

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
ECOLE NATIONALE SUPERIEURE AGRONOMIQUE EL-HARRACH –
ALGER



المدرسة الوطنية العليا للفلاحة الحراش – الجزائر

Thèse

En vue de l'obtention du diplôme de doctorat en sciences agronomiques

Département : Productions végétales

THEME :

**Approches intégrées de la sélection assistée par marqueurs et de l'évaluation
agronomique pour l'amélioration de la stabilité du rendement et de la résistance aux
maladies chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.)**

Présentée par : M^{me} DJENADI CHAFIKA

Soutenu publiquement le 23/05/2026

Devant le jury :

Président : Pr. BOUZNAD Z. (ENSA)

Directrice de thèse : Pr. ABDELGUERFI-LAOUAR M. (ENSA)

Co-directeur de thèse : Dr. SRIPADA UDUPA (Chercheur senior, ICARDA)

Examineurs :

Pr. BOUREGHDA H. (ENSA)

Dr. BENBELKACEM A. (Directeur de Recherche, INRAA)

Dr HANNACHI A. (Maitre de Recherche A, INRAA)

Année universitaire 2025-2026

Table des matières

Résumé	iv
Abstract	v
ملخص	vi
SIGLES ET ABREVIATIONS	vii
LISTE DES TABLEAUX	viii
LISTE DES TABLEAUX (suite)	ix
LISTE DES FIGURES	x
LISTE DES FIGURES (suite)	xi
LISTE DES FIGURES (suite)	xii
PUBLICATION ET COMMUNICATIONS	xiii
Introduction générale et problématique	1
Chapitre 1. État de l’art	6
1.1. Origine des blés cultivés	6
1.2. Phylogénie des blés cultivés	7
1.3. Origine évolutive et processus de domestication du blé	8
2. Description botanique du blé tendre	10
3. Conduite culturale et développement de la plante	10
4. Production de blé	12
4.1. Production mondiale de blé	12
4.2. Production de blé en Algérie	14
5. Héritabilité, gain génétique et composantes du rendement chez le blé tendre	14
5.1. Contribution relative des composantes du rendement chez le blé	14
5.2. Héritabilité, gain génétique et stratégies de sélection	15
6. Stratégies d’amélioration génétique pour la résistance aux maladies du blé	17
6.1. Maladies des blés en Algérie	17
6.1.1. Maladies foliaires des blés	17
6.1.2. Maladies de l’épi des blés	18
6.2. Résistance aux maladies des blés	18
6.2.1. Résistance qualitative et résistance quantitative	19
6.2.1.1. Résistance qualitative	19
6.2.1.2. Résistance quantitative	20
6.2.2. Résistance durable	21

7. Approches multivariées et indices multi-traits pour la sélection de génotypes stables et performants en essais multi-environnements.....	23
7.1 Approches multivariées pour la sélection d'idéotypes : principes et application de l'indice MGIDI.....	23
7.2 Sélection des génotypes basée sur la stabilité, la performance et les traits multiples en essais multi-environnements	24
8. Sélection assistée par marqueurs (SAM).....	25
8.1. Principes et intérêt agronomique.....	26
8.2. Évolution des marqueurs moléculaires.....	26
8.2.1. Marqueurs de première génération.....	27
8.2.1.1. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)	27
8.2.1.2. RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)	27
8.2.2. Marqueurs de deuxième génération.....	28
8.2.2.1. AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)	28
8.2.2.2. SSRs (<i>Simple Sequence Repeats</i> ou microsatellites)	28
8.2.3. Marqueurs de troisième génération (SNPs et technologies hybrides)	28
8.2.3.1. Marqueurs de type SNP (<i>Single Nucleotide Polymorphism</i>)	28
8.2.3.2. Marqueurs de nouvelle génération (<i>NGS-based</i>).....	30
8.3. Application des marqueurs moléculaires dans la sélection.....	31
Références bibliographiques	33
Chapitre 2 : Caractérisation moléculaire de génotypes de blé tendre pour l'amélioration variétale.....	48
1. Introduction	48
2. Matériel et Méthodes.....	50
2.1. Matériel végétal.....	50
2.2. Extraction de l'ADN génomique	51
2.3. Description des gènes et marqueurs utilisés	52
2.4. Amplification de l'ADN par PCR.....	54
2.5. Séparation des produits d'amplification par électrophorèse	54
2.6. Analyses statistiques.....	54
2.6.1. Dissimilarité et indice de diversité	54
2.6.2. Analyse moléculaire de variance.....	55
3. Résultats	56
3.1 Diversité génétique des marqueurs fonctionnels chez variétés et les lignées algériennes et introduites.....	56
3.2. Analyse en cluster hiérarchique	58

3.3. Analyse en coordonnées principales	60
3.4. Analyse moléculaire de la variance (AMOVA).....	61
4. Discussion.....	63
4.1. Diversité génétique et structure des populations	63
4.2. Analyse en cluster hiérarchique	64
4.3. Analyse en coordonnées principales	65
4.4. Analyse de la structure génétique (AMOVA).....	66
5. Conclusion.....	69
Références bibliographiques.....	71
Chapitre 3 : Développement des populations en ségrégation du blé tendre	75
1. Introduction	75
2. Matériel et méthodes	77
2.1. Matériel végétal.....	77
2.2. Hybridation contrôlée pour la création de nouvelles combinaisons génétiques chez le blé tendre	78
2.3. Développement des populations en ségrégation	79
2.4. Accélération du cycle générationnel	80
3. Résultats	83
3.1. Caractérisation du matériel parental et résultats des hybridations contrôlées.....	83
3.2. Structuration et évolution des populations en ségrégation	84
3.3. Effets des stratégies d'accélération du cycle générationnel.....	85
4. Discussion.....	86
5. Conclusion.....	90
Références bibliographiques.....	92
Chapitre 4 : Evaluation agronomique, génétique, et sélection assistée par marqueurs d'une population de lignées doublées haploïdes de blé tendre (<i>Triticum aestivum</i> L.)	95
1. Introduction	95
2. Matériel et méthodes	98
2.1. Matériel végétal.....	98
2.2. Évaluation en champ des lignées haploïdes doublées	99
2.3. Propriétés physico-chimiques du sol	99
2.4. Dispositif expérimental	100
2.5. Mesures et Notations	101
2.6. Application des marqueurs KASP pour la sélection assistée.....	102
2.7. Analyse statistique	104
2.7.1. Analyse de la variabilité génétique.....	104

2.7.2. Analyse en composantes principales (ACP)	105
2.7.3. Indice de Distance Génotype–Idéotype Multitrait (MGIDI).....	105
3. Résultats	107
3.1. Description de la variabilité phénotypique de la population DH	107
3.1.1. Variabilité phénotypique de la résistance des lignées DH aux rouilles jaune et brune du blé.....	107
3.1.2. Analyse de la variabilité phénotypique des traits phénologiques et agronomiques....	109
3.2. Héritabilité et gain génétique attendu des lignées double haploïdes	111
3.3. Analyse en composantes principales (ACP).....	112
3.4. Sélection basée sur l’indice multitrait (MGIDI)	114
3.5. Sélection assistée par marqueurs de la population DH pour la rouille et la hauteur des plantes	122
4. Discussion.....	124
4.1. Importance du rendement et traits associés	124
4.2. Variabilité génétique et héritabilité	125
4.3. Analyse en composantes principales (ACP).....	126
4.5. Analyse factorielle et rotation orthogonale.....	128
4.6. Sélection avec l’index MGIDI	128
4.7. Pyramide de gènes et résistance aux maladies	130
4.8. Combinaisons de gènes et idéotypes sélectionnés	131
5. Conclusion.....	133
Références bibliographiques	135
Chapitre 5. Analyse de l’adaptabilité d’une population de lignées recombinantes (RILs) de blé tendre (<i>Triticum aestivum</i> L).....	142
1. Introduction	142
2. Matériel et méthodes	144
2.1. Matériel végétal.....	144
2.2. Dispositif expérimental	144
2.3. Mesures et Notations	145
2.3.1. Paramètres phénologiques	146
2.3.2. Paramètres morphologiques et agronomiques.....	146
2.4. Caractérisation moléculaire	146
2.5. Analyse statistique	147
2.5.1. Analyse de la variabilité génétique.....	147
2.5.2. Indice de Distance Génotype–Idéotype Multitrait (MGIDI).....	147
2.5.3. Analyse AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction).....	147

2.5.4. Indice de stabilité multitrait (MTSI).....	149
3. Résultats	151
3.1. Description de la variabilité phénotypique et génétique.....	151
3.1.1. Analyse de la variabilité	151
3.1.2. Analyse phénotypique des lignées évaluées sur les trois sites	152
3.1.3. Héritabilité et gain génétique attendu des lignées	156
3.2. Approche multitrait pour la sélection de l'idéotype MGIDI.....	157
3.2.1. L'analyse en composantes principales (ACP).....	158
3.2.2. Analyse factorielle des caractères phénotypiques	159
3.2.3. Évaluation des écarts standardisés des caractères vis-à-vis de l'idéotype	161
3.2.4. Hiérarchisation des génotypes selon l'indice MGIDI.....	162
3.2.5. Analyse des forces et faiblesses des génotypes sélectionnés à partir de l'indice MGIDI dans chaque site.	166
3.3. Analyse selon le model AMMI de l'interaction génotype × environnement pour le rendement	168
3.4. Analyse de la performance et de la stabilité des génotypes selon l'indice WAASB et WASSBY	173
3.4.1. Analyse de la stabilité basée sur le WAASB	173
3.4.2. Analyse de la stabilité et la performance basée sur le WAASBY	175
3.5. Analyse de l'indice de sélection multitrait (MTSI WAASB et MTSI WAASBY).....	177
3.5.1. Analyse de l'indice de sélection multitrait (MTSI WAASB)	177
3.5.1.1. Analyse en composantes principales (ACP)	177
3.5.1.2. Analyse factorielle	177
3.5.1.3. Analyse des corrélations entre les caractères étudiés	178
3.5.1.4. Analyse du différentiel de sélection moyen pour les traits évalués.....	178
3.5.1.5. Sélection des idéotypes adaptés aux objectifs d'amélioration	179
3.5.2. Analyse de l'indice de sélection multitrait (MTSI WAASBY).....	180
3.6. Sélection assistée par marqueurs de la population RILS pour la rouille et la hauteur des plantes	185
3.7. Sélection d'idéotypes de blé basée sur des analyses agronomiques et génétiques.....	186
4. Discussion.....	189
4.1. Analyse de la variance et variabilité phénotypique.....	189
4.2. Héritabilité et gain génétique attendu des lignées	190
4.3. Évaluation multitrait des génotypes par MGIDI.....	192
4.3.1. Analyse des composantes principales.....	192
4.3.2. Analyse factorielle.....	193

4.3.3. Analyse conjointe	194
4.4. Sélection des génotypes via MGIDI et analyse factorielle	196
4.5. Effets Principaux Additifs et Interaction Multiplicative (AMMI)	198
4.6. Analyse de stabilité et performance des lignées développées.....	201
4.6.1. Analyse de stabilité et performance par les indices WAASB et WAASBY	201
4.6.2. Analyse de stabilité et performance pour une approche mutlitraits (MTSI).....	203
4.7. Convergence des méthodes d'analyse (AMMI, WAASB, WAASBY et MTSI) dans l'identification des génotypes stables et performants.	209
4.8. Apport des marqueurs <i>Rht2</i> , <i>Lr34</i> et <i>Lr37</i> à l'identification d'idéotypes stables de blé	211
5. Conclusion.....	213
Références bibliographiques.....	215
Conclusion générale et Perspectives	225
Annexe	229

Résumé

L'amélioration génétique du blé tendre (*Triticum aestivum* L.) en Algérie constitue un enjeu stratégique majeur face aux changements agroclimatiques et aux exigences croissantes en matière de sécurité alimentaire. Les approches conventionnelles de sélection montrent des limites pour l'amélioration de caractères complexes, fortement influencés par les interactions génotype $\times$ environnement. Dans ce contexte, cette thèse s'inscrit dans une démarche d'amélioration durable du blé tendre, fondée sur une approche intégrée combinant l'analyse de la diversité génétique, la sélection assistée par marqueurs et l'évaluation multi-environnements, afin d'identifier des génotypes à la fois performants, stables et résilients. Une première étape a concerné la caractérisation moléculaire de 43 génotypes de blé tendre, incluant 11 lignées locales et 32 lignées introduites, à l'aide de marqueurs fonctionnels associés aux gènes de résistance aux maladies foliaires (*Lr*, *Sr*), aux gènes de nanisme (*Rht*) et la floraison (*Ppd*). Les résultats ont mis en évidence une base génétique relativement étroite du germplasm algérien, tandis que les lignées introduites ont permis d'élargir la diversité allélique exploitable. Dans une seconde phase, sept populations F_2 issues de croisements ciblés ont été développées afin d'accélérer le progrès génétique. Deux populations ont fait l'objet d'analyses approfondies : une population de lignées doublées haploïdes (DH) issue du croisement Hidhab $\times$ Parula et une population de lignées recombinantes fixées (RILs) dérivée du croisement Hidhab $\times$ Kharouba. L'évaluation agronomique et moléculaire des DH a permis de sélectionner 54 lignées ideotype sur la base de leurs performances agronomiques basées sur l'indice MGIDI, et d'identifier 61 lignées DH porteuses de combinaisons favorables de gènes de résistance (*Lr34*, *Lr46*) et de nanisme (*Rht1/Rht2*), parmi lesquelles 13 lignées élites se sont distinguées par un fort potentiel de rendement, une bonne précocité et une résistance durable aux rouilles. La dernière étude de cette thèse a porté sur l'analyse de l'adaptabilité et de la stabilité de 63 lignées recombinantes de blé tendre évaluées dans 3 environnements agroécologiques contrastés (Constantine, Blida et Tiaret). Les analyses de variance et le modèle AMMI ont mis en évidence une interaction génotype $\times$ environnement significative, traduisant une réponse différenciée des génotypes selon les sites. L'analyse AMMI a permis d'identifier 5 lignées à large stabilité, ainsi que 7 lignées spécifiquement adaptées à Constantine et 8 lignées adaptées à Blida. L'analyse AMMI de second ordre a confirmé ces résultats, en identifiant respectivement 6, 8 et 6 lignées bien adaptées à Constantine, Blida et Tiaret. Les indices de stabilité WAASB et WAASBY ont permis de sélectionner 8 lignées combinant stabilité globale et performance, tandis que les approches multitrait MTSI-WAASB et MTSI-WAASBY ont conduit à la sélection de 8 et 10 lignées supérieures, respectivement. Par ailleurs, l'indice MGIDI a mis en évidence 10 lignées performantes à Constantine, 8 à Blida et 9 à Tiaret. L'ensemble de ces résultats confirme l'intérêt des approches multi-environnements et multitrait pour identifier des génotypes à large adaptation ou à adaptation spécifique, en appui aux programmes nationaux d'amélioration du blé tendre en Algérie. Dans l'ensemble, cette thèse démontre que l'intégration de la génomique appliquée, de la gestion raisonnée de la diversité génétique, de l'accélération des cycles de sélection et des méthodes avancées d'analyse multi-environnements constitue une stratégie efficace pour orienter les programmes nationaux vers le développement de variétés de blé tendre productives, stables et adaptées aux contraintes agroclimatiques actuelles et futures.

Mots-clés : Blé tendre ; amélioration génétique ; diversité génétique ; SAM ; lignées doublées haploïdes (DH) ; lignées recombinantes (RILs) ; stabilité ; analyse multi-environnements ; indices multitrait (MGIDI, MTSI, WAASB, WAASBY).

Abstract

The genetic improvement of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) in Algeria represents a major strategic challenge in the face of agroclimatic changes and increasing food security requirements. Conventional breeding approaches show limitations in improving complex traits that are strongly influenced by genotype $\times$ environment interactions. In this context, this thesis is part of a sustainable bread wheat improvement framework based on an integrated approach combining genetic diversity analysis, marker-assisted selection, and multi-environment evaluation, with the aim of identifying genotypes that are simultaneously high-performing, stable, and resilient. The first stage focused on the molecular characterization of 43 bread wheat genotypes, including 11 local lines and 32 introduced lines, using functional markers associated with foliar disease resistance genes (*Lr*, *Sr*), dwarfing genes (*Rht*), and flowering genes (*Ppd*). The results highlighted a relatively narrow genetic base of the Algerian germplasm, while the introduced lines contributed to broadening the exploitable allelic diversity. In a second phase, seven F₂ populations derived from targeted crosses were developed to accelerate genetic progress. Two populations were subjected to in-depth analyses: a doubled haploid (DH) population derived from the cross Hidhab $\times$ Parula and a population of fixed recombinant inbred lines (RILs) derived from the cross Hidhab $\times$ Kharouba. Agronomic and molecular evaluation of the DH population allowed the selection of 54 ideotype lines based on their agronomic performance using the MGIDI index, and the identification of 61 DH lines carrying favorable combinations of resistance genes (*Lr34*, *Lr46*) and dwarfing genes (*Rht1/Rht2*), among which 13 elite lines stood out for their high yield potential, good earliness, and durable resistance to rust diseases. The final study of this thesis focused on the analysis of adaptability and stability of 63 recombinant bread wheat lines evaluated across 3 contrasting agroecological environments (Constantine, Blida, and Tiaret). Analysis of variance and the AMMI model revealed a significant genotype $\times$ environment interaction, reflecting differentiated genotype responses across sites. AMMI analysis identified 5 lines with broad stability, as well as 7 lines specifically adapted to Constantine and 8 lines adapted to Blida. Second-order AMMI analysis confirmed these results, identifying 6, 8, and 6 well-adapted lines for Constantine, Blida, and Tiaret, respectively. The WAASB and WAASBY stability indices enabled the selection of 8 lines combining overall stability and performance, while the multitrait approaches MTSI-WAASB and MTSI-WAASBY led to the selection of 8 and 10 superior lines, respectively. In addition, the MGIDI index identified 10 high-performing lines in Constantine, 8 in Blida, and 9 in Tiaret. Overall, these results confirm the relevance of multi-environment and multitrait approaches for identifying genotypes with broad adaptation or specific adaptation, in support of national bread wheat breeding programs in Algeria. Taken together, this thesis demonstrates that integrating applied genomics, rational management of genetic diversity, accelerated selection cycles, and advanced multi-environment analytical methods constitutes an effective strategy to guide national programs toward the development of productive, stable, and bread wheat varieties adapted to current and future agroclimatic constraints.

Keywords : Bread wheat; genetic improvement ; genetic diversity; marker-assisted selection (MAS) ; doubled haploid lines (DH) ; recombinant inbred lines (RILs) ; stability; multi-environment analysis ; multitrait indices (MGIDI, MTSI, WAASB, WAASBY).

يُعدّ التحسين الوراثي للقمح اللين (*Triticum aestivum* L) في الجزائر تحديًا استراتيجيًا رئيسيًا في ظل التغيرات المناخية الزراعية وتزايد متطلبات الأمن الغذائي. وتُظهر أساليب التربية التقليدية قصورًا في تحسين الصفات المعقدة، التي تتأثر بشدة بالتفاعلات بين النمط الوراثي والبيئة. في هذا السياق، تُعدّ هذه الأطروحة جزءًا من نهج التحسين المستدام للقمح اللين، القائم على منهج متكامل يجمع بين تحليل التنوع الجيني، والاختيار المدعوم بالعلامات الجينية، والتقييم متعدد البيئات، بهدف تحديد الأنماط الجينية عالية الأداء والمستقرة والمقاومة. وقد تمثلت الخطوة الأولى في التوصيف الجزيئي لـ 43 سلالة من القمح اللين، بما في ذلك 11 سلالة محلية و32 سلالة مُدخلة، باستخدام علامات وظيفية مرتبطة بجينات مقاومة الأمراض الورقية (*Sr.Lr*) والتقرم (*Rht*)، والإزهار (*Ppd*). وجود قاعدة وراثية ضيقة نسبيًا سلالة محلية، في حين ساهمت سلالة المستوردة في توسيع التنوع الأليلي القابل. في المرحلة الثانية، تم تطوير سبعة تجمعات من الجيل الثاني (F_2) من عمليات تهجين موجهة لتسريع التقدم الوراثي. خضع تجمعان لتحليل معمق: تجمع من السلالات أحادية الصيغة الصبغية المزدوجة (DH) من تهجين *Hidhab* × *Parula*، وتجمع من السلالات المُعاد تركيبها الثابتة (RILs) المشتقة من تهجين *Hidhab* × *Kharouba*. سمح التقييم الزراعي والجزيئي لـ DH باختيار 54 سلالة مثالية بناءً على أدائها الزراعي بناءً على مؤشر MGIDI، وتحديد 61 سلالة DH تحمل تركيبات مواتية من جينات المقاومة (*Lr46*، *Lr34*) والتقرم (*Rht1/Rht2*)، ومن بينها برزت 13 سلالة نخبوية لإمكاناتها الإنتاجية العالية، ونسجها المبكر الجيد، ومقاومتها الدائمة للصدأ. ركزت الدراسة النهائية لهذه الأطروحة على تحليل قدرة 63 سلالة من قمح اللين على التكيف والاستقرار، وذلك في ثلاث بيئات زراعية إيكولوجية متباينة (قسنطينة، البلدية، وتيارت). وكشف تحليل التباين ونموذج AMMI عن تفاعل هام بين النمط الوراثي والبيئة ($G \times E$)، مما يعكس استجابةً متباينةً للأنماط الوراثية تبعًا للموقع. وحدد تحليل AMMI خمس سلالات ذات استقرار واسع، بالإضافة إلى سبع سلالات مُتكيفة تحديدًا مع قسنطينة، وثمانية سلالات مُتكيفة مع البلدية. مكن مؤشر الاستقرار WAASB و WAASBY من اختيار 8 سلالات تجمع بين الاستقرار العام والأداء المتميز، بينما أدى نهج MTSI-WAASB و MTSI-WAASBY متعدد الصفات إلى اختيار 8 و10 سلالات متفوقة على التوالي. علاوة على ذلك، أبرز مؤشر MGIDI 10 سلالات عالية الأداء قسنطينة و8 في البلدية و9 في تيارت. تؤكد كل هذه النتائج قيمة النهج متعددة البيئات لتحديد الأنماط الجينية ذات التكيف الواسع أو المحدد، وذلك لدعم برامج تحسين القمح اللين الوطنية في الجزائر. بشكل عام، توضح هذه الأطروحة أن دمج علم الجينوم التطبيقي، والإدارة العقلانية للتنوع الجيني، وتسريع دورات الاختيار، وأساليب التحليل المتقدمة متعددة البيئات يشكل استراتيجية فعالة لتوجيه البرامج الوطنية نحو تطوير أصناف قمح اللين منتجة ومستقرة تتكيف مع القيود المناخية الزراعية الحالية والمستقبلية.

الكلمات المفتاحية: القمح اللين؛ التحسين الوراثي؛ التنوع الوراثي؛ (SAM) السلالات أحادية الصيغة الصبغية المزدوجة (DH)؛ السلالات المهجنة المُعاد تركيبها (RILs)؛ الاستقرار؛ تحليل البيئات المتعددة؛ مؤشرات الصفات المتعددة (WAASBY، WAASB، MTSI، MGIDI)