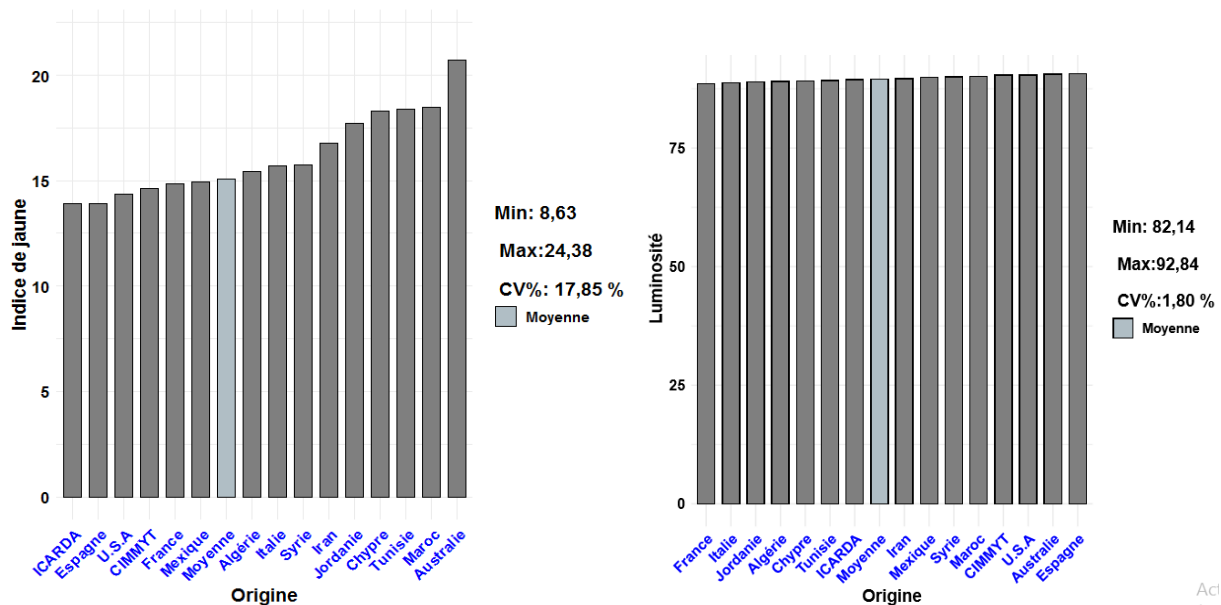


Figure 57 : Variation de la coloration de la semoule évaluée par l'indice de jaune (à gauche) et luminosité (à droite) entre les génotypes en fonction de leur origine

3.1.2. Paramètres chimiques

❖ Teneur en Protéines

Selon les normes ISO20433-2013 (F), la majorité des génotypes ont montré une teneur en protéine (Pro) moyenne, classée comme satisfaisante pour la valeur pastifiante. Les huit génotypes à teneur élevée (10, 121, 124, 59, 43, 68, 80, 82) étaient classés comme blé améliorant, tandis que ceux à teneur faible (111, 115, 14, 56, 57, 94) étaient destinés au domaine biscuitier. Les cinq témoins ont présenté une teneur moyenne en protéines (tableau 18).

Tableau 18 : Description des génotypes en fonction de la teneur en protéine

Paramètre	Description	Génotypes
Teneur en protéine	Faible <11 %	6
	Moyen 11 -15 %	111
	Elevé > 15 %	8

Selon l'origine des génotypes, le génotype chypriote a affiché la teneur en protéine la plus élevée avec 15,45 %, tandis que ceux des États-Unis ont montré la teneur la plus faible 10,89 % (figure 58).

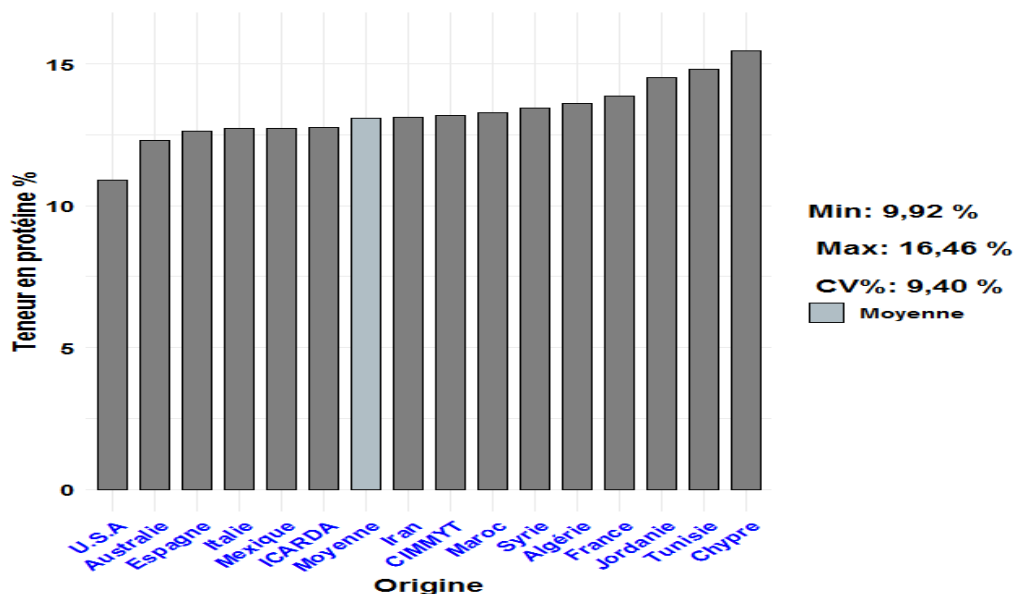


Figure 58 : Variation de la teneur en protéines entre les génotypes en fonction de leur origine

❖ Teneur en gluten humide et sec

Conformément aux normes ISO21415-2-2006 et NA19102-2014, la plupart des génotypes (84) ont présenté une proportion de gluten humide conforme aux farines courantes destinées à la fabrication des différentes sortes de pains et de pâtes alimentaires, tandis que 3 génotypes (30,115, 116) étaient classés comme blés biscuitiers. Selon les normes ISO21415-3-2006, 87 génotypes avaient une teneur en gluten sec indiquant une bonne qualité pastière, tandis que les 4 génotypes (121, 124, 80, 53), avec une teneur supérieure à 15 %, étaient considérés comme blés améliorants, produisant des pâtes de couleur foncée, ces génotypes ont aussi présenté une teneur élevée en gluten humide (tableau 19). Les cinq témoins ont été situés dans la fourchette de 27 à 37 % pour le gluten humide et de 11 à 15 % pour le gluten sec.

Une teneur élevée en gluten humide (Ghu) était associée à une teneur élevée en gluten sec (Gse) (figure 59). Selon l'origine de ces génotypes, le génotype chypriote a enregistré la teneur en gluten humide la plus élevée avec 41,28 %, tandis que les génotypes australiens ont affiché la teneur la plus faible avec 31,87 %. Concernant, le gluten sec, la valeur la plus basse a été observée chez le génotype marocain avec 10,91 %, et la plus élevée chez le génotype iranien avec 14,79 % (figure 59).

Tableau 19 : Description des génotypes en fonction de la teneur en gluten humide et sec

Paramètres	Description	Génotypes
Teneur en gluten humide	Faible 25-27%	3
	27-37 %	84
	> 37 %	34
Teneur en gluten sec	<11 %	34
	11 -15 %	87
	> 15 %	4

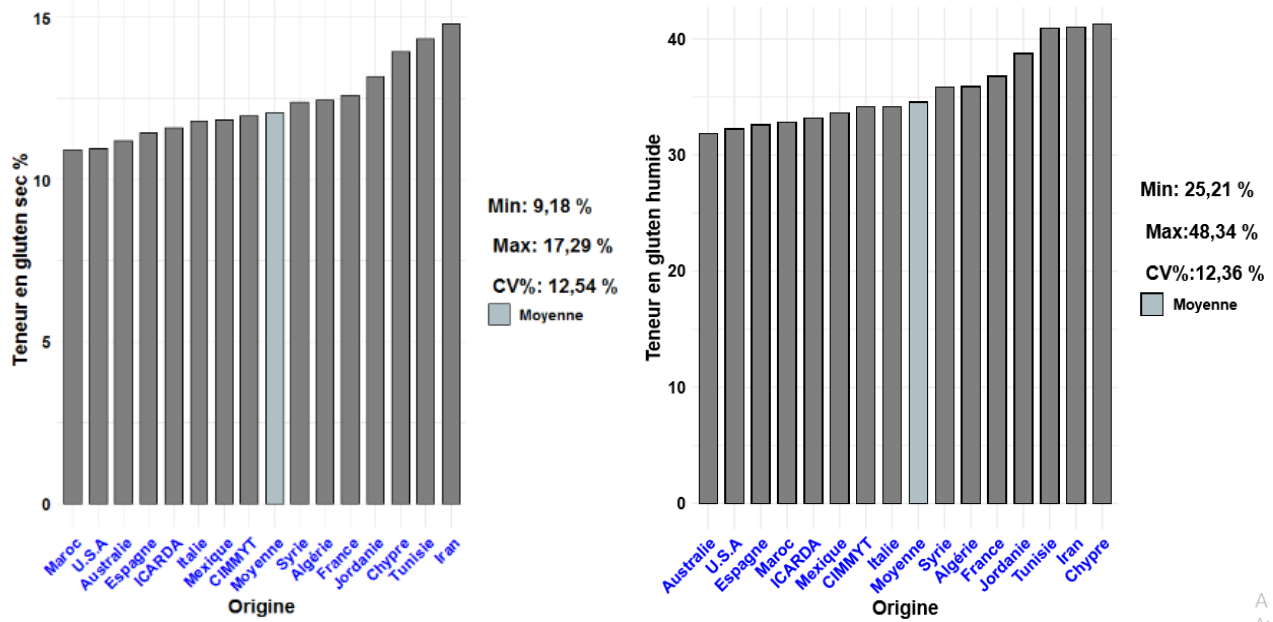


Figure 59 : Variation de la teneur en gluten humide (à droite) et en gluten sec (à gauche) entre les génotypes en fonction de leur origine

❖ Indice de gluten

L'indice de gluten (InG) variait de 11,5 % pour le génotype 12 à 98,65 % pour le génotype 3, avec une moyenne de 57,04 %. Selon les normes ICC 137, 70 génotypes étaient classés comme ayant un gluten mou, peu élastique et de faible valeur technologique, 43 comme ayant un gluten équilibré de bonne valeur technologique, et le reste des génotypes (103,115,116,119, 22,3,30,73,77,81,83,99) comme ayant un gluten élastique et résistant (tableau 20). Les témoins C1 et C4 ont affiché un indice de gluten de 50 à 60 %, tandis que C2, C3 et C5 ont une teneur entre 60 et 90 %.

Basant sur l'origine de ces génotypes, les génotypes de Jordanie et d'Australie ont présenté les valeurs les plus élevées, avec 77,13 % et 75,73 % respectivement, tandis que les génotypes tunisiens ont enregistré la valeur la plus faible, à 32,4 % (figure 60).

Tableau 20 : Description des génotypes en fonction de l'indice de gluten

Paramètre	Description	Génotypes
Indice de gluten	0-60 %	70
	60-90 %	43
	90-100 %	12

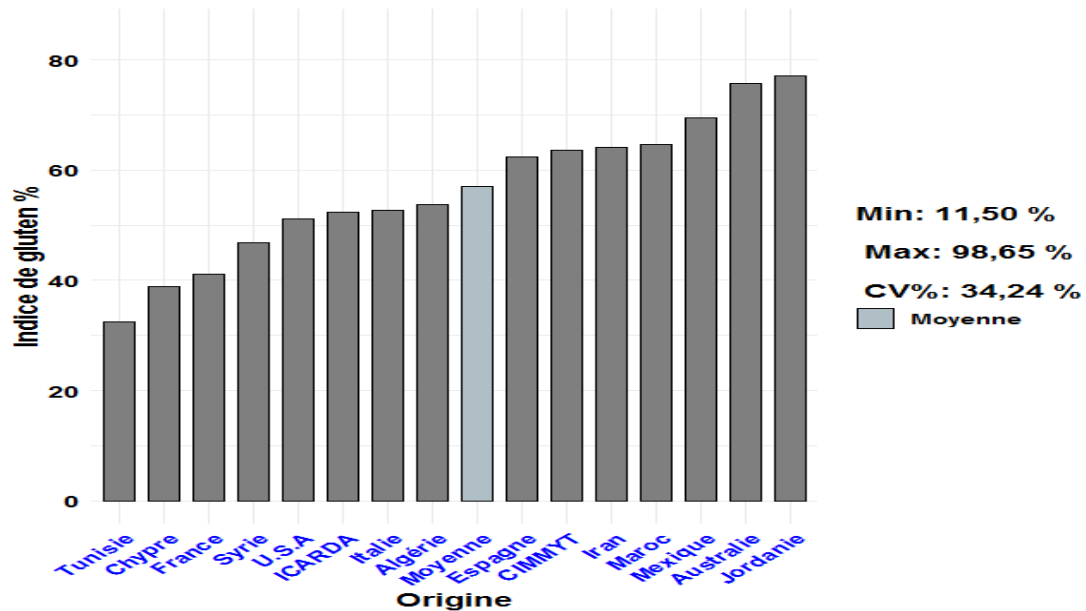


Figure 60 : Variation de l'indice de gluten entre les génotypes en fonction de leur origine

❖ Test de sédimentation

Le test de sédimentation (SDS) variait de 16,48 ml (génotype 87) à 83,11 ml (génotype 72), avec une moyenne de 47,49 ml. Selon les normes d'Axford et *al.* (1979), la quasi-totalité des génotypes ont présenté un gluten fort avec un volume de sédimentation supérieure à 35 ml (tableau 21). Le témoin C1 a affiché une force de gluten moyenne, tandis que les autres témoins ont présenté une force de gluten élevée.

Basant sur l'origine des génotypes, les génotypes marocains et australiens ont présenté les valeurs les plus élevées, avec 62,11 ml et 61,14 ml respectivement, tandis que la valeur la plus faible a été enregistrée par les génotypes tunisiens, à 37,45 ml (figure 61).

Tableau 21 : Description des génotypes en fonction de volume de sédimentation

Paramètre	Description	Génotypes
Test de sédimentation (SDS)	Gluten faible <30 ml	15
	Gluten moyen 30-35 ml	9
	Gluten fort > 35 ml	101

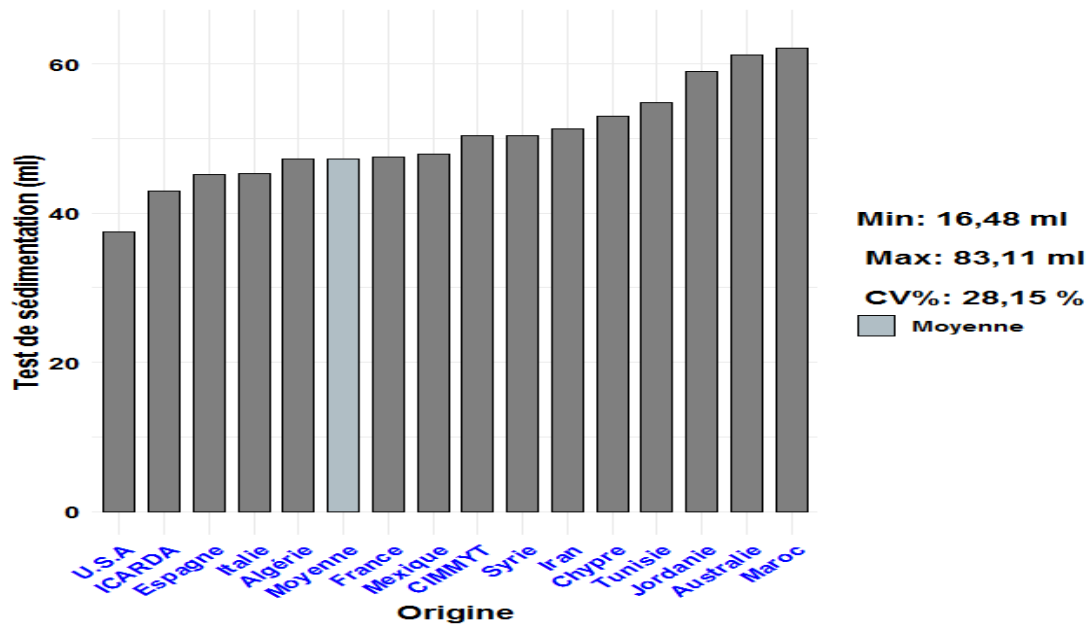


Figure 61 : Variation du volume de sédimentation entre les génotypes en fonction de leur origine

❖ Teneur en cendres

La teneur en cendres (Tce) variait de 0,92 % (génotype 16) à 2,14 % (génotype 124), avec une moyenne de 1,65 %. Selon les normes ISO2171-1980 et NA-732-1989, les génotypes 10,16,21,22,25,29,30,44,48,50,51,59,70,71,77,78,86,9,90 et 93 ont présenté une teneur inférieure à 1,5 %, indiquant une pureté, tandis que la majorité des génotypes ont dépassé légèrement ce seuil en raison d'une contamination résiduelle par le son. Les cinq témoins ont affiché une teneur en cendres supérieure à 1,5 % (tableau 22).

Basant sur l'origine de ces génotypes, les génotypes marocains et tunisiens ont enregistré les valeurs les plus élevées à 1,83 %, tandis que les génotypes italiens ont affiché la valeur la plus faible à 1,42 % (figure 62).

Tableau 22 : Description des génotypes en fonction de la teneur en cendres

Paramètre	Description	Génotypes
Teneur en cendre	Pur <1,5 %	20
	>1,5 %	105

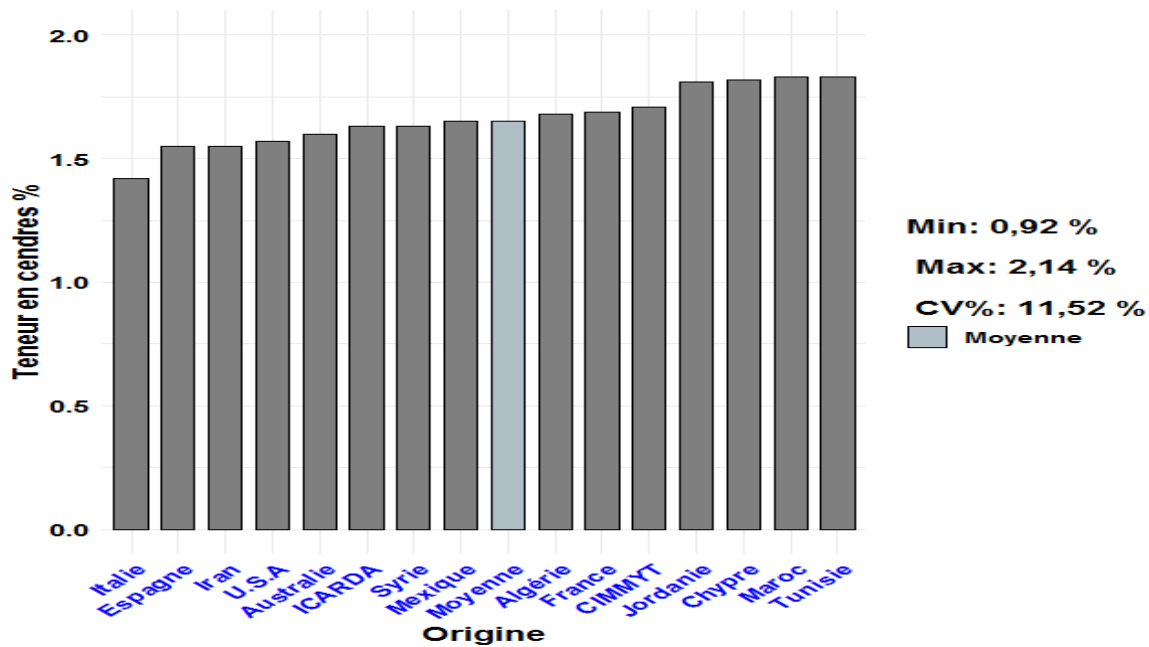


Figure 62 : Variation de la teneur en cendres entre les géotypes en fonction de leur origine

3.2. Analyse des paramètres génétiques

Les résultats relatifs aux paramètres génétiques sont compilés dans le tableau 23. Mou, InG, SDS et Vit ont enregistré le CVP et le CVG, les plus élevés. Des CVP et CVG modérés ont été enregistré pour InJ, Ghu, Gse, Tce, respectivement. Pro, Hum, Hse et Lum présentait des valeurs faibles pour CVP et CVG. L'héritabilité au sens large est entre 89,8 pour Pro à 99,79 pour InJ, ce qui indique que tous les paramètres avaient une héritabilité plus élevée (> 60 %). Le GGM a été classé élevé pour Mou, InG, SDS, Vit, InJ, Tce, Gse, Ghu, modéré pour Pro et Hse et faible pour Hum et L. Une héritabilité élevée associée à un GGM relativement élevée a été observée pour, Mou, InG, SDS, Vit, InJ, Tce, Gse, Ghu. D'un autre côté, Pro, Hse, Hum et Lum ont affiché une héritabilité élevée avec respectivement un GGM modéré à faible (tableau 23).

Tableau 23: Analyse des paramètres génétiques pour l'ensemble des paramètres physico-chimiques étudiés

Paramètres	σ^2_p	σ^2_g	CVG	CVP	H ²	GG	GGM
Mou	6,94	6,5	62,46	64,52	93,74	5,09	124,76
Vit	287,17	286,3	23,26	23,3	99,7	34,85	47,91
Hum	0,18	0,17	3,52	3,62	94,66	0,83	7,07
InJ	7,54	7,53	18,2	18,22	99,79	5,65	37,51
Lum	2,52	2,49	1,76	1,77	98,68	3,23	3,61
Hse	0,44	0,43	5,47	5,56	96,51	1,33	11,08
InG	383,48	367,4	33,6	34,33	95,81	38,71	67,86
Ghu	18,44	17,15	11,98	12,42	93	8,24	23,84
Gse	2,31	2,15	12,17	12,64	92,75	2,91	24,18
Pro	1,47	1,32	8,78	9,27	89,8	2,25	17,17
SDS	181,2	180,64	28,42	28,46	99,69	27,68	58,54
Tce	0,04	0,04	11,84	11,93	98,58	0,4	24,25

σ^2_p : Variance phénotypique ; σ^2_g : Variance génotypique **CVG** : Coefficient de variation génotypique ; **CVP** : Coefficient de variation phénotypique ; **H²** : Héritabilité au sens large ; **GG** : Gain génétique ; **GGM** : Gain génétique en pourcentage de la moyenne.

Mou ; Moucheture ; **Vit** : Vitrosité ; **Hum** : Humidité des grains ; **InJ** : Indice de jaune ; **Lum** : Luminosité ; **Hse** : Humidité de la semoule ; **InG** : Indice de Gluten ; **Ghu** : Gluten humide ; **Gse** : Gluten sec ; **Pro** : Teneur en protéine ; **SDS** : Volume de sédimentation ; **Tce** : Teneur en cendres.

3.3. Analyse en composante principale (ACP)

Dans la présente étude, 12 composantes principales (CPs) ont été extraites avec une variance cumulative de 100 %. Le graphique de l'ACP s'est concentré uniquement sur les deux premières composantes principales qui ont présenté 41 % de la variation totale : 28,3 % et 12,7 % pour les axes 1 et 2, respectivement (figure 63). Les variables influençant le plus la construction de l'axe 1 sont : le taux de vitrosité, la teneur en gluten humide et sec, la teneur en protéine et l'indice de jaune, tandis que l'axe 2 est construit par les paramètres teneur en cendres, luminosité. L'axe 3 est formé par les paramètres indice de gluten et volume de sédimentation, expliquant une variation de 12,03 % (tableau 24).

Le biplot de l'ACP a montré la distribution du 125 génotype de blé dur en fonction de leurs paramètres physico-chimiques mesurés (figure 64). En particulier, les génotypes locaux Algériens (53, 80, 76), le génotype local de Chypre (43), le génotype Italien (62), le génotype tunisien (121), le génotype français (59) et le génotype de l'ICARDA (61) ont tendance à se regrouper et sont

positivement corrélés à l'axe 1, partageant ainsi des valeurs élevées pour la teneur en protéine, la teneur en gluten humide et sec, le taux de vitrosité et l'indice de jaune. Contrairement aux génotypes de l'ICARDA (96, 98), le génotype mexicain (84) qui ont montré des scores élevés le long de l'axe 2 reflétant les valeurs les plus élevées de la teneur en cendres et luminosité. L'axe 3 est construit par les génotypes de Mexique (103, 73, 81, 83) et de l'Australie (3), avec des valeurs élevées pour le volume de sédimentation et l'indice de gluten. Les autres génotypes se répartissent le long des deux axes, affichant des niveaux intermédiaires pour l'ensemble des paramètres de qualité analysés.

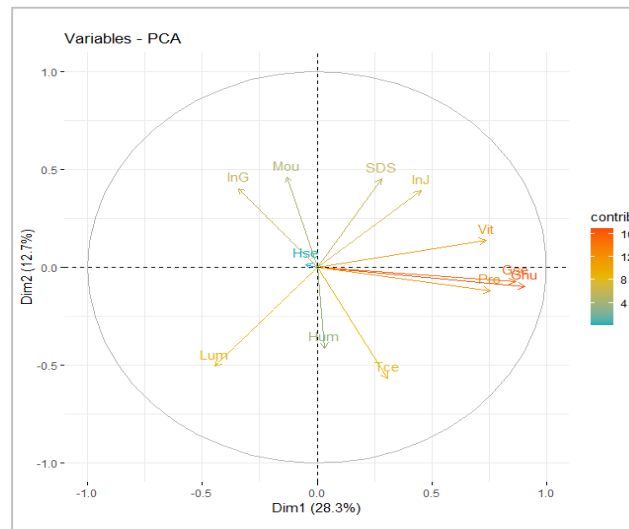


Figure 63: Graphique de l'analyse en composante principale de l'ensemble des paramètres étudiés

Tableau 24 : Pourcentage de contribution des paramètres étudiés sur la variation totale dans les trois premiers axes de l'ACP

Paramètres	Axe 1	Axe 2	Axe 3
Ghu	24,21	0,62	0,05
Gse	22,05	0,35	0,05
Hse	0,07	0,02	7,84
Hum	0,03	11,19	0,18
InG	3,49	10,57	32,29
InJ	6,03	10,04	2,54
Lum	5,8	16,69	14,34
Mou	0,52	13,95	10,22
Pro	16,8	0,94	0,81
SDS	2,31	13,31	23,07
Tce	2,74	21,08	8,08
Vit	15,93	1,25	0,52

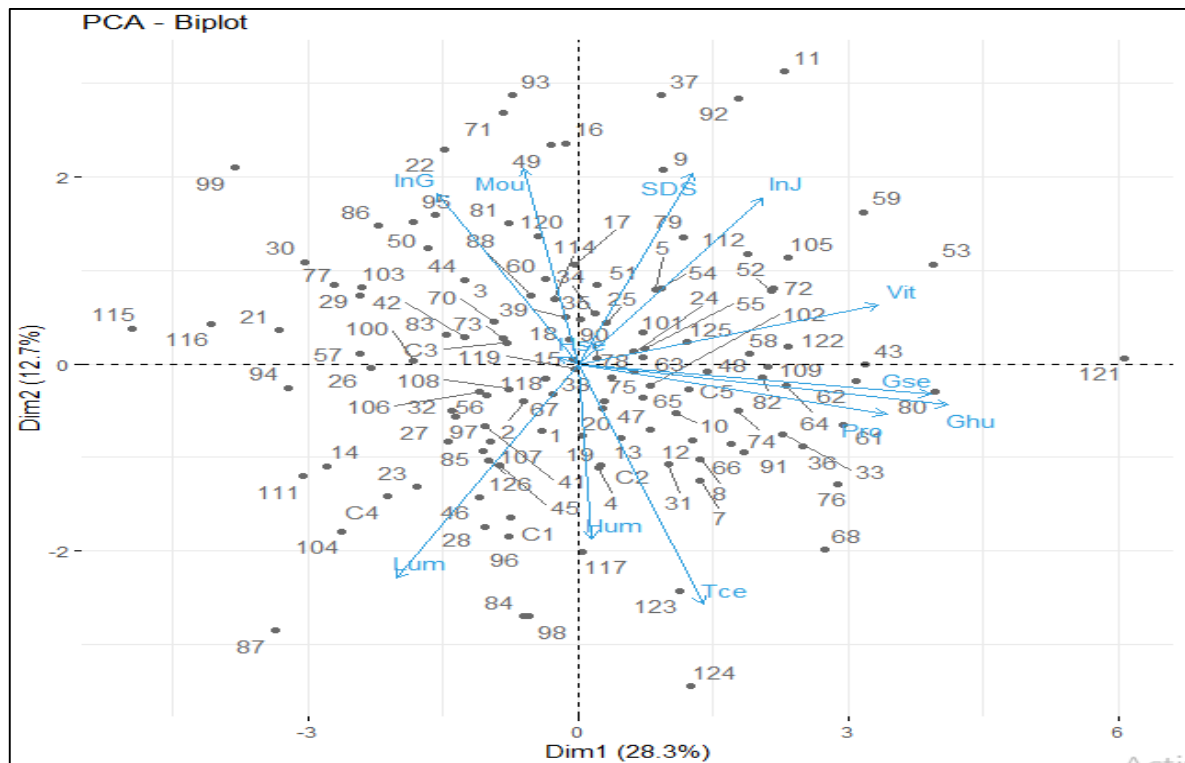


Figure 64: Biplot de l'ACP montrant la distribution des génotypes de blé dur en fonction des paramètres mesurés

3.4. Classification Ascendante Hiérarchique (CAH)

La classification hiérarchique issue de l'analyse ACP a permis d'identifier trois groupes (figure 65). Le nombre de génotypes par groupe varie de 31 à 48, avec les principales caractéristiques présentées selon les valeurs moyennes observées pour chaque paramètre étudié (annexe 2, tableau 3) (tableau 25). Chaque groupe rassemble des génotypes d'origines variées : le groupe 1 (31) : comprend 13 génotypes du Mexique, 5 de l'ICARDA, 4 de CIMMYT, 2 de l'Algérie, 2 de l'Australie, 2 de l'Italie, et un génotype chacun de l'Espagne, du Maroc et des U.S.A.

Le groupe 2 (46) : est constitué de 9 génotypes de l'Algérie, 5 de CIMMYT, 17 de l'ICARDA, 7 du Mexique, 3 de l'Italie, 2 de la Syrie, et un génotype chacun de l'Espagne, de la France et des U.S.A.

Enfin, le groupe 3 (48) : inclut 11 génotypes de l'Algérie, 7 de l'ICARDA, 6 de la France, 8 du Mexique, 4 de CIMMYT, 4 de la Syrie, 3 de la Tunisie, 2 de l'Italie, et un génotype chacun de Chypre, de la Jordanie et de l'Iran.

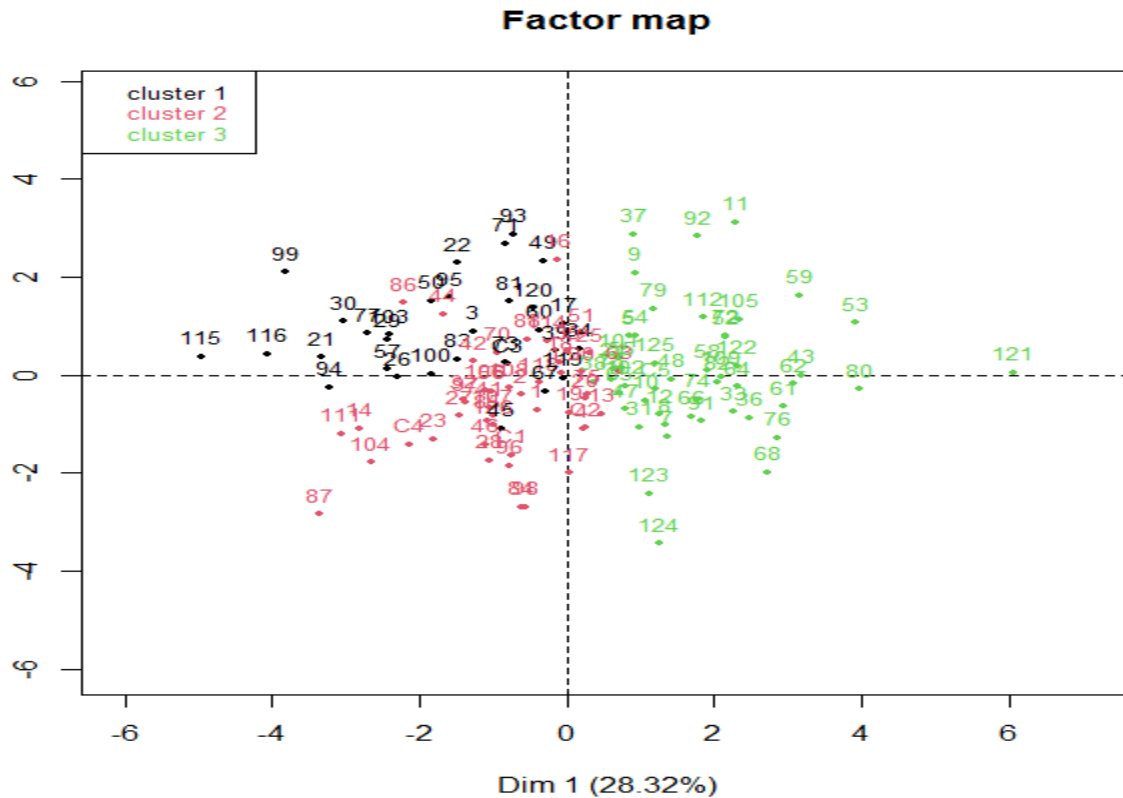


Figure 65: Classification des 125 génotypes de blé dur en fonction des paramètres physico-chimiques

Tableau 25 : Groupe, nombre de génotypes et caractéristiques de chaque groupe.

Groupe	Nombre de génotypes	Caractéristiques du groupe
1	31	Volume de sédimentation et indice de gluten élevés
2	46	Luminosité et teneur en cendres élevés
3	48	Teneur en protéines, teneur en gluten, vitrosité et indice de jaune élevés

3.5. Matrice de corrélation

La matrice de corrélation de Pearson a montré que la teneur en protéine est corrélée positivement et significativement avec la teneur en gluten humide ($r = 0,62^{***}$), gluten sec ($r = 0,60^{***}$), taux de vitrosité ($r = 0,39^{***}$), teneur en cendres ($r = 0,34^{***}$) et volume de sédimentation ($r = 0,27^{**}$) et négativement avec l'indice de gluten ($r = -0,21^*$). Ce dernier est corrélé positivement avec le volume de sédimentation ($r = 0,31^{***}$) et l'indice de jaune ($r = 0,25^{**}$). Ce dernier est corrélé négativement avec la luminosité ($r = -0,28^{**}$) (figure 66).

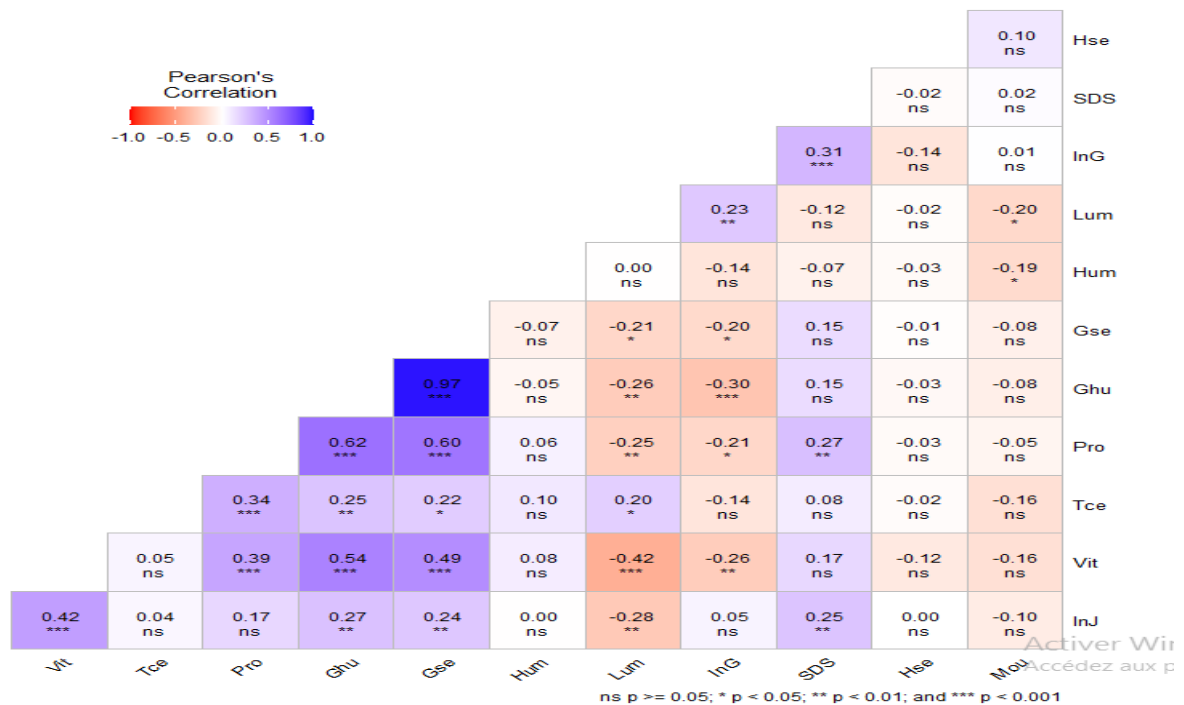


Figure 66: Corrélation de Pearson entre les différents paramètres physico-chimiques

3.6. Indice de distance génotype-idéotype multi-traits (MGIDI)

Les résultats de l'indice de distance génotype-idéotype multi-traits ont permis d'identifier les génotypes les plus performants en fonction des paramètres évalués, en fixant des critères spécifiques pour l'indice MGIDI, visant à augmenter les valeurs de la teneur en protéine, en gluten humide et sec, le volume de sédimentation, l'indice de jaune, la vitrosité, l'indice de gluten et la luminosité et de réduire les valeurs de la teneur en cendres et le taux de moucheture.

Les génotypes identifiés en rouge selon cet indice à un pourcentage de sélection de 15 % et qui sont : 121, 92, 52, 72, 80, 112, 105, 122, 61, 79, 38, 39, 34, 67, 17, 03, 55, 54 et 05. Ils proviennent de diverses origines notamment l'Algérie (72, 80, 39, 54, 55), l'Iran (122), la Jordanie (52), CIMMYT (79), le Mexique (105), la Tunisie (121), l'Italie (05), l'ICARDA (92, 112, 61, 67), la Syrie (38), l'Australie (17, 03) et le Maroc (34) (figure 67).

Les génotypes 67, 54 et 05 sont très proches du seuil de coupure, ce qui suggère que ces génotypes ont présenté le maximum des caractéristiques souhaitables (Olivoto et Nardino, 2020) (figure 67).

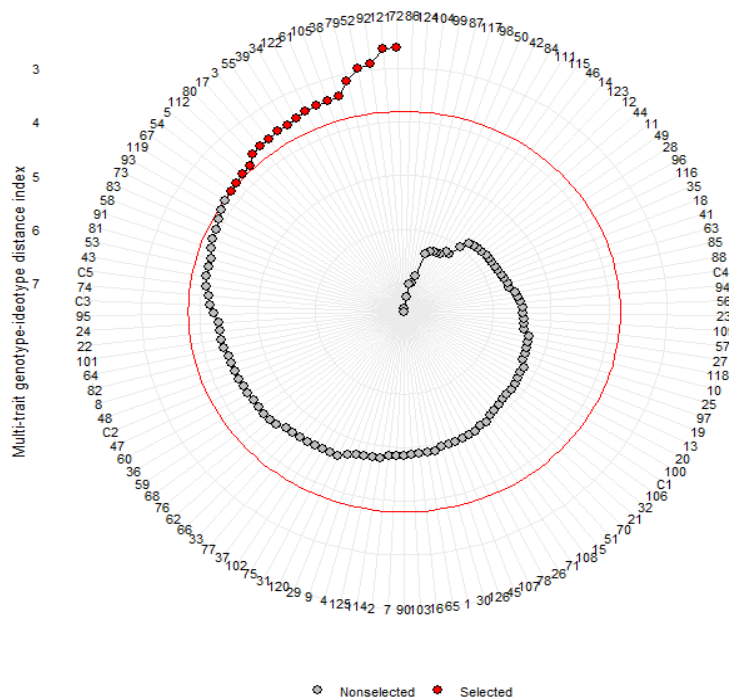


Figure 67: Sélection des génotypes performants par l'indice multi-traits génotype-idéotype (MGIDI)

Quatre facteurs principaux ont été identifiés par l'indice MGIDI pour regrouper les 10 paramètres évalués : FA1 (Ghu, Gse, Tce et Pro), FA2 (InJ, Lum, Vit), FA3 (SDS et InG) et FA4 (Mou) (tableau 26). Les forces et faiblesses des génotypes sélectionnés par rapport aux paramètres étudiées étaient différentes selon la contribution des facteurs FA1, FA2, FA3, FA4 (figure 68). Le facteur FA1, a contribué faiblement pour les génotypes 03 et 17, ce qui a indiqué leurs valeurs élevées en teneur en gluten et en protéines, ainsi que leurs faibles teneurs en cendres. Pour les

facteurs FA2, FA3 et FA4, une contribution équilibrée a été observée pour l'ensemble des génotypes sélectionnés. Le pourcentage de gain de sélection le plus élevé a été obtenu pour SDS avec 28 %, suivi par InJ (19,6 %), Vit (18,9 %) et InG (17,7 %). Cela montre que les génotypes identifiés comme prometteurs ont présenté une amélioration significative de ces traits par rapport à la moyenne initiale de la collection.

Tableau 26: Contribution des paramètres physico-chimiques choisis à la formation du facteur FA

Paramètres	Facteur	Moyenne initiale de la collection	Moyenne des génotypes sélectionnés	Différentiel de sélection	Pourcentage de différentiel de sélection %	Gain de sélection	Pourcentage de gain de sélection %	Objectif
Ghu	FA1	34,5	36,4	1,97	5,71	1,97	5,71	Augmentation
Gse	FA1	12	12,7	0,657	5,45	0,657	5,45	Augmentation
Pro	FA1	13,1	13,8	0,629	4,78	0,629	4,78	Augmentation
Tce	FA1	1,65	1,73	0,0774	4,68	0,0774	4,68	Diminution
InJ	FA2	15,1	18,1	2,97	19,6	2,97	19,6	Augmentation
Vit	FA2	72,2	85,8	13,6	18,9	13,6	18,9	Augmentation
Lum	FA2	89,7	89,2	-0,497	-0,554	-0,497	-0,554	Augmentation
SDS	FA3	47,4	60,6	13,3	28	13,3	28	Augmentation
InG	FA3	58,3	68,6	10,3	17,7	10,3	17,7	Augmentation
Mou	FA4	3,99	2,54	-1,44	-36,2	-1,44	-36,2	Diminution

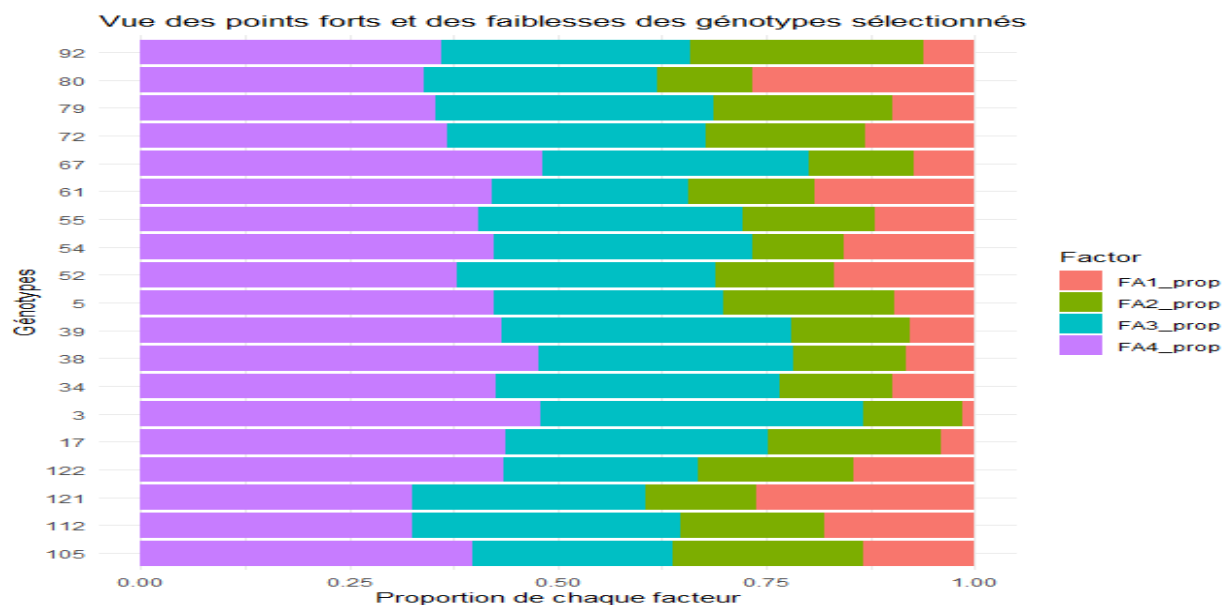


Figure 68 : Graphe montre les forces et les faiblesses des génotypes identifiés par rapport aux facteurs regroupant les paramètres étudiées.

4. Discussion

Cette étude a analysé 12 paramètres quantitatives, révélant des différences marquées entre les 125 génotypes de blé dur en matière de composition physico-chimique du grain. Ces résultats confirment les observations de travaux antérieurs ayant également rapporté des différences dans ces paramètres (Nazco et *al.*, 2012 ; Amallah, 2017 ; Fiore et *al.*, 2019 ; Trad et *al.*, 2022).

Les caractéristiques physico-chimiques du blé sont des paramètres essentiels qui déterminent sa qualité dès le stade du champ, influençant directement ses performances lors des étapes de transformation et d'utilisation finale (Punia et *al.*, 2019). Pour le blé dur, le degré de vitrosité du grain, associé à sa dureté, est souvent utilisé pour évaluer la qualité de la récolte (Trad et *al.*, 2022). Dans cette étude, une variation importante du taux de vitrosité a été observée. Des résultats similaires ont été obtenus par Fiore et *al.* (2019), qui ont trouvé une variation de 0 à 96 % chez des génotypes siciliens, ou les variétés locales ayant affiché des taux plus élevés que les modernes. Ces observations concordent avec nos résultats, où 7 variétés locales algériennes (66, 62, 72, 74, 76, 78, 80 et 82) ont présenté une vitrosité supérieure à 93 %, ainsi qu'une variété ancienne de France (68) et des variétés locales de Chypre (43), Jordanie (52) et Iran (122). La fluctuation de la vitrosité est influencée par la teneur en azote du grain, les conditions de récolte ainsi que par

l'aptitude à absorber l'eau, optimisant ainsi l'utilisation de l'azote par les variétés de blé (Akman et *al.*, 2013).

Le taux de moucheture, un autre critère pris en compte lors du choix des variétés de blé dur, est souhaité à 5 % pour optimiser le rendement en semoule (Ait-Slimane Ait-Kaki, 2008). Dans notre étude, 37 géotypes ont présenté un taux supérieur à 5 %, ce qui est attendu dans un environnement humide, comme le site d'Alger. Ces résultats concordent avec les travaux de chercheurs montrant que la moucheture se développe davantage dans des conditions climatiques favorisant l'humidité, ce qui pourrait influencer la qualité technologique des grains dans telles régions (Fernandez et Conner, 2011 ; Akman et *al.*, 2013).

La détermination de la teneur en eau est une étape initiale cruciale dans l'évaluation de la qualité du blé ou de la farine, car cette information est utilisée pour les tests ultérieurs. Les meuniers régulent le taux d'humidité du blé à un niveau standard avant la mouture (Keran et *al.*, 2009). Dans cette étude, la valeur d'humidité maximal était de 13,09 % pour le grain et 13,92 % pour la semoule, respectant les normes (ISO, 2019) qui exigent moins de 14,5 %. Les légères fluctuations de la teneur en humidité des échantillons de blé résultent de divers facteurs, notamment la diversité variétale, la nature du sol, l'humidité saisonnière, ainsi que les pratiques post-récolte et les méthodes de conservation (Lamara et *al.*, 2021). Cela concorde avec nos résultats, où nous avons observé une légère variation entre les géotypes pour la teneur en humidité.

La couleur de la semoule de blé dur est influencée par la présence des différents pigments. Dans cette étude l'indice de jaune se trouve dans une fourchette très étendus allant de 8,63 à 24,38. Cette différence est généralement sous l'influence d'une base génétique et n'est pas influencé par l'environnement (Nazco et *al.*, 2012). Yildirim et Atasoy, (2020), ont expliqué qu'une luminosité supérieure à 85 % dans les échantillons de semoule serait liée à une teneur élevée en amidon. Dans cette étude, la majorité des échantillons ont dépassé ce seuil. Une luminosité élevée s'accompagne également d'un faible indice de brunissement, un critère privilégié dans l'industrie de la qualité.

Le contenu en protéines du grain est un critère de qualité essentiel pour la fabrication des pâtes. Il influence significativement l'utilisation finale du grain et sa valeur marchande (Hare,

2017). Selon cet auteur, les grains contenant plus de 11,5 % de protéines sont destinés à la production de pâtes, un produit à forte valeur ajoutée, tandis que ceux contenant moins de 11,5 % sont généralement utilisés pour l'alimentation animale. Nazco et *al.* (2012), ont étudié 154 variétés de blé dur provenant de pays méditerranéens, et ont observé une teneur élevée en protéines dans les groupes orientaux (Algérie, Tunisie, Syrie) et occidentaux (Espagne, France, Italie). Ce qui concorde avec nos résultats, où une teneur en protéines supérieure à 15 % a été enregistrée pour deux variétés locales d'Algérie (80 et 82), deux de France (59 et 68), une de Tunisie (121) et une de Syrie (10).

La qualité et la teneur en gluten, des critères clés pour le choix des variétés de blé, sont influencées par le génotype et l'environnement de culture (Kolev et *al.*, 2021). Lamara et *al.* (2021), ont indiqué que la teneur élevée en gluten humide peut résulter d'une forte absorption d'eau, une grande différence entre gluten humide et sec indiquant une meilleure qualité de gluten. Nos résultats ont révélé que 37 génotypes ont présenté une teneur en gluten humide supérieure à 37 %, 12 autres génotypes ont enregistré un indice de gluten supérieure à 90-100 % reflétant une qualité optimale pour la production des pâtes. Ces observations sont en accord avec Migliorini et *al.* (2016) et Cecchini et *al.* (2021), qui ont souligné qu'un indice de gluten supérieur à 80 % indique un gluten fort, idéal pour des pâtes de haute qualité.

La force du gluten, mesurée par le volume de sédimentation, a donné une valeur moyenne de 47,29 ml, avec les deux meilleurs volumes obtenus à 83,11 ml et 70,48 ml pour deux génotypes algériens. Des valeurs moyennes variées ont été obtenues par Amallah, (2017) (47,39 ml), Taneva et *al.* (2019) (39,72 ml), et Dave et *al.* (2021) (28,06 ml), en raison du contrôle génétique de ce paramètre qui dépend de la variété elle-même (Edwards, 2010). Amallah (2017) a observé que les lignées de l'ICARDA et CIMMYT avaient les meilleurs volumes de sédimentation, ce qui est également observé dans notre étude pour certaines lignées du CIMMYT (64 ml), ICARDA (entre 60 à 69 ml), qui ont montré une qualité protéique supérieure.

La qualité principale des grains de blé dur est souvent définie par leur teneur en cendres. Les grains riches en cendres produisent une couleur claire de semoule, probablement en raison de leurs niveaux d'extraction élevés, indiquant une contamination accrue par le son (YİĞİT, 2023). Généralement, une semoule de qualité supérieure dont la teneur en cendres est inférieure à 1,5 % est préférée. Dans cette étude, la majorité des génotypes ont une teneur supérieure à 1,5 %. Ladhari

et *al.* (2022), ont mentionné que, malgré la teneur en cendre est légèrement élevée n'a pas d'influence significatif sur les performances industrielles.

En prenant en compte l'ensemble des paramètres étudiés, les génotypes locaux d'Algérie, d'Iran, de Chypre, de Jordanie et de France se sont distingués par des valeurs élevées pour la teneur en protéines, la teneur en gluten, l'indice de jaune et le volume de sédimentation. Des résultats similaires ont été rapportés concernant une force de gluten élevée (SDS) et un indice de jaune élevé observés chez les variétés locales, de Chypre et de Jordanie, comme mentionné par (Nazco et *al.*, 2012). Fiore et *al.* (2019), ont également noté une teneur en protéines supérieure à 16 % dans six variétés locales siciliennes, comparativement aux variétés modernes, qui présentaient des teneurs inférieures à 15 %. Ces résultats soulignent l'importance des variétés locales, reconnues pour leur adaptation environnementale et leur qualité technologique supérieure. À l'inverse, les génotypes modernes, avec des valeurs proches de la moyenne, semblent principalement orientés vers une productivité accrue.

Pour une sélection végétale réussie, les variations phénotypiques et génotypiques dans une population de plantes cultivées sont cruciales (Mabuza et *al.*, 2022). Dans la présente étude, les estimations de la CVP étaient légèrement plus élevées que la CVG pour tous les caractères étudiés, ce qui montre que l'expression de ces paramètres est significativement influencée par les facteurs génotypiques, mais aussi par les faibles effets de l'environnement. Alemu et *al.* (2020) ont indiqué que si les valeurs de la CVP et de la CVG étaient faibles (<10 %), cela suggère que l'environnement a un impact significatif sur l'expression phénotypique des caractères, dans notre étude, Pro, Lum, Hum, Hse ont enregistré une CVP et une CVG faibles, cela suggère que ces caractères sont affectés par les variations de milieu, ce qui indique que la sélection de ces caractères peut s'avérer difficile. Des résultats similaires ont été obtenus par Taneva et *al.* (2019) pour Pro.

Les valeurs d'héritabilité au sens large enregistrées sont élevées pour tous les caractères mesurés (> 60 %). Ces résultats ont été confirmée par Dave et *al.* (2021) pour le SDS et le Pro et par Lamara et *al.* (2021) pour le Ghu et le Gse, par Shimelis et *al.* (2018) pour Vit et Kaplan Evlice et *al.* (2023) pour b et Lum. Ce qui indique que l'amélioration génétique de la qualité industrielle est possible (Zaim et *al.*, 2017). Une condition favorable à la sélection est la présence d'un gain

génétique élevée combinée à des estimations d'héritabilité élevées, ce qui signifie la présence d'effets génétiques additifs contrôlant le caractère (Ogunniyan et Olakojo, 2014). Une forte héritabilité associée à une GGM élevée a été observée pour InG, SDS, Vit, InJ, Tce, Gse, Ghu.

Les deux premiers axes de l'analyse en composantes principales (ACP) ont expliqué 41 % de la variabilité totale des paramètres physico-chimiques. Ce taux, bien que modéré, reflète la complexité des caractères de qualité du blé dur ainsi que la diversité génétique des 125 génotypes étudiés, issus de différentes origines. Cela suggère que d'autres axes sont nécessaires pour expliquer une part plus importante de la variance totale. Des résultats comparables ont été observés dans d'autres travaux, notamment une étude menée au Maroc sur 219 accessions comprenant des lignées internationales et des variétés locales issues de différents pays méditerranéens, où les deux premiers axes expliquaient environ 43,7 % de la variance des caractères de qualité (Amallah et *al.*, 2022).

D'après les résultats du biplot de l'ACP, les génotypes 121, 61, 76, 80, 59, 62, 95, 98, 96 et 84 ont présenté des scores élevés des composantes principales, contribuant significativement à la diversité totale et l'analyse de classification hiérarchique a permis de classer les 125 génotypes de blé dur en trois groupes, chacun intégrant des génotypes d'origines variées. Ce regroupement de génotypes issus de différentes origines dans un même groupe semble être lié à la similarité des caractères mesurés, ou des relations phylogénétiques. Kabbaj et *al.* (2017), ont mené une étude sur la diversité génétique entre les races locales et moderne de blé dur. La recherche a révélé que les génotypes de divers pays tels que l'Australie, l'Italie, l'Algérie, l'Espagne, la France, le Canada et les États-Unis étaient regroupés, malgré les disparités géographiques et les conditions environnementales différentes, ce qui permet de suggérer que les normes rhéologiques strictes établies par l'industrie des pâtes ont conduit les sélectionneurs de blé dur à maintenir des programmes d'hybridation étroits. Ces programmes s'appuient souvent sur un ensemble standardisé de cultivars comme donneurs de caractères de qualité (Kabbaj et *al.*, 2017). Les génotypes des groupes 1 et 3 possèdent des traits intéressants pour la qualité du grain de blé dur. Ils pourraient être testés dans d'autres zones afin de valider leur efficacité et leur aptitude pour des programmes de sélection visant l'amélioration de la qualité du blé.

L'étude des corrélations est une méthode, qui permet d'identifier concrètement les influences positives et négatives, de réduire les facteurs défavorables et d'accroître l'efficacité du processus de sélection (Samofalova et *al.*, 2022). Dans cette étude une forte relation a été trouvée

entre Pro, Ghu, Gse et Vit d'une part et SDS et InJ d'autre part, ce qui est en accord avec Conti et *al.* (2011), qui ont indiqué qu'un gluten fort et une teneur élevée en protéines permettent d'obtenir des pâtes ayant d'excellentes propriétés rhéologiques pour la production de pâtes et Punia et *al.* (2019) qui ont suggéré que les pâtes alimentaires de bonne qualité nécessitent du blé dur avec une teneur en protéines supérieure à 13 %, une valeur de sédimentation supérieure à 40 millilitres et une vitrosité supérieure à 90 %.

L'indice de distance génotype-idéotype multi-traits (MGIDI) a permis d'identifier un groupe de génotypes prometteurs de différentes origines (Algérie, Tunisie, ICARDA, Syrie, Jordanie, Iran, Maroc, Australie), reflétant les caractéristiques les plus visés dans le secteur de la production de pâtes. Ces génotypes méritent d'être suivis par les sélectionneurs et les agriculteurs afin de confirmer leur performance. Ils pourraient aussi être soumis à des tests pour évaluer d'autres éléments alimentaires supplémentaires, basés sur les besoins spécifiques de chaque pays et les goûts des consommateurs. L'efficacité de cet indice dans la sélection d'un idiotype supérieur a été rapportée dans plusieurs études (Benakanahalli et *al.*, 2021 ; Uddin et *al.*, 2021). Dans cette étude, l'indice MGIDI a révélé certains caractères présentant un pourcentage de gain de sélection acceptable pour une sélection future, en particulier pour le test de sédimentation, la vitrosité, l'indice de jaune et l'indice de gluten.

5. Conclusion

Les résultats obtenus dans cette étude, à travers les différentes analyses réalisées, ont révélé des différences significatives entre les génotypes d'origines variées pour l'ensemble des paramètres physico-chimiques étudiés. De plus, les relations entre ces paramètres ont été identifiées, permettant de sélectionner des combinaisons de traits particulièrement recherchées pour améliorer les propriétés technologiques du grain de blé dur.

Les génotypes 121, 92, 52, 72, 80, 112, 105, 122, 61, 79, 38, 39, 34, 67, 17, 03, 55, 54 et 05 ont montré des performances remarquables sur les principaux paramètres physico-chimiques, selon l'ACP et l'indice MGIDI. Ils constituent des candidats prometteurs pour un suivi approfondi et une valorisation dans l'amélioration de la qualité technologique du blé dur.

Nos résultats montrent aussi le potentiel des variétés locales algériennes, telles que Guemgoum Rkhem, Bidi 17, Oued Zenati 368, Djenah-khettifa, et Gloire de mont golfier, qui se sont distinguées par leur teneur élevée en protéines, en gluten, en volume de sédimentation et en vitrosité, ce qui les rend apprécier par les transformateurs de blé. De plus, ces variétés, probablement déjà connues chez les agriculteurs et ont montré une bonne adaptation aux conditions environnementales difficiles. Ainsi, une étude approfondie de ces génotypes pourrait améliorer la qualité du grain de blé dur, en particulier dans un pays où la consommation de blé est élevée.

Des essais multi-environnementaux et pluriannuels sont essentiels pour valider la performance des génotypes identifiés et pour déterminer si l'influence des paramètres étudiés est due à un contrôle génétique stable ou si elle varie en fonction des interactions environnementales et pour mieux comprendre les critères influençant la sélection de génotypes futurs pour une meilleure qualité technologique, l'approche moléculaire peut aider les sélectionneurs à identifier les gènes responsables de la qualité.

Chapitre 3

Evaluation de la variabilité génétique d'une collection de blé dur par les marqueurs moléculaires SNPs

1. Introduction

Les contraintes liées aux marqueurs phénotypiques incitent les chercheurs à envisager d'autres types de marqueurs plus ciblés (Özbek, 2022). L'utilisation des marqueurs moléculaires enrichit les deux systèmes mentionnés précédemment en mettant en évidence les variations génétiques entre différents géotypes en basant sur des exemples de marqueurs couramment utilisés inclut les SSRs, AFLP, SNPs etc.

La technique de génotypage connue sous le nom « genotyping array » joue un rôle essentiel dans le génotypage du blé. Elle permet aux chercheurs d'examiner les différentes variétés de blé, de repérer les variantes génétiques liées à des traits significatifs et d'élaborer des marqueurs à intégrer dans les stratégies d'amélioration génétique (Burridge et *al.*, 2024). Cette approche repose sur l'utilisation des polymorphismes nucléotidiques simples (SNPs), permettant ainsi de déduire les liens généalogiques entre les individus et d'examiner les corrélations entre les marqueurs et les caractères dans le cadre des études de cartographie (Wang et *al.*, 2014). L'analyse d'association génome-entier (GWAS) constitue un outil statistique puissant permettant d'examiner les relations entre des marqueurs moléculaires et des caractères phénotypiques au sein d'une vaste collection de géotypes. Elle repose sur le génotypage d'un grand nombre de loci (SNP) répartis de manière dense sur l'ensemble du génome. Le principe de cette approche est de vérifier si l'un de ces loci est directement impliqué dans la variation du caractère étudié ou s'il est en déséquilibre de liaison avec un gène causal (Abebe, 2019).

Au cours des dernières années, de nombreuses recherches menées sur le blé ont permis d'identifier avec succès plusieurs régions génomiques et loci de caractères quantitatifs (QTL) associés à des caractères liés au rendement (Segman et *al.*, 2010), la tolérance à la sécheresse (Nouarei et *al.*, 2022) ou encore la résistance aux maladies (Aoun et *al.*, 2021 ; Laribi et *al.*, 2023). Cependant, la majorité des caractères agronomiques du blé sont de nature quantitative, car ils sont gouvernés par plusieurs gènes (Pang et *al.*, 2020) et fortement influencés par les interactions génotype $\times$ environnement ($G \times E$). Par conséquent, la détection de QTL présentant des effets stables dans différents contextes agroclimatiques constitue une étape essentielle pour améliorer la stabilité du rendement et l'adaptation à large échelle (Anuarbek et *al.*, 2020). Bien que la GWAS soit un outil efficace pour identifier les associations entre marqueurs et caractères de rendement, plusieurs

études réalisées dans différentes régions ont mis en évidence l'influence marquée de l'environnement et l'importance des interactions G×E (Maccaferri et *al.*, 2011). Ainsi, les programmes d'amélioration régionaux gagnent en efficacité lorsqu'ils s'appuient sur des analyses GWAS locales réalisées sur une base génétique diversifiée (Anuarbek et *al.*, 2020).

Pour cela cette étude a pour objectif de caractériser moléculairement une collection de 94 génotypes de blé dur à l'aide de la technologie Illumina Infinium 7K SNP array.

Elle s'articule autour de trois objectifs spécifiques :

- 1- Évaluer la diversité génétique au sein de la collection et estimer le niveau de polymorphisme du matériel étudié ;
- 2- Déterminer la structure de population et analyser les relations phylogénétiques entre les différents génotypes ;
- 3- Réaliser une analyse d'association (GWAS) afin d'identifier les régions chromosomiques et les marqueurs SNP significativement associés à des caractères phénotypiques d'intérêt agronomiques.

2. Matériels et méthodes

2.1. Matériel Végétal

Le matériel végétal étudié est composé de 94 génotypes de blé dur, dont 93 provenant de la collection de base précédemment caractérisée sur les plans agro-morphologique (Chapitre 1) et physico-chimique (Chapitre 2), ainsi que le génotype SVEVO qui est utilisé comme l'espèce de référence (annexe 3, tableau 1).

2.2. Extraction d'ADN, quantification et qualité

Les grains ont été semés dans des plaques alvéolées contenant de la tourbe, avec 4 graines par alvéole. Ce processus a eu lieu dans une serre contrôlée à une température ambiante de 25°C jusqu'à l'apparition de la première feuille. Ensuite, les feuilles ont été découpées en morceaux et placées dans des tubes eppendorf stérilisés de 2 ml pour procéder à l'étape d'extraction basant sur le protocole de (Stein et *al.*, 2001).

1,4 ml de tampon d'extraction 2 X CTAB préalablement chauffé à 65°C pendant 10 minutes a été ajoutés aux échantillons placés dans le tube eppendorf. L'extrait a été mélangé et placé dans une étuve réglé à 65 C° pendant 1 heure, avec agitation toutes les 15 minutes, Ensuite, 600 µl du mélange chloroforme/isopropanol ont été ajoutés à l'extrait et agités manuellement pendant 15 minutes, Après cela, le mélange a été centrifugé pendant 15 minutes, et le surnageant a été récupéré dans de nouveaux tubes de 2 ml contenant 600 µl d'isopropanol préalablement congelé pendant 1 heure. Le culot d'ADN a été récupéré par centrifugation à 4°C à 13000 tr/min pendant 10 minutes. Ensuite, il a été lavé avec 1 ml d'éthanol à 70% et centrifugé pendant 5 minutes. Après séchage des gouttes d'éthanol à l'air pendant 20 minutes, l'ADN a été dissous dans 100 µl d'eau ultra-pure et stocké à 4°C (annexe 3, figure 1).

La qualité de l'ADN extrait a été évaluée en utilisant l'électrophorèse sur un gel d'agarose à 1%, et les bandes d'ADN ont été visualisées en utilisant du SafeRed. De plus, le dosage de l'ADN a été effectué à l'aide d'un spectrophotomètre (Nanodrop) pour quantifier la quantité d'ADN présente dans chaque échantillon, tout en vérifiant sa pureté à l'aide du ratio A260/280. Un ratio compris entre 1,8 et 2,0 indique généralement une bonne pureté de l'ADN extrait. Cependant, un ratio inférieur à 1,8 suggère la présence de protéines, de phénols ou d'autres contaminants, tandis qu'un ratio supérieur à 2,0 indique une contamination par l'ARN (annexe 3, figure 1).

2.3. Génotypage par les marqueurs SNPs

Après avoir optimisé la concentration d'ADN (50 ng /ul) pour les 94 génotypes de blé dur, les échantillons ont été envoyés au laboratoire TraitGenetics (GmbH, Gatersleben, Allemagne) pour un génotypage utilisant la technique Illumina Infinium 7K SNParray. Cette dernière consiste à une préparation d'un échantillon d'ADN, suivie de son hybridation sur une puce à ADN contient des sondes spécifiques pour différents SNPs. La détection des allèles spécifiques à chaque SNP se fait par fluorescence.

2.4. Traitement des données

Chaque SNP a été localisé en utilisant les informations de la carte physique du génome de référence du blé dur « Svevo » disponible sur <https://www.interomics.eu/durum-wheat-genome>. Les informations des marqueurs SNPs (position physique et séquence) ont été fournies par la société « TraitGenetics ». Les données génotypiques ont été filtrées à l'aide du logiciel Tassel, avec l'exclusion des marqueurs présentant plus de 10 % de valeurs aberrantes, une fréquence allélique mineure (MAF) inférieure à 5 % et un taux d'hétérozygotie supérieur à 20 %, ainsi qu'un nombre de sites min de 85.

Le contenu d'informations sur le polymorphisme (PIC) de chaque SNP a été calculé en utilisant les fréquences de l'allèle majeur (p) et de l'allèle mineur (q), selon la formule : $PIC = 1 - (p^2 + q^2)$. Les valeurs obtenues ont été classées en trois catégories, conformément à la classification proposée par Botstein et *al.* (1980) : hautement informatif ($PIC > 0,5$), modérément informatif ($0,25 < PIC < 0,5$) et faiblement informatif ($PIC < 0,25$).

Le déséquilibre de liaison (LD) par paire (r^2) pour les paires de marqueurs SNP a été estimé en utilisant TASSEL 5.2. 92. Le graphique de décroissance de déséquilibre de liaison a été réalisé par le logiciel Rstudio v4.3.2 à l'aide du modèle LOESS (Cleveland, 1979). L'intersection de la courbe ajustée avec un seuil de coupure de $r^2=0,1$ a été considérée comme la valeur moyenne r^2 pour chaque chromosome. Cette dernière a été calculé et tracé en fonction du chromosome et de la distance physique $r^2 = 0,1$ (ligne bleue) représente la valeur r^2 non liée du 95e percentile du génome pour déclarer la décroissance de déséquilibre de liaison.

Pour éliminer les marqueurs en fort déséquilibre de liaison, l'élagage LD a été effectué. Il en résulte un ensemble des données de 1433 SNPs qui sont utilisés seulement pour l'analyse de la structure de la population.

L'analyse phylogénétique a été effectuée à l'aide du logiciel MEGA 11 utilisant la méthode Neighbor-joining et la distance-p, avec un test bootstrap de 1000 répétitions. La construction du graphique de l'arbre, représentant les différents groupes, a été réalisée en ligne à l'aide de l'outil iTOL.

La structure de population a été déterminée à l'aide du logiciel STRUCTURE version 2.3.4, avec 25 000 itérations de rodage et 25 000 permutations MCMC (Markov Chain Monte Carlo). Les modèles d'admixture et de fréquence allélique corrélée ont été utilisés pour déterminer le nombre de clusters (K) allant de 1 à 10, avec 5 itérations pour chaque valeur de K. Les résultats obtenus ont été visualisés sur un logiciel en ligne « STRUCTURE Selector » pour déterminer le nombre optimal de sous-populations K, en utilisant la méthode delta K décrite par Evanno et *al.* (2005).

La structure de population a également été analysée par l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC), via le package R « adegenet » dans Rstudio v4.3.2. Le nombre optimal de groupes K, a été identifié sur la base de la valeur la plus faible du critère d'information bayésien (BIC).

Les indices de diversité génétique des populations identifiées ont été réalisés avec le logiciel GenAlEx v6.5.

L'analyse de variance moléculaire (AMOVA) a été réalisé par le logiciel GenAlEx v6.5 afin de détecter la variation génétique entre et au sein des populations, avec 999 permutations. La valeur Φ_{PT} , un analogue de F_{ST} , supprime la variance au sein des populations tout en calculant la différenciation entre les populations en fonction de la variance génotypique. Selon Capo-chichi et *al.* (2023), les valeurs **Φ_{PT}** sont calculées selon la formule ; $\Phi_{PT} = AP / (WP + AP)$, où **AP** ; diversité entre les populations, **WP** ; diversité au sein des populations et N_m (Flux génétique) (Haplotype) = $[(1 / \Phi_{PT}) - 1] / 2$.

L'analyse d'association marqueur-trait (GWAS) a été réalisée avec le modèle MLM du package « GAPIT » sous R. Les résultats ont été visualisés à l'aide de graphique de Manhattan, avec un seuil de Bonferroni fixé à $\alpha = 0,05$. Un SNP est considéré significativement associé à un trait lorsque sa valeur de $-\log_{10}(p)$ atteint ou dépasse 4,67. Cette valeur correspond au seuil calculé dans notre étude, où $-\log_{10}(p)$ est déterminé par la formule $p = 0,05 / \text{nombre total de SNPs (2353)}$, donnant ainsi $-\log_{10}(p) = 4,67$.

Pour identifier les gènes/QTLs, les modèles de gènes à haute confiance (HCG) dans l'intervalle de confiance des QTLs ont été extraits des données d'annotation du génome Svevo version. 1 basant sur les données de bases des céréales « GrainGenes ».

3. Résultats

3.1. Distribution, taille génomique et contenu d'information en polymorphisme des SNPs

Après avoir filtré les données issues du 7000 SNPs, 2353 SNPs ont été retenus pour les analyses ultérieures. Parmi ceux-ci, 1058 SNPs (46 %) ont été répartis sur le génome A et 1295 SNPs (54 %) sur le génome B. Le nombre de SNPs par chromosome variait entre 90 SNPs pour le chromosome 4A et 227 pour le chromosome 1B (annexe 3, tableau 2). La diversité polymorphique a été influencée par la nature de mutation de substitution, qui se divise en transitions et transversions. Les SNPs de substitution identifiés sur le génome du blé dur dans cette étude ont été répartis à 78,41 % en mutations de transition et à 21,57 % en mutations de transversion (tableau 27).

La taille génomique des SNPs la plus élevée a été observée pour le chromosome 3B, atteignant environ 835 Mbp, tandis que la plus faible a été notée pour le chromosome 1A avec environ 584 Mbp (figure 69). Le contenu informatif en polymorphisme (PIC) moyen des SNPs a été estimé à 0,325. Le chromosome 6B a présenté le PIC le plus élevé (0,354), tandis que le chromosome 1A a affiché la valeur la plus faible (0,256) (annexe 3, tableau 2).

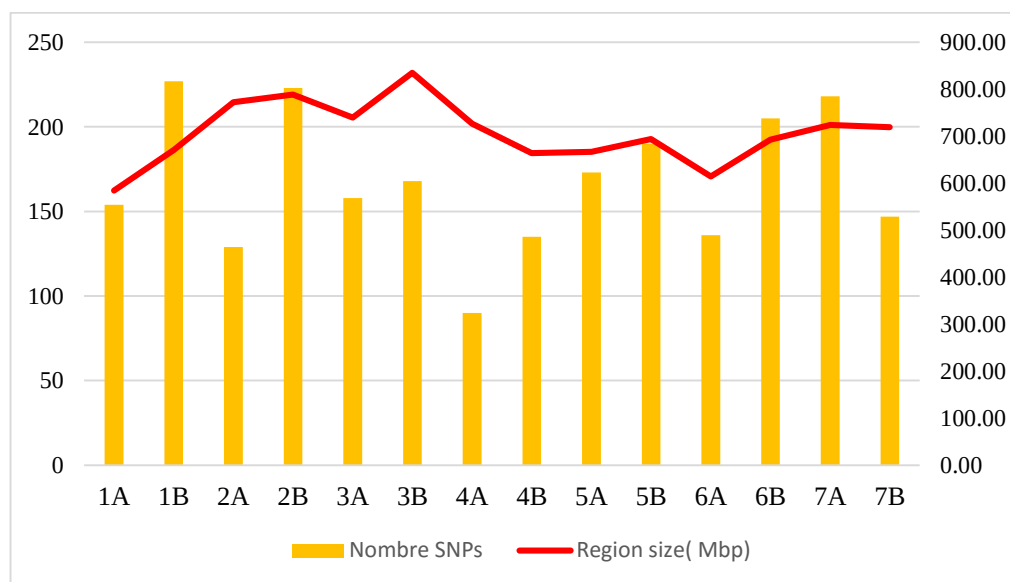


Figure 69: Distribution et taille génomique des SNPs de chaque chromosome de blé dur

Tableau 27 : Type de mutation de substitution et leur fréquence dans l'ensemble des SNPs

Combinaison	Transition		Transversion			
	A/G	C/T	A/C	A/T	C/G	G/T
Nbre de SNPs	901	944	203	18	62	225
Fréquence	38,29%	40,12%	8,62%	0,76%	2,63%	9,56
Total	78,41%		21,57%			

3.2. Décroissance de Déséquilibre de liaison

Le maximum de décroissance de déséquilibre de liaison a été obtenu à une valeur de 0,4592 et la moitié de déséquilibre à 0,2296 pour une distance de 4099012 bp (4,09 Mb) pour le génome A et B à un seuil de $r^2=0,1$ (figure 70). L'intervalle de $\pm 4,09$ Mb autour d'un SNP associé à un trait représente l'intervalle de confiance du gène\QTL correspondant.

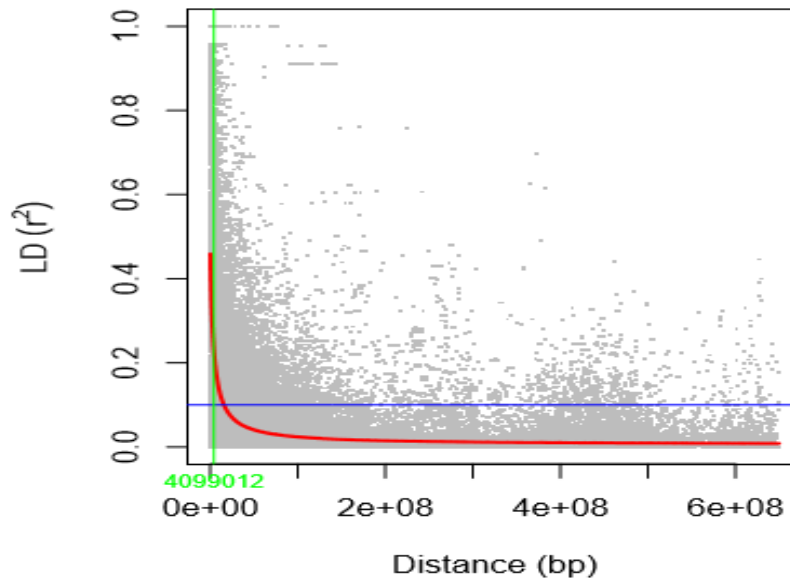


Figure 70 : Diagramme de dispersion de paires de SNP montrant la décroissance de déséquilibre de liaison de 94 génotypes de blé dur

3.3. Analyse de la structure de population

Les résultats de l'analyse de structure de population, réalisée à l'aide du programme STRUCTURE, ont montré que le nombre optimal de populations, basé sur les valeurs de delta K, était de $K=2$ (figure 71). Cela a permis de distinguer deux populations distinctes. L'appartenance d'un génotype à une population donnée a été déterminée en fonction du probabilité Q ($Q > 0,6$ = lignée pure ; $Q < 0,6$ = mélange) (figure 72).

La première population, représentée en rouge, a inclus 58 génotypes de blé dur, répartis comme suit : 10 d'Algérie, 1 d'Australie, 2 de France, 4 d'Italie, 4 de Syrie, 1 d'Espagne, 1 des États-Unis, 1 de Tunisie, 8 du CIMMYT, 12 du Mexique et 14 de l'ICARDA. La deuxième population, représentée en vert, a été constituée de 28 génotypes, dont 11 d'Algérie, 1 de Chypre, 1 d'Iran, 2 de France, 4 d'Italie, 3 de l'ICARDA et un génotype en provenance de chacun des pays suivants : Espagne, Jordanie, Tunisie, Mexique, États-Unis et Syrie (annexe 3, tableau 1).

Par ailleurs, huit génotypes présentant des valeurs de Q inférieures à 0,6, indiquant une ascendance mélangée, ont été identifiés. Ils se sont composés de trois génotypes de l'ICARDA, ainsi que d'un génotype respectivement originaire d'Algérie, de Tunisie, de France, du Mexique et d'Australie

L'analyse de la divergence de fréquence allélique (Net nucleotide distance) effectuée à l'aide du programme STRUCTURE a estimé une valeur de 0,1213 entre les deux populations. En moyenne, l'hétérozygotie attendue au sein des individus d'une même population a révélé que la population 2 présentait un niveau de diversité génétique légèrement supérieur à celui de la population 1.

Tableau 28 : Les résultats de l'analyse de structure de population des 94 génotypes de blé dur

Population	Pourcentage du population déduit	Indice de fixation moyenne (Fst)	Hétérozygotie attendue (He)	Nbre de génotypes
P1	0,619	0,3694	0,2483	58
P2	0,381	0,2621	0,2963	28

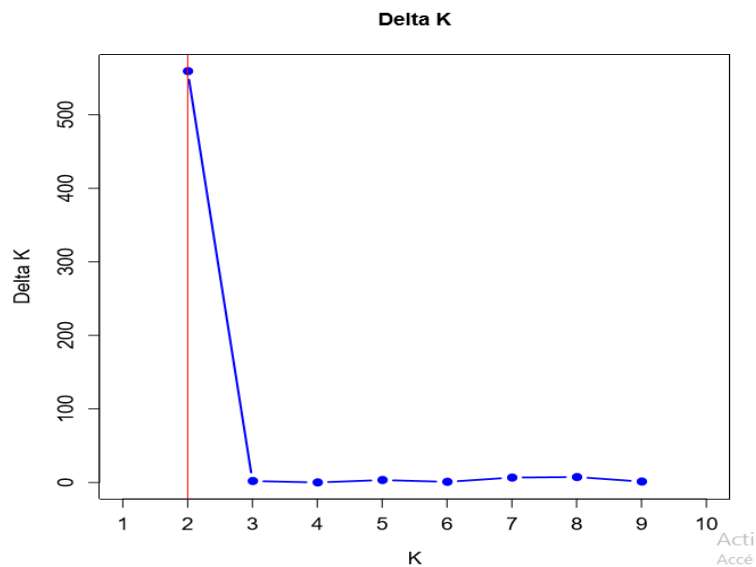


Figure 71 : Détermination du valeur de K basant sur le test d'Evanno delta K

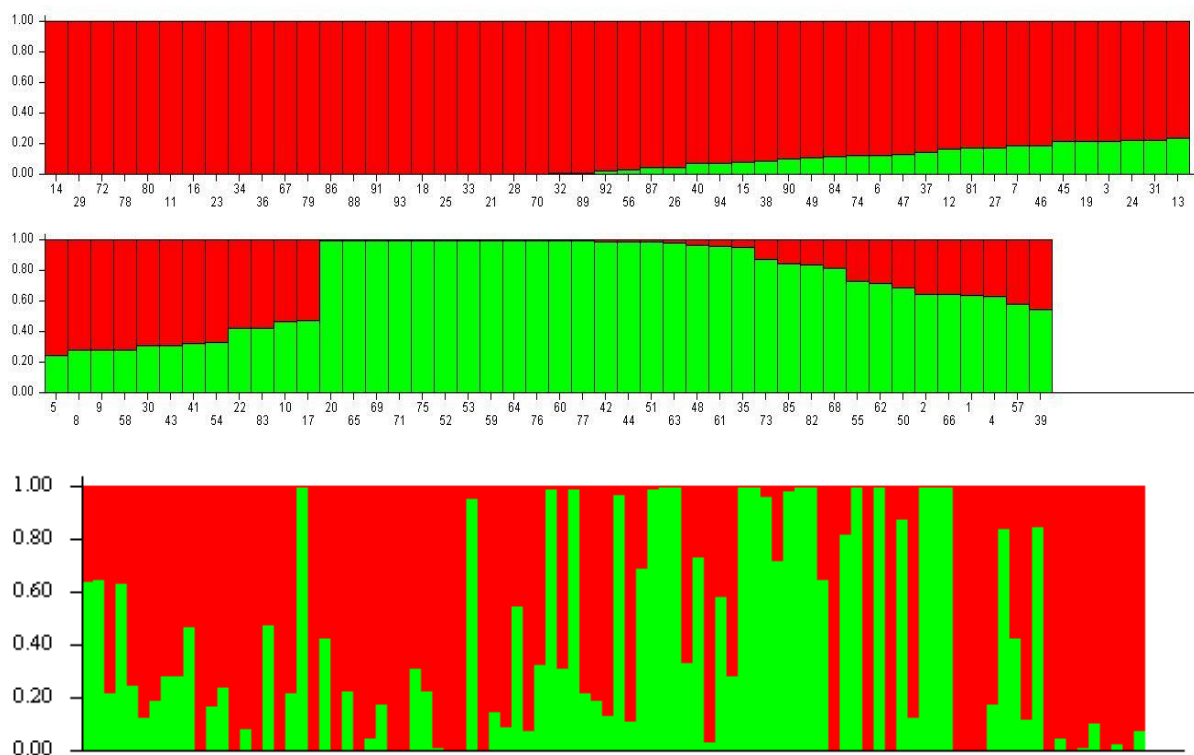


Figure 72 : Classification de 94 génotypes de blé dur on utilisant STRUCTURE ou l'axe X montre les génotypes et l'axe Y montre la probabilité Q d'appartenance de chaque génotype à une population : P1 (rouge) et P2 (verte)

Toutefois, l'analyse discriminante des composantes principales (DAPC), a indiqué que le nombre optimal de populations est de 4 basant sur la valeur la plus faible du critère d'information bayésien (BIC) (figure 73). Le diagramme DAPC, fondé sur les deux premières fonctions discriminantes représentant respectivement les axes X et Y, explique 92,73 % de la variance totale (63,57 % pour le premier axe et 29,15 % pour le second). Il a révélé que les populations 1, 2, 3 et 4 comptent respectivement 19, 48, 12 et 15 génotypes de blé dur. Les huit génotypes au profil génétique mixte ont été intégrés dans les quatre populations formées, contrairement à l'analyse STRUCTURE où ces génotypes n'étaient pas inclus dans les deux populations définies (annexe 3, tableau 1).

Les résultats de l'analyse DAPC ont révélé un chevauchement entre les populations 2 et 3, ce qui est en accord avec la méthode STRUCTURE, qui les regroupe dans la population 1. Une certaine dispersion a également été observée entre les populations 1 et 4, bien que ces génotypes soient classés dans la population 2 selon STRUCTURE, suggérant que le taux d'hétérozygotie élevé observé au sein des individus de la population 2 par STRUCTURE a peut-être conduit à leur répartition en deux populations distinctes dans DAPC (figure 73).

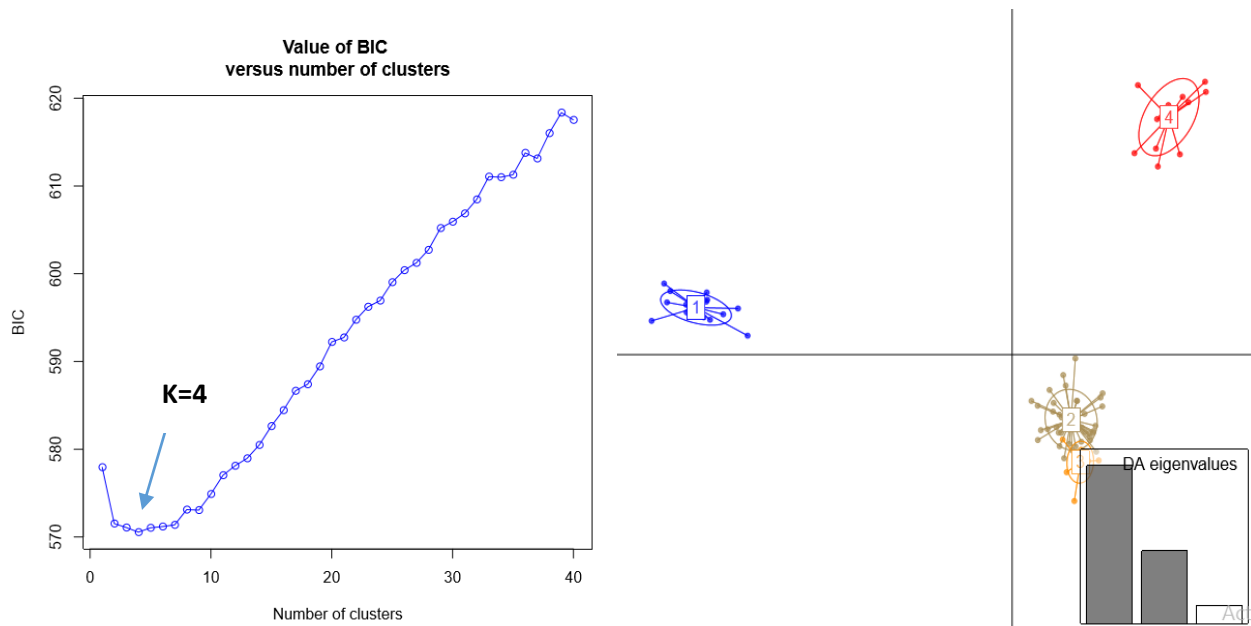


Figure 73 : Détermination du nombre de populations optimales on basant sur les valeurs de BIC et le résultat du scatter plot de l'analyse DAPC montrant les différents populations obtenus.

3.4. Estimation des indices de diversité génétique des populations

Les indices de diversité génétique de chaque population ont été présentés dans la figure 74. Le nombre d'allèles différents (N_a) a varié de 1,92 pour la population 3 à 2,44 pour la population 2. Le nombre d'allèles effectifs (N_e) a atteint sa valeur maximale dans la population 4 avec 1,60 et sa valeur minimale dans la population 3 avec 1,54. L'indice de Shannon (I) a fluctué entre 0,48 pour la population 3 et 0,55 pour la population 4. Aucun allèle rare à une fréquence $\leq 25\%$ n'a été détecté dans les quatre populations, tandis qu'à une fréquence $\leq 50\%$, ce nombre a varié de 0,061 pour la population 3 à 0,36 pour la population 4. Le nombre d'allèles privés (PA) a été le plus élevé dans la population 1 avec 1,13, et plus faible dans les autres populations. Enfin, le taux d'hétérozygotie (h) a atteint son maximum dans la population 2 avec 0,34 (annexe 3, tableau 3).

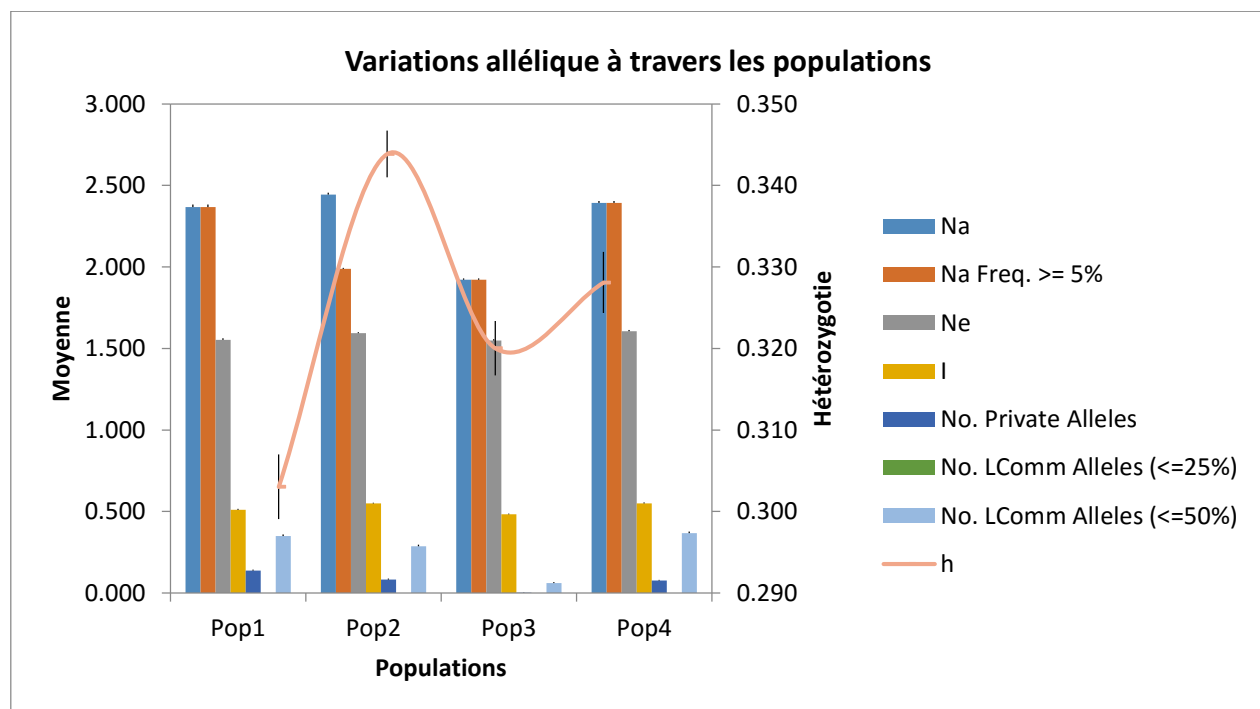


Figure 74 : Schémas et variations alléliques dans les quatre populations étudiées

3.5. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

D'après l'indice de différenciation génétique (Φ_{PT}), les résultats ont montré que la variabilité génétique au sein des populations a été supérieure à celle observée entre les populations (tableau 29). La valeur du flux génétique (N_m) a indiqué qu'en moyenne, 15 à 16 génotypes par génération ont migré entre les populations, suggérant une faible différenciation entre elles et confirmant que la majeure partie de la variation génétique a été trouvée au sein des populations.

Tableau 29 : Tableau d'analyse de la variance moléculaire

Source	df	SS	MS	Var. Est	Pourcentage de variation	PhiPt	Nm
Entre populations	3	2012,656	670,885	12,896	3%	0,031	15,74
Au sein du population	90	36500,014	405,556	405,556	97%		
Total	93	38512,670		418,452	100%		

3.6. Analyse phylogénétique

L'arbre phylogénétique obtenu par la méthode Neighbor-Joining a permis de diviser les 94 génotypes de blé dur en deux grands groupes distincts (figure 75). Le premier groupe (en jaune) a regroupé sept génotypes, dont trois variétés italiennes (5, 71 et 95), deux variétés locales originaires de Jordanie et de Chypre (52 et 43), ainsi qu'une variété de France et de Mexique (59 et 45). L'analyse des données phénotypiques a révélé que ces génotypes partageaient des caractéristiques communes liées à la qualité technologique des grains, notamment une teneur élevée en protéines et en gluten. Ce regroupement pourrait s'expliquer par une base génétique méditerranéenne partagée, mais aussi par une sélection ancienne orientée vers la qualité du grain, typique des régions comme l'Italie et la France.

Le deuxième groupe a été subdivisé en deux sous-groupes. Le premier sous-groupes (en vert) est composé majoritairement des variétés locales anciennes algériennes (72, 80, 82, 66, 74, 78, 53 et 76) d'autres variétés anciennes de l'Iran (122), l'Espagne (90), l'Italie (62), la France (68). Ce sous-groupe inclut également des génotypes issus de lignées dont le pedigree comporte des parents liés à des variétés locales anciennes. Ce regroupement suggère l'existence d'une base génétique ancestrale commune partagée entre ces génotypes, probablement issue de populations traditionnelles conservées dans différentes régions. Par ailleurs, les génotypes de ce groupe ont présenté des caractéristiques agronomiques similaires, notamment une épiaison tardive et une hauteur de plante élevée.

Le deuxième sous-groupe du groupe 2 (en bleu) comprenait des génotypes issus de divers pays, notamment de France, Italie, Australie, États-Unis, ICARDA, CIMMYT...etc. Cette structure peut s'expliquer par l'utilisation de sources génétiques communes dans les programmes de sélection, à partir de matériel génétique diffusé internationalement (comme les lignées ICARDA ou CIMMYT).

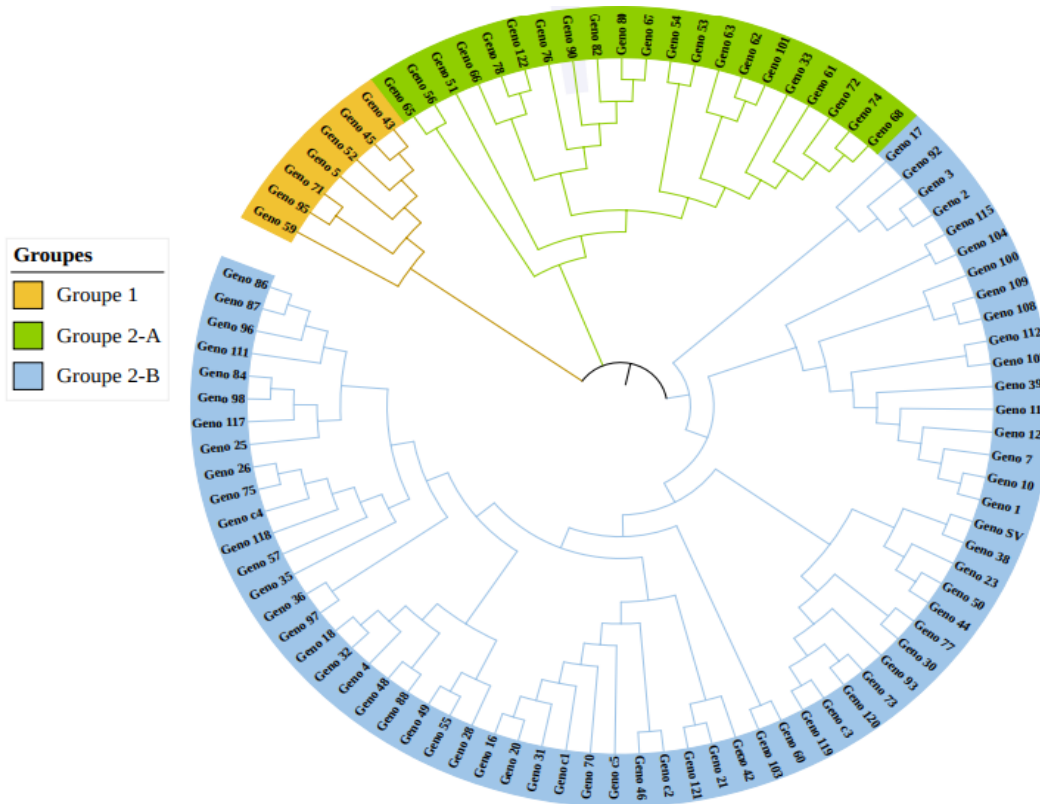


Figure 75 : l'arbre phylogénétique Neighbor-joining basant sur la distance génétique de 94 de génotypes de blé dur utilisant 2353 SNPs

3.7. Etude d'association marqueur-trait (GWAS)

Dans cette étude, l'analyse GWAS a révélé 27 SNPs associés à huit paramètres phénotypiques (PE, HP, LE, LC, SF, PMG, NEF et CHL) (tableau 30).

À Alger, trois SNPs ont été identifiés pour la précocité à l'épiaison (PE) (figure 76). L'un d'eux, sur le Chr 3A, a présenté la variance phénotypique expliquée (VPE) la plus élevée (70,32 %) et a montré un effet de l'allèle mineur, réduisant l'épiaison de 12 jours. Un SNP a été détecté sur le Chr 4A pour la hauteur de la plante (HP) et la longueur du col de l'épi (LC), expliquant 86,48 % et 80,09 % de la VPE, avec un effet de réduction de 17,81 cm pour HP et 5,08 cm pour LC. Six

SNPs ont été associés à la PMG, dont un sur le Chr 2A, affichant la VPE la plus élevée (21,37 %) et un effet d'augmentation de 4,12 g de PMG (tableau 30).

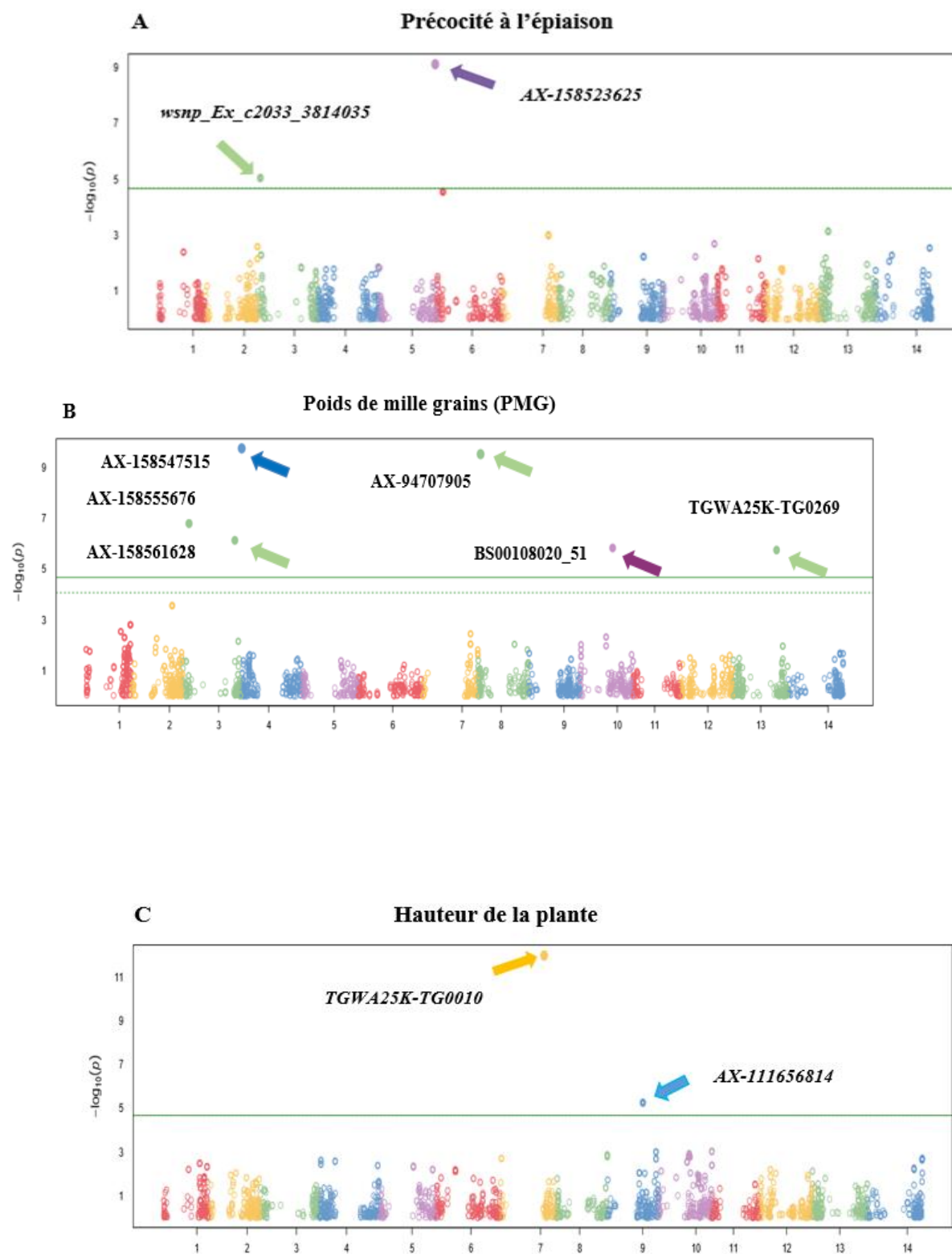
Pour le site de Constantine, sept SNPs ont été associés à la longueur de l'épi (LE), dont un situé sur le Chr 6A, qui a expliqué 33,36 % de la variance phénotypique et a entraîné une augmentation de 0,66 cm du LE. Quatre SNPs ont été identifiés pour la hauteur de la plante (HP), avec un SNP sur le Chr 4A qui a expliqué 74,19 % de la variance phénotypique et a induit une réduction de 14,52 cm pour HP. Deux SNPs ont été associés à la longueur du col de l'épi (LC), dont un sur le Chr 4A, qui a expliqué la plus grande variance phénotypique et a réduit le LC de 4,02 cm (tableau 30) (figure 76).

Un nouveau SNP, détecté de manière consistante à travers tous les environnements et localisé sur le chromosome 7A, a été associé à la teneur en chlorophylle (CHL). Ce marqueur a expliqué 68,11 % de la variance phénotypique, et la présence de son allèle mineur a entraîné une augmentation de 3 unités SPAD de la teneur en CHL.

Les SNPs identifiés à Alger semblaient associés à des traits liés à la production et à l'adaptation, tandis que ceux détectés à Constantine ont été liés à des traits impliqués dans les mécanismes d'adaptation. Ces résultats mettent en évidence l'influence des conditions spécifiques d'un environnement donné sur l'expression des loci.

Un effet de pléiotropie a été observé pour le marqueur TGWA25K-TG0010, impliquant les deux paramètres HP et LC sur le Chr 4A à la position 575089903 bp. De même, le marqueur wsnp_Ku_c51039_56457361, situé sur le Chr 5A à la position 491036134 bp, a également montré un effet pléiotropique pour ces deux mêmes paramètres. Par ailleurs, le marqueur wsnp_Ex_c2033_3814035, localisé sur le Chr 2A à la position 36293464 bp, a révélé un effet pléiotropique pour les paramètres précocité et nombre d'épillets fertiles/épi (tableau 30).

Différents traits ont été identifiés comme étant sous contrôle polygénique, notamment LE avec des associations sur les Chr 2A, 2B, 3A, 3B, 6A et 7B. Le PMG, avec des associations sur les Chr 2A, 2B, 4B, 5B et 7A, HP sur les Chr 1A, 4A et 5A, PE sur les Chr 2A, 2B et 3A. NEF a montré des associations sur les Chr 2A, 3B et SF sur le Chr 1A, 3A (tableau 30).



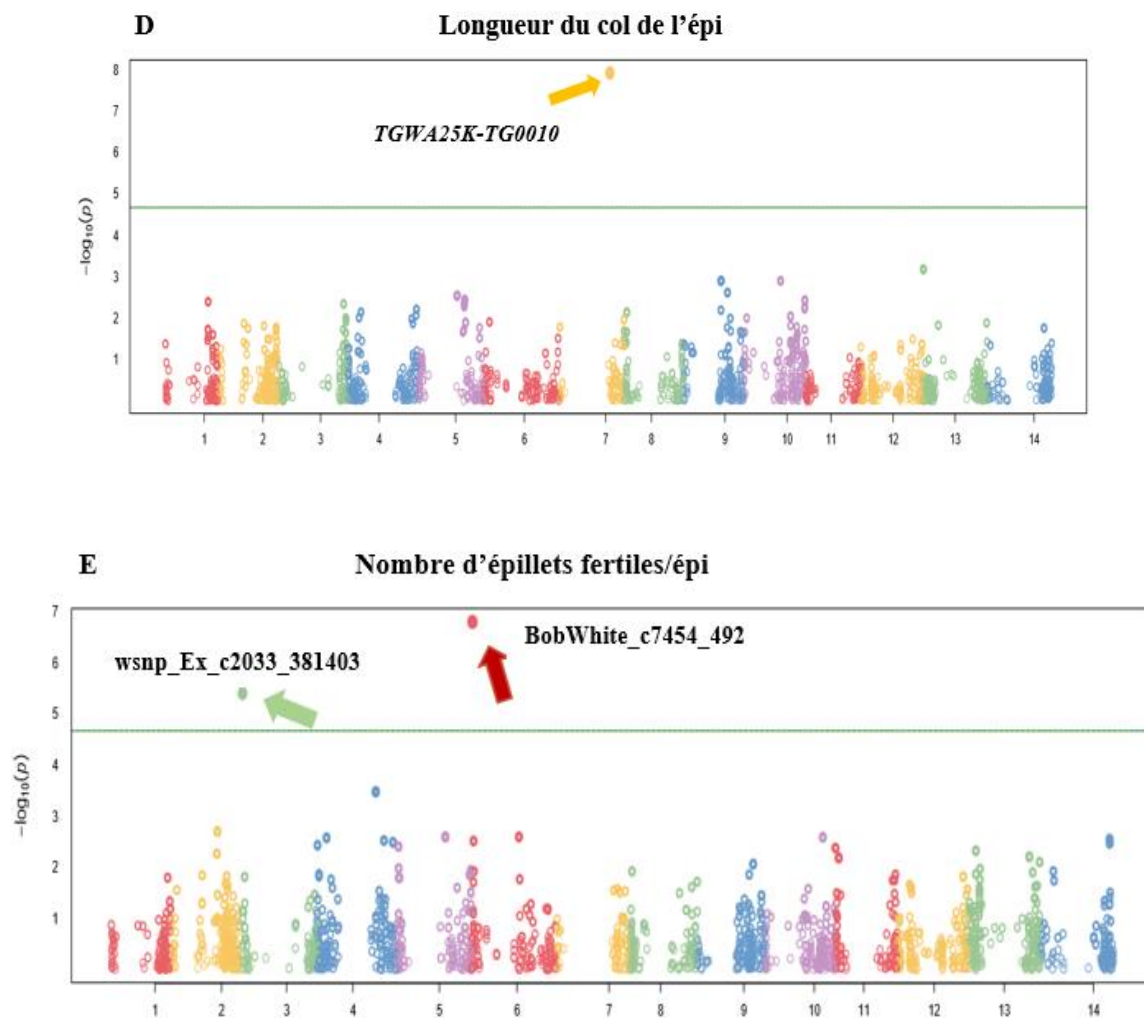


Figure 76 : Graphique de Manhattan des résultats de GWAS pour quelques paramètres phéno-morphologiques et agronomiques détectés

Tableau 30 : Liste des SNPs détectés par GWAS pour les quatre environnements étudiés

Environnements	Traits	SNPs	Chr	Pos (bp)	-log10(p)	Effet	VPE (%)
Alg 20/21	LE	AX-158554307	7B	126402042	8,66E+00	-0,75	46,25
		BS00068050_51	2A	7171578	7,10E+00	0,49	17,05
	NEF	BobWhite_c7454_492	3B	9977207	6,80E+00	-1,81	30,54
		wsnp_Ex_c2033_3814035	2A	36293464	5,40E+00	-1,48	28,52
	PE	BS00078506_51	2B	205979500	5,43E+00	-5,17	55,9
		wsnp_Ex_c2033_3814035	2A	36293464	8,63E+00	-4,33	25,14
	PMG	AX-158555676	2A	84493443	6,80E+00	4,14	21,37
		AX-158561628	2A	685543691	6,14E+00	-3,87	14,92
		AX-158547515	2B	1056812	9,77E+00	4,85	16,44
		BS00108020_51	5B	432748323	5,84E+00	4,8	19,5
		TGWA25K-TG0269	7A	571700366	5,76E+00	3,01	11,32
		AX-94707905	4B	34852445	9,54E+00	-3,23	7,54
	HP	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	9,64E+00	-14,53	65,06
		AX-111656814	5A	465829618	5,94E+00	8,99	23,31
	LC	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	5,25E+00	-4,3	70,87
Alg 21/22	HP	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	1,14E+01	-17,81	86,48
	LC	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	8,49E+00	-5,08	80,09
	PE	AX-158523625	3A	720338696	5,37E+00	-12,03	70,32
		BS00070991_51	1A	578641384	5,97E+00	-5,65	34,31
		AX-158523970	3A	34213247	4,78E+00	-4,47	28,75
Const 18/19	HP	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	1,26E+01	-14,24	74,19
		AX-111656814	5A	465829618	5,53E+00	6,94	15,6
	LC	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	6,30E+00	-4,02	73,52
	LE	AX-158575250	2B	206985531	1,86E+01	-0,72	24,39
		Kukri_c4294_371	2B	637407331	5,29E+00	0,26	6,42
		AX-158538087	2B	769288005	1,17E+01	-0,34	4,66
		AX-158523255	3A	690801141	5,19E+00	0,25	4,16
		AX-109276379	3B	423388447	1,35E+01	0,37	5,71
		Excalibur_c8197_381	6A	16755164	1,30E+01	0,43	17,15
		RFL_Contig2605_672	6A	85672533	1,44E+01	0,66	33,36
Const 20/21	HP	wsnp_Ex_c1255_2411550	1A	581428253	4,73E+00	8,09	39,86
		wsnp_Ku_c51039_56457361	5A	491036134	6,84E+00	-8,23	41,99
	LC	wsnp_Ku_c51039_56457361	5A	491036134	4,84E+00	-3,24	59,19
A travers tous les environnements	PE	wsnp_Ex_c2033_3814035	2A	36293464	8,96E-06	-1,97	14,94
		AX-158523625	3A	720338696	7,68E-10	-8,63	61,31
	CHL	AX-95197108	7A	87965802	6,75E-07	3,00	68,11

	HP	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	9,73E-13	-14,52	74,43
		AX-111656814	5A	465829618	5,50E-06	7,11	15,93
	LC	TGWA25K-TG0010	4A	575089903	1,19E-08	-3,88	79,48
	LE	Excalibur_c97201_294	5B	234455169	1,67E-05	0,62	72,04

3.8. Détection des gènes\QTLs

L'intervalle de $\pm 4,09$ Mb autour d'un SNP associé à un trait correspond à l'intervalle de confiance du gène\QTL lié. Dans cette étude, chaque SNP détecté pour un trait donné s'est révélé colocalisé avec un à trois gènes prédits, identifiés par des annotations de haute confiance et codant généralement pour des protéines (tableau 31).

Plusieurs gènes candidats codant pour des protéines spécifiques ont été identifiés pour différents caractères agronomiques. Les gènes TRITD4Av1G194130.6 et TRITD4Av1G194130.1, situés sur le chromosome 4A et codant respectivement pour les protéines Dwarf 8 et GAI, ont été associés à la hauteur de la plante et à la longueur du col de l'épi. Le gène TRITD2Av1G253030.2, localisé sur le chromosome 2A et codant pour une protéine de type Cytochrome P450, a été identifié en lien avec le PMG. Le gène TRITD2Av1G019050.3, codant pour une protéine NETWORKED 2D G, a été détecté pour la précocité à l'épiaison et le nombre d'épillets fertiles/épi

Tableau 31 : Liste des gènes associés à chaque SNP identifié pour chaque paramètre identifié par l'analyse GWAS

Traits	SNPs	Chr	Gène	Description du gène	Sa position (bp)
PE	wsnp_Ex_c2033_3814035	2A	TRITD2Av1G019050.3	Protéine NETWORKED 2D G	36290473..36293816
	AX-158523625	3A	TRITD3Av1G273510.4	Protéine de particule de reconnaissance du signal - putative	720324176..720325906
			TRITD3Av1G273530.2	Protéine de la famille des O-méthyltransférases	720337294..720338495
	BS00078506_51	2B	TRITD2Bv1G078470.5	Hydrolase à repli alpha/beta	205982545..205983290
NEF	BobWhite_c7454_492	3B	TRITD3Bv1G004960.2	Tyrosine decarboxylase	9776374..9777882
			TRITD3Bv1G004950.3	3'-N-debenzoyl-2'-deoxytaxol N-benzoyltransferase	9781370..9782644
	wsnp_Ex_c2033_3814035	2A	TRITD2Av1G019050.3	Protéine NETWORKED 2D G	36290473..36293816
SF	BS00070991_51	1A	TRITD1Av1G227800.1	Protéine de la famille des répétitions riches en leucine (LRR)	578649960..578650979

	AX-158523970	3A	TRITD1Av1G227700.11	Protéine de résistance aux maladies (classe NBS-LRR)	578651057..578653340
			TRITD3Av1G017430.2	Protéine de la famille F-box	33942664..33943815
			TRITD3Av1G017440.1	Protéine de la famille Germin 1	33948662..34321782
HP	TGWA25K-TG0010	4A	TRITD4Av1G194130.6	Protéine Dwarf 8	575088221..575090083
			TRITD4Av1G194130.1	Protéine de type GAI 1	575088221..575089930
	wsnp_Ku_c51039_56457361	5A	TRITD5Av1G180320.4	Protéine de type kinésine	491038690..491039708
	AX-111656814	5A	TRITD5Av1G170950.3	Protéine de la superfamille des protéines de liaison à l'ADN de type basic helix-loop-helix (bHLH)	465809261..465810466
	wsnp_Ex_c1255_2411550	1A	TRITD1Av1G229310.2	Phosphatase 2C	581260287..581261314
			TRITD1Av1G229360.1	Protéine F-box/FBD/LRR	581310073..581311907
PMG	AX-158555676	2A	TRITD2Av1G039600.2	Glycosyltransférase G	84324265..84325548
	AX-158561628	2A	TRITD2Av1G253030.2	Cytochrome P450	685538206..685539469
	AX-158547515	2B	TRITD2Bv1G000750.3	Protéine 2 contenant un domaine d'interaction AT-rich	1055612..1058158
	BS00108020_51	5B	TRITD5Bv1G144190.1	Protéine kinase	432745872..432748029
	TGWA25K-TG0269	7A	TRITD7Av1G213880.1	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransférase G	571712997..571713251
			TRITD7Av1G213870.1	Protéine de type polyamine oxydase G	571709718..571710943
			TRITD7Av1G213830.1	Peptidyl-ARNt hydrolase G	571693738..571694028
	AX-94707905	4B	TRITD4Bv1G014180.1	Protéine kinase sérine/thréonine	35019243..35020975
			TRITD4Bv1G014200.3	Protéine similaire à la 12-oxophytodiénoate réductase	35048915..35050146
LC	TGWA25K-TG0010	4A	TRITD4Av1G194130.6	Protéine Dwarf 8	575088221..575090083
			TRITD4Av1G194130.1	Protéine de type GAI 1	575088221..575089930
	wsnp_Ku_c51039_56457361	5A	TRITD5Av1G180320.4	Protéine de type kinésine	491038690..491039708
LE	Excalibur_c97201_294	5B	TRITD5Bv1G079720.1	Xyloglucane 6-xylosyltransférase 1	234451155..234452492
			TRITD5Bv1G079730.1	N-glycosidase d'ARNr G	234453675..234455504
	AX-158554307	7B	TRITD7Bv1G046020.3	Sous-unité 3 du complexe condensine	126395486..126400329
			TRITD7Bv1G046040.1	Protéine de la famille des protéines liant l'ARN	126402900..126405265
	BS00068050_51	2A	TRITD2Av1G004170.1	Protéine de résistance au Fusarium I2C-5-like G	7171776..7172252

	AX-158575250	2B	TRITD2Bv1G078930.1	Modificateur small ubiquitin-like (SUMO)	206977783..206978394
	Kukri_c4294_371	2B	TRITD2Bv1G212980.1	Protéine ribosomale S5 de la sous-unité 30S	637396964..637399330
	AX-158538087	2B	TRITD2Bv1G257970.2	Protéine de la famille F-box	769291737..769345228
			TRITD2Bv1G257960.2	Protéine apparentée à l'actine	769286230..769289834
	AX-158523255	3A	TRITD3Av1G259110.1	Protéine de la famille F-box	690782532..690783674
			TRITD3Av1G259120.1	clone d'ADNc:J013058P10full	690795087..690795680
	AX-109276379	3B	TRITD3Bv1G135990.1	protéine à doigt de zinc ZPR1	423379426..423382117
	Excalibur_c8197_381	6A	TRITD6Av1G007220.1	protéine contenant des répétitions de Kelch	16759604..16760801
CHL	RFL_Contig2605_672	6A	TRITD6Av1G037000.1	protéine régulatrice de l'unité non-ATPase du protéasome 26S-like	85618774..85622920
	AX-95197108	7A	TRITD7Av1G041160.1	Strictosidine synthase	87931809..87932849
			TRITD7Av1G041180.5	Protéine de la superfamille ENTH/ANTH/VHS	87961266..87965275

4. Discussion

Dans cette étude, 7K SNPs ont été utilisés pour analyser la variabilité génétique de 94 génotypes de blé dur. Des travaux précédents ont également employé les SNPs comme marqueurs pour explorer différents aspects de cette espèce, notamment à travers des études d'association (Mulugeta et *al.*, 2023 ; Taranto et *al.*, 2023) et l'analyse de la structure de population et diversité génétique (Mengistu et *al.*, 2016 ; Kabbaj et *al.*, 2017 ; Abebe, 2019 ; Mazzucotelli et *al.*, 2020).

Les marqueurs SNPs utilisés dans cette étude ont été identifiés comme modérément informatifs, avec une valeur de PIC de 0,325, reflétant une variabilité génétique intermédiaire. Cette valeur est supérieure à celle rapportée par Kabbaj et *al.* (2017), qui ont obtenu un PIC de 0,118 en étudiant 337 accessions de blé dur, comprenant des variétés locales, des cultivars et des lignées élités, collectées dans plus de 30 pays à l'aide de 35K Affymetrix Axiom Wheat. Elle dépasse également le PIC de 0,18 rapporté par Ren et *al.* (2013), dans une étude portant sur 150 accessions de blé dur analysés avec 1536 marqueurs SNPs. Ceci était prévisible, étant donné que les valeurs PIC obtenues avec des marqueurs bi-alléliques tels que DArT et SNP sont limitées à un maximum de 0,50. Cela implique que le PIC le plus élevé atteignable est de 0,5 lorsque les deux allèles ont

la même fréquence, alors qu'il peut atteindre jusqu'à 1,0 avec des marqueurs multi-alléliques tels que l'AFLP et les SSRs (Laribi et *al.*, 2023).

Le déséquilibre de liaison (LD) représente un élément crucial qui doit être pris en compte au moment de la création des cartes d'association, en particulier lorsqu'il s'agit d'évaluer l'étendue des SNPs fortement liés (Bashir et *al.*, 2024). Dans la présente étude, la distance moyenne de décroissance de déséquilibre de liaison (LD) a été estimée à 4,09 Mb, une valeur également observée dans d'autres recherches (Hao et *al.*, 2022 ; Laribi et *al.*, 2023). Tous les marqueurs associés dans cette intervalle sont considérés comme faisant partie d'un même QTL, et les gènes situés dans cette région sont potentiellement impliqués dans le contrôle du caractère analysé (Laribi et *al.*, 2023). Les modèles de déséquilibre de liaison ont présenté une variation entre les chromosomes homéologues dans les génomes A et B. Cette variation peut être attribuée au nombre différent de marqueurs par chromosome homéologue (Laribi et *al.*, 2023). Le blé, en tant qu'espèce autogame avec un génome de grande taille, présente une décroissance du déséquilibre de liaison plus lente et sur de plus longues distances comparé à des plantes comme le maïs, le riz et *Arabidopsis* Hao et *al.* (2022), en raison d'une recombinaison moins fréquente et moins efficace que celle observée chez les espèces à pollinisation croisée (Hyun et *al.*, 2021).

L'arbre phylogénétique permet généralement de retracer les relations évolutives entre les individus d'une même espèce. Dans cette étude, l'analyse phylogénétique a révélé une structuration de la collection en deux groupes principaux distincts, et a mis en évidence le regroupement de variétés locales issues de différentes origines géographiques au sein d'un même cluster, ce qui suggère l'existence d'un ancêtre commun ou d'une histoire évolutive partagée. De plus, plusieurs génotypes de pays différents se regroupent, malgré une grande distance géographique, ce qui peut être attribué à l'échange de matériel génétique entre divers pays et centres de recherche comme le CIMMYT et l'ICARDA. Ce processus favorise la sélection de variétés adaptées à des environnements variés, entraînant ainsi une convergence génétique, même avec des origines géographiques distinctes, en raison de la pression de sélection. Une étude réalisée par Royo et *al.* (2009), ont montré que le pool génétique italien a été enrichi par l'incorporation de nouveaux pools génétiques, principalement issus du matériel génétique du CIMMYT. Les variétés les plus cultivées par les agriculteurs italiens comprennent « Simeto », « Ofanto », « Grazia », « Appulo », « Svevo », et «

Neodur ». Selon cet auteur, la variété italienne « Senatore Cappelli » a été introduite dans le matériel génétique des États-Unis pour améliorer la qualité de la force du gluten, tout comme certaines variétés européennes et du CIMMYT qui ont été également introduites aux États-Unis (Royo et *al.*, 2009).

L'analyse de la structure génétique du blé dur de diverses origines est essentielle pour exploiter sa diversité, identifier des génotypes prometteurs et enrichir la base génétique des variétés modernes (Christov et *al.*, 2022). Dans cette étude, l'analyse de la structure de population réalisée par la méthode STRUCTURE a identifié deux populations distinctes, tandis que 8 génotypes ont été classés comme mixtes. Selon (Alemu et *al.*, 2020), ces mélanges pourraient être liés à des échanges historiques de semences entre régions proches en raison de leur proximité géographique. En revanche, l'analyse de cette structure par la méthode DAPC a révélé quatre populations distinctes. Le chevauchement entre les populations 2 et 3 suggère que leurs génotypes partagent des bases génétiques similaires, probablement dues à l'utilisation fréquente de fondateurs du CIMMYT ou de l'ICARDA dans leur pedigree. Kabbaj et *al.* (2017), ont souligné que la forte similarité génétique des cultivars et lignées élites découle souvent de choix de croisement basés sur les mêmes fondateurs, conduisant à des mélanges génétiques même entre régions éloignées.

La séparation des populations 1 et 4, bien qu'elles appartiennent à la population 2 selon la méthode STRUCTURE, pourrait s'expliquer par des facteurs non pris en compte par cette méthode. De plus, il a été démontré que, dans certains cas, une valeur de $K = 2$ dans STRUCTURE peut ne pas refléter avec précision la structure génétique réelle de la population. Ainsi, les analyses DAPC et ACP sont jugées plus fiables que STRUCTURE dans ce contexte (Tehseen et *al.*, 2022). Les populations 1 et 4, composées majoritairement de variétés locales (Algérie, France, Espagne, Jordanie, Chypre, États-Unis, Italie), partagent des traits phénotypiques similaires, tels qu'une épiaison tardive, une taille haute de la plante et de bonnes caractéristiques technologiques des grains. Ces similitudes pourraient être dues à une évolution indépendante et à des bases génétiques distinctes entre ces génotypes. Les résultats de la structure de population obtenus pour $K=2$ avec STRUCTURE et $K=4$ à 5 avec DAPC concordent avec les observations rapportées dans des études précédentes sur le blé dur Roncallo et *al.* (2021), blé tendre Tehseen et *al.* (2022) et l'orge (Degu et *al.* (2023).

L'analyse de la structure de population par les deux méthodes a montré que les données SNPs ne reflétaient pas une séparation géographique claire, les génotypes étant répartis de manière mélangée entre les populations. Ces observations concordent avec celles rapportées par Abebe, (2019), pour des variétés locales et par Ren et *al.* (2013) dans une étude d'association (GWAS), où aucun regroupement géographique ou écologique clair n'a été détecté parmi 150 accessions de blé dur d'origine mondiale. Cette absence de structuration pourrait s'expliquer par des échanges génétiques fréquents entre régions et par l'impact historique du transfert de gènes par l'homme.

La diversité génétique peut être décrite comme le degré de différenciation entre ou au sein des espèces (Negisho et *al.*, 2021). Dans cette étude, la diversité génétique moyenne, mesurée par l'indice de Shannon ($I = 0,52$) et le taux d'hétérozygotie ($h = 0,32$), est modérée, ce qui est cohérent avec les résultats de Roncallo et *al.* (2021) ($I = 0,50$, $h = 0,33$), qui ont étudié 196 accessions de blé dur provenant de diverses origines. D'après Seay et *al.* (2024), la diversité génétique est influencée par la taille de la collection, la nature des marqueurs moléculaires et la richesse allélique par locus. Amallah, (2017), a constaté qu'une stabilité du taux d'hétérozygotie attendue (H_e) et de l'indice de diversité de Shannon (I) entre populations suggère que la diversité génétique globale n'a pas significativement évolué au fil du temps, résultat similaire à celui observé dans cette étude. Le nombre d'allèles privés était de 0,137 pour la population 1 et pratiquement nul dans les autres populations, ce qui s'explique par la composition majoritaire de cette population par des variétés locales anciennes, généralement riches en allèles rares ou uniques. Taranto et *al.* (2020) ont rapporté une forte diminution du nombre d'allèles privés passant de la variété locale, aux cultivars anciens et aux cultivars modernes libérés pendant la première révolution verte. Roncallo et *al.* (2021), ont souligné que l'utilisation d'un nombre restreint de lignées parentales ou le recours fréquent à des cultivars conduit à une réduction de la base génétique, ce qui pourrait entraîner une perte de richesse allélique dans le matériel génétique.

L'analyse de variance moléculaire a montré que la diversité génétique est principalement concentrée au sein des populations plutôt qu'entre elles. Cette observation est corroborée par une valeur de flux génétique de 15, indiquant un échange génétique significatif favorisant l'homogénéité entre les populations. Le flux génétique élevé observé dans cette étude pourrait s'expliquer par un important échange de matériel génétique, probablement facilité par des échanges fréquents de semences (Lee et *al.*, 2019). Des résultats similaires ont été rapportés par Soriano et *al.* (2016),

qui ont étudié 172 variétés et cultivars locaux de blé dur à l'aide de marqueurs SSRs. Velimirović et *al.* (2023) ont également constaté une forte valeur de flux génétique au sein de 60 accessions de blé dur des Balkans occidentaux, attribuée aux échanges fréquents de semences entre agriculteurs de cette région.

L'analyse GWAS est un outil puissant pour identifier les gènes liés aux caractères phénotypiques. Elle complète l'analyse QTL en permettant de localiser les régions communes impliquant différents traits et gènes régulateurs majeurs (Marcotuli et *al.*, 2022). L'identification des SNPs significatifs liés au rendement et à ses composants ouvre l'opportunité à de nouvelles stratégies pour accumuler des allèles favorables dans le cadre de futurs programmes d'amélioration génétique du blé (Muhu-Din Ahmed et *al.*, 2020). Dans cette étude, 27 SNPs associés à des traits agronomiques d'intérêt ont été identifiés, en lien avec des gènes référencés dans la base de données des céréales « GrainGenes ».

Diverses études ont identifié des SNPs significatifs associés à plusieurs traits phénotypiques, comme dans notre étude. Ces associations incluent la précocité à l'épiaison sur le Chr 2A Mulugeta et *al.* (2023) et le Chr 2B Taranto et *al.* (2023), la hauteur de la plante sur le Chr 4A Mengistu et *al.* (2016) et le Chr 5A Mulugeta et *al.* (2023), la longueur de l'épi sur les Chr 2A et 2B Mulugeta et *al.* (2023), la surface foliaire sur le Chr 3A Muhu-Din Ahmed et *al.*, (2020) et le poids de mille grains sur les Chr 4B, 7A et 2B (Muhu-Din Ahmed et *al.*, 2020).

De nombreuses études sur les céréales, ont analysé de vastes collections pour explorer divers caractères phénologiques, physiologiques et agronomiques en vue d'identifier des QTLs. Nardolska-Orczyk et *al.* (2017) ont examiné les fonctions biologiques des gènes associés au rendement et à ses paramètres chez le blé et l'orge, et qu'ils ont regroupés en cinq catégories : facteurs de transcription, métabolisme ou signalisation des régulateurs de croissance, division et prolifération cellulaire, régulateurs floraux et métabolisme de glucides. Les études ayant identifiés des QTLs sur les mêmes chromosomes, comme observé dans la présente étude, sont résumées comme suit :

Un QTL, QTL 1905-4A a été identifié sur le Chr 4A lié à la hauteur des plantes (Roncallo et *al.*, 2017). Un autre QTL, Rht9, détecté sur le Chr 5A, code également pour la hauteur des plantes (Ellis et *al.*, 2005). Vishwakarma et *al.* (2024) ont montré le gène TraesCS4D02G330500, localisé sur le Chr 4D du blé tendre, qui code pour une protéine hélice-boucle-hélice basique (bHLH) impliqué dans la régulation de la hauteur des plantes. Dans notre étude, une protéine similaire a été

détectée sur le Chr 5A sur le gène TRITD5Av1G170950.3 également en lien avec la hauteur de la plante. D'après Wang *et al.* (2019), les facteurs de transcription bHLH sont reconnus pour leur rôle clé dans le développement des plantes et leur adaptation aux stress environnementaux. De plus, deux QTLs ont été détectés pour la longueur de l'épi sur les Chr 2A et 7B (Thanh *et al.*, 2013). Un QTN ; Q. Hd-2B a été détecté sur le Chr 2B pour la précocité à l'épiaison (Taranto *et al.*, 2023).

D'autres QTLs liés au PMG ont également été rapportés : QTL 17327 sur le Chr 7A Peleg *et al.* (2011), QTL 1413 sur le Chr 4B Graziani *et al.* (2010) et QTL 1840-2A sur le Chr 2A (Roncallo *et al.*, 2017). Ces derniers ont identifié également, deux QTLs, QTL 1889 et QTL 1890 sur le Chr 3B liés à la fertilité de l'épi, ainsi qu'un autre QTL détecté sur le Chr 2A (Thanh *et al.*, 2013).

Différents gènes candidats ont été identifiés dans cette étude, sur la base des travaux précédents, ceux associés aux protéines Dwarf 8 et GAI ont été détectés en lien avec la hauteur des plantes et la longueur du col de l'épi. Ces gènes sont considérés comme pléiotropiques pour ces deux traits, localisés sur le chromosome 4A, et sont en relation avec l'hormone de croissance gibbérelline. Nadolska-Orczyk *et al.* (2017), ont mentionné que ces protéines sont liées aux gènes Rht-B1 et Rht-D1 pour le blé et leurs gènes orthologues sont GAI pour *arabidopsis* et d8 (dwarf 8) pour le maïs.

López-Fernández *et al.* (2023), ont identifié le gène TraesCS3B03G0058000 qui code pour une protéine Cytochrome P450, dans une collection de variétés locales de blé tendre espagnoles, et l'on considère comme un gène candidat pour le PMG. De son côté, Yang *et al.* (2021), ont trouvé que le gène TaKAO-4A (TraesCS4A02G460100), un nouveau gène candidat, code pour une protéine de la famille Cytochrome P450, liée au PMG. Dans cette étude, cette protéine a été localisée sur le Chr 2A, sur le gène TRITD2Av1G253030.2 en lien avec le PMG. Khan *et al.* (2022), ont identifié un autre gène candidat, TraesCS1A03G0779800, associé à la période de remplissage des grains qui code pour une protéine kinase sérine/thréonine. Selon Ur Rehman *et al.* (2019), ces protéines jouent un rôle essentiel dans l'augmentation du PMG et du nombre de grains/épi. Dans cette étude, cette protéine a également été détectée dans le gène TRITD4Bv1G014180.1 sur le Chr 4B.

Ma *et al.* (2022) ont identifié les gènes candidats TraesCS1D02G005200 et son orthologue Os01g13200 (pour le riz), codant pour une glucosyltransférase, comme étant associés au poids du grain. Ces résultats concordent avec notre étude, dans laquelle une protéine de même fonction a été détectée pour le gène TRITD2Av1G039600.2, également impliqué dans le poids de

mille grains (PMG). Par ailleurs, le gène TRITD5Bv1G144190.1, codant pour une protéine kinase, a lui aussi été associé au PMG dans notre analyse. Selon Khan et *al.* (2022), la famille Kinase est impliquée dans la régulation du nombre et de la taille des graines. Plusieurs QTLs associés à ces caractères ont été identifiés, notamment QTL0964_2A (Blanco et al., 2012) lié au rendement en grains par épi, et QTL1387_2A (Graziani et al., 2014) associé au nombre de grains par m².

Bhatta et *al.* (2018), ont trouvé que le gène TraesCS2A01G563200, un gène candidat code pour une protéine de résistance aux maladies (classe NBS-LRR) associé au trait surface foliaire, ce qui est en accord avec notre étude, où cette protéine a été détectée pour le gène TRITD1Av1G227700.11 sur le Chr 1A.

Un QTL qHD2-2, localisé dans le gène Seita.2G444600 codant une protéine NETWORKED 2D G, a été identifié comme associé à la précocité d'épiaison chez le millet italien (Li et *al.*, 2022). Dans la présente étude, une protéine similaire a été détectée dans le gène TRITD2Av1G019050.3 pour le même caractère, ce qui permet de le considérer comme gène candidat.

Le gène Networked 2D G, bien qu'annoté pour la date d'épiaison, pourrait être impliqué indirectement dans la fertilité des épillets. Cette hypothèse est appuyée par les travaux de Campana et *al.* (2023), qui ont utilisé le réseau fonctionnel KnetMiner pour explorer les liens entre gènes associés au trait fertilité de l'épillet. Leur analyse a montré que plusieurs gènes liés à ce caractère partagent des fonctions avec ceux impliqués dans la floraison, l'épiaison et le nombre de grains. Ce réseau révèle ainsi l'existence de connexions fonctionnelles suggérant une base génétique commune entre ces traits, probablement due à un effet de pléiotropie.

Les gènes candidats identifiés, offrent une meilleure compréhension des facteurs impliqués dans l'expression d'un trait spécifique. Ces connaissances facilitent les travaux des sélectionneurs et leur permettant d'améliorer une espèce cible en se concentrant directement sur les locus identifiés.

5. Conclusion

Les marqueurs SNPs utilisés dans cette étude ont permis d'évaluer la variabilité génétique d'une collection de blé dur, composée à la fois de variétés locales anciennes et modernes. Les différentes analyses réalisées ont révélé que la variabilité génétique est principalement concentrée au sein des populations plutôt qu'entre elles. Ces résultats, en accord avec plusieurs études sur le blé dur, mettent en évidence un flux génétique entre les populations, probablement favorisé par l'échange de matériel génétique ou des croisements visant à améliorer certains traits d'intérêt. Ces résultats expliquent et confirment le regroupement des différents génotypes observé dans les deux chapitres agro-morphologique et physico-chimique.

Les résultats ont souligné également le rôle crucial des variétés locales, constituent une source de variabilité génétique en raison de leur diversité allélique. Cette richesse génétique peut être exploitée dans les programmes d'amélioration du blé dur pour renforcer les traits d'intérêt et diversifier la base génétique des variétés récentes, contribuant ainsi à une meilleure diversité globale.

L'analyse d'association GWAS a permis d'identifier des SNPs significatifs associés à des traits d'intérêt agronomique, notamment des SNPs présentant des effets pléiotropes. Parmi eux, deux SNPs sont liés à la hauteur de la plante et à la longueur du col de l'épi, tandis qu'un autre est associé à la précocité à l'épiaison et à la fertilité de l'épi. Ces SNPs revêtent une importance particulière pour les programmes d'amélioration, permettant de cibler plusieurs traits à partir d'un seul locus.

L'analyse complémentaire de GWAS a permis d'identifier certains gènes communs, détectés à la fois dans les quatre environnements, notamment ceux associés à la hauteur de la plante et à la longueur du col de l'épi. Ces résultats suggèrent que ces gènes sont stables et jouent un rôle clé dans la sélection à grande échelle (généralisée). En revanche, les gènes spécifiques à un site, tels que ceux détectés dans chaque environnement, semblent refléter des mécanismes d'adaptation locale. Ces gènes peuvent être intégrés dans des programmes de sélection ciblés pour des régions particulières.

Conclusion générale et perspectives

Cette étude a permis de caractériser une collection de 125 génotypes de blé dur issus de différentes origines et comprennent à la fois de variétés locales et modernes, en combinant des approches phénotypiques et moléculaires. L'évaluation de ces génotypes dans des conditions pluviées sur deux sites expérimentaux, présentant des conditions climatiques différentes, a fourni une analyse approfondie de leur comportement vis-à-vis de l'interaction génotype × environnement à travers divers paramètres phénologiques, agro-morphologiques et physiologiques. Les résultats obtenus ont montré que :

- ✓ Les génotypes « Icarasha*2 (109) » et « Ter-1//Mrf1/Stj2 (111) » de l'ICARDA ont été les plus précoces sur les deux sites
- ✓ Les génotypes originaires d'Australie et des États-Unis ont montré un cycle végétatif précoce, accompagné par des tailles réduites pour les paramètres morphologiques,
- ✓ Les génotypes issus de centres de recherche tels que le CIMMYT, l'ICARDA et le Mexique se sont distingués par une expression similaire de l'ensemble des paramètres. Cette uniformité reflète les échanges de matériel végétal et les croisements intensifs menés, notamment durant la révolution verte, dans le but d'améliorer les rendements,
- ✓ Les variétés « Omrabi5 » de Syrie et « Altar84 » de CIMMYT se sont distinguées par leur teneur élevée en chlorophylle sur les deux sites,
- ✓ Les variétés locales de l'Algérie se sont caractérisées par un cycle végétative long et une taille haute, avec les variétés locales de Jordanie « Haurani » de l'Iran « GR Iran », et le génotype de l'Italie « Senatore-cappelli » et de l'ICARDA « Kebir »,
- ✓ Les variétés « GR Iran » et « Guemgoum Rkhem » se sont distingués par un poids de mille grains, un nombre d'épillets fertiles/épi et un nombre de grains/épi élevés sur les deux sites.
- ✓ Les génotypes Haurani et Romanou ont montré une adaptation spécifique au site de Constantine

Les analyses effectuées à l'aide du modèle AMMI sur le rendement, ainsi que l'indice d'adaptation plus large d'AMMI (AWAI), combinées à l'évaluation de la stabilité des paramètres via l'indice MTSI, ont permis d'identifier plusieurs génotypes communs aux deux approches. Il s'agit notamment de C1, 98 et 99 (ICARDA), C2, C4 et 31 (Algérie), C5, C3 et 120 (CIMMYT),

100 (Mexique), ainsi que 18 (Syrie). Ces génotypes se distinguent par leur rendement élevé, leur grande stabilité et leurs caractéristiques agronomiques recherchées pour l'amélioration du rendement. Les résultats combinés des analyses AMMI et MTSI soulignent la complémentarité de ces deux approches, en permettant d'identifier des génotypes performants aussi bien pour le rendement direct que pour les paramètres associés. Cela renforce leur pertinence dans les programmes de sélection, en particulier lorsqu'il s'agit de collections à grande échantillonnage.

Notre travail sur champ a également confirmé la performance et l'adaptation des cinq témoins aux conditions climatiques spécifique de chaque environnement étudié.

L'analyse des associations entre les différents paramètres et le rendement dans chaque environnement a permis d'identifier les facteurs directement liés au rendement, notamment ceux présentant de fortes corrélations, tels que le poids de mille grains, le nombre de grains par épi, le nombre d'épis par m², la hauteur de la plante, la longueur du col de l'épi et la précocité. Ces résultats offrent la possibilité d'effectuer une sélection directe sur ces paramètres en fonction de l'environnement approprié.

L'évaluation sur le terrain a été complétée par une caractérisation physico-chimique des grains issus de chaque génotype, révélant également une certaine variabilité entre les différents génotypes. Cette caractérisation a permis de regrouper les génotypes en trois classes distinctes en fonction des similitudes des caractères qu'ils partagent. Les paramètres tels que l'indice de gluten, l'indice de jaune, la vitrosité, le gluten sec, le gluten humide, la teneur en cendres, et le test de sédimentation ont montré une forte héritabilité combinée à un gain génétique élevé. Ces caractéristiques les rendent particulièrement intéressants pour une sélection ciblée selon les objectifs d'utilisation finale. L'utilisation de l'indice génotype-idéotype multi-traits (MGIDI) a permis d'identifier un groupe de 19 génotypes prometteurs, issus de différentes origines (Algérie, Tunisie, ICARDA, Syrie, Jordanie, Iran, Maroc, Australie). Ces génotypes présentent des attributs de qualité recherchés pour la transformation en pâtes, tels qu'une richesse en protéines et en gluten, une vitrosité élevée et SDS optimal.

Nos résultats mettent en évidence le potentiel des variétés locales algériennes, notamment Guemgoum Rkhem, Bidi 17, Oued Zenati, Djenah-khettifa et Gloire de Montgolfier. Ces variétés se distinguent par leur forte teneur en protéines, leur gluten de qualité, leur volume de sédimentation élevé, leur vitrosité et leur indice de jaune. Ces résultats soulignent l'importance d'un suivi

approfondi à l'échelle moléculaire pour identifier les gènes responsables de ces caractères recherchés et ainsi maximiser leur contribution dans les programmes d'amélioration génétique.

L'approche moléculaire réalisée à l'aide des marqueurs SNPs a révélé que la variabilité génétique est principalement concentrée au sein des populations plutôt qu'entre elles, ce qui s'explique par la présence d'un flux génétique. Ce flux a également été confirmé par le regroupement de génotypes d'origines diverses au sein des mêmes populations, un résultat qui concorde avec les observations faites lors des analyses phénotypiques sur le terrain et des évaluations physico-chimiques. L'analyse GWAS a permis d'identifier des SNPs pléiotropes et des gènes candidats stables, notamment ceux associés à la hauteur de la plante et à la longueur du col de l'épi. Ces résultats ont été corroborés par les données du premier chapitre de caractérisation morphologique, où ces deux paramètres ont montré un gain génétique élevé ainsi qu'une forte héritabilité dans les deux sites et au cours des deux campagnes agricoles. Par ailleurs, l'analyse GWAS a également mis en évidence des gènes spécifiques liés à des traits essentiels comme le PMG, la hauteur de la plante, la précocité à l'épiaison et le nombre d'épillets fertiles par épi, fournissant ainsi des outils génétiques précieux pour améliorer les cultures et adapter les programmes de sélection aux différents environnements.

Et Comme perspective, il est essentiel ;

- ✓ D'évaluer cette collection dans divers environnements à l'échelle nationale et sur plusieurs années offrirait une meilleure compréhension du comportement des génotypes. Elle permettrait d'identifier ceux présentant une adaptation large ou spécifique aux conditions agroclimatiques étudiées, notamment dans le contexte des scénarios liés aux changements climatiques.
 - ✓ Suivre les génotypes identifiés comme les plus performants et stables au niveau moléculaire afin d'identifier les gènes d'intérêt ou QTLs qu'ils possèdent et poursuivre la population ou les génotypes présentant des allèles rares ou privés pour les futurs progrès de sélection, dans le but d'élargir la base génétique des variétés modernes et d'améliorer leur performance.
 - ✓ Valoriser les génotypes d'origine algérienne sur le terrain, en particulier les variétés locales, qui constituent une source importante de matériel génétique grâce à leur adaptation aux conditions environnementales difficiles et leur meilleure qualité technologique du grain. Cela justifie une sélection future de ces variétés pour améliorer leur performance.
9. Conserver ces variétés locales dans des banques de gènes pour préserver leur diversité allélique.

10. Promouvoir et sensibiliser les agriculteurs à travers les fermes sur le choix des variétés productives et mieux adaptées, en adoptant une approche participative.

Références bibliographiques

- AACC. (2000). Approved Methods of the AACC. 11th Edition, American Association of Cereal Chemists, St. Paul. Minnesota.
- Abdelrady, W. A., Elshawy, E. E., Abdelrahman, H. A., Hassan Askri, S. M., Ibrahim, Z., Mansour, M., El-Degwy, I. S., Ghazy, T., Aboulila, A. A., and Shamsi, I. H. (2024). Evaluating Physiological and Yield Indices of Egyptian Barley Cultivars Under Drought Stress Conditions. *Agronomy*, 14(11), 2711.
- Abebe, A. A. (2019). Molecular Characterization and Genome-Wide Association Mapping for Root System Architecture and Quality Related Traits in Ethiopian Durum Wheat (*Triticum turgidum* ssp. *Durum*) with High Density SNP Markers. PhD thesis. University of Addis Ababa, Ethiopia, 314p.
- Acquaah, G. (2009). Principles of plant genetics and breeding. 2^{ème} Ed. John Willey and sons, USA, 740p.
- Ahmadi. (2000). Les céréales. In : Mémento de l'agronome. Versailles. Ed. Quae, pp.777-831.
- Ait-Slimane-Ait-Kaki, S. (2008). Contribution à l'étude de l'interaction génotype x milieu, pour la qualité technologique chez le blé dur en Algérie. Thèse de doctorat. Université de Bordj Badji Mokhtar, Annaba, 170p.
- Akhtar, S., Rao, E., Uike, A., and Saatu, M. (2023). Plant breeding strategies: Traditional and modern approaches. *Genetic revolution in agriculture: unleashing the power of plant genetics*. Elite Publishing House, New Delhi. 21-43p.
- Akman, H., Tamkoc, A., and Topal, A. (2013). Effects on yield, yellow berry and black point disease of fertilization applications in Hungarian vetch and durum wheat intercropping system. *Journal of Selcuk University Natural and Applied Science*, 839-847.
- Alam, M., Haider, S., and Paul, N. (1970). Yield and Yield Components of Barley (*Hordeum vulgare* L.) in Relation to Sowing Times. *Journal of Bio-Science*, 15, 139-145. <https://doi.org/10.3329/jbs.v15i0.2154>
- Aleksandrov, V., Kartseva, T., Alqudah, and A. M. (2021). Genetic diversity, linkage disequilibrium and population structure of bulgarian bread wheat assessed by genome-wide distributed SNP markers: From old germplasm to semi-dwarf cultivars. *Plants*, 10(6), 1116.
- Alemu, A., Feyissa, T., Tuberosa, R., Maccaferri, M., Sciara, G., Letta, T., and Abeyo, B. (2020). Genome-wide association mapping for grain shape and color traits in Ethiopian durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. *Durum*). *The Crop Journal*, 8(5), 757-768.
- Amallah, L. (2017). Structuration de la variabilité génétique d'une collection de blé dur au Maroc par les marqueurs agro-morphologiques, physico-chimiques, biochimiques et moléculaires et étude des associations marqueurs SSR – paramètres de qualité. Thèse de Doctorat. Université de Mohammed V, Maroc, 186p.
- Amallah Lamiae, Ismail El Moudden, Fatima Gaboun, Mohan D Pant Souad Skalli, Rachida Hassikou and Monataghouti. (2022). Assessment of the evolution of durum wheat end-use quality from domestication to breeding achievements. *Malaysian journal of biochemistry and molecular biology* (2), 60-68
- Amokrane, A., Bouzerzour, H., Benmahammed, A., Djekoun, A., et Mekhlouf, A. (2002). Étude comparative des variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) d'origine algérienne, syrienne et européenne sous climat de type méditerranéen. *Sciences and Technologie. C, Biotechnologies*, 33-38.
- Anjum, S. A., Xie, X. Y., Wang, L. C., Saleem, M. F., and Man, C. (2011). Morphological, physiological and biochemical responses of plants to drought stress. *African journal of agricultural research*, 6(9), 2026-2032.

- Annicchiarico, P. (2002). Genotype x environment interactions: Challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations.
- Anuarbek, S., Abugalieva, S., Pecchioni, N., and Laidò, G. (2020). Quantitative trait loci for agronomic traits in tetraploid wheat for enhancing grain yield in Kazakhstan environments. *PLoS One*, 15(6), e0234863.
- Aoun, M., Rouse, M. N., Kolmer, J. A., Kumar, A., and Elias, E. M. (2021). Genome-wide association studies reveal all-stage rust resistance loci in elite durum wheat genotypes. *Frontiers in Plant Science*, 12, 640739.
- Arjona, J. M., Villegas, D., Ammar, K., Dreisigacker, S., Alfaro, C., and Royo, C. (2020). The effect of photoperiod genes and flowering time on yield and yield stability in durum wheat. *Plants*, 9(12), 1723.
- Atar, F., Güney, D., Bayraktar, A., Yıldırım, N., and Turna, İ. (2020). Seasonal change of chlorophyll content (spad value) in some tree and shrub species. *Turkish Journal of Forest Science*, 4(2), 245-256.
- Axford, D. W. E., McDermott, E. E., and Redman, D. G. (1979). With Pelshenke and Zeleny Tests'. *Cereal Chem*, 56(6), 582-584.
- Bacha, T., Alemerew, S., and Tadesse, Z. (2015). Genotype x environment interaction and yield stability of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotype in Ethiopia using the ammi analysis. *Journal of biology, agriculture and healthcare*, 5(11), 129-140.
- Bahlouli, F., Bouzerzour, H., and Benmahammed, A. (2004). Etude des mécanismes de stabilité du rendement grain de quelques génotypes de blé dur (*Triticum durum* Desf.) sous climat semi-aride.
- Baldy, C., Konate, J.-M., and Olufayo, A. (1993). Résistance à la sécheresse du sorgho-grain en climat méditerranéen et gestion optimale d'une quantité d'eau limitée. *Science et changements planétaires/Sécheresse*, 4(2), 85-93.
- Balfourier, F., Roussel, V., Strelchenko, P., and al. (2007). A worldwide bread wheat core collection arrayed in a 384-well plate. *Theoretical and Applied Genetics*, 114(7), 1265-1275.
- Bashir, L., Budhlakoti, N., Pradhan, A. K., Sharma, D., Jain, A., Rehman, S. S., Kondal, V., Jacob, S. R., Bhardwaj, R., and Gaikwad, K. (2024). Unlocking the Grain Quality Enigma: A KASP-Driven Voyage Through Bread Wheat's Quantitative Trait Nucleotides Under Heat Adversity. *Research square* 30p.
- Bassi, F. M., and Sanchez-Garcia, M. (2017). Adaptation and Stability Analysis of ICARDA Durum Wheat Elites across 18 Countries. *Crop Science*, 57(5), 2419-2430.
- Beche, E., Benin, G., da Silva, C. L., and Munaro, L. B. (2014). Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. *European Journal of Agronomy*, 61, 49-59.
- Begna, T. (2020). The role of genotype by environmental interaction in plant breeding. 9(5), 209-215.
- Belaid, D. (2015). Cultures des céréales en Algérie : Aspects techniques et économiques. *Revue Sciences et Techniques Agronomiques*, p8.
- Benakanahalli, N. K., Sridhara, S., Ramesh, N., and Olivoto, T. (2021). A framework for identification of stable genotypes based on MTSI and MGDII indexes: An example in guar (*Cymopsis tetragonoloba* L.). *Agronomy*, 11(6), 1221.
- Benbelkacem, A. (2014). The history of wheat breeding in Algeria. *Proceedings of the International Symposium on Genetics and Breeding of Durum Wheat (Options Méditerranéennes: Série, A. Séminaires Méditerranéens*, 110, 363-370.

- Bendjama, A., and Ramdani, S. (2022). Genetic variability of some agronomic traits in a collection of wheat (*Triticum turgidum* L. sp.pl.) genotypes under South Mediterranean growth conditions. *Italian Journal of Agronomy*, 17(1).
- Benkadja, S., Oulmi, A., Guendouz, A., and Frih, B. (2024). Assessment of agro-physiological traits for identifying drought-tolerant durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes under rainfed conditions. *Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín*, 77(2), 10717-10727.
- Berry, P. M., Kendall, S., Rutterford, Z., Orford, S., and Griffiths, S. (2015). Historical analysis of the effects of breeding on the height of winter wheat (*Triticum aestivum*) and consequences for lodging. *Euphytica*, 203(2), 375-383.
- Bhakti Rana, B. R., Preeti Rana, P. R., Yadav, M. K., and Sundeep Kumar, S. K. (2009). Marker assisted selection: A strategy for wheat improvement. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/20093075145>.
- Bhatta, M., Morgounov, A., Belamkar, V., and Baenziger, P. S. (2018). Genome-wide association study reveals novel genomic regions for grain yield and yield-related traits in drought-stressed synthetic hexaploid wheat. *International journal of molecular sciences*, 19(10), 3011.
- Blanco, A., Mangini, G., Giancaspro, A., Giove, S., Colasuonno, P., Simeone, R., ... & Gadaleta, A. (2012). Relationships between grain protein content and grain yield components through quantitative trait locus analyses in a recombinant inbred line population derived from two elite durum wheat cultivars. *Molecular Breeding*, 30, 79-92.
- Bonjean, A. (2001). Histoire de la culture des céréales et en particulier de celle du blé tendre (*Triticum aestivum* L.). *Dossier de l'environnement de l'INRA*, 9p.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., and Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, 32(3), 314.
- Boulal, H., Zeghouane, O., El Mourid, M., and Rezgui, S. (2007). Guide pratique de la conduite des céréales d'automne (blés et orge) dans le Maghreb (Algérie, Maroc, Tunisie) (ITGC, INRA, ICARDA). Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC), 176p.
- Boussakouran, A., El Yamani, M., Sakar, E. H., and Rharrabti, Y. (2021). Genetic Advance and Grain Yield Stability of Moroccan Durum Wheats Grown under Rainfed and Irrigated Conditions. *International Journal of Agronomy*, 2021, 1-13.
- Brabant, C., Fossati, D., and Kleijer, G. (2006). La sélection du blé de printemps en Suisse. *Revue suisse Agric*, 38(2), 73-80.
- Brankovic, G. R., Dodig, D., Zoric, M. Z., and Duric, N. (2014). Effects of climatic factors on grain vitreousness stability and heritability in durum wheat. *Turkish journal of agriculture and forestry*, 38(4), 429-440.
- Burridge, A. J., Winfield, M., Przewieslik-Allen, A., Edwards, K. J., Siddique, I., Barral-Arca, R., Griffiths, S., Cheng, S., Huang, Z., Feng, C., Dreisigacker, S., Bentley, A. R., Brown-Guedira, G., and Barker, G. L. (2024). Development of a next generation SNP genotyping array for wheat. *Plant Biotechnology Journal*, 22(8), 2235-2247.
- Campana, M. (2023). Characterization of an international tetraploid wheat germplasm including landraces and primitive wheat towards improved resilience to abiotic and biotic stresses and quality. PhD thesis, University of Bologna, 162p.
- Capo-chichi, L. J. A., Elakhdar, A., Kubo, T., and Beattie, A. D. (2023). Genetic diversity and population structure assessment of Western Canadian barley cooperative trials. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1006719.

- Carson, G. R., and Edwards, N. M. (2009). Criteria of wheat and flour quality. *Wheat: chemistry and technology*, Ed. 4, 97-118.
- Cattivelli, L., Rizza, F., Badeck, F.-W., and Stanca, A. M. (2008). Drought tolerance improvement in crop plants: An integrated view from breeding to genomics. *Field crops research*, 105(1-2), 1-14.
- Cavanagh, C. R., Chao, S., Wang, S., and Akhunov, E. (2013). Genome-wide comparative diversity uncovers multiple targets of selection for improvement in hexaploid wheat landraces and cultivars. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(20), 8057-8062.
- Ceccarelli, S. (2009). Evolution, plant breeding and biodiversity. *Journal of Agriculture and Environment for International Development (JAEID)*, 103(1/2), 131-145.
- Cecchini, C., Bresciani, A., Menesatti, P., Pagani, M. A., and Marti, A. (2021). Assessing the rheological properties of durum wheat semolina: A review. *Foods*, 10(12), 2947.
- CGC. (2022). Guide officiel du classement des grains-blé. 1-90.
- Chehili, F., Boudour, L., and Bouchtab, K. (2017). Etude de la variabilité agronomique et biochimique des quatre génotypes d'une variété de blé dur cultivé en Algérie (*Triticum durum* Desf.). *Eur Sci J*, 13(9), 409-425.
- Christov, N. K., Tsonev, S., and Dragov, R. (2022). Genetic diversity and population structure of modern Bulgarian and foreign durum wheat based on microsatellite and agronomic data. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 36(1), 637-652.
- Clavet et Viellemin. (1986). Interprétation des analyses de la terre, Paris, 19p.
- Clerget, Y. (2011). Biodiversité des céréales : Origine et évolution. *Montbéliard*. 17p. http://svtedu.free.fr/acad/fra_com/exp_mus/cereales/biodiversite_cereales.pdf.
- Cleveland, W. S. (1979). Robust Locally Weighted Regression and Smoothing Scatterplots. *Journal of the American Statistical Association*, 74(368), 829-836.
- Condorelli, G. E., White, J. W., Ward, R., and Mockler, T. (2022). Genome wide association study uncovers the QTLome for osmotic adjustment and related drought adaptive traits in durum wheat. *Genes*, 13(2), 293.
- Conti, V., Beaufort, V., Cervigni, G. L., Miranda, R., and Jensen, C. A. (2011). Mapping of main and epistatic effect QTLs associated to grain protein and gluten strength using a RIL population of durum wheat. *Journal of Applied Genetics*, 52(3), 287-298. <https://doi.org/10.1007/s13353-011-0045-1>.
- Cornell, H. J. (2012). The chemistry and biochemistry of wheat. In *Breadmaking* (p. 35-76). Elsevier. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780857090607500036>.
- Couvreur, F. (1985). Formation du rendement d'un blé et risques climatiques. *Perspectives agricoles*, 95, 12-19.
- Dave, M., Dashora, A., Saiprasad, S. V., Ambati, D., Malviya, P., Choudhary, U., and Yadav, N. (2021). Genetic variability, heritability and genetic advance in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes. *Pharma Inno J*, 10(9), 221-224.
- De Leon, N., Jannink, J., Edwards, J. W., and Kaeppler, S. M. (2016). Introduction to a Special Issue on Genotype by Environment Interaction. *Crop Science*, 56(5), 2081-2089.
- Deepika, K., Lavuri, K., Rathod, S., Yeshala, C. M., Jukanti, A. K., Reddy, S. N, Badri, J. (2021). Multivariate analysis of geographically diverse rice germplasm for genetic improvement of yield, dormancy and shattering-related traits. *Plant Genetic Resources*, 19 (2), 144-152.

- De Santis, M. A., Kosik, O., Passmore, D., and Lovegrove, A. (2018). Comparison of the dietary fibre composition of old and modern durum wheat (*Triticum turgidum* spp. *Durum*) genotypes. *Food chemistry*, 244, 304-310.
- De Santis, M. A., Soccio, M., Laus, M. N., and Flagella, Z. (2021). Influence of drought and salt stress on durum wheat grain quality and composition: A review. *Plants*, 10(12), 2599.
- De Vita, P., Nicosia, O. L. D., and Fonzo, N. (2007). Breeding progress in morpho-physiological, agronomical and qualitative traits of durum wheat cultivars released in Italy during the 20th century. *European Journal of Agronomy*, 26(1), 39-53.
- De Vita, P., Mastrangelo, A. M., and Matteu, L. (2010). Genetic improvement effects on yield stability in durum wheat genotypes grown in Italy. *Field crops research*, 119(1), 68-77.
- De Vita, P., and Taranto, F. (2019). Durum Wheat (*Triticum turgidum* ssp. *Durum*) Breeding to Meet the Challenge of Climate Change. In J. M. Al-Khayri, S. M. Jain, and D. V. Johnson (Éds.), *Advances in Plant Breeding Strategies: Cereals* (p. 471-524). Springer International Publishing.
- Debiton, C. (2010). Identification des critères du grain de blé (*Triticum aestivum* L.) favorables à la production de bioéthanol par l'étude d'un ensemble de cultivars et par l'analyse protéomique de lignées isogéniques waxy. Thèse de Doctorat. Université Blaise Pascal-Clermont-Ferrand II.
- Degu, H. D., Tehelku, T. F., Kalousova, M., and Sato, K. (2023). Genetic diversity and population structure of barley landraces from Southern Ethiopia's Gumer district: Utilization for breeding and conservation. *PLoS one*, 18(1), e0279737.
- Derbal. (2015). Etude de la variation spatio-temporelle de certaines caractéristiques technologiques de quelques variétés de blé dur cultivées en Algérie. Thèse de Doctorat. Université Bordj Badji Mokhtar, Annaba, 89p.
- Derbew, S., Mekbib, F., Lakew, B., Bekele, A., and Bishaw, Z. (2024). AMMI and GGE biplot analysis for barley genotype yield performance and stability under multi environment condition in southern Ethiopia. *Agrosystems, Geosciences and Environment*, 7(3), e20565. <https://doi.org/10.1002/agg2.20565>.
- Dieng, I. (2007). Prédiction de l'interaction génotype x environnement par linéarisation et régression *PLS-mixte*. Thèse de Doctorat. Université Montpellier 2, France. 144p.
- Dimitrios, A. (2023). Durum wheat: Uses, quality characteristics, and applied tests, 22 p.
- Djermoun, A. (2009). La production céréalière en Algérie : Les principales caractéristiques. *Nature and Technology*, 1, 45.
- Dolferus, R., Ji, X., and Richards, R. A. (2011). Abiotic stress and control of grain number in cereals. *Plant science*, 181(4), 331-341.
- Doussinault G., Pavoine M-T., Jaudeau B. et Jahier J., 2004. Évolution de la variabilité génétique chez le blé. *Dossier de l'environnement de l'INRA*, 21, 91-103p.
- Dziki, D., and Laskowski, J. (2005). Wheat kernel physical properties and milling process. *Acta agrophysica*, 6(1), 59-71.
- Edwards, M. A. (2010). Morphological features of wheat grain and genotype affecting flour yield. PhD thesis. Southern Cross University, Australia, 252p.
- Ellis, M. H., Rebetzke, G. J., and Azanza, F. (2005). Molecular mapping of gibberellin-responsive dwarfing genes in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 111(3), 423-430. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-2008-6>.

- Erchidi, A. E., Benbella, M., and Talouizte, A. (2000). Relation entre certains paramètres contrôlant les pertes en eau et le rendement grain chez neuf variétés de blé dur soumises au stress hydrique. *Options méditerranéennes, série A (Séminaires méditerranéens)*, 40, 279-282.
- Evanno, G., Regnaut, S., and Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611-2620.
- Falconer, D. S., and Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative genetics* (Longmans Green, Harlow, Essex).
- FAOSTAT. (2021). <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Accessed 28 Dec 2021.
- Farshadfar, E., Mohammadi, R., Aghaee, M., and Vaisi, Z. (2012). GGE biplot analysis of genotype x environment interaction in wheat-barley disomic addition lines. *Australian Journal of Crop Science*, 6(6), 1074-1079.
- Feillet, P. (2000). Le grain de blé : Composition et utilisation. Ed. Quae. 308p.
- Fellah, A., Bouzerzour, H., Benmahammed, A., et Djekoun, A. (2002). Sélection pour améliorer la tolérance aux stress abiotiques chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.). *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*, 22(3), 161-168.
- Fellahi, Z. E. A., Boubellouta, T., Hannachi, A., Belguet, H., Louahdi, N., Benmahammed, A., Utkina, A. O., and Rebouh, N. Y. (2024). Exploitation of the Genetic Variability of Diverse Metric Traits of Durum Wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. *Durum* Desf.) Cultivars for Local Adaptation to Semi-Arid Regions of Algeria. *Plants*, 13(7), 934. <https://doi.org/10.3390/plants13070934>.
- Fellahi, Z., Hannachi, A., Guendouz, A., Bouzerzour, H., and Boutekrabt, A. (2013). Genetic variability, heritability and association studies in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Electronic Journal of plant breeding*, 4(2), 1161-1166.
- Fernandez, M. R., and Conner, R. L. (2011). Black point and smudge in wheat. *Prairie Soils and Crops*, 4, 158-164.
- Ficco, D. B. M., Mastrangelo, A. M., and Papa, R. (2014). The colours of durum wheat: A review. *Crop and Pasture Science*, 65(1), 1.
- Fiedler, J. D., Salsman, E., and Li, X. (2017). Genome-Wide Association and Prediction of Grain and Semolina Quality Traits in Durum Wheat Breeding Populations. *The Plant Genome*, 10(3), plant-genome2017.05.0038.
- Fiore, M. C., Mercati, F., Spina, A., and Pe, M. E. (2019). High-throughput genotype, morphology, and quality traits evaluation for the assessment of genetic diversity of wheat landraces from Sicily. *Plants*, 8(5), 116.
- Ganal, M. W., and Röder, M. S. (2007). Microsatellite and SNP markers in wheat breeding. In *Genomics-Assisted Crop Improvement: Vol 2: Genomics Applications in Crops* (pp. 1-24). Dordrecht: Springer Netherlands.
- Gao, F., Yin, G., Rasheed, A., Dong, Y., Xiao, Y., Xia, X., Wu, X., and He, Z. (2017). Genetic Progress in Grain Yield and Physiological Traits in Chinese Wheat Cultivars of Southern Yellow and Huai Valley since 1950. *Crop Science*, 57(2), 760-773.
- Gate, P., Bouthier, A., Casabianca, H., and Deleens, E. (1993). Caractères physiologiques décrivant la tolérance à la sécheresse des blés cultivés en France. Interprétation des corrélations entre le rendement et la composition isotopique du carbone des grains. In : Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale. Montpellier (France) INRA. Les colloques, n°64, pp. 61-74.

- Gharib, M. A. A. H., Qabil, N., Salem, A. H., and Mansour, E. (2021). Characterization of wheat landraces and commercial cultivars based on morpho-phenological and agronomic traits. *Cereal Research Communications*, 49(1), 149-159.
- Goutam, U., Kukreja, S., Tiwari, R., and Yadav, R. (2013). Biotechnological approaches for grain quality improvement in wheat: Present status and future possibilities. *Australian Journal of Crop Science*, 7(4), 469-483.
- Graziani, M., Maccaferri, M., Tuberosa, R., Feuillet, C., Salse, J., and Demontis, A. (2010). Fine mapping approaches of two major QTLs for yield in durum wheat. *Journal of Biotechnology*, 150(Suppl. 1), 501-502.
- Graziani, M., Maccaferri, M., Royo, C., Salvatorelli, F., and Tuberosa, R. (2014). QTL dissection of yield components and morpho-physiological traits in a durum wheat elite population tested in contrasting thermo-pluviometric conditions. *Crop and Pasture Science*, 65(1), 80-95.
- Grignac, P. (1978). L'amélioration variétale du blé dur (*T. durum* Desf) en France. 99-109.
- Gupta, V. K., Parsad, R., Bhar, L., and Mandal, B. N. (2016). *Statistical Analysis of Agricultural Experiments Part I: Single Factor Experiments*. ICAR-IASRI, Library Avenue, Pusa, New Delhi. <https://krishi.icar.gov.in/jspui/bitstream/123456789/723/1/Statistical%20Analysis%20of%20Agricultural%20Experiments%20Part%20I%20Single%20Factor%20Experiments.pdf>.
- Guzmán, C., and Ibba, M. I. (2023). Wheat quality testing in a breeding program. In *ICC Handbook of 21st Century Cereal Science and Technology* (p. 207-213). Elsevier. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780323952958000204>.
- Guzzon, F., Gianella, M., Giovannini, P., and Payne, T. S. (2022). Conserving wheat genetic resources in Wheat Improvement: Food Security in a Changing Climate, Ed, Springer, 299-318p.
- Haddad, L., Bachir, A., Ykhelef, N., Benmahammed, A and Bouzerzour, H. (2021). Durum wheat (*Triticum turgidum* ssp *durum*) improvement during the past 67-year in Algeria: Performance assessment of a set of local varieties under rainfed conditions of the eastern high plateaus. *Jordan Journal of Biological Sciences*, 14(02), 327-336.
- Hammami, R., Mnajja, M., and Gharbi, M. S. (2017). Study of the Genetic Diversity of Quality Parameters of Fourteen Varieties of Durum Wheat (*Triticum durum*) grown in Tunisia. *Journal of new sciences, Agriculture and Biotechnology*, 47(1), 2548-2563.
- Hannachi, A., and Fellahi, Z. E. A. (2023). Efficiency of index-based selection for potential yield in durum wheat *Triticum turgidum* (L.) ssp. *Turgidum* convar. *Durum* (Desf.) lines. *Italian Journal of Agronomy*, 18(1).
- Hao, S., Miao, S., Pei, Q., and Yu, L. (2022). Genome-wide association study reveals the genetic basis of five quality traits in Chinese wheat. *Frontiers in Plant Science*, 13, 835306.
- Hare, R. (2017). Durum wheat: Grain-quality characteristics and management of quality requirements. In *Cereal Grains* (p. 135-151). Elsevier. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780081007198000061>.
- Hebbache. (2021). Etude de la variabilité génétique de l'orge en réponse au milieu : Mécanismes d'adaptation et interaction génotype x milieu. Thèse de Doctorat. ENSA-El-Harrach, Alger, 220p.
- Heidari, S., Heidari, P., Azizinezhad, R., Etminan, A., and Khosroshahli, M. (2020). Assessment of genetic variability, heritability and genetic advance for agro-morphological and some in-vitro related traits in durum wheat. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 26(1). <https://www.agrojournal.org/26/01-15.pdf>
- Hénin, S., Gras, R., and Monnier, G. (1969). *Le profil cultural* (2^{ème}). Masson.
- Hoisington, D., Khairallah, M., and Warburton, M. (1999). Plant genetic resources: What can they contribute toward increased crop productivity? *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96(11), 5937-5943.

- Hussain, T., Akram, Z., Shabbir, G., Manaf, A., and Ahmed, M. (2021). Identification of drought tolerant Chickpea genotypes through multi trait stability index. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28(12), 6818-6828.
- Hyun, D. Y., Sebastin, R., Lee, S. B., and Jang, I. (2021). Genome-Wide SNP markers for genotypic and phenotypic differentiation of melon (*Cucumis melo* L.) varieties using genotyping-by-sequencing. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(13), 6722.
- ISO. (2019). Cereals and cereal products. Determination of moisture content. Reference method. <https://www.iso.org/standard/4583.html>.
- Johnson, H. W., Robinson, H. F., and Comstock, R. E. (1955). Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. 47(7), 314-318.
- Joshi, S. P., Ranjekar, P. K., and Gupta, V. S. (1999). Molecular markers in plant genome analysis. *Current Science*, 230-240.
- Kabbaj, H., Sall, A. T., and Bassi, F. M. (2017). Genetic Diversity within a Global Panel of Durum Wheat (*Triticum durum*) Landraces and Modern Germplasm Reveals the History of Alleles Exchange. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1277.
- Kadkol et Sissons. (2016). Durum Wheat: Overview (Encyclopedia of Food Grains). 2nd Edition.
- Kang, M. S. (2002). Genotype-environment interaction: Progress and prospects. In M. S. Kang (Éd.), *Quantitative genetics, genomics and plant breeding* (1^{re} éd., p. 221-243). CABI Publishing. <https://doi.org/10.1079/9780851996011.0221>.
- Kaplan Evlice, A., Keskin, Ş., Pehlivan, A., Şanal, T., Ünsal Canay, F., Avcioğlu, R., Salantur, A., Yazar, S., Özdemir, B., Alyamaç, M., Kiliç, G., Avci, M., and Sade, F. (2023). Yield and quality characteristics of durum wheat genotypes under rainfed conditions in central anatolia region. *Genetika*, 55(2), 759-773.
- Kaukab, S., Mir, N. A., Ritika, and Yadav, D. N. (2022). Interventions in Wheat Processing Quality of End Products. In P. L. Kashyap, V. Gupta, O. Prakash Gupta, R. Sendhil, K. Gopalareddy, P. Jasrotia, and G. P. Singh (Éds.), *New Horizons in Wheat and Barley Research* (p. 789-808). Springer Singapore.
- Kaur, V., Aravind, J., Manju, Jacob, S. R., Kumari, J., Panwar, B. S., Pal, N., Rana, J. C., Pandey, A., and Kumar, A. (2022). Phenotypic characterization, genetic diversity assessment in 6,778 accessions of barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *Vulgare*) germplasm conserved in National Genebank of India and development of a core set. *Frontiers in plant science*, 13, 771920.
- Keran, H., Salkić, M., Odobašić, A., and Jašić, M. (2009). The importance of determination of some physical-chemical properties of wheat and flour. *Agriculturae Conspectus Scientificus*, 74(3), 197-200.
- Khadka, K., Earl, H. J., Raizada, M. N., and Navabi, A. (2020). A Physio-Morphological Trait-Based Approach for Breeding Drought Tolerant Wheat. *Frontiers in Plant Science*, 11, 715.
- Khan, H., Krishnappa, G., Kumar, S., Mishra, C. N., Krishna, H., Devate, N. B., Rathana, N. D., Parkash, O., and Yadav, S. S. (2022). Genome-wide association study for grain yield and component traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Frontiers in Genetics*, 13, 982589.
- Khennaoui, A. (2018). Diversité phénotypique et moléculaire du blé dur cultivé en Algérie : Identification et caractérisation des accessions. Thèse de Doctorat, Université des Frères Mentouri, Constantine, 192p.
- Kolev, T., Todorov, Z., and Mangova, M. (2021). The variety-main factor for increasing yield and quality of durum wheat grain. *Scientific Papers. Series A. Agronomy*, 64(1). https://agronomyjournal.usamv.ro/pdf/2021/issue_1/Art54.pdf.

- Krishnappa, G., Tyagi, B. S., Gupta, V., Gupta, A., Venkatesh, K., Kamble, U. R., R, S., Singh, G., and Singh, G. P. (2022). Wheat Breeding. In D. K. Yadava, H. K. Dikshit, G. P. Mishra, and S. Tripathi (Éds.), *Fundamentals of Field Crop Breeding* (p. 39-111). Springer Nature Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-16-9257-4_2.
- Kroupina, A. Y., Yanovsky, A. S., Korobkova, V. A., Bespalova, L. A., Arkhipov, A. V., Bukreeva, G. I., ... and Divashuk, M. G. (2023). Allelic variation of Glu-A1 and Glu-B1 genes in winter durum wheat and its effect on quality parameters. *Foods*, 12(7), 1436.
- Kumar, A., Elias, E. M., and Kianian, S. F. (2013). A major QTL for gluten strength in durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *Durum*). *Journal of Cereal Science*, 57(1), 21-29.
- Kumar, S., Kumar, M., Mir, R. R., Kumar, R., and Kumar, S. (2021). Advances in Molecular Markers and Their Use in Genetic Improvement of Wheat. In: *Physiological, Molecular, and Genetic Perspectives of Wheat Improvement* (p. 139-174). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-59577-7_8.
- Ladhari, A., Corrado, G., Roupahel, Y., Carella, F., Nappo, G. R., Di Marino, C., De Marco, A., and Palatucci, D. (2022). Chemical, Functional, and Technological Features of Grains, Brans, and Semolina from Purple and Red Durum Wheat Landraces. *Foods*, 11(11), 1545. <https://doi.org/10.3390/foods11111545>.
- Lafiandra, D., Masci, S., Sissons, M., Dornez, E., and Delcour, J. A. (2012). Kernel Components of Technological Value. In *Durum Wheat* (p. 85-124). Elsevier.
- Lamara, A., Fellahi, Z. E. A., Samira, B., et Amar, B. (2021). Appréciation de la qualité technologique d'une collection de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) cultivée en Algérie. *Algerian Journal of Biosciences*, 2(01), 19-29.
- Laribi, M., Fredua-Agyeman, R., Ben M'Barek, S., and Hwang, S.-F. (2023). Genome-wide association analysis of tan spot disease resistance in durum wheat accessions from Tunisia. *Frontiers in Genetics*, 14, 1231027.
- Le Stum, H., Bonjean, A., Bouquery, J.-M., Mathieu, J., Ruch, O., and Valluis, B. (2017). *Le blé*. Ed. France Agricole, 269p.
- Lee, K. J., Lee, J.-R., and Hyun, D. Y. (2019). Genetic diversity assessed by genotyping by sequencing (GBS) in watermelon germplasm. *Genes*, 10(10), 822.
- Li, F. F., Niu, J. H., Yu, X., Kong, Q. H., Wang, R. F., Qin, L., ... et Guan, Y. A. (2022). Isolation and identification of SiCOL5, which is involved in photoperiod response, based on the quantitative trait locus mapping of *Setaria italica*. *Frontiers in Plant Science*, 13, 969604.
- Liu, B., Ewert, F., Elliott, J., Lobell, D. B., Martre, P., Ruane, A. C., and Wallach, D. (2016). Similar estimates of temperature impacts on global wheat yield by three independent methods. *Nature Climate Change*, 6(12), 1130-1136.
- López-Fernández, M., García-Abadillo, J., Uauy, C., Ruiz, M., Giraldo, P., and Pascual, L. (2023). Genome wide association in Spanish bread wheat landraces identifies six key genomic regions that constitute potential targets for improving grain yield related traits. *Theoretical and Applied Genetics*, 136(12), 244.
- Luo, M.-C., Yang, Z.-L., and Dvorak, J. (2007). The structure of wild and domesticated emmer wheat populations, gene flow between them, and the site of emmer domestication. *Theoretical and Applied Genetics*, 114(6), 947-959.
- Ma, J., Liu, Y., Zhang, P., Chen, T., Tian, T., Wang, P., and Yang, D. (2022). Identification of quantitative trait loci (QTL) and meta-QTL analysis for kernel size-related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Plant Biology*, 22(607), 1-18.

- Mabuza, N. M., Mavengahama, S., and Mokolobate, M. (2022). Agronomic, Genetic and Quantitative Trait Characterization of Nightshade Accessions. *Plants* 2022, 11, 1489.
- Maccaferri, M., Sanguineti, M. C., Demontis, A., El-Ahmed, A., Garcia del Moral, L., Maalouf, F., ... and Tuberosa, R. (2011). Association mapping in durum wheat grown across a broad range of water regimes. *Journal of experimental botany*, 62(2), 409-438.
- Maccaferri, M., El-Feki, W., and Tuberosa, R. (2016). Prioritizing quantitative trait loci for root system architecture in tetraploid wheat. *Journal of experimental botany*, 67(4), 1161-1178.
- Malosetti, M., Ribaut, J.-M., and van Eeuwijk, F. A. (2013). The statistical analysis of multi-environment data: Modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in physiology*, 4, 37433.
- Mansouri, A., Oudjehih, B., Benbelkacem, A., Fellahi, Z. E. A., and Bouzerzour, H. (2018). Variation and Relationships among Agronomic Traits in Durum Wheat (*Triticum turgidum* (L.) Thell. ssp. *turgidum* conv. *durum* (Desf.)) under South Mediterranean Growth Conditions: Stepwise and Path Analyses. *International Journal of Agronomy*, 2018, 1-11.
- Marcotuli, I., Soriano, J. M., and Gadaleta, A. (2022). A consensus map for quality traits in durum wheat based on genome-wide association studies and detection of ortho-meta QTL across cereal species. *Frontiers in Genetics*, 13, 982418.
- Martínez-Moreno, F., Solís, I., Noguero, D., and Blanco, A. (2020). Durum wheat in the Mediterranean Rim: Historical evolution and genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 67(6), 1415-1436.
- Marzario, S., Logozzo, G., David, J., Zeuli, P., and Gioia, T. (2018). Molecular Genotyping (SSR) and Agronomic Phenotyping for Utilization of Durum Wheat (*Triticum durum* Desf.) Ex Situ Collection from Southern Italy: A Combined Approach Including Pedigreed Varieties. *Genes*, 9(10), 465.
- Mazouz, L., et Bouzerzour, H. (2017). Etude de la contribution des paramètres phéno-morphologiques dans la sélection du blé dur (*Triticum durum* Desf.) dans le climat semi-aride. *Synthèse : Revue des Sciences et de la Technologie*, 35, 45-58.
- Mazzucotelli, E., Tricker, P. J., Ozkan, H., Echenique, V., Steffenson, B. J., Knox, R., Niane, A. A., Udupa, S. M., Longin, F. C. H., Marone, D., Petruzzino, G., and Corneti, S. (2020). The Global Durum Wheat Panel (GDP): An International Platform to Identify and Exchange Beneficial Alleles. *Frontiers in Plant Science*, 11, 569905.
- Mbarek, K. B., and Boubaker, M. (2017). Manuel de grandes cultures-Les céréales. Éditions universitaires européennes, 230 P.
- MDLC. (1993). Mémento de l'agronome. 4ème édition, Collection technique rurale en Afrique, 1601 p.
- Mekhlouf, A., Bouzerzour, H., Benmahammed, A., Hadj Sahraoui, A., et Harkati, N. (2006). Adaptation des variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au climat semi-aride. *Sécheresse*, 17(4), 507-513.
- Menad, A., Meziani, N., Bouzerzour, H., and Benmahammed, A. (2011). Analyse de l'interaction génotype x milieux du rendement de l'orge (*Hordeum vulgare* L.) : Application des modèles AMMI et la régression conjointe. *Nature and Technology*, 5, 99.
- Mengistu, D. K., Kiros, A. Y., and Pè, M. E. (2015). Phenotypic diversity in Ethiopian durum wheat (*Triticum turgidum* var. *Durum*) landraces. *The Crop Journal*, 3(3), 190-199.
- Mengistu, D. K., Kidane, Y. G., Catellani, M., and Dell'Acqua, M. (2016). High-density molecular characterization and association mapping in Ethiopian durum wheat landraces reveals high diversity and potential for wheat breeding. *Plant Biotechnology Journal*, 14(9), 1800-1812.

- Meriem, Z., Youcef, K., Laid, F., Abd Esselem, Z., and Radia, B. (2016). Morphological and agricultural diversity of durum wheat varieties sown in a semi-arid area. *Advances in Environmental Biology*, 10(4), 108-120.
- Merouche, A. (2015). Besoins en eau et maîtrise de l'irrigation d'appoint Du blé dur dans la vallée du Chélif. Thèse de Doctorat. ENSA, El-Harrach, Alger, 115p.
- Migliorini, P., Spagnolo, S., Torri, L., and Arnoulet, M. (2016). Agronomic and quality characteristics of old, modern and mixture wheat varieties and landraces for organic bread chain in diverse environments of northern Italy. *European journal of agronomy*, 79, 131-141.
- Mirosavljević, M., Momčilović, V., and Denčić, S. (2016). The variation of agronomic traits associated with breeding progress in winter barley cultivars. *Zemdirbyste-Agriculture*, 103(3), 267-272.
- Mohammadi, R., Ahmadi, M. M., and Amri, A. (2018). The use of AMMI model for interpreting genotype\times environment interaction in durum wheat. *Experimental Agriculture*, 54(5), 670-683.
- Mohammadi, S. A., and Prasanna, B. M. (2003). Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants—Salient Statistical Tools and Considerations. *Crop Science*, 43(4), 1235-1248. <https://doi.org/10.2135/cropsci2003.1235>.
- Mondini, L., Noorani, A., and Pagnotta, M. (2009). Assessing Plant Genetic Diversity by Molecular Tools. *Diversity*, 1(1), 19-35.
- Monika, S., Shobica Priya, R., Bonipas Antony, J., and Anushya, R. (2023). Marker Assisted Selection- Enhancing Precision in Plant Breeding (p. 58-86).
- Muhu-Din Ahmed, H. G., Sajjad, M., and Nadeem Akhtar, M. (2020). Genome-wide association mapping through 90K SNP array for quality and yield attributes in bread wheat against water-deficit conditions. *Agriculture*, 10(9), 392.
- Mulugeta, B., Tesfaye, K., Ortiz, R., and Geleta, M. (2023). Marker-trait association analyses revealed major novel QTLs for grain yield and related traits in durum wheat. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1009244.
- Murdock, L., Call, D., and James, J. (2004). Comparison and use of chlorophyll meters on wheat (reflectance vs. Transmittance/absorbance). *Lexington, KY, USA: Cooperative Extension Service, University of Kentucky College of Agriculture*. <http://www2.ca.uky.edu/agcomm/pubs/agr/agr181/agr181.pdf>.
- Nadolska-Orczyk, A., Rajchel, I. K., Orczyk, W., and Gasparis, S. (2017). Major genes determining yield-related traits in wheat and barley. *Theoretical and Applied Genetics*, 130, 1081-1098.
- Nassif, F., Lâamari, A., and Boujnah, M. (2012). Importance de la culture du blé dur et évaluation différenciée de dix variétés de blé dur dans la région Chaouia au Maroc. *Al Awamia*, 59-79.
- Nazco, R., Villegas, D., Ammar, K., and Royo, C. (2012). Can Mediterranean durum wheat landraces contribute to improved grain quality attributes in modern cultivars? *Euphytica*, 185(1), 1-17.
- Negisho, K., Shibru, S., and Wehner, G. (2021). Genetic diversity of Ethiopian durum wheat landraces. *Plos one*, 16(2), e0247016.
- Nouraei, S., Mia, M. S., Liu, H., Turner, N. C., and Yan, G. (2022). Transcriptome analyses of near isogenic lines reveal putative drought tolerance controlling genes in wheat. *Frontiers in Plant Science*, 13, 857829.
- Obert, J. C., Schneider, R. W., Riordan, S. G., Nemeth, M. A., Trujillo, W. A., Breeze, M. L., and Sorbet, R. (2004). The Composition of Grain and Forage from Glyphosate Tolerant Wheat MON 71800 Is Equivalent to That of Conventional Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 52(5), 1375-1384.

- Ogunniyan, D. J., and Olakojo, S. A. (2014). Genetic variation, heritability, genetic advance and agronomic character association of yellow elite inbred lines of maize (*Zea mays* L.). *Nigerian Journal of Genetics*, 28(2), 24-28.
- Ohm, J., Manthey, F., and Elias, E. M. (2017). Variation and Correlation of Protein Molecular Weight Distribution and Semolina Quality Parameters for Durum Genotypes Grown in North Dakota. *Cereal Chemistry*, 94(4), 780-788.
- Olivoto, T., Lúcio, A. D. C., Da Silva, J. A. G., Sari, B. G., and Diel, M. I. (2019). Mean Performance and Stability in Multi-Environment Trials II: Selection Based on Multiple Traits. *Agronomy Journal*, 111(6), 2961-2969.
- Olivoto, T., and Nardino, M. (2020). *MGIDI: Towards an effective multivariate selection in biological experiments*. <https://doi.org/10.1101/2020.07.23.217778>.
- Ouaja, M., Bahri, B. A., Aouini, L., and Hamza, S. (2021). Morphological characterization and genetic diversity analysis of Tunisian durum wheat (*Triticum turgidum* var. *Durum*) accessions. *BMC Genomic Data*, 22(1), 3.
- Özbek, Ö. (2022). Genetic Diversity in Ancient Wheats. In N. Zencirci, H. Ulukan, F. S. Baloch, S. Mansoor, and A. Rasheed (Éds.), *Ancient Wheats* (p. 55-91). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-031-07285-7_4.
- Ozturk, I. (2020). Effect of canopy temperature at different growth stage on yield component in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes under rainfed condition. *International Journal of Innovative Approaches in Agricultural Research*, 4(1), 136-146.
- Pandey et al. (2022). Biochemical analysis of Indian Durum Wheat varieties and suitability for Pasta Products. 1 st International Symposium on “Cereals for Food Security and Climate Resilience.
- Pandurangan, S., Workman, C., Nilsen, K., and Kumar, S. (2022). Introduction to Marker-Assisted Selection in Wheat Breeding. In A. Bilichak and J. D. Laurie (Éds.), *Accelerated Breeding of Cereal Crops* (p. 77-117). Springer US.
- Pascual, L., Ruiz, M., López-Fernández, M., Pérez-Peña, H., Benavente, E., Vázquez, J. F., Sansaloni, C., and Giraldo, P. (2020). Genomic analysis of Spanish wheat landraces reveals their variability and potential for breeding. *BMC Genomics*, 21(1), 122.
- Pask, A., Pietragalla, J., and Reynolds, M. (2012). Physiological Breeding: A field guide to wheat phenotyping II. Ed. Cimmyt, 140p.
- Peleg, Z., Fahima, T., and Saranga, Y. (2011). Genetic analysis of wheat domestication and evolution under domestication. *Journal of experimental botany*, 62(14), 5051-5061.
- Pinheirobr, N., Costa, R., Almeida, A., Coutinho, J., Gomes, C., and S. B. (2013). Durum wheat breeding in Mediterranean environments—Influence of climatic variables on quality traits. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 25(12), 962.
- Priyadarshan, P. M. (2019). Plant breeding: *Classical to Modern*. Springer Singapore. <https://doi.org/10.1007/978-981-13-7095-3>.
- Punia, H., Madan, S., Malik, A., and Sethi, S. K. (2019). Stability analysis for quality attributes in durum wheat (*Triticum durum* L.) genotypes. *Bangladesh Journal of Botany*, 48(4), 967-972.
- Rabti, A. (2021). Changements des caractères morpho-physiologiques induits par la sélection artificielle du blé dur (*Triticum durum*.Desf) en Algérie.Thèse de Doctorat. Université Ferhat Abbas 1, Sétif, 183p.
- Ranieri, R. (2015). Geography of the durum wheat crop. *Pastaria Int*, 6, 24-36.

- Rao, E. G., Uike, A. R., Akhtar, S. F., and Chandan, A. S. (2023). Genomic Tools for Trait Discovery and Characterization. *142-164*.
- Rao, V. R. (2012). Valuation of plant genetic resources. *Indian journal of plant genetic resources*, 25(01), 63-74.
- Ren, J., Sun, D., Chen, L., and Peng, J. (2013). Genetic diversity revealed by single nucleotide polymorphism markers in a worldwide germplasm collection of durum wheat. *International journal of molecular sciences*, 14(4), 7061-7088.
- Reynolds, M. P., Balota, M., and Fischer, R. A. (1994). Physiological and morphological traits associated with spring wheat yield under hot, irrigated conditions. *Functional Plant Biology*, 21(6), 717-730.
- Reynolds, M. P., Pask, A. J. D., and Mullan, D. M. (2012). Physiological breeding I: Interdisciplinary approaches to improve crop adaptation. Ed, CIMMYT. 188p.
- Robbana, C., Kehel, Z., Ben Naceur, M., and Amri, A. (2019). Genome-wide genetic diversity and population structure of Tunisian durum wheat landraces based on DArTseq technology. *International journal of molecular sciences*, 20(6), 1352.
- Robbana, C., Kehel, Z., Ammar, K., and Amri, A. (2021). Unlocking the Patterns of the Tunisian Durum Wheat Landraces Genetic Structure Based on Phenotypic Characterization in Relation to Farmer's Vernacular Name. *Agronomy*, 11(4), 634.
- Roncallo, P. F., Cervigni, G. L., Jensen, C., and Echenique, V. (2012). QTL analysis of main and epistatic effects for flour color traits in durum wheat. *Euphytica*, 185(1), 77-92.
- Roncallo, P. F., Akkiraju, P. C., and Echenique, V. C. (2017). QTL mapping and analysis of epistatic interactions for grain yield and yield-related traits in *Triticum turgidum* L. var. *Durum*. *Euphytica*, 213(12), 277.
- Roncallo, P. F., Larsen, A. O., Achilli, A. L., and Echenique, V. (2021). Linkage disequilibrium patterns, population structure and diversity analysis in a worldwide durum wheat collection including Argentinian genotypes. *BMC Genomics*, 22(1), 233.
- Royo, C., Álvaro, F., Martos, V., and García Del Moral, L. F. (2007). Genetic changes in durum wheat yield components and associated traits in Italian and Spanish varieties during the 20th century. *Euphytica*, 155(1-2), 259-270.
- Royo, C., Elias, E. M., and Manthey, F. A. (2009). Durum Wheat Breeding. In M. J. Carena (Éd.), *Cereals* (p. 199-226). Springer US.
- Sagar, T., Kapoor, N., and Mahajan, R. (2023). Microsatellites as Potential Molecular Markers for Genetic Diversity Analysis in Plants. In N. Kumar (Éd.), *Molecular Marker Techniques* (p. 81-101). Springer Nature Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-99-1612-2_5.
- Sahu, P. K., Sao, R., Khute, I. K., Baghel, S., Patel, R. R. S., Thada, A., Parte, D., Devi, Y. L., Nair, S., Kumar, V., Mondal, S., Das, B. K., and Sharma, D. (2023). Plant Genetic Resources: Conservation, Evaluation and Utilization in Plant Breeding. In *Advanced Crop Improvement, Volume 2* (p. 1-45). Springer International Publishing.
- Saini, D. K., Devi, P., and Kaushik, P. (2020). Advances in genomic interventions for wheat biofortification : A review. *Agronomy*, 10(1), 62.
- Saini, D. K., Chopra, Y., Singh, J., Sandhu, K. S., Kumar, A., Bazzar, S., and Srivastava, P. (2022). Comprehensive evaluation of mapping complex traits in wheat using genome-wide association studies. *Molecular Breeding*, 42(1), 1.

- Saini, P., Kaur, H., Tyagi, V., Saini, P., Ahmed, N., Dhaliwal, H. S., and Sheikh, I. (2023). Nutritional value and end-use quality of durum wheat. *Cereal Research Communications*, 51(2), 283-294.
- Salam, A., Ali, A., Afridi, M. S., Ali, S., and Ullah, Z. (2022). Agrobiodiversity: Effect of Drought Stress on the Eco-physiology and Morphology of Wheat. In M. Öztürk, S. M. Khan, V. Altay, R. Efe, D. Egamberdieva, and F. O. Khassanov (Éds.), *Biodiversity, Conservation and Sustainability in Asia* (p. 597-618). Springer International Publishing.
- Salimi, M., Razavi, K. C., and Amiri, M. N. (2023). Stability of Agronomic Traits of Barley Evolutionary Populations under Drought Conditions in Iran. *Agronomy*, 13(7), 1931.
- Sall, A. T., Bassi, F. M., Cisse, M., and Gueye, H. (2018a). Durum wheat breeding: In the heat of the Senegal river. *Agriculture*, 8(7), 99.
- Sall, A. T., Cisse, M., Gueye, H., Kabbaj, H., Ndoeye, I., Filali-Maltouf, A., Belkadi, B., El-Mourid, M., Ortiz, R., and Bassi, F. M. (2018b). Heat Tolerance of Durum Wheat (*Triticum durum* Desf.) Elite Germplasm Tested along the Senegal River. *Journal of Agricultural Science*, 10(2), 217. <https://doi.org/10.5539/jas.v10n2p217>.
- Samofalova, N. E., Ilichkina, N. P., Bezuglaya, T. S., Kravchenko, N. S., Ivanisova, A. S., Kabanova, N. V., and Dubinina, O. A. (2022). Correlation between quality traits of kernels, hard semolina, pasta of durum winter wheat. *Grain Economy of Russia*, 4, 62-69.
- Sarto, M. V. M., Sarto, J. R. W., Rampim, L., Rosset, J. S., Bassegio, D., da Costa, P. F., and Inagaki, A. M. (2017). Wheat phenology and yield under drought: A review. *Australian Journal of Crop Science*, 11(8), 941-946.
- Schulthess, A., Matus, I., and Schwember, A. R. (2013). Genotypic and environmental factors and their interactions determine semolina color of elite genotypes of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *Durum*) grown in different environments of Chile. *Field Crops Research*, 149, 234-244.
- Seay, D., De La Fuente, G. N., Votava, E., and Abdel-Haleem, H. (2024). Genetic Diversity and Population Structure of a Large USDA Sesame Collection. *Plants*, 13(13), 1765.
- Semagn, K., Bjørnstad, Å., and Xu, Y. (2010). The genetic dissection of quantitative traits in crops. *Electronic Journal of Biotechnology*, 13(5), 16-17.
- Sharifi, P., Aminpanah, H., Erfani, R., Mohaddesi, A., and Abbasian, A. (2017). Evaluation of genotype\times environment interaction in rice based on AMMI model in Iran. *Rice science*, 24(3), 173-180.
- Shimelis, Y., Mohammed, W., and Letta, T. (2018). Genetic variability and diversity studies in Durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *Durum*) genotypes based on cluster analysis using agronomic and quality traits in Southern Ethiopia. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 10(5), 99-104.
- Shimray, P. W., Bharadwaj, C., Patil, B. S., Sankar, S. M., Kumar, N., Reddy, S. P. P., Singhal, T., Hegde, V., Parida, S. K., and Roorkiwal, M. (2022). Evaluation and identification of stable chickpea lines for yield-contributing traits from an association mapping panel. *Agronomy*, 12(12), 3115.
- Singh, A., Gupta, O. P., and Singh, G. P. (2022). Physicochemical Components of Wheat Grain Quality and Advances in Their Testing Methods. In *New Horizons in Wheat and Barley Research* (p. 741-757). Springer Singapore.
- Singh, S. K., Barman, M., Prasad, J. P., and Bahuguna, R. N. (2022). Phenotyping diverse wheat genotypes under terminal heat stress reveal canopy temperature as critical determinant of grain yield. *Plant Physiology Reports*, 27(2), 335-344. <https://doi.org/10.1007/s40502-022-00647-y>.

- Sion, S., Savoia, M. A., Gadaleta, S., Piarulli, L., Mascio, I., Fanelli, V., Montemurro, C., and Miazzi, M. M. (2021). How to choose a good marker to analyze the olive germplasm (*Olea europaea* L.) and derived products. *Genes*, 12(10), 1474.
- Sissons, M. (2022). Durum Wheat Products—Recent Advances. *Foods*, 11(22), 282.
- Sivasubramaniam, S., and Madhava Menon, P. (1973). Heterosis and inbreeding depression in rice. *Madras Agricultural Journal*, 60(7), 1139-1140.
- Slama, A., Salem, M., Ben Naceur, M., and Zid, E. (2005). Les céréales en Tunisie : Production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance. *Sécheresse*, 16, 225-229.
- Soltner, D. (2005). Les grandes productions végétales. 20ème 2dition. Collection science et techniques agricoles. 472 p.
- Somers, D. J., Isaac, P., and Edwards, K. (2004). A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 109(6), 1105-1114.
- Song, Q. J., Fickus, E. W., and Cregan, P. B. (2002). Characterization of trinucleotide SSR motifs in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 104(2), 286-293.
- Soriano, J. M., Villegas, D., Aranzana, M. J., and Royo, C. (2016). Genetic structure of modern durum wheat cultivars and Mediterranean landraces matches with their agronomic performance. *PloS one*, 11(8), e0160983.
- Spagnoletti Zeuli, P. L., and Qualset, C. O. (1990). Flag Leaf Variation and the Analysis of Diversity in Durum Wheat. *Plant Breeding*, 105(3), 189-202.
- Šramková, Z., Gregová, E., and Šturdík, E. (2009). Chemical composition and nutritional quality of wheat grain. *Acta Chimica Slovaca*, 2(1), 115-138.
- Stein, N., Herren, G., and Keller, B. (2001). A new DNA extraction method for high-throughput marker analysis in a large-genome species such as *Triticum aestivum*. *Plant breeding*, 120(4), 354-356.
- Surget, A., and Barron, C. (2005). Histologie du grain de blé. *Industries des céréales*, 145, 3-7.
- Talebi, R. (2011). Evaluation of chlorophyll content and canopy temperature as indicators for drought tolerance in durum wheat (*Triticum durum* Desf.). *Australian Journal of Basic and Applied Sciences*, 5(11), 1457-1462.
- Taleghani, D., Rajabi, A., Saremirad, A., and Fasahat, P. (2023). Stability analysis and selection of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) genotypes using AMMI, BLUP, GGE biplot and MTSI. *Scientific reports*, 13(1), 10019.
- Taneva, K., Bozhanova, V., and Petrova, I. (2019). Variability, heritability and genetic advance of some grain quality traits and grain yield in durum wheat genotypes. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 25(2).
- Taranto, F., D'Agostino, N., Rodriguez, M., Pavan, S., Minervini, A. P., Pecchioni, N., Papa, R., and De Vita, P. (2020). Whole genome scan reveals molecular signatures of divergence and selection related to important traits in durum wheat germplasm. *Frontiers in Genetics*, 11, 217.
- Taranto, F., Esposito, S., and De Vita, P. (2023). Genomics for yield and yield components in durum wheat. *Plants*, 12(13), 2571.
- Taranto, F., Esposito, S., Fania, F., Sica, R., Marzario, S., Logozzo, G., Gioia, T., and De Vita, P. (2023). Breeding effects on durum wheat traits detected using GWAS and haplotype block analysis. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1206517.
- Tehseen, M. M., Tonk, F. A., and Nazari, K. (2022). Exploring the genetic diversity and population structure of wheat landrace population conserved at ICARDA genebank. *Frontiers in Genetics*, 13, 900572.

- Teressa, T., Semahegn, Z., and Bejiga, T. (2021). Multi environments and genetic-environmental interaction (GxE) in plant breeding and its challenges: A review article. *International Journal of Research Studies in Agricultural Sciences*, 7(4), 11-18.
- Tewolde, H., Fernandez, C. J., and Erickson, C. A. (2006). Wheat Cultivars Adapted to Post-Heading High Temperature Stress. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 192(2), 111-120.
- Thanh, P. T., Vladutu, C. I., Kianian, S. F., Thanh, P. T. (2013). Molecular Genetic Analysis of Domestication Traits in Emmer Wheat. I: Map Construction and QTL Analysis using an F₂ Pupulation. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 27(2), 3627-3637.
- Torres, A., and Pietragalla, J. (2012). Crop morphological traits. In A Field Guide to Wheat Phenotyping (p. 106-112). Physiological breeding II, CIMMYT.
- Trad, H., Ayed, S., Teixeira da Silva, J., Othmani, A., Bouhaouel, I., Helel, R., and Slim-Amara, H. (2022). Quality assessment of durum wheat landraces and modern varieties through physico-chemical properties. *IOSR J. Agric. Vet. Sci*, 15, 56-67.
- Tripodi, P. (2023). The Evolution of Molecular Genotyping in Plant Breeding. In *Agronomy* (Vol. 13, Numéro 10, p. 2569). MDPI. <https://www.mdpi.com/2073-4395/13/10/2569>.
- Uddin, Md. S., Billah, M., Afroz, R., Rahman, S., Jahan, N., Hossain, Md. G., Bagum, S. A., Uddin, Md. S., Khalidun, A. B. M., Azam, Md. G., Hossain, N., Akanda, M. A. L., Alhomrani, M., Gaber, A., and Hossain, A. (2021). Evaluation of 130 Eggplant (*Solanum melongena* L.) Genotypes for Future Breeding Program Based on Qualitative and Quantitative Traits, and Various Genetic Parameters. *Horticulturae*, 7(10), 376. <https://doi.org/10.3390/horticulturae7100376>.
- Ullah, M. I., El-Shehawi, A. M., and Brestic, M. (2021). Grain yield and correlated traits of bread wheat lines: Implications for yield improvement. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 28(10), 5714-5719.
- Ur Rehman, S., Wang, J., Chang, X., Zhang, X., Mao, X., and Jing, R. (2019). A wheat protein kinase gene TaSnRK2.9-5A associated with yield contributing traits. *Theoretical and Applied Genetics*, 132(4), 907-919.
- USSLS. (1954). Diagnostic and improvement of saline and alkali soils (U.S.D.A. Handbook).
- Velimirović, A., Jovović, Z., Perović, D., Lehnert, H., Mikić, S., Mandić, D., Pržulj, N., Mangini, G., and Finetti-Sialer, M. M. (2023). SNP diversity and genetic structure of “Rogosija”, an old Western Balkan durum wheat collection. *Plants*, 12(5), 1157.
- Verma, A., Verma, R. P. S., Singh, J., Kumar, V., Chatrath, R., Kharub, A. S., and Sharma, I. (2016). AMMI Analysis of Barley Coordinated Trials. *Agricultural science digest-A research journal*, 35(1), 1-56.
- Vishwakarma, M. K., Thiyagarajan, K., Dhar, N., and Joshi, A. K. (2024). Genetic dissection of value-added quality traits and agronomic parameters through genome-wide association mapping in bread wheat (*T. aestivum* L.). *Frontiers in Plant Science*, 15, 1419227.
- Wang, L., Xiang, L., Hong, J., Xie, Z., and Li, B. (2019). Genome-wide analysis of bHLH transcription factor family reveals their involvement in biotic and abiotic stress responses in wheat (*Triticum aestivum* L.). *3 Biotech*, 9(6), 236.
- Wang, S., Wong, D., Forrest, K., and Akhunov, E. (2014). Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90 000 single nucleotide polymorphism array. *Plant Biotechnology Journal*, 12(6), 787-796.

- Wang, S., Xu, S., Chao, S., and Xia, G. (2019). A genome-wide association study of highly heritable agronomic traits in durum wheat. *Frontiers in Plant Science*, 10, 919.
- Wodebo, K. Y., Demeke, S., Garedew, W., Tesfaye, T., Zeleke, M., Gemiyu, D., Bedeke, W., Wamatu, J., and Sharma, M. (2023). AMMI and GGE Biplot Analyses for Mega-Environment Identification and Selection of Some High-Yielding Oat (*Avena sativa* L.) Genotypes for Multiple Environments. *Plants*, 12(17), 3064. <https://doi.org/10.3390/plants12173064>.
- Xiao, J., Liu, B., Yao, Y., Guo, Z., Jia, H., Kong, L., Zhang, A., Ma, W., Ni, Z., Xu, S., Lu, F., Jiao, Y., Yang, W., Lin, X., Sun, S., Lu, Z., Gao, L., Zhao, G., Cao, S., ... Chong, K. (2022). Wheat genomic study for genetic improvement of traits in China. *Science China Life Sciences*, 65(9), 1718-1775.
- Xu, Y.F., Li, S.S., Li, L.H., and An, D.G. (2017). QTL mapping for yield and photosynthetic related traits under different water regimes in wheat. *Molecular Breeding*, 37(3), 34.
- Yacoubi, I., Nigro, D., Sayar, R., and Gadaleta, A. (2020). New insight into the North-African durum wheat biodiversity: Phenotypic variations for adaptive and agronomic traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 67(2), 445-455.
- Yang, Y., Amo, A., Wei, D., Chai, Y., Zheng, J., Qiao, P., Cui, C., Lu, S., Chen, L., and Hu, Y.-G. (2021). Large-scale integration of meta-QTL and genome-wide association study discovers the genomic regions and candidate genes for yield and yield-related traits in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 134(9), 3083-3109.
- YİĞİT, A. (2023). Variation of antioxidant activity, yield, quality, and flour color in durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) as a function of cultivar and nitrogen in International Academic Research and Reviews in Agriculture, Forestry and Aquaculture Sciences, 22-42p.
- Yıldırım, A., and Atasoy, A. (2020). Quality characteristics of some durum wheat varieties grown in Southeastern Anatolia Region of Turkey (GAP). *Harran Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, 24(4), 420-431.
- Zaim, M., El Hassouni, K., Gamba, F., Filali-Maltouf, A., and Bassi, F. M. (2017). Wide crosses of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) reveal good disease resistance, yield stability, and industrial quality across Mediterranean sites. *Field crops research*, 214, 219-227.
- Zaïm, M., Sanchez-Garcia, M., Belkadi, B., and Bassi, F. M. (2024). Genomic regions of durum wheat involved in water productivity. *Journal of Experimental Botany*, 75(1), 316-333.
- Zakir, M. (2018). Review on genotype X environment interaction in plant breeding and agronomic stability of crops. *Journal of Biology, Agriculture and Healthcare*, 8(12), 14-21.
- Zarkti, H., Ouabbou, H., Hilali, A., and Udupa, S. M. (2010). Detection of genetic diversity in Moroccan durum wheat accessions using agro-morphological traits and microsatellite markers. *African journal of agricultural research*, 5(14), 1837-1844.
- Zhang, L. Y., Bernard, M., Ravel, C., Balfourier, F., Leroy, P., Feuillet, C., and Sourdille, P. (2007). Wheat EST-SSRs for tracing chromosome segments from a wide range of grass species. *Plant Breeding*, 126(3), 251-258.
- Zhao, C., Bao, Y., Wang, X., Wang, H., and Cui, F. (2018). QTL for flag leaf size and their influence on yield-related traits in wheat. *Euphytica*, 214(11), 209.
- Zouaoui, A., and Bensaid, R. (2007). Détermination des exigences climatiques du blé dur (*Triticum durum* Desf. Var. Mohamed Ben Bachir) en zone semi-aride. *Cahiers Agricultures*, 16(6), 469-476.

Annexes

Annexe 1

Tableau 1 : Code, nom, pedigree et site de sélection/développement des 125 géotypes de blé dur

Code	Géotypes	Pedigree	Pays de sélection/développement
1	HEIDER	CAN-2109//JORI-C-69/ANHINGA/3/DURUM-DWARF-S-15/CRANE	ICARDA
2	MEXICALI (ACSAD 65)	GDOVZ469/3/JO//61.130/LDS	CIMMYT
3	WOLLAROI	Tam1B17/Kamilaroisib//RokelSelection/Kamilaroisib	Australie
4	TITAN		Mexique
5	CAPEITI 8	Cappelli/Eiti	Italie
7	ENTE MARIO / CANDO		Mexique
8	FG/PALEST,20C/606//MEXI/3/RABI		Mexique
9	SABIL -1	IBIS/FLAMINGO,MEX//CANDO	Syrie
10	Omrabi5 L0589-4L-2AP-2AP-0AP	Joric69/Hau	Syrie
11	SABIL		ICARDA
12	REZZAK	21563/ANHINGA//FLAMINGO,MEX/3/DIEHL-MEDITERRANEAN/69.331 o DIEHL-MEDITERRANEAN/69-331//KARIM	Tunisie
13	TELSET	SD8036 / Mtl1 // Albit3	ICARDA
14	SILLIANA	Rabi/2/Fg/GdoVZ 466	ICARDA
15	TEZ / FRI //WULP		Mexique
16	CANNIZZARA	Landrace from Sicily, Italy	Italie
17	KAMILLAROI	DURATI(SIB)/LEEDS	Australie
18	CHEN 'S'	Ichwa'S'/Bit 'S'CD 26406-3B-2Y-9Y-OM-3Y-OB	Syrie
19	AWL 2 /BIT		Mexique
20	T.POLONICUM ZB // GDO VZ 578 /SWAN		Algérie
21	OMSNINA-1	Mrb11//Snipe/Magh	ICARDA
22	CAMADI ABOU 73 N°7510		Mexique
23	SEBOU	Cr / T.Polonicum	ICARDA
24	GUEROU -1	AVETORO//IBIS/FLAMINGO, MEX	Mexique
25	OM RUFF 2	Mrb15/Ru	ICARDA
26	HOGGAR (VITRON)	TURCHIE-77 /// JORI-SIB / ANHINGA-SIB // FLAMINGO-SIB	Espagne
27	KORIFLA = SHAM -3	DURUM-DWARF-S-15/CRANE//GEIER	ICARDA
28	GRANIZO	YELLOWLEGS(S)/(SIB)SHAW	Italie
29	CHEN 'S' /ALTAR 84	CD57005-1y-5b-1y-0m	CIMMYT
30	CHEN 'S' /AUK	CD61042-5m-7y-1m-0y-0kb	CIMMYT
31	TELL 76	CR"S"/F3TUN//AA"S"/3/FG"S"	Algérie
32	TASSILI (RABI/FG)	GERARDO-VZ-469/3/JORI-1//ND-61-130/LEEDS	CIMMYT

33	INRAT 69	Mahamoudi/Kyperounda	Tunisie
34	M1084		Maroc
35	WAHBI	BIDI-17/WAHA//BIDI-17	Algérie
36	DAKI	DACKIYE/GEDIZ-75//USDA-575	Syrie
37	DT 869		Mexique
38	CHAHABA 88	CD27672	Syrie
39	HEDBA-03 /T.POLxZB		Algérie
41	AWL1/SEL4		Mexique
42	COCORIT C 71	RASPINEGRO-DE-AGUILAS-ENANO/4*TEHUACAN-60//STEW-ART-63/3/ANHINGA	CIMMYT
43	KYPEROUNDA	LV-CYPRUS/ Selected from landraces	Chypre
44	BD 1-94		Mexique
45	OMTEL 5		Mexique
46	ROMANOU		ICARDA
47	STR / AA //21563		Mexique
48	ARALDUR	DURTAL/RIKITA//1301	France
49	T.PolxZB//CH 6/CANDO	Kb8914-4kb-1kb-1kb-0kb	Algérie
50	BELIKH 2	Crane/Stork L92 6AP-1AP-1AP-0AP	ICARDA
51	BIDI 17 /KHROUB 76*2		Algérie
52	HAURANI	(S)LV-Bekaa -Landraces	Jordan
53	OUED ZENATI / OM RABI SH	-----	Algérie
54	SAHEL		Algérie
55	BIDI 17 /SYRICA		Algérie
56	LANGDON	Mindum/Carleton//Khapli/3/Heiti/Stewart//Mindum/	U.S.A
57	OCCOTILLO	Cultivars of U.S.A	U.S.A
58	DURBEL		France
59	ARDENTE	Israël durum 303 / préliminaire77 // 664	France
60	ZB / FG		Mexique
61	KEBIR	OVIACHIC-65/SENATORE-CAPELLI//FLAMINGO,MEX	ICARDA
62	SENATORE-CAPELLI		Italie
63	T.POLONICUMxZB	T. Pol//Zenati/Bouteille 13953	Algérie
64	CLAIRDOC	1342/42//DURTAE	France
65	AGATHE	LD-308/MONTFERRIER	France
66	MOHAMED BEN BACHIR	Pure line Selection from Setif landrace	Algérie
67	GIDARA-2	STJ/MARIBAL-3	ICARDA
68	MONT PELLIER	Old variety INRA France	France
70	HEDBA-03	Pure line Selection from El Khroub landrace	Algérie
71	SIMETO	CAPEITI-8 / VALNOVA	Italie

72	BIDI 17	Pure line Selection from Guelma landrace	Algérie
73	KUCUK	BEJAH/ALTAR-84//SILVER-TAIL	Mexique
74	OUED ZENATI368	Pure line Selection from Guelma landrace	Algérie
75	YAVAROS-79	JORI-69(SIB)/(SIB)ANHINGA//FLAMINGO, MEX	CIMMYT
76	DJENNAH-KHETIFA	Pure line	Algérie
77	DUKEM-12/2*RASCON-21		Mexique
78	GUEMGOUM RKHEM	Pure line Selection from Tialet landrace	Algérie
79	SOOTY-9/RASCON-37		CIMMYT
80	GLOIRE DE MONT GOLFIER	Pure line Selection from Tialet landrace	Algérie
81	PLATA-1/SNM//PLATA-9		Mexique
82	BELIOUNI	pure line	Algérie
83	AJAIA-12/F3LOCL(sel.ethio.135)//PLATA-13		Mexique
84	Barba de Lobo		Mexique
85	Karasu	LOVRIN-11/BOLAL-2973//MIRONOVSKAYA-264	ICARDA
86	Neodur	184-7 / Valdur // Edmore	Italie
87	Orjaune	MIRADUR/IDYN-81-04	France
88	Boussellem	Can 2109//jo/aa/3/s15/cr	Algérie
90	Caravaca Colorado		Espagne
91	D 94-567		Mexique
92	Poggio	D 87020/ e 879050	ICARDA
93	Arment//SRN 3/Nigris 4/3/Canelo 9.1		Mexique
94	Somat 4/Inter 8		Mexique
95	Ofonto	Appulo/Adamello	Italie
96	Ammar-6	Lgt3/Bicre// cham1//orlgt3/4/Bicre/3/Ch1//Gav/Starke	ICARDA
97	ACSAD 1103		Syrie
98	Beltagy-2		ICARDA
99	Geruftel	Gcn/4/D68193A1A//Ruff/Fg/3/Mtl5	ICARDA
100	F413/3/Arthur71/Lahn//Blk2/Lahn/4/Quar-mal=ICAMOR-TA04-71		Mexique
101	Azeghar-1//Blm/Mrf-2		ICARDA
102	Achouri = Mrf1/Stj2//Gdr2/Mgnl1	Mrf1/Stj2//Gdr2/Mgnl1	ICARDA
103	Otb4/3/HFN94N-8/Mrb5//Zna-1		Mexique
104	Bicrederaa-1/Azeghar-2		ICARDA
105	Oss1/Stj5/5/Bidra1/4/Bezaiz-SHF//SD-19539/Waha/3/Stj/Mrb3		Mexique
106	Aghrass-1/Bezaiz98-1=ICAMOR-TA04-5		ICARDA
107	F4 13/3/Arthur71/Lahn//Blk2/Lahn/4/Quarmal		Mexique
108	Ain Lehma = Beltagy-3	Bcr/Gro1//Mgnl1	Algérie
109	Icarasha*2 = Stj3//Bcr/Lks4/3/Ter-3		ICARDA

111	Ter-1//Mrf1/Stj2		ICARDA
112	Mgnl3/Ainzen-1		ICARDA
114	Azeghar-1/6/Zna-1/5/Awl1/4/Ruff//Jo/Cr/3/F9.3		ICARDA
115	Ville-mur/3/Lahn//Gs/Stk/4/Dra2/Bcr/5/Bcr/Lks4/4/Be-zaiz-SHF//SD-19539/Waha/3/Stj/Mrb3		Mexique
116	Adnan-1		ICARDA
117	MIK13 = Stj3//Bcr/Lks4	Stj3//Bcr/Lks4	ICARDA
118	Azeghar2* 20048 Traikia(Mor)/Mrb5//Stj3		ICARDA
119	Jupare C2001	STOT//ALTAR_84/ALD_(JUPARE_C2003)	Mexique
120	Altar84		CIMMYT
121	GOMBO		Tunisie
122	GR Iran		l'Iran
123	Sooty_9/Rascon_37//Storlom		CIMMYT
124	Gallareta= RUFF'S"/FG'S"/MEXI75/3/SHWA'S''		CIMMYT
125	OPATA 75		Mexique
126	Karim		CIMMYT
C1	Waha	PELICANO / RUFF // GAVIOTA / ROLETTE	ICARDA
C2	Cirta	HEDBA-3/GERARDO-VZ-619	Algérie
C3	Sigus	Ter-1/3/Stj3//Bcr/Lks	CIMMYT
C4	Beni Mestina	Shva/Yav_2//Ch1 2003	Algérie
C5	Gta/dur 69	Crane/4/PolonicumPI185309//T.glutin en/2* Tc60/3/Gll	CIMMYT

Tableau 2 : Carré moyen de l'analyse de la variance combinée de l'ensemble des paramètres phénotypiques

Source	Environnement	Bloc	Génotype vs témoin	Témoins	Génotypes Test	Environnement:Génotypes	Résiduels
ddl	3	3	1	4	119	372	57
PE	28673,2***	68,6***	188,2***	73,3***	99,9***	14,8***	3,2
CHL	8032,1***	50,3***	9	16,6**	26,5***	11,5***	3,7
TCV	6219,5***	0,3	0	0,3	1,6***	1,4**	0,7
HP	5544,8***	305,8***	2593,9***	124,9***	897,6***	40,6***	7
LC	1213,62***	55,07***	224,67***	24,14***	57,50***	9,67***	1,36
LE	50,052***	0,476*	14,369***	5,483***	2,069***	0,354***	0,133
NEF	56,647***	6,874***	31,027***	33,918***	11,948***	2,989***	0,854
NGE	5299,0***	55,5**	1963,9***	154,0***	108,2***	56,8***	10,6
PMG	2894,61***	162,19***	25,66**	50,67***	92,56***	21,76***	2,48
NEM	301942***	13660**	553	3871*	10852***	6221***	1412
RR	17290,5***	203,0*	2048,5***	210,3*	327,7***	257,5***	57,7
RE	21933,0***	773,4***	6606,4***	111,4	559,2***	404,1***	82,5
SF	1158,24***	46,78**	11,66	194,94***	58,22***	24,21***	7,82

Tableau 3 : Analyse descriptive, standard déviation et coefficient de variation des deux campagnes agricoles du site d'Alger

Paramètres	2020-2021					2021-2022				
	Moyenne	SD	Min	Max	CV%	Moyenne	SD	Min	Max	CV%
PE	97,03	7,25	83,68	117,87	7,47	95,66	7,74	84,95	115,65	8,09
CHL	50,46	3,25	42,17	60,32	6,44	37,54	4,79	18,69	48,19	12,76
SF	28,02	4,87	18,79	43,99	17,38	30,58	7,32	17,87	51,54	23,94
NGE	54,23	8,36	35,42	78,4	15,42	47,06	8,9	29,88	91,48	18,91
PMG	41,87	5,69	26,92	65,13	13,59	49,71	5,24	31,32	67,68	10,54
TCV	25,8	0,89	23,21	28,33	3,45	22,72	0,63	21,18	24,75	2,77
HP	94,68	17	72,21	148,08	17,96	90,26	18,94	63,37	143,14	20,98
LC	19,7	4,56	8,66	33,04	23,15	20,18	5,27	9,99	33,74	26,11
LE	7,74	1,08	4,56	11,71	13,95	6,56	0,85	4,07	9,4	12,96
NEF	18,9	2,67	14,48	29,48	14,13	17,44	2,73	12,36	36,79	15,65
NEM	309,07	81,2	170,85	600,25	26,27	299,45	69,45	138,55	474,35	23,19
RE	69,6	20,96	27,94	125,08	30,11	69,43	19,86	32,25	128,12	28,60
RR	53,88	18,16	17,99	92,15	33,70	51,55	16,5	12,25	93,34	32,01

Tableau 4 : Analyse descriptive, standard déviation et coefficient de variation des deux campagnes agricoles du site de Constantine

2018-2019						2020-2021				
Paramètres	Moyenne	SD	Min	Max	CV%	Moyenne	SD	Min	Max	CV%
PE	124,84	4,29	108,88	138,88	3,44	114,68	3,11	107,65	127,15	2,71
CHL	50,37	3,24	41,99	57,08	6,43	55,12	4,11	43,10	65,24	7,46
SF	24,89	4,92	15,80	43,93	19,77	24,52	5,18	13,86	42,67	21,13
NGE	49,21	7,24	30,05	68,77	14,71	39,09	8,52	12,93	59,72	21,80
PMG	43,68	6,87	13,93	69,00	15,73	38,98	6,98	17,39	57,10	17,91
TCV	21,07	1,49	17,57	25,12	7,07	36,01	1,47	32,98	42,29	4,08
HP	93,46	14,37	70,72	147,90	15,38	80,35	11,79	56,90	116,88	14,67
LC	19,21	3,94	9,54	32,54	20,51	13,67	4,64	3,01	34,41	33,94
LE	6,51	0,69	4,79	8,93	10,60	7,30	0,86	4,87	9,56	11,78
NEF	17,61	1,83	14,31	32,79	10,39	17,73	1,60	14,36	25,74	9,02
NEM	406,89	98,88	146,60	672,60	24,30	348,50	83,34	145,60	577,60	23,91
RE	85,97	21,56	20,36	139,51	25,08	53,13	19,64	16,46	111,77	36,97
RR	51,78	18,50	10,86	99,86	35,73	30,35	10,79	6,12	54,10	35,55

Tableau 5 : Résultats de l'analyse AMMI, des scores PCs et l'indice AWAI de chaque génotype

Génotypes	RR	PC1	PC2	PC3	AWAI
1	46,49	1,105	-2,281	-0,0884	1,2855342
10	53,05	-0,721	0,4124	-1,219	0,7205646
100	54,65	-1,099	0,8951	-0,4755	0,9053464
101	36,22	0,6164	0,6608	1,144	0,7381104
102	46,16	-0,1736	0,8408	0,04881	0,36777643
103	46,27	0,4116	-1,038	-0,9574	0,728483
104	54,12	-1,964	0,4	-1,901	1,436655
105	41,48	-1,493	0,9251	1,362	1,2795679
106	63,44	-1,358	0,01544	-1,356	0,91589176
107	46,17	0,9332	-0,2342	-0,8975	0,6959819
108	43,92	0,3817	0,4648	1,917	0,7207058
109	56,51	0,2276	2,594	-0,3526	1,0315206
11	32,32	-0,1584	-0,4477	1,446	0,5149625
111	55,95	2,502	-1,075	-1,353	1,79927
112	45,82	1,108	-0,7582	-0,1343	0,7952547
114	48,76	2,598	0,4026	-0,2679	1,4027031
115	58,14	2,775	-0,1899	-1,419	1,6492341
116	47,52	-0,8519	-2,125	0,03434	1,10478522
117	60,62	2,769	-1,079	0,4624	1,7447502

118	36,33	2,193	-1,246	0,4176	1,5210308
119	50,97	-2,708	-1,09	0,8658	1,8017114
12	36,35	1,142	-0,7063	2,229	1,2193157
120	53,76	0,7464	-0,3259	1,005	0,6605513
121	43,94	0,6265	-0,3223	-0,5256	0,5059355
122	31,87	-0,5241	0,3189	0,4394	0,4393951
123	18,55	-0,3482	0,4603	0,7356	0,4637231
124	33,18	-2,378	-1,072	2,419	1,956649
125	42,38	1,058	1,133	0,6106	0,9918528
126	40,21	-0,9195	-0,3629	-1,207	0,7947411
13	31,5	1,062	0,5889	-0,1779	0,7268778
14	44,72	1,571	1,147	1,271	1,370604
15	41,51	-1,871	-1,918	0,4333	1,5946099
16	59,9	-1,085	-0,4308	-0,5756	0,76636
17	55,49	0,103	-2,341	-0,3346	0,8863168
18	49,84	-0,07507	-0,3155	-1,211	0,38476526
19	66,32	-0,8638	-0,7602	0,1432	0,6834338
2	36,74	-2,187	-0,1142	-0,6128	1,1854862
20	60,88	-1,629	-0,5968	-2,303	1,4262282
21	39,95	-0,1504	-1,179	-1,111	0,6838112
22	59,59	1,098	0,06231	-1,879	0,91580099
23	58	-0,05728	-0,02954	-1,46	0,3329057
24	49,36	2,137	0,1726	0,3769	1,1334121
25	41,96	-0,1711	0,6192	1,571	0,6027046
26	41,39	-3,485	-0,5212	1,461	2,0990378
27	45,37	-3,037	0,2377	-0,3492	1,5704069
28	47,44	-2,121	0,1512	-1,63	1,3732628
29	56,63	0,3306	-2,083	-1,107	1,0647488
3	48,82	-0,3351	1,15	-0,4911	0,6348701
30	45,84	-0,8619	-0,1033	-0,9906	0,6384467
31	50,7	-0,1477	-1,584	1,133	0,8202586
32	44,24	-0,1921	-0,8191	-1,137	0,5901977
33	58,18	-0,8262	1,385	0,7194	0,9883648
34	44,76	1,854	1,48	-0,9534	1,5481322
35	42,57	-0,4744	1,385	0,2743	0,7333671
36	42,34	0,8219	0,7038	0,1727	0,6512575
37	55,79	-0,5519	-1,098	-0,7411	0,7699745
38	55,54	-0,5286	-1,086	-1,021	0,8119418
39	57,44	0,2782	-1,485	-0,6437	0,7494337
4	50,47	-0,6898	-0,6193	0,5712	0,6425297
41	40,69	-0,5856	-0,2115	-1,762	0,7013303
42	51,88	0,7247	-0,05503	-0,859	0,53164147
43	45,45	-0,1432	-1,95	-0,123	0,7335366

44	31,86	2,152	-0,8241	0,277	1,3344959
45	40	-0,2884	0,6158	1,195	0,5801544
46	52,04	-0,7986	3,473	-0,04641	1,52578303
47	64,43	-1,374	0,6968	-0,7506	1,024651
48	51,34	-1,592	2,062	-2,038	1,837168
49	33,56	0,6313	-1,142	1,288	0,9326304
5	58,04	2,1	2,856	-0,8377	2,0924771
50	43,2	-1,81	0,9056	0,7037	1,2878735
51	37,56	1,871	0,2249	-1,609	1,2762471
52	35,57	-0,3294	2,738	1,263	1,3113502
53	42,45	0,6475	1,139	0,7742	0,8349236
54	53,54	-0,9412	0,4198	-0,5876	0,6978786
55	42,1	-0,8483	-1,087	0,814	0,9198694
56	44	-0,57	-0,00896	1,554	0,58516984
57	47,72	-0,5988	-0,1153	1,688	0,6608361
58	47,76	1,111	-1,122	0,4454	0,9795022
59	47,79	1,653	-0,9972	-0,6175	1,2270353
60	33,14	0,3938	-0,2536	0,2372	0,3158844
61	53,57	0,2317	0,03612	0,5304	0,22799028
62	48,56	0,9559	1,386	1,028	1,1120392
63	45,12	0,6552	2,802	-0,9049	1,4121863
64	31,39	0,4753	-1,929	1,004	1,0608934
65	46,09	1,142	1,002	2,193	1,309293
66	41,62	0,6441	2,185	-0,3323	1,0877607
67	49,34	-0,4685	0,5103	0,8091	0,551394
68	45,47	-0,871	-0,3334	1,017	0,7237676
7	45,28	1,566	0,3229	-0,5132	0,9433017
70	52,24	-0,186	-0,6348	1,398	0,5796912
71	36,37	1,01	-2,465	0,5342	1,3921076
72	49,58	1,693	-0,2612	-0,06588	0,89163244
73	66,33	-0,06974	0,3681	-0,677	0,29117422
74	35,69	0,2665	1,254	1,727	0,887869
75	42,82	-0,1077	-0,6714	0,09484	0,29054672
76	29,09	0,4175	-0,2365	2,712	0,8237345
77	36,34	-1,828	1,747	-0,6412	1,5604306
78	40,56	-0,04135	1,077	-0,4869	0,4725255
79	42,13	-1,321	1,515	-0,509	1,21999
8	47,79	0,823	1,814	-2,076	1,403398
80	38,89	0,9937	1,291	1,814	1,2580326
81	51,38	1,702	-1,556	-0,4026	1,3901878
82	32,1	1,006	1,216	1,772	1,230588
83	54,78	1,979	0,04684	0,03529	0,94874623
84	49,64	0,06181	-0,5745	-0,06099	0,23031855

Annexes

85	54,87	-0,3743	1,171	-0,9455	0,7523679
86	58,79	2,726	-0,0721	-0,304	1,3612009
87	40,53	-1,804	-1,478	0,08077	1,34693031
88	62,57	1,274	-0,5683	-0,08636	0,80073378
9	45,26	-0,8992	0,8683	-0,0632	0,7193259
90	33,88	-1,325	1,665	0,7863	1,3275039
91	46,5	-0,8619	-0,5385	0,1279	0,6064994
92	41,94	-0,7897	-0,8797	-0,2077	0,701164
93	47,75	-0,006599	-1,199	-1,614	0,72520133
94	49,87	-1,058	0,4391	-0,846	0,8113459
95	45,78	-2,755	-1,018	0,3045	1,6860755
96	41,28	-0,4886	0,7734	-0,8521	0,6560897
97	41,07	1,832	0,1763	-0,2	0,9559787
98	66,93	-0,9275	-1,154	0,2376	0,8619688
99	58,72	0,5301	-1,482	-0,2072	0,7777264
C1	52,36	-0,5009	-0,1422	0,7803	0,4396059
C2	52,66	0,6729	1,181	0,207	0,7454872
C3	50,1	-0,4141	-1,536	-0,4908	0,7987752
C4	47,93	-0,2932	-0,8917	-0,1175	0,4544394
C5	57,64	-1,081	0,2402	0,01992	0,58897756
ENV-Alg 20-21	53,88	-10,03	-6,488	-1,767	7,187293
ENV-Alg 21-22	51,54	-0,2196	9,097	-6,118	4,3376398
ENV-Const 18-19	51,78	10,33	-6,076	-1,767	7,192145
ENV-Const 20-21	30,35	-0,08368	3,466	9,652	3,13883224

Annexe 2

Tableau 1 : Carré moyen de l'analyse de la variance des paramètres physico-chimiques

Source	Bloc	Génotypes	Témoins	Génotypes: Test	Génotype vs témoin	Résiduels
ddl	3	124	4	119	1	32
Ghu	64,93 **	18,16 **	54,08 **	18,44 **	30,79 **	1,29
Gse	6,61 **	2,47 **	11,95 **	2,31 **	2,2 **	0,17
Hse	0,19 **	0,49 **	0,43 **	0,44 **	6,02 **	0,02
Hum	0,06 **	0,23 **	0,19 **	0,18 **	6,43 **	0,01
InG	702,56 **	391,86 **	920,79 **	383,48 **	1355,78 **	16,07
InJ	5,37 **	7,47 **	10,91 **	7,54 **	1,71 **	0,02
Lum	2,69 **	2,87 **	3,91 **	2,52 **	48,46 **	0,03
Mou	11,4 **	7 **	12,2 **	6,94 **	26,84 **	0,43
Pro	3,79 **	1,64 **	9,37 **	1,47 **	1,17 **	0,15
SDS	95,36 **	195,08 **	619,43 **	181,2 **	436,05 **	0,56
Tce	0,03 **	0,04 **	0,09 **	0,04 **	0,02 **	0,00055
Vit	250,66 **	326,72 **	1545,35 **	287,17 **	903,33 **	0,87

Tableau 2 : Analyse descriptive de l'ensemble des paramètres physico-chimiques

Paramètres	Moyenne	ES	SD	Minimum	Maximum	CV %
Mou	4,08	0,23	2,58	0,38	13,88	63,24
Vit	72,74	1,51	16,85	7,54	97,04	2,08
Hum	11,74	0,04	0,43	10,56	13,09	3,66
InJ	15,07	0,24	2,69	8,63	24,38	17,85
Lum	89,56	0,14	1,61	82,14	92,84	1,80
Hse	11,99	0,06	0,66	10,26	13,92	5,50
InG	57,04	1,75	19,53	11,5	98,65	34,24
Ghu	34,56	0,38	4,27	25,21	48,34	12,36
Gse	12,04	0,14	1,51	9,18	17,29	12,54
Pro	13,08	0,11	1,23	9,92	16,46	9,40
SDS	47,29	1,19	13,31	16,48	83,11	28,15
Tce	1,65	0,02	0,19	0,92	2,14	11,52

Tableau 3 : Les valeurs moyennes des paramètres physico-chimiques pour chaque cluster.

Clusters	Ghu	Gse	Hse	Hum	InG	InJ	Lum	Mou	Pro	SDS	Tce	Vit
1	30,67	10,76	11,95	11,62	77,50	15,20	90,16	4,37	12,29	54,64	1,57	62,32
2	32,95	11,46	12,05	11,85	48,50	14,00	89,77	4,42	12,70	37,06	1,64	66,93
3	38,61	13,41	11,95	11,70	52,01	16,02	88,98	3,58	13,96	52,35	1,71	85,04

Annexe 3

Tableau 1 : Résultats de structure de population par STRUCTURE et DAPC pour l'ensemble des 94 géotypes sélectionnés

Code de STRUC-TURE	Géotype correspond	Populations selon STRUCTURE	Populations selon DAPC	Origine
1	Geno_1	2	4	ICARDA
2	Geno_10	2	4	Syrie
3	Geno_100	1	2	Mexique
4	Geno_101	Mélange	1	ICARDA
5	Geno_103	1	2	Mexique
6	Geno_104	1	2	ICARDA
7	Geno_105	1	2	Mexique
8	Geno_108	1	2	Algérie
9	Geno_109	1	2	ICARDA
10	Geno_11	Mélange	4	ICARDA
11	Geno_111	1	2	ICARDA
12	Geno_112	1	2	ICARDA
13	Geno_115	1	2	Mexique
14	Geno_117	1	2	ICARDA
15	Geno_118	1	2	ICARDA
16	Geno_119	1	2	Mexique
17	Geno_12	Mélange	4	Tunisie
18	Geno_120	1	2	CIMMYT
19	Geno_121	1	2	Tunisie
20	Geno_122	2	1	Iran
21	Geno_16	1	3	Italie
22	Geno_17	Mélange	3	Australie
23	Geno_18	1	2	Syrie
24	Geno_2	1	3	CIMMYT

25	Geno_20	1	3	Algérie
26	Geno_21	1	3	ICARDA
27	Geno_23	1	3	ICARDA
28	Geno_25	1	2	ICARDA
29	Geno_26	1	2	Espagne
30	Geno_28	1	2	Italie
31	Geno_3	1	3	Australie
32	Geno_30	1	2	CIMMYT
33	Geno_31	1	3	Algérie
34	Geno_32	1	2	CIMMYT
35	Geno_33	2	1	Tunisie
36	Geno_35	1	2	Algérie
37	Geno_36	1	2	Syrie
38	Geno_38	1	2	Syrie
39	Geno_39	Mélange	4	Algérie
40	Geno_4	1	2	Mexique
41	Geno_42	1	2	CIMMYT
42	Geno_43	2	4	Chypre
43	Geno_44	1	2	Mexique
44	Geno_45	2	4	Mexique
45	Geno_46	1	2	ICARDA
46	Geno_48	1	2	France
47	Geno_49	1	2	Algérie
48	Geno_5	2	4	Italie
49	Geno_50	1	3	ICARDA
50	Geno_51	2	1	Algérie
51	Geno_52	2	4	Jordanie
52	Geno_53	2	4	Algérie
53	Geno_54	2	4	Algérie

54	Geno_55	1	2	Algérie
55	Geno_56	2	1	U.S.A
56	Geno_57	1	2	U.S.A
57	Geno_59	Mélange	4	France
58	Geno_60	1	2	Mexique
59	Geno_61	2	1	ICARDA
60	Geno_62	2	1	Italie
61	Geno_63	2	1	Algérie
62	Geno_65	2	1	France
63	Geno_66	2	1	Algérie
64	Geno_67	2	1	ICARDA
65	Geno_68	2	1	France
66	Geno_7	Mélange	4	Mexique
67	Geno_70	1	3	Algérie
68	Geno_71	2	4	Italie
69	Geno_72	2	1	Algérie
70	Geno_73	1	2	Mexique
71	Geno_74	2	1	Algérie
72	Geno_75	1	2	CIMMYT
73	Geno_76	2	1	Algérie
74	Geno_77	1	2	Mexique
75	Geno_78	2	1	Algérie
76	Geno_80	2	1	Algérie
77	Geno_82	2	1	Algérie
78	Geno_84	1	2	Mexique
79	Geno_86	1	2	Italie
80	Geno_87	1	2	France
81	Geno_88	1	2	Algérie
82	Geno_90	2	1	Espagne

83	Geno_92	Mélange	3	ICARDA
84	Geno_93	1	2	Mexique
85	Geno_95	2	4	Italie
86	Geno_96	1	2	ICARDA
87	Geno_97	1	2	Syrie
88	Geno_98	1	2	ICARDA
89	Geno_c1	1	2	ICARDA
90	Geno_c2	1	2	Algérie
91	Geno_c3	1	2	CIMMYT
92	Geno_c4	1	2	Algérie
93	Geno_c5	1	3	CIMMYT
94	Geno_SV (SVEVO)	1	2	Italie

Tableau 2 : Nombre de SNPs, taille et contenu d’information de polymorphisme des 14 chromosomes du génome de blé dur

Chromosome	nombre SNPs	Début_Position	Fin_Position	Taille de la région bp	Taille de la région Mbp	PIC
1A	154	1106844	585260632	584153788	584,153788	0,2566417
1B	227	9061964	679863666	670801702	670,801702	0,3527269
2A	129	2147761	774610550	772462789	772,462789	0,3330735
2B	223	406084	789416853	789010769	789,010769	0,3149653
3A	158	1436739	740812371	739375632	739,375632	0,3166678
3B	168	1115141	836296169	835181028	835,181028	0,3093066
4A	90	6912108	733401640	726489532	726,489532	0,3098925
4B	135	3593518	667894443	664300925	664,300925	0,3261516
5A	173	430273	667285025	666854752	666,854752	0,3442667
5B	190	7390074	701173741	693783667	693,783667	0,3422473
6A	136	629888	615193048	614563160	614,56316	0,3369810
6B	205	2065286	695095227	693029941	693,029941	0,3542465
7A	218	193900	724283392	724089492	724,089492	0,3057645

7B	147	432664	719907045	719474381	719,474381	0,3342695
----	-----	--------	-----------	-----------	------------	-----------

Tableau 3 : Moyenne des indices de diversité génétique de l'ensemble des populations étudiées

Population	Pop1	Pop2	Pop3	Pop4
Nombre d'allèles différents (Na)	2,368	2,444	1,921	2,392
Na Freq. >= 5%	2,368	1,989	1,921	2,392
Nombre d'allèles effectifs (Ne)	1,554	1,593	1,549	1,605
Indice de Shannon (I)	0,510	0,549	0,483	0,550
N° d'allèles privés	0,137	0,083	0,001	0,076
N° d'allèles rares (<=25%)	0,000	0,000	0,000	0,000
N° d'allèles rares (<=50%)	0,351	0,288	0,061	0,368
Hétérozygotie (h)	0,303	0,344	0,320	0,328

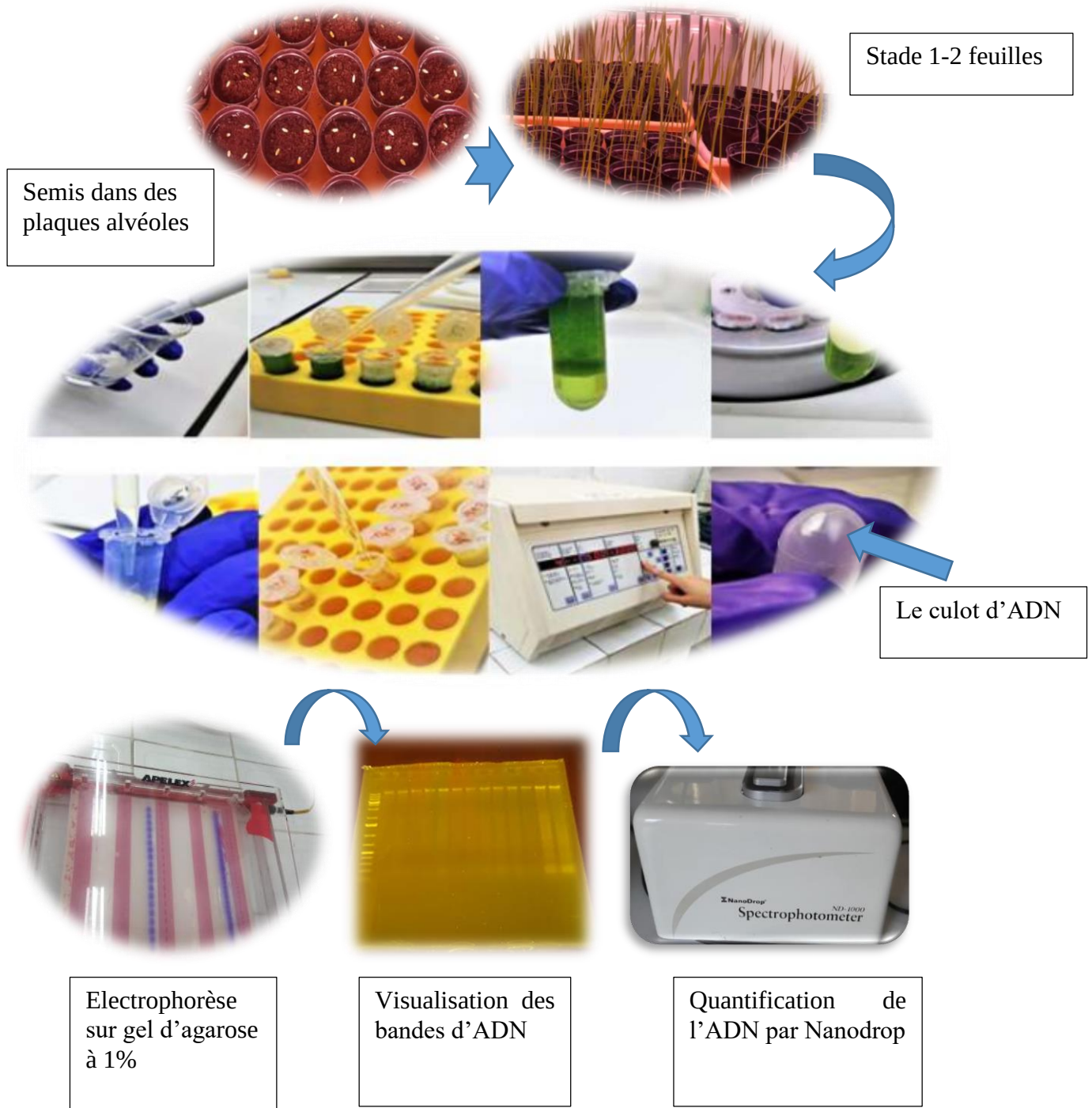


Figure 1 : Différentes étapes de germination, extraction et quantification de l'ADN