

République Algérienne Démocratique Et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche
Scientifique
المدرسة الوطنية العليا للفلاحة - الحراش - الجزائر
École Nationale Supérieure Agronomique - El Harrach - Alger



**THÈSE PRÉSENTÉE EN VUE DE L'OBTENTION DU DIPLOME DE
DOCTORAT EN SCIENCES AGRONOMIQUES**

Thème

**DIVERSITE AGRO-MORPHOLOGIQUE, PHYSIOLOGIQUE
ET ALIMENTAIRE DE QUELQUES ESPECES DU GENRE *LATHYRUS***

ANNOUN-BOUKECHA DALILA

Devant le jury composé de :

Président :	M. MEKLCHE A	M.C.A.	ENSA, El Harrach, Alger.
Directeur :	Mme MEKLCHE-HANIFI L	Professeur	ENSA, El Harrach, Alger.
Co-Directeur :	Mme. LAOUAR M.	M.C.A	ENSA, El Harrach, Alger.
Examineurs :	Mr. BENBELKACEM A.	Directeur de Recherche	INRAA, Constantine.
	Mr. M'HAMMEDI BOUZINA M.	Professeur	Université de Chlef.
	M. MEBARKIA A.	Professeur	Université de Sétif.

Année universitaire 2018-2019

DEDICACES

Je dédie ce modeste travail:

A la mémoire de mon père

A ma mère

A mon époux Mr ANNOUN NACER

A mes enfants RYMA, ABDELKADER, SAMY et MARIA

A mes frères et sœurs

A ma belle famille

A tous mes proches

A tous mes collègues

REMERCIEMENTS

Au terme de ce doctorat, qu'il me soit permis d'exprimer mes plus vifs remerciements à tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce travail. Mes grands remerciements s'adressent au Professeur MEKLCHE LEILA qui a accepté d'encadrer ce travail ; je lui exprime ici ma grande reconnaissance pour son encadrement depuis mon ingéniorat jusqu'à mon doctorat.

Je remercie fortement le Professeur MEKLCHE AREZKI d'avoir accepté de présider le jury de ce travail.

Mes vifs remerciements s'adressent aussi à mon co-encadreur Mme LAOUAR MERIEM pour ses précieux conseils et l'orientation dont j'ai pu bénéficier. Qu'il me soit permis de lui exprimer ici mes sincères et très respectueux remerciements.

Mes remerciements vont également à Messieurs les Professeurs MHAMMEDI-BOUZINA M., BENBELKACEM A. ainsi qu'à MEBARKIA A. qui ont bien voulu examiner ce travail.

Il m'est également agréable de remercier M. ABDELGUERFI A. pour sa contribution à l'initiation de ce travail.

J'exprime ma profonde reconnaissance et mes sincères remerciements à mes collègues AMRI WAHIBA, ALLAN FARIDA et ZINE FATIHA pour leur aide et leurs encouragements et plus particulièrement HAREK DERRADJI qui m'a communiqué toutes les informations nécessaires à l'utilisation du logiciel STATISTICA. Je suis extrêmement reconnaissante à RAHAL HAFIDA pour son soutien, son encouragement et son aide précieuse. Mes remerciements sincères s'adressent à mes collègues de la division des sols BOULAHBAL W., AZOUAOU Z., les techniciens Rachid et IDIR. Je remercie également la Directrice de la division de zootechnie TAZKA H. et le technicien KHALED. Un grand merci pour ISSOLAH R. directrice de la division ressources. Un très grand merci à AOUMEUR K. et BACHIR H. Sans vous la réalisation de cette thèse aurait été beaucoup plus difficile.

Je remercie M. SAADAOUI (département d'Economie Rurale à L'ENSA) et Mme BORAS FZ. (Département Génie rurale à L'ENSA) M. REDOUANE (département de pédologie à L'ENSA).

Évidemment, je ne peux pas oublier de remercier tous les ouvriers de la station de Mehdi Boualem et la station expérimentale de l'ENSA pour leur aide dans la réalisation des essais sur le terrain, plus particulièrement M. CHAIB M. responsable de la station expérimentale de L'ENSA et l'ingénieur KARIMA.

TABLE DES MATIERES

Remerciements.....	II
Table des matières.....	III
Résumé.....	VI
ملخص.....	VII
Abstract.....	VIII
Liste des abréviations.....	IX
Liste des tableaux.....	X
Liste des figures.....	XII
Les travaux réalisés dans le cadre de cette thèse.....	XV
INTRODUCTION GENERALE.....	2
<i>CHAPITRE I. SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE</i>	6
1. Description du genre <i>Lathyrus</i>	7
2. Classification et origine du genre <i>Lathyrus</i>	8
3. Utilisation des espèces du genre <i>Lathyrus</i>	11
4. Importance des espèces cultivées du genre <i>Lathyrus</i>	13
4.1. Dans le monde	13
4.1.1. Importance économique	13
4.1.2. Importance agronomique	14
4.1.3. Importance alimentaire	15
4.2. En Algérie	16
4.2.1. Superficie et Production	16
4.2.2. Prospection, collecte et conservation	17
5. Diversité génétique	18
5.1. Analyse de la diversité morphologique	19
5.2. Analyse de la diversité par l'utilisation des marqueurs biochimiques et moléculaires.....	20
5.3. Analyse de la diversité des caractères de qualité	23
<i>CHAPITRE II. ETUDE DE LA DIVERSITÉ GÉNÉTIQUE DU GENRE LATHYRUS</i>	27
1. Introduction.....	28
2. Matériels et méthodes	29
2.1. Matériel végétal	29
2.2. Présentation de l'essai	30
2.3. Caractères étudiés	32
2.4. Analyses statistiques	33
3. Résultats	33
3.1. <i>Diversité inter -espèces du genre Lathyrus</i>	33
3.1.1. Analyse de la variance.....	33
3.1.2. Analyse multivariée (ACP et Dendrogramme).....	36
3.2. <i>Diversité inter-accessions du genre Lathyrus</i>	40
3.2.1. Analyse de la variance.....	40
3.2.1.1. Caractères phénologiques	40

3.2.1.2. Caractères morphologiques	42
3.2.1.3. Rendement et ses composantes.....	45
3.2.1.4. Biométrie des fleurs	48
3.2.1.5. Biométrie des gousses et des graines	52
3.2.2. Corrélations entre les 22 caractères étudiés	57
4. Discussion	58
5. Conclusion	60
<i>CHAPITRE III. ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE QUELQUES</i>	61
<i>POPULATIONS LOCALES DE GESSE (LATHYRUS SATIVUS)</i>	
1. Introduction	62
2. Matériel et méthodes.....	63
2.1 Matériel végétal	64
2.1. Présentation de l'essai	65
2.3. Caractères étudiés.....	65
2.4. Traitement et analyse des données	66
3. Résultats	66
3.1. Analyse de la variance et comparaison des moyennes	67
3.1.1. Caractères phénologiques et morphologiques.....	67
3.1.2. Biomasse aerienn e et rendement et ses composantes.....	68
3.1.3. Biométrie des gousses, des graines et des fleurs.....	70
3.2. Corrélation entre les caractères quantitatifs	73
3.3. Analyse en composantes principales	74
3.4. Analyse de la diversité des populations	75
4. Discussion	77
5. Conclusion	78
<i>CHAPITRE IV. TOLERANCE AU STRESS HYDRIQUE DE QUELQUES</i>	80
<i>POPULATIONS DE GESSE (LATHYRUS SATIVUS)</i>	
1. Introduction	81
2. Matériel et méthodes.....	82
2.1. Matériel végétal	82
2.2. Présentation de l'essai.....	82
2.3. Variables mesurées	82
2.4. Analyses statistiques	83
3. Résultats et discussion	83
3.1. Analyse de la variance.....	83
3.2. Analyse en composantes principales	89
3.3. Corrélations	91
3.4. Classification ascendante hiérarchique (CAH)	93
4. Conclusion	93
<i>CHAPITRE V. ETUDE DE LA VALEUR NUTRITIONNELLE DE QUELQUES</i>	95
<i>POPULATIONS LOCALES DE GESSE (LATHYRUS SATIVUS L)</i>	
1. Introduction	96
2. Matériel et Méthodes	97
2-1. Matériel végétal	97

2.2. Caractères étudiés	98
2.2.1. Poids de 100 grains (P100G).....	98
2.2.2. Teneur en matière sèche (MS)	98
2.2.3. Teneur en matière organique (MO) et minérale (MM)	98
2.2.4. Dosage des protéines totales (CP)	99
2.2.5. Dosage de la cellulose brute (CB)	99
2.2.6. Dosage de la teneur en Acide β -N-oxalyl-L- α , β -diaminopropionique (ODAP)...	99
2.3. Analyse statistiques	99
3. Résultats	100
3.1. Analyse descriptive	100
3.1.1. Poids de 100 graines	101
3.1.2. Teneur en matière sèche	101
3.1.3. Teneur en matière organique	102
3.1.4. Teneur en matière minérale	102
3.1.5. Teneur en protéines	103
3.1.6. Teneur en cellulose brute.....	104
3.1.7. Teneur en neurotoxine (ODAP).....	106
3.2. Analyse en composantes principales (ACP).....	106
3.3. Classification hiérarchique ascendante (CHA)	108
4. Discussion	109
5. Conclusion.....	111
CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES.....	112
Références Bibliographiques.....	115
Annexe.....	132

Résumé

Les espèces du genre *Lathyrus* sont des légumineuses cultivées pour l'alimentation humaine et animale. Actuellement, la gesse est considérée comme une culture modèle pour une agriculture durable. Dans ce travail, plusieurs aspects liés à l'évaluation phéno-agromorphologique, la variabilité, le stress hydrique et la composition chimique des grains ont été abordés. L'évaluation phénotypique a porté sur cinquante-six (56) accessions du genre *Lathyrus* appartenant à 11 espèces de différentes origines géographiques. L'ensemble des résultats a mis en évidence l'existence d'une diversité importante au sein des accessions qui pourrait résulter de l'expression d'une forte hétérogénéité génotypique.

La diversité inter-espèces apparaît très importante et cela indépendamment de leur origine géographique et de leur attribution taxonomique. Les espèces qui présentent des caractères agronomiques intéressantes sont *L. sativus*, *L. ochrus* et *L. odoratus*. Les caractères liés à la graine, la gousse, la fleur, la phénologie, la hauteur de la plante et aux paramètres liés au rendement sont les plus discriminants.

Les variations importantes observées pour les différents paramètres témoignent d'un polymorphisme phénotypique important entre les populations. La variabilité observée dans cette étude pourrait être due au régime préférentiellement allogame de cette espèce.

La biomasse, la hauteur ainsi que les caractères des graines et des gousses contribuent à différencier entre les populations. Les populations L2, L5 et L9 basée surtout sur la biomasse et la hauteur de la tige peuvent être sélectionnées à des fins alimentaires pour le bétail grâce à leur forte productivité en fourrage.

Le déficit hydrique appliqué au stade floraison pour cinq populations locales et deux variétés étrangères de *Lathyrus sativus* a réduit considérablement toutes les composantes du rendement. Les résultats obtenus montrent une importante variation entre les populations pour l'ensemble des caractères agro morphologiques sous l'influence du stress hydrique. La variété témoin 21Lat et les populations locales 4Lat4-2 et 1Lat-1 ont présenté la meilleure réponse adaptative en condition de stress hydrique, surtout pour la production des graines.

Les populations locales L10 et L11 de Tizi Ouzou ayant enregistré la teneur en protéine la plus élevée et une faible teneur en cellulose brute et en neurotoxine(ODAP) peuvent être utilisées en alimentation (humaine) pour combler les déficits en apport protéique des populations, comme elles peuvent être incorporées dans l'alimentation animale en substitution aux graines de soja.

Mots clés: Gesse, caractères agro-morphologiques, stress hydrique, analyse chimique, ODAP, structuration de la diversité.

ملخص

الأنواع التي تنتمي إلى صنف *Lathyrus* هي بقوليات تستعمل للغذاء والأعلاف. في الوقت الحاضر، يعتبر الجلبان محصولاً نموذجياً للزراعة المستدامة. في هذا العمل، تم تناول العديد من الجوانب المتعلقة بالتقييم المورفولوجي - الفينولوجي ، التباين ، الإجهاد المائي والتركيب الكيميائي للحبوب.

ركز التقييم الظاهري على ستة وخمسين (56) عضواً من جنس *Lathyrus* ينتمي إلى 11 نوعاً من أصول جغرافية مختلفة. أظهرت جميع النتائج وجود تنوع مهم داخل العناصر التي يمكن أن تنجم عن التعبير عن عدم تجانس وراثي قوي. التنوع بين الأنواع مهم جداً وهذا بغض النظر عن الأصل الجغرافي وتخصيصها التصنيفي. الأنواع ذات السمات الزراعية المثيرة للاهتمام هي *L. sativus* و *L. ochrus* و *L. odoratus*. الخصائص المتعلقة بالبذور، القرن، الزهرة، الفينولوجيا، طول النبات ، ومعلومات الغلة هي الأكثر تميزاً.

تظهر الاختلافات الكبيرة التي لوحظت في المعلومات المختلفة تعددًا في المظهر الظاهري بين السكان. يمكن أن يكون التغيير الملحوظ في هذه الدراسة بسبب النظام التطفيلي التفضيلي لهذا النوع.

الكتلة الحيوية والطول وخصائص البذور والقرون تساعد على التمييز بين الأصناف. يمكن اختيار مجموعات L2 و L5 و L9 ، والتي تعتمد بشكل أساسي على الكتلة الحيوية وارتفاع الساق ، لاستخدام الأعلاف الحيوانية وذلك بفضل إنتاجيتها العلفية العالية.

الإجهاد المائي المطبق في مرحلة الإزهار لـ 05 من الأصناف المحلية 02 من الأنواع الأجنبية من *Lathyrus sativus* يقلل بشكل كبير من جميع مكونات الغلة. أظهرت النتائج التي تم الحصول عليها تبايناً مهماً بين السكان لجميع الشخصيات المورفولوجيا الزراعية تحت تأثير الإجهاد المائي. أظهر تنوع التحكم Lat21 والسكان المحليين Lat4-24 و Lat-11 أفضل استجابة تكيفية تحت ضغط الماء، خاصة لإنتاج البذور.

الأصناف المحلية L10 و L11 في تيزي وزو الذين سجلوا أعلى نسبة من البروتين ويمكن استخدام محتوى منخفض من الألياف الخام والسموم العصبي (ODAP) في الطعام لملء مجموعات نقص البروتين، حيث يمكن دمجها في علف الحيوان كبديل لبقول الصويا.

الكلمات المفتاحية: عشب، الجلبان، السمات المورفولوجيا الزراعية، الإجهاد المائي، التحليل الكيميائي، ODAP، هيكلية التنوع.

Summary

Lathyrus species are legumes grown for food and feed. At present, grasspea is considered as a model crop for sustainable agriculture. In this work, several aspects related to the pheno-agromorphological evaluation, the variability, the water stress and the chemical composition of the grains were approached.

Phenotypic evaluation focused on fifty six (56) accessions of the genus *Lathyrus* belonging to 11 species from different geographical origins. All of the results showed the existence of an important diversity within the accessions that could result from the expression of a strong genotypic heterogeneity. Inter-species diversity is very important and this regardless of the geographical origin and their taxonomic allocation. Species with interesting agronomic traits are *L. sativus*, *L. ochrus* and *L. odoratus*. Characteristics related to seed, pod, flower, phenology, plant height, and yield parameters are the most distinctive.

The large variations observed for the different parameters show a significant phenotypic polymorphism between populations. The variability observed in this study could be due to the preferential allogamous regime of this species. Biomass, height and seed characteristics and pods help to differentiate between populations. The L2, L5 and L9 populations, based mainly on biomass and stem height, can be selected for animal feed use thanks to their high forage productivity.

The hydric deficit applied at the flowering stage for 05 local populations and 02 foreign varieties of *Lathyrus sativus* considerably reduces all the components of yield. The results obtained show an important variation between the populations for all agro morphological characters under the influence of water stress. The 21Lat control variety and the 4Lat4-2 and 1Lat-1 local populations showed the best adaptive response under water stress, especially for seed production. Local populations L10 and L11 of Tizi Ouzou having recorded the highest protein content and a low content of crude fiber and neurotoxin (ODAP) can be used in food to fill protein deficiency populations, as they can be incorporated in animal feed as a substitute for soya beans.

Key words: Grass pea, agro-morphological characters, water stress, chemical analysis, ODAP, structuring of diversity.

LISTE DES ABREVIATIONS

ACP :	Analyse en composantes principales.
CB :	Cellulose brute.
FAO :	Food and Agriculture Organization of the United Nations (organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture).
INRA :	Institut National de la Recherche Agronomique (France).
INRAA :	Institut National de la Recherche Agronomique (Algérie).
ICARDA.:	International Center for Agricultural Research in the Dry areas (Centre international de recherche agricole dans les zones arides).
IPGRI :	International Plant Genetic Resources Institute : Institut International des Ressources Phytogénétiques
ITGC :	Institut Technique des Grandes Cultures
MM :	Matière minérale.
MO :	Matière organique
MS :	Matière sèche
ODAP	Acide β -N-oxalyl-L- α , β -diaminopropionique
PCR	Polymerase Chain Reaction
QTL	Quantitative Trait Loci
RADP	Randomly Amplified Polymorphism DNA.
RFLP	Polymorphisme de longueur des fragments de restriction
RIL	Recombinant Inbred Line
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
SPIR	Specrométrie Proche InfraRouge
SSR	Sequence Répétée Simple
SIS	Sequence Tagged Site
USDA	United States Department of Agriculture

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1	Importance de la culture de <i>Lathyrus sativus</i> dans le monde.....	12
Tableau 2	Comparaison des principales techniques.....	21
Tableau 3	Les principaux avantages et inconvénients des différents types de marqueurs génétiques	22
Tableau 4	Présentation des 11 espèces avec leur accession étudiées.....	29
Tableau 4 (suite)	Présentation des 11 espèces avec leur accession étudiées.....	30
Tableau 5	Pluviométries et températures de la campagne agricole 2010-2011...	31
Tableau 6	Caractères étudiés, leur méthode de mesure et leur abréviation.....	32
Tableau 7	Moyenne, écart type, coefficient de variation et moyenne des carrées des écarts des 11 espèces pour les 22 caractères étudiés.....	34
Tableau 8	Estimation de la variation pour les 15 variables retenus.....	35
Tableau 9	Vecteurs propres et pourcentage de variation exprimée par les trois premiers axes de l'analyse en composantes principales.....	37
Tableau 10	Caractéristiques moyennes pour les quatre groupes établis par la CHA.....	39
Tableau 11	Classement des moyennes des caractères phénologiques du genre <i>Lathyrus</i>	41
Tableau 11 (suite)	Classement des moyennes des caractères phénologiques du genre <i>Lathyrus</i>	42
Tableau 12	Classement des moyennes des caractères morphologiques chez les différentes accessions.....	44
Tableau 12 (suite)	Classement des moyennes des caractères morphologiques chez les différentes accessions.....	45
Tableau 13	Classement des moyennes du rendement et ses composantes chez les différentes accessions.....	47
Tableau 13 (suite)	Classement des moyennes du rendement et ses composantes chez les différentes accessions.....	48

Tableau 14	Classement des moyennes des caractères mesurés sur la fleur chez les différentes accessions.....	50
Tableau 14 (suite)	Classement des moyennes des caractères mesurés sur la fleur chez les différentes accessions.....	51
Tableau 15	Classement des moyennes de la biométrie des gousses et des graines chez les différentes accessions.....	53
Tableau 15 (suite)	Classement des moyennes de la biométrie des gousses et des graines chez les différentes accessions.....	54
Tableau 16	Codes des 14 accessions étudiés et leur provenance.....,	64
Tableau 17	Les caractères quantitatifs mesurés.....	66
Tableau 18	Classement des moyennes des caractères phéno-morphologiques de 14 génotypes de gesse (<i>L.sativus</i>).....	68
Tableau 19	Classement des moyennes de la biomasse aérienne, du rendement en grain, de ses composantes de 12 populations locales et 02 variétés étrangères de gesse (<i>L.sativus</i>).....	70
Tableau 20	Moyennes de la biométrie des gousses, graines et fleurs de 14 génotypes de gesse (<i>L.sativus</i>).....	73
Tableau 21	Valeurs propres des axes et corrélations des variables avec les 2 premiers axes factoriels.....	76
Tableau 22	Classement des moyennes des caractères étudiés dans les conditions de stress (s) et d'irrigation (w) et le pourcentage de perte chez la gesse.....	89
Tableau 23	Classement des moyennes des caractères étudiés dans les conditions de stress (s) et d'irrigation (w) et le pourcentage de perte chez la gesse.....	90
Tableau 24	Analyse en composantes principales des génotypes.....	91
Tableau 25	Classement des moyennes des caractères mesurés	103
Tableau 26	Valeurs propres des axes et corrélations des variables avec les 2 premiers axes factoriels.....	109
Tableau 27	Caractéristiques moyennes pour les trois groupes établis par la CHA.....	112

LISTE DES FIGURES

Figure 1	Classification sectionnelle du genre <i>Lathyrus</i> selon Asmussen et Liston, 10 1998.....	
Figure 2	Evolution des superficies (ha) et de la production (q) en gesse cultivée 16 durant la période 2000-2009 (MADRP 2013).....	
Figure 3	Vue de l'essai 2010 /2011.....	31
Figure 4	Fréquence de la variation inter et intra spécifique.....	35
Figure 5	Projection des variables dans le plan formé par les axes 1 et 2 de l'ACP.....	38
Figure 6	Projection des individus dans le plan formé par les axes 1 et 2 de l'ACP.....	39
Figure 7	Dendrogramme illustrant les relations existantes entre 11 espèces du genre 40 <i>Lathyrus</i> , construit à partir des 22 caractères étudiés.....	
Figure 8	Photos de la plante, la fleur, la gousse et la graines des 11 espèces de <i>Lathyrus</i> 55 étudiées.....	
Figure 8 (suite)	Photos de la plante, la fleur, la gousse et la graines des 11 espèces de <i>Lathyrus</i> 56 étudiées.....	
Figure 9	Les zones de provenance des populations locales.....	64
Figure 10	Photo de l'essai.....	65
Figure 11	Analyse des composantes principales selon les modalités des variables 77 quantitatives.....	
Figure 12	Représentation graphique de la distribution spatiale des 12 populations locales 78 et 02 variétés témoins dans les plans 1-2.....	
Figure 13	Classification hiérarchique ascendante (CHA) des 12 populations locales et 02 79 variétés étrangères.....	
Figure 14	Projection des variables dans le plan formé par les axes 1 et 92 2.....	
Figure 15	Projection des individus dans le plan formé par les axes 1 et 2.....	93
Figure 16	Dendrogramme pour 7 génotypes basé sur quinze caractères dans deux 96 traitements (stressé (S) et irrigué (W)).....	
Figure 17	Photos des graines des différents des 12 populations locales et 02 variétés 100 étrangères étudiées.....	
Figure 18	Box plot du poids de 100 graines des populations et leurs témoins.....	104
Figure 19	Box plot de la teneur en matière sèche des populations et leurs 104	

	témoins.....	_____
Figure 20	Box plot de la teneur en matière organique des populations et leurs témoins....	105
Figure 21	Box plot de la teneur en matière minérale des populations et leurs témoins.....	106
Figure 22	Box plot de la teneur en cellulose brute des populations et leurs témoins	107
Figure 23	Box plot de la teneur en neurotoxine (ODAP) des populations et leurs témoins	107
Figure 24	Cercle de corrélation des variables par rapport aux deux axes 1 et 2.....	108
Figure 25	Cercle de corrélation des individus par rapport aux deux axes 1 et 2.....	110
Figure 26	Structuration de 12 populations locales et 02 variétés par la méthode de la Classification Hiérarchique Ascendante	111

Les travaux réalisés dans le cadre de cette thèse

1. **Dalila Boukecha**, Meriem Laouar, leila Mekliche-Hanifi. 2016. Drought tolerance in some populations of grass pea (*Lathyrus sativus* L.). International Conference on Pulses, 18-20 April 2016 Marrakesh, Marrakech, Morocco
2. **Dalila Boukecha**, Meriem Laouar, Leila Mekliche-Hanifi et Derradji Harek. 2017. Drought tolerance in some populations of grass pea (*Lathyrus sativus* L.). Legume Research. 1-8. DOI: 10.18805/LR-346, www.arccjournals.com/journal/legume-research-an.../LR-346
3. **Dalila Boukecha**, Meriem Laouar, leila Mekliche-Hanifi. 2018. Valeur alimentaire de Quelques populations locales de gesse (*Lathyrus Sativus*)" Séminaire International SIGRE'2018. ENSA (du 01 au 03 octobre 2018 à l'ENSA).
4. **Dalila Boukecha**, Meriem Laouar, Leila Mekliche-Hanifi. 2018. Effet du stress hydrique sur quelques populations algériennes de gesse (*Lathyrus sativus* L.)" Congrès International : les Rencontres de l'Agriculture et de la Biologie "RAB 2018". Constantine du 05 au 07 mai 2018.pp.81.
5. **Dalila Boukecha**, Meriem Laouar, leila Mekliche-Hanifi. 2018. Diversité agromorphologique de quelques populations algériennes de *Lathyrus sativus* L." Congrès National sur les Ressources Phytogénétiques. INRAA (du 22 au 24 octobre 2018).

INTRODUCTION GENERALE

INTRODUCTION GENERALE

Exploitées par les populations locales, mais ne bénéficiant que d'une faible attention de la part des décideurs et des chercheurs, les cultures négligées ou sous-utilisées présentent un potentiel considérable pour accroître leur production et assurer la sécurité alimentaire des populations.

D'après la FAO (1996), les espèces négligées et sous-utilisées l'ont été par ceux qui en ont le plus besoin. Parmi les 30 000 espèces de plantes comestibles, seules 30 sont utilisées pour nourrir les gens à travers le monde.

Dans l'alimentation humaine, les légumineuses et les céréales constituent deux sources de protéines complémentaires. Graham et Vance (2003) estiment que les légumineuses fournissent pour l'Homme environ le tiers des protéines alimentaires. Pour le cheptel, les légumineuses fourragères représentent une source d'alimentation riche en protéines, fibres et énergie. Elles sont à la base de la production de lait et de viande (Russelle, 2001).

Depuis le début du siècle, les pays de l'Afrique du Nord sont considérés comme centre de diversité génétique pour plusieurs genres de grande importance pour l'agriculture (Abdelguerfi et Laouar, 1997).

En Algérie il existe environ 3000 espèces selon les flores disponibles. Parmi ces espèces, les Fabacées constituent une part assez importante (Abdelguerfi et Laouar, 1997).

Le genre *Lathyrus* (légumineuse, Fabaceae) occupe une aire importante dans les régions tempérées de l'hémisphère nord ainsi que dans les montagnes d'Afrique tropicales (Erskine *et al.*, 1994). Il existe environ 187 espèces et sous-espèces mais seul *L. sativus* est largement cultivé comme une culture vivrière (Allkin *et al.*, 1983 ; Jackson et Yunus, 1984). Les gesses sont aussi des plantes d'agrément, le pois de senteur (*Lathyrus odoratus*) est certainement l'espèce la plus connue.

Les espèces du genre *Lathyrus* sont cultivées essentiellement pour la production des graines (alimentation de l'homme et du bétail) et sont aussi utilisées comme fourrage en ensilage ou en engrais vert (Muehlbauer et Tullu, 1997 ; Chtourou -Ghorbel *et al.*, 2001). La gesse résiste bien à la sécheresse, à la salinité et aux inondations (Abdel Moneim *et al.*, 1999 ; Hanbury *et al.*, 1999 ; Sharma *et al.*, 2000 ; Granati *et al.*, 2003), ce qui lui permet de pousser dans les régions arides et semi-arides (Campbell, 1997). Les *Lathyrus* présentent aussi une tolérance aux facteurs abiotiques (les pH extrêmes, les sols pauvres) et aux facteurs biotiques comme la rouille, les virus et les insectes (Duke, 1981 ; Tiwari et Campbell, 1996). De plus,

la gesse présente très peu d'exigences et demande très peu de traitements après avoir été semée et ne nécessite pas d'engrais (Campbell *et al.* 1994 ; Vaz Patto *et al.*, 2006). Dans les zones arides et semi arides, comme c'est le cas de l'Algérie, la contrainte du déficit hydrique et l'irrégularité des pluies constituent l'un des facteurs majeurs limitant la production des espèces végétales.

En Algérie, les légumineuses alimentaires constituent une source protéique de qualité et à bas prix pour une large couche de la population. La consommation simultanée des protéines issues des légumineuses et des céréales permet un apport en acides aminés essentiels équilibré et proche de celui des produits d'origine animale. Elles devraient tenir une place dans les systèmes de production car elles sont réputées bien s'insérer dans les systèmes céréaliers comme précédent.

L'Algérie se trouve parmi les pays qui présentent un besoin réel en fourrage. Le remplacement de la jachère par une culture fourragère assurera sans doute une meilleure intégration de l'élevage à l'agriculture.

Actuellement, la gesse est considérée comme une culture modèle pour une agriculture durable (Vaz Patto *et al.*, 2006 ; Arslan, 2016). Les graines de *Lathyrus* sont nutritives, contenant jusqu'à 31% de protéines et 65% de glucides et sont une bonne source de minéraux (Ghirma *et al.*, 2004), elles se cuisinent comme le pois chiche.

En Ethiopie, il y avait une forte relation épidémiologique entre la consommation excessive de la gesse et le développement d'une maladie, connue sous le nom de neurolathyrisme chez les humains et les animaux (Urga et Gebretsadik, 1993). Cette maladie est causée par une substance neurotoxique l'ODAP (oxaloacetate L-acide-2,3-diamino propionique) (Campbell, 1997, Lambein et Kuo 1997, Urga *et al.*, 2005). L'un des objectifs principaux de l'amélioration génétique de la gesse est donc la réduction des niveaux d'ODAP présents dans les grains. Les génotypes combinant un haut rendement avec une teneur élevée en protéines et faible ou pas de neurotoxine (ODAP) sont en cours de réalisation dans le monde entier. En effet, à partir de 1999, le centre international de recherche agricole dans les zones arides (ICARDA) a pu développer des lignées de *L. sativus* faiblement toxiques, qui ne contenaient qu'une teneur allant de 0,07 à 0,02 % d'ODAP. Ces lignées ont été obtenues en les croisant avec des variétés à faible toxicité (Abd El-Moneim, 1999).

Dans de nombreux pays, les variétés locales de *Lathyrus sativus* ont servi de base aux premiers efforts de sélection. C'est ainsi que les cultivars locaux polonais ont servi à développer les premières variétés polonaises pour cette culture (Milzcak *et al.*, 2001). La

gesse représente une culture à fort potentiel de production fourragère et à graines pour diverses rotations culturales (Vaz Patto 2006).

En Algérie, la gesse (*Lathyrus sativus*) bien adaptées aux conditions environnementales défavorables a été cultivée par les populations locales comme moyen de subsistance. Ceci continue à se faire surtout dans les zones qui ne se prêtent pas aux variétés à haut rendement, comme à l'Est : Skikda, Mila, Annaba et Constantine, à l'Ouest : Sidi Bel Abbès, Chlef et Ain Defla, et au centre surtout en Kabylie et à Tipaza (MADR, 2013).

Actuellement, les politiques et les marchés agricoles favorisant les variétés génétiquement uniformes ont entraîné la régression de certains cultivars locaux qui ont accumulé une grande diversité génétique sous l'effet des sélections naturelles et humaines. Cela a conduit à leur sous-exploitation et, en définitif, à leur abandon.

De nombreux chercheurs de par le monde constatent que la valorisation des ressources biologiques locales ne permet pas toujours à la plante d'exprimer son potentiel réel de production. Parmi l'ensemble des ressources phytogénétiques locales, très rares sont les variétés cultivées pour la production fourragères (Abdelguerfi et Laouar, 1997). En effet, compte tenu de leur adaptation, les espèces du genre *Lathyrus* pourraient jouer un rôle important dans la résorption de la jachère mais aussi dans l'amélioration de la production fourragère.

Pour promouvoir cette culture, un plan d'action stratégique est donc indispensable pour la valoriser car elle renferme de nombreux intérêts alimentaires, économiques et environnementaux.

L. sativus est donc une culture pleine de potentiel, qui semble pertinente dans notre contexte actuel de réchauffement climatique, et qui mérite qu'on lui prête attention. Dans le but d'une valorisation plus rationnelle de ces plantes rustiques et bien adaptées aux conditions du milieu, notre étude vise :

- Une meilleure connaissance de ces espèces négligées et sous utilisées ;
- La préservation des ressources phytogénétiques locales, menacées de disparition et bien adaptées à nos conditions de milieu semi-arides.

Notre thèse s'organise en cinq chapitres :

- Le premier chapitre est une synthèse bibliographique relative au genre *Lathyrus*, sa situation et son importance.

- Le deuxième chapitre est une présentation de l'étude du comportement de 11 espèces du genre *Lathyrus* représentées par 56 accessions, basée sur des descripteurs morpho-agronomiques.
- Dans le troisième chapitre, nous abordons l'effet du stress hydrique sur le comportement de quelques populations de *Lathyrus sativus*.
- Le quatrième chapitre est consacré à l'analyse de la diversité et de la structure de quelques populations locales et variétés étrangères de *Lathyrus sativus*.
- Dans le cinquième chapitre, nous abordons une étude préliminaire de la valeur nutritionnelle de quelques populations locales de *Lathyrus sativus*.

La conclusion générale et les perspectives seront développées à la fin de cette étude.

CHAPITRE I. SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

1. Description du genre *Lathyrus*

Le nom scientifique *Lathyrus* vient du mot grec pois. Le *Lathyrus sativus* porte le nom grasspea aux Etats-Unis, gesse en France, khesari au Bangladesh, sabberi en Ethiopie, saatplatterbse en Allemagne ou encore kesare en Inde (Campbell, 1997). En Algérie, le nom le plus utilisé est Adjilbane akcrou, Guerfallas (Trabut, 1935).

Les gesses sont des plantes herbacées, annuelles ou vivaces, grimpantes par des vrilles généralement ramifiées et formées à partir de la dernière paire de folioles. Les tiges sont anguleuses ou ailées.

La hauteur des plants chez *L. sativus* varie considérablement, de 15 jusqu'à 68 cm en Inde, tandis qu'au Canada de 24,5 à 172 cm. Ce caractère est conditionné, dans une large mesure, par les précipitations (Grela *et al.*, 2010).

La fleur, comme chez toutes les espèces des légumineuses, présente une corolle papilionacée et évolue en fruit de type gousse. Les fleurs sont constituées de 5 pétales libres : l'étendard en position supérieure, les 2 ailes latérales et la carène en position inférieure constituée de 2 pétales. Les fleurs sont solitaires, axillaires et portées sur des pédoncules de 30 à 60 mm de long, avec des corollaires de 12 à 24 mm de long et sont rougeâtres, roses, bleus ou blanches (Kay 1979). Le fruit est une gousse oblongue, de 2,5 à 4,0 cm de longueur, plates et légèrement incurvées, contenant 3 à 5 graines, blanches, brunes, grisâtre ou jaunâtres, généralement tachetées (Duke, 1981). Elle comporte deux ailes foliacées et contient de trois à cinq graines grises tachetées de marron, d'un diamètre compris entre 4 et 7 mm (Campbell, 1997). *Lathyrus cicera* présente des graines et des fleurs plus petites que *Lathyrus sativus*.

Une corrélation étroite entre la couleur des graines et la couleur des fleurs était relevée par Desphande et Campbell (1992). Les fleurs blanches produisent des *graines* blanches, tandis que les fleurs colorées produisent des graines colorées.

Les feuilles sont paripennées avec une à plusieurs paires de folioles à nervures pennées ou parallèles. Elles sont parfois réduites à une vrille (*Lathyrus aphaca*). La vrille terminale est parfois absente (*Lathyrus linifolius*, *Lathyrus palustris*). Chez *Lathyrus nissolia*, des phyllodes à nervures parallèles sont présentes. Les stipules sont de taille et de forme variables. Le style est pubescent sur la face supérieure.

Sur le pourtour méditerranéen, les gesses sont utilisées comme fourrage (*Lathyrus cicera*, *Lathyrus clymenum*). Certaines espèces méditerranéennes (*Lathyrus tuberosus*) fournissent des tubercules comestibles. *Lathyrus tingitanus* est plantée en fourrage vert.

Les gesses sont aussi des plantes d'agrément. Le pois de senteur (*Lathyrus odoratus*) est certainement l'espèce la plus connue.

Les gesses ressemblent aux vesces mais s'en distinguent souvent par une tige anguleuse ou ailée et des feuilles à nervures parallèles.

2. Classification et origine du genre *Lathyrus*

Le genre *Lathyrus* appartient à l'ordre des Fabales, super famille des légumineuses, famille des Fabacées, tribu des Viciae. Vavilov (1951) a décrit deux centres d'origine pour *Lathyrus*, à savoir le Centre Asiatique Central et le Centre Abyssinien. D'ailleurs, cet auteur et Jackson et Yunus (1984) ont constaté une certaine diversité dans les formes des graines. Les formes à petites graines se localisent dans le sud et l'Asie du Sud-Ouest, alors qu'en Méditerranée, presque toutes les formes étaient caractérisées par des grandes graines et des fleurs blanches.

Généralement, les espèces annuelles sont dérivées des espèces pérennes et les espèces autogames des espèces allogames (Jackson et Yunus 1984). Une étude menée sur deux espèces pérennes (*L. nervosus* et *L. pubescens*) et deux espèces annuelles (*L. crassiers* et *L. paramnésies*) montre que l'évolution des espèces de *Lathyrus* étudiée était accompagnée par une diminution de la taille des chromosomes et que *L. crassiers* est une espèce dérivée. Cette interprétation est fondée sur la longueur totale des chromosomes, le cycle de vie et le mode de reproduction des espèces étudiées (Klimt et Schifonno-wittman, 2000).

Les études cytogénétiques ont montré que le genre *Lathyrus* est à dominance diploïde ($2n=2x=14$). Seules les espèces *L. pratensis* et *L. venosus* sont tétraploïdes avec $2n = 28$ chromosomes et une espèce *L. palustris* est hexaploïde avec $2n = 42$ chromosomes. Il s'agit des espèces autopolyploïdes (Campbell *et al.*, 1994). La longueur totale des chromosomes des espèces pérennes de *Lathyrus* est généralement supérieure à celle des espèces annuelles (Rees et Hazarika, 1969; Yamamoto *et al.*, 1984.). Une différence similaire a également été trouvée dans les *Vicia*, un genre étroitement lié au *Lathyrus* (Rees *et al.*, 1966).

Les études taxonomiques ont montré que seules deux espèces, *L. amphicarpos* et *L. cicera*, produisent des hybrides viables lorsqu'elles sont croisées avec *L. sativus* (Smartt *et al.*, 1994).

Lathyrus sativus est principalement une culture autogame (Ben Brahim *et al.*, 2002), cependant, la pollinisation croisée chez cette espèce est plus élevée que chez les espèces véritablement auto-pollinisée (Smarrt, 1984). La fréquence de la pollinisation croisée varie en fonction de la couleur de la fleur et elle est supérieure à 27,8 % (Rahman *et al.*, 1995). Hanbury *et al.* (1999) ont suggéré que le taux de la pollinisation croisée chez *L. cicera* devrait être similaire à celui de *L. sativus* à cause des similitudes dans la biologie florale.

Il a été signalé que la gesse est peut-être parmi les plus vieilles cultures domestiquées en Europe, en provenance d'Espagne (Hanbury *et al.* 2000, Pena-Chocarro et Pena, 1999). Une étude archéobotanique des squelettes de la population humaine de la fin du Paléolithique montre que *Lathyrus sativus* et *Lathyrus cicera* étaient présentes dans les régimes quotidiens des chasseurs-cueilleurs sur la côte Catalane en Espagne (Aura *et al.*, 2005). Selon les données archéologiques disponibles, la domestication de la gesse a commencé dans la péninsule des Balkans, suite à la «révolution agricole» environ 6 000 ans avant notre ère (Kislev1989). En même temps, la domestication de la gesse dans le sud de la France et la péninsule ibérique a suivi l'introduction de l'agriculture. Ceci peut conduire à la conclusion que la gesse était la première culture domestiquée en Europe (Kislev1989).

Le nombre total d'espèces du genre *Lathyrus* est de 187 (Kenicer, 2008 ; Lewis *et al.*, 2005) provenant de différentes origines. Environ 52 espèces sont originaires d'Europe, 30 d'Amérique du Nord, 78 d'Asie, 24 d'Afrique tropicale et 24 des régions tempérées d'Amérique du Sud (Asmussen et Liston, 1998).

Jackson et Yunus (1984) et Campbell (1997) rapportent qu'environ 56 espèces ont été distingués en Inde à elle seule (45 *L. cyaneus*, 10 *L. roseus*, 1 *L. albus*).

Selon Asmussen et Liston (1998), le genre *Lathyrus* comprend 13 sections (Figure1). Des études phylogénétiques moléculaires de *Lathyrus* ont été publiées par Asmussen et Liston (1998), Croft *et al.* (1999), Chtourou-Ghorbel *et al.* (2001), Badr *et al.* (2002) et Ben Brahim *et al.* (2002). Toutes ces études, sauf celle de Asmussen et Liston, sont de portée géographique ou taxonomique limitée ; elles se concentrent sur des taxons méditerranéens, en particulier dans la section *Lathyrus*, contenant de nombreuses espèces économiquement et écologiquement importantes (Kenicer *et al.*, 2005).

L'étude menée par Asmussen et Liston (1998), sur la base des marqueurs (RFLP), est la plus grande étude moléculaire à ce jour (Gregory, 2005). Ils ont étudié 42 espèces de l'ouest de l'Eurasie et des espèces du Nouveau Monde et suggèrent de fusionner certains groupes : les sections

monotypiques Orobon et Orobastrum avec la section *Lathyrus* et la section Sud-américaine Notolathyrus avec la section holarctique Orobus.

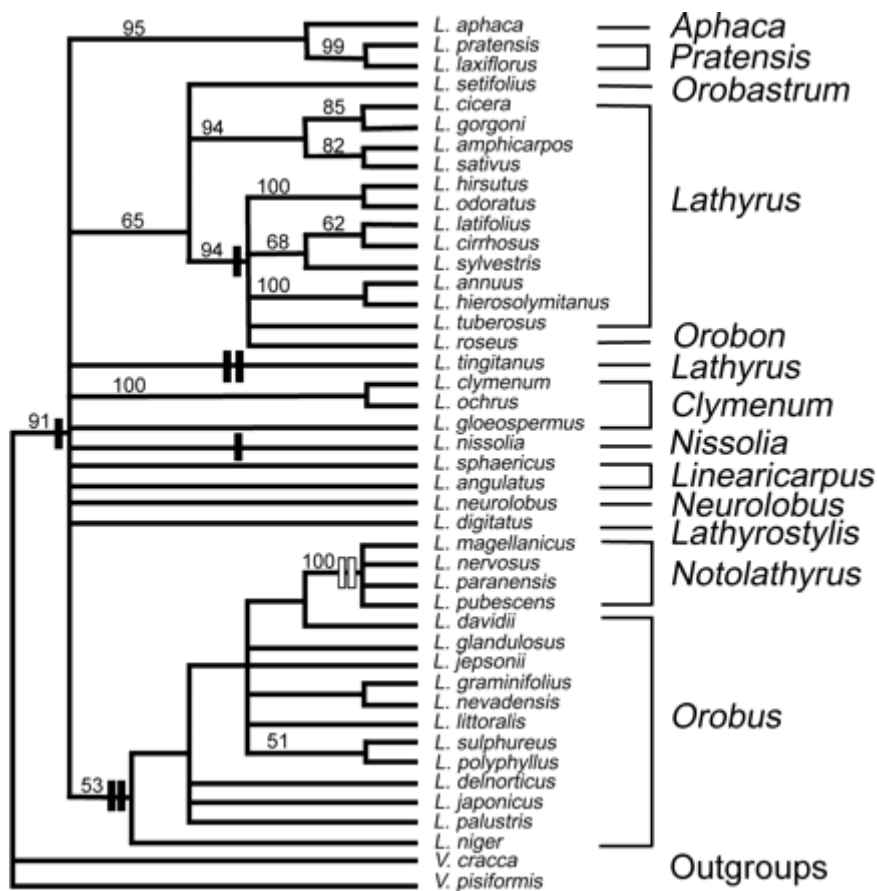


Figure 1. Classification sectionnelle du genre *Lathyrus* selon Asmussen et Liston (1998)

L'origine de *Lathyrus sativus* est inconnue car sa distribution naturelle a été masquée par sa mise en culture. Cependant, il semblerait que son centre présumé d'origine est le sud-ouest de l'Asie centrale (Smartt, 1990). La gesse est largement cultivée en Irak, Iran, Afghanistan, Syrie et au Liban au moyen-Orient, en France et Espagne en Europe et en Algérie, Egypte, Ethiopie, Libye et Maroc en Afrique (Campbell, 1997). L'espèce *Lathyrus sativus* dérive peut être de *Lathyrus cicera* qui est présente à l'état sauvage en Europe méridionale, en Afrique du Nord et à l'Ouest de l'Asie et où elle est parfois cultivée. Des similitudes ont été obtenues entre les populations de *L. sativus* et *L. cicera* (Jackson et Yunus, 1984 ; Croft *et al.*, 1999 ; Chtourou-Ghorbel *et al.*, 2001). Selon ces auteurs, cette adaptabilité a facilité la dispersion des plantes en dehors du continent américain, comme en Afrique, à Madagascar, en Asie du Sud-Est et dans les nombreuses îles du Pacifique. Ces régions représentent des centres importants de diversité secondaire. La classification des espèces de *Lathyrus* est basée sur la couleur des fleurs, les taches sur les gousses, la taille et la couleur des graines. *Lathyrus sativus* montre une variation énorme des caractères morphologiques, comme la longueur des feuilles. Par contre, il y a moins de variations

pour les caractéristiques florales (Jackson et Yunus, 1984). Les lignées à fleurs bleues sont concentrées en Asie du Sud et à l’Ethiopie alors que les lignées de couleur blanche et mixtes se trouvent dans l’ouest d’Asie, les îles Canaries et les pays de l’ex-URSS (Jackson et Yunus, 1984).

Les lignées de gesse peuvent être divisées en deux grands groupes ; le groupe du sous-continent indien et le groupe méditerranéen caractérisé par un rendement potentiel plus élevé (Hanbury *et al.*, 1999).

Une première présentation de la flore algérienne a été publiée par Quezel et Santa en 1962 qui ont mentionné la présence de 23 taxons de *Lathyrus* en Algérie.

3. Utilisation des espèces du genre *Lathyrus*

Les espèces cultivées pour leurs graines sont utilisées pour la consommation humaine : *L. sativus*, *L. cicera*, *L. ochrus* et dans une moindre mesure *L. clymenum*. *L. tuberosus* cultivées plutôt pour ses tubercules que pour ses graines.

D’autres espèces d’importance commerciale, cultivées pour leur valeur ornementale ou pour leur fourrage existent :

- *Lathyrus aureus* (Golden Pea)
- *Lathyrus annuus* (Red Fodder Pea)
- *Lathyrus japonicus* (Sea Pea)
- *Lathyrus latifolius* (Everlasting Pea)
- *Lathyrus linifolius* (Bitter Vetch)
- *Lathyrus nervosus* (Lord Anson’Blue Pea)
- *Lathyrus nissolia* (Grass Vetchling)
- *Lathyrus odoratus* (Sweet Pea)
- *Lathyrus pratensis* (Meadow Vetchling)
- *Lathyrus sphaericus* (Spring Vetchling)
- *Lathyrus sylvestris* (Flat Pea-Vine)
- *Lathyrus tingitanus* (Tangier Pea)

Une autre espèce *Lathyrus amphycarpus* est actuellement observée dans le Moyen-Orient et se caractérise par un potentiel important en tant que plante fourragère à auto-semis (Campbell, 1997).

Toutefois, une seule espèce *Lathyrus sativus* est largement cultivée (tableau 1) comme une culture vivrière (Jackson et Yunus 1984), tandis que d’autres espèces sont cultivées dans une

moindre mesure à la fois pour l'alimentation et le fourrage. Certaines espèces sont évaluées comme plantes ornementales, en particulier les pois de senteur (*L. odoratus*).

Tableau 1. Importance de la culture de *Lathyrus sativus* dans le monde

Les pays où <i>L. sativus</i> est actuellement une culture importante	
Bangladesh	Campbell <i>et al.</i> (1994) ; Rahman <i>et al.</i> (2001)
China	Campbell <i>et al.</i> (1994) ; Zhou and Arora (1995)
Ethiopia	Campbell (1997) ; Tadesse and Bekele (2003a)
India	Campbell <i>et al.</i> (1994) ; Pandey <i>et al.</i> (1995), Sarkar <i>et al.</i> (2003)
Nepal	Campbell <i>et al.</i> (1994) ; Neupane (1995)
Pakistan	Campbell <i>et al.</i> (1994) ; Haqqani and Arshad (1995)
Australia	Hanbury <i>et al.</i> (1999)
Les pays où <i>L. sativus</i> est cultivé dans une moindre mesure	
Europe (Italie, France, Pologne, Portugal,)	Campbell <i>et al.</i> (1994) ; Tavoletti and Capitani (2000) ; De la Rosa and Martin (2001) ; Milczak <i>et al.</i> (2001)
Afrique du Nord (Egypte, Maroc, Algérie,...)	Campbell (1997)
Amérique du Sud (Chili, Brésil,...)	Campbell <i>et al.</i> (1994) ; Mera <i>et al.</i> (2000)

Source. Vaz patto *et al.*, 2006.

L. sativus est une culture vivrière importante dont la consommation la plus élevée est en Asie et au Moyen-Orient où la graine entière est utilisée dans les soupes et moulues pour en faire du pain sans levain (Tsegaye *et al.*, 2007).

En Inde, les grains sont parfois bouillis, mais sont le plus souvent transformés pour obtenir le split dhal (Soupe). Au Canada, les graines sont utilisées pour l'alimentation du bétail (Tsegaye *et al.*, 2007).

En Ethiopie, les graines de pois sont traitées sous diverses formes. La méthode la plus commune est de tremper les graines dans de l'eau puis les bouillir jusqu'à ce qu'elles soient tendres («nifro»). Les autres méthodes traditionnelles comprennent la germination et l'ébullition des graines germées, le grillage des graines trempées (kollo) (Urga et Gebretsadik, 1993) ; Teklehaimanot *et al.* 1993). Shiro est une farine préparée à partir de légumineuses, y compris *Lathyrus* et est utilisée dans la fabrication du Wott qui est une sauce éthiopienne. Le pan-cake comme le pain sans levain – enjera, fabriqué à partir de teff, de blé, d'orge, de maïs ou de sorgho sont consommés avec le Wott (Deshpande et Campbell, 1992).

En Chine, *Lathyrus* est utilisé pour l'alimentation animale et comme complément dans le Shaanxi et Provinces du Gansu (Zhou et Arora, 1996). Selon ces auteurs, Les agriculteurs préfèrent cultiver la gesse en raison d'un rendement supérieur de 20 % et d'une production plus stable que le pois.

En Turquie, *L. sativus* semble être le plus gros producteur de biomasse et de grains. Par conséquent, cette espèce est idéale pour nourrir le bétail et est préférée par les agriculteurs (kumar, 1997).

4. Importance des espèces cultivées du genre *Lathyrus*

4.1. Dans le monde

4.1.1. Importance économique

L. sativus est encore largement utilisée pour l'alimentation humaine en Éthiopie et dans le sub-continent indien, bien que la culture ait diminuée dans de nombreuses autres régions (Hunbury *et al.*, 2000). Elle est cultivée sur 1 million d'ha dans les régions chaudes de l'Asie et également en Ethiopie (Tsegaye *et al.*, 2005) et dans une faible mesure dans les pays du Moyen-Orient, en Europe du Sud et dans certaines parties de l'Afrique et de l'Amérique du Sud (Malek *et al.*, 2000 ; Kumari et Prasad 2005). Cette espèce est exclusivement cultivée pendant les mois froids de l'hiver en agriculture pluviale en Inde, au Bangladesh, en Birmanie, au Népal et au Pakistan. Parmi toutes les légumineuses qui existent au Bangladesh, la gesse est la culture qui occupe la superficie la plus importante et qui donne la plus grande production (Malek *et al.*, 2000). En effet, elle occupe une superficie de 239 343 ha avec une production de 174 245 tonnes, le rendement moyen étant de 728 kg / ha. En Asie du Sud, elle est cultivée après le riz (Hillocks et Maruthi, 2012) pour bénéficier de l'humidité résiduelle dans le sol.

La gesse est généralement cultivée en relais avec du riz Aman pour son grain et comme plante fourragère dans certaines régions du pays où les bovins peuvent la pâturer.

En Pologne (Milczak *et al.*, 2001), comme en Italie (Tavoletti et Capitani 2000 ; Polignano *et al.*, 2005 ; Piergiovanni *et al.* 2011, Lioi *et al.*, 2011), en Espagne (De la Rosa et Martin, 2001), en République Slovaque (Benkova et Zakova, 2001) et en Hongrie (Lazanyi, 2000), c'est l'une des rares légumineuses à grains. Cependant, elle n'était pas complètement abandonnée et est restée cultivée dans des petites fermes qui ont continué à la produire à petite échelle pour la consommation familiale et pour le marché local (Hammer *et al.*, 1999 ; Tavoletti et Capitani 2000). La gesse est généralement négligée et sous-utilisée (Campbell, 1997).

En 1996, la superficie consacrée à la culture de la gesse en Espagne était de 273 ha, avec une production de 174 t de grain et de 52 t de foin (De la Rosa 2006). Dans ce pays, il n'y a pas de variétés commerciales de *L. sativus* et pour cette raison les graines semées sont des cultivars locaux.

En Turquie, c'est une culture marginale et surtout cultivée comme fourrage (Basaran *et al.* 2013) sur une superficie d'environ 24 300 ha (1270 ha pour la production de semence et 23 030 ha pour la production du fourrage) (Tuik, 2014). Le rendement en graines variait de 1142,4 kg / ha jusqu'à 2046,4 kg / ha et un rendement moyen de 1521,1 kg / ha en fourrage (Basaran *et al.*, 2016).

Une étude sur les variétés locales du sud de la France cultivées dans le nord de la Serbie a montré que le rendement moyen en graines par plant sur trois années variait de 4,37 g à 7,20 g par plante, confirmant ainsi que les variétés locales de gesse, accompagnées des pratiques culturales appropriées et d'une densité de 1 000 000 de plantes ha⁻¹, peuvent produire des rendements élevés en grain (Mikić *et al.*, 2010).

Les espèces *L. cicera* et *L. odoratus* sont économiquement importantes. *Lathyrus cicera* a été cultivée depuis l'Antiquité et a été domestiquée dans le sud de la France et dans la péninsule ibérique peu après l'introduction de l'agriculture dans la région (Kislev, 1989). Elle est utilisée pour l'alimentation animale (White *et al.*, 2002). *Lathyrus odoratus* originaire du sud de l'Italie est devenue une plante ornementale économiquement importante cultivée pour ses fleurs et pour la décoration des jardins.

Les espèces telles que *L. belinensis*, *L. chloranthus*, *L. vernus*, *L. tingitanus*, *L. grandiflorus*, *L. latifolius*, *L. rotundifolius* ou encore *L. sativus* peuvent également être utilisées à des fins ornementales (Parsons, 2009). D'autres espèces, ne sont importantes pour la consommation humaine que dans certains pays, tels que *L. clymenum* ou *L. ochrus* dans des régions de Grèce, de Chypre, d'Italie ou de Turquie (Sarpaki et Jones, 1990 ; Jones, 1992).

4.1.2. Importance agronomique

Plus de 100 millions de personnes dans les régions sèches d'Asie et d'Afrique considèrent que la gesse est une culture populaire, en raison de sa culture facile, sa résistance à la sécheresse, à l'inondation, à la salinité modérée, aux attaques d'insectes et aussi pour son bon rendement en grain (Abdelmoneim *et al.*, 1999 ; Rutter et Percy, 1994).

La gesse est largement cultivée dans différentes parties du monde. Dans de nombreuses régions de l'Inde, elle est cultivée jusqu'à 1300 m d'altitude (Duke, 1981), tandis que dans certaines parties de l'Éthiopie, l'altitude peut atteindre 2500-3000 m au-dessus du niveau de la mer avec des

précipitations annuelles moyennes de 1000 mm. La gesse pousse bien sur de nombreux types de sol, y compris les zones marginales où la fertilité des sols est mauvaise et où les sols sont gorgés d'eau, et dans les zones ne recevant que 380-650 mm de précipitations annuelles.

L'incorporation de la gesse dans les rotations peut rendre le système de production plus durable en améliorant la fertilité du sol et en brisant les cycles des maladies et des ravageurs (Abdel Moneim *et al.*, 2000).

Le *Lathyrus sativus* est une Fabacée (légumineuse) capable de fixer l'azote atmosphérique via les agrobactéries *Rhizobium*. En outre, elle nodule efficacement avec *Rhizobium leguminosarum* (Yadav et Bejiga, 2006), laissant le sol riche en azote pour la culture suivante (Duke, 1981 ; Campbell *et al.*, 1994) en ajoutant au sol environ 67 kg / ha d'azote par saison (Wang *et al.*, 2000). Pendant les années d'inondation ou de sécheresse, la gesse est la seule culture qui peut rester verte dans les champs.

Les rendements de *Lathyrus sativus* les plus élevés ont été obtenus quand les graines sont semées après le riz. L'application du N : P : K à 80 : 60 : 30 kg ha⁻¹ pour le riz et de N de 10 kg ha⁻¹ pour la gesse à la plantation ont donné les meilleurs rendements pour les deux espèces (Dixit *et al.*, 2016).

4.1.3. Importance alimentaire

La composition chimique de la gesse peut varier selon les variétés / génotypes, la biologie du sol, les pratiques culturales, les régions géographiques de leur croissance et de leur maturité et les facteurs environnementaux (fertilité, nutrition azotée, température, stress hydrique et pH du sol) (Rotter *et al.*, 1991).

La composition nutritive de la gesse est similaire à celle du pois (*Pisum sativum*) et de la fève (*Vicia faba*) à faible teneur en matières grasses (0,6 %) selon Ducke, (1981) et à haute teneur en amidon (58,2 % de glucides et environ 35 % d'amidon) selon Ducke, (1981). Pour Hanbury *et al.* (2000), la teneur en protéines varie de 25 à 27 % et elle est plus élevée que celle du pois ou de la fève, mais inférieure à celle du soja. Tandis que pour Ducke (1981), cette teneur varie de 18,2 à 34,6 %. Le profil des acides aminés est également similaire à celui des autres légumineuses, étant riche en lysine (Chinnusamy *et al.*, 2005, Grela *et al.*, 2010) et déficient en acides aminés soufrés. Selon Chinnusamy *et al.*, 2005, les graines possèdent aussi un taux élevé d'acides gras polyinsaturés. La gesse est très adaptée à la consommation humaine puisque 58% des acides gras sont polyinsaturés (Grela *et al.*, 2010).

Les graines de *L. sativus* fournissent une source de protéines et de glucides capables d'assurer la survie pendant les périodes où la nourriture n'est pas disponible (Riepe *et al.*, 1995). Comme les autres légumineuses comestibles, les graines sont déficientes en méthionine et tryptophane. En plus d'être une source importante de protéines et de calories, la gesse est riche en minéraux (Urga *et al.*, 2005). Les graines ont une concentration plus élevée en magnésium et en phosphore suivie du calcium (Urga *et al.*, 2005).

En résumé, la gesse est une bonne source d'énergie, de protéines, de minéraux, de vitamines et de fibres. C'est généralement la légumineuse alimentaire la moins chère pour les familles à faibles revenus, et est une composante majeure de leur régime alimentaire (Alitor *et al.*, 1994). Elle contient une forte concentration en L-homoarginine libre, précurseur de la lysine, qui la rend un aliment très apprécié par les animaux (Quereshi *et al.*, 1977).

4.2. En Algérie

4.2.1. Superficie et Production

La gesse dont la présence sporadique de quelques variétés (blanche et grise), à gros grains, demi tardives et très mélangées, a été signalée principalement dans la région de la Kabylie. La gesse est utilisée dans ces régions pour l'alimentation humaine et parfois animale. Son utilisation culinaire est très voisine de celle du pois-chiche (Anonyme, 2006).

Depuis 1962, l'introduction de variétés à haut potentiel et la promotion d'espèces stratégiques a entraîné une forte régression de certains cultivars locaux bien adaptés. L'agriculture productiviste et les révolutions vertes ont des impacts néfastes sur l'environnement. Elles participent à l'érosion de la diversité variétale en poussant à la spécialisation des exploitations et à l'abandon de nombreux cultivars locaux.

Les rapports de la FAO (1996) sur les pays confirment presque tous que l'érosion génétique s'installe et reconnaissent qu'il s'agit là d'un problème sérieux. Pour la gesse, l'érosion génétique avait commencé depuis longtemps. En effet, les variétés ancestrales de gesse devaient être remplacées par des variétés introduites qui présentaient des qualités supérieures, et ce déjà en 1956 (Anonyme, 2006). Les superficies emblavées sont instables d'une année à l'autre voire même inexistantes certaines années (figure 2, Annexe 1). Les productions les plus importantes ont été observées durant l'année 2008 (figure 2). Malgré la marginalisation de la culture de la gesse celle-ci persiste encore chez quelques agriculteurs dans les régions de l'est, du centre et de l'ouest de l'Algérie (Anonyme, 2006).

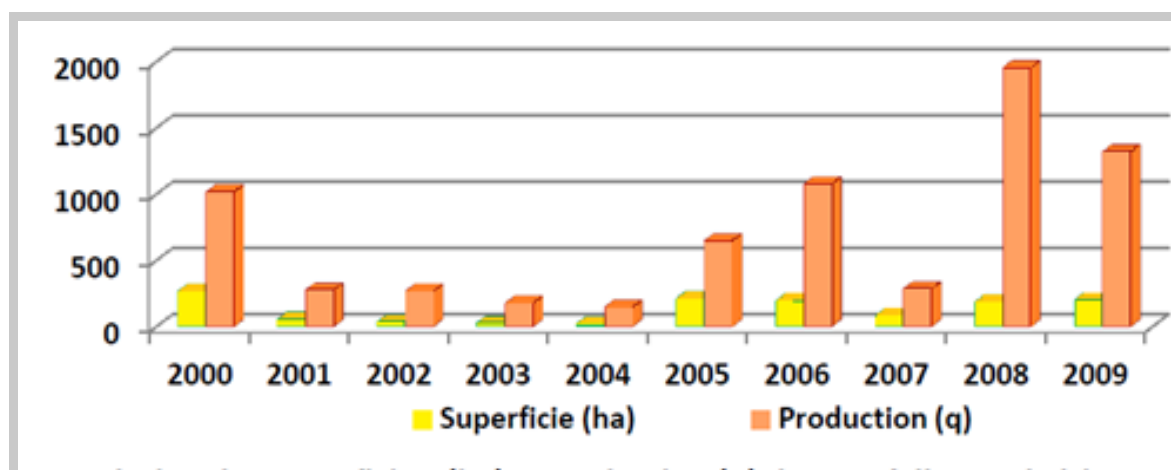


Figure 2. Evolution des superficies (ha) et de la production (q) en gesse cultivée durant la période 2000-2009 (MADR, 2013).

4.2.2. Prospection, collecte et conservation

Dans l'effort de conservation de la diversité génétique de plusieurs espèces de plantes, de nombreuses collections de génotypes ont été assemblés dans le monde.

Le matériel génétique de *Lathyrus* est collecté à travers le monde et conservé dans de nombreux pays différents (Australie, Bangladesh, Canada, Chili, Chine, Chypre, Éthiopie, Allemagne, Grèce, Inde, Italie, Népal, Pakistan, Pologne, Portugal, Russie, Espagne, Syrie, Turquie, Royaume-Uni, États-Unis), dénotant l'importance de ces espèces dans le monde entier (Robertson et Abd El-Moneim, 1995). Les collectes sont souvent conduites par les institutions nationales en collaboration avec les centres et les institutions internationaux comme l'ICARDA, l'IPGRI et avec des institutions de pays développés.

L'ICARDA détient la plus grande collection de *Lathyrus*, contenant 3300 accessions. La Russie détient 1240 accessions, l'Australie a plus de 1000 accessions et l'Algérie en compte 463. Parmi les pays européens, l'Allemagne, la Hongrie et l'Espagne détiennent une collection de 300 à 500 entrées. La plus grande collection de *Lathyrus* en Afrique est détenue par l'Éthiopie avec 96 accessions. En ce qui concerne *L. sativus*, la France possède la plus grande collection, avec 4 387 accessions. L'Indian National Genebank contient 2 720 accessions de pois verts et le Bangladesh en compte 2 078 (Campbell 1997, Mathur et Ramantha Rao 1998, Kumar *et al.*, 2011).

En 1991, l'ICARDA et l'ITGC ont mené, en Algérie du nord, une prospection et une collecte sur différentes espèces herbacées dont les *Lathyrus* spontanées. Des essais ont été réalisés à Guelma et El Khroub sur les populations locales et sur du matériel introduits. Les espèces évaluées sont *L. sativus* et *L. cicera* (Anonyme, 2006). Par ailleurs, une prospection assez limitée dans le

temps et dans l'espace a été menée par l'INA en 1992 dans le nord Constantinois à travers laquelle quelques populations cultivées (*Lathyrus sativus* en mélange) ont été collectées.

La constitution de germoplasme par les institutions et les scientifiques internationaux ont débuté depuis longtemps. Durant les dernières années, les programmes nationaux de différents pays ont accordé une attention particulière aux ressources génétiques et surtout aux espèces fourragères et pastorales. En Algérie, Libye, Maroc, Tunisie, Italie, France, Espagne et Portugal, les espèces herbacées ont été plus largement collectées (Abdelguerfi et Abdelguerfi-Laouar, 2002).

Quelques collections importantes d'espèces sauvages et cultivées de *Lathyrus* ont été assemblées et maintenues *ex situ* dans un certain nombre d'instituts à travers le monde.

Les collections disponibles de *Lathyrus* se trouvent principalement à l'INA, à l'ITGC et à l'INRAA. Chez les agriculteurs, les populations cultivées se maintiennent dans le nord constantinois chez les agriculteurs de la région (Anonyme 2006).

On reconnaît que les ressources phytogénétiques sont en grande partie la principale matière première des agriculteurs et des scientifiques et qu'elles constituent également une réserve d'adaptabilité génétique, une garantie contre la menace de modification de l'environnement.

Les premières études sur les gesses faites en Algérie datent de 1987, où une évaluation de la production de grains a été réalisée sur certaines variétés à l'INA (Alger) par Tchoketch-kebir et Belarbi (1998) à Sétif. Les rendements étaient très intéressants.

Ioutichene (2011) a étudié le comportement et la richesse en protéines chez différentes espèces du genre *Lathyrus* dans les conditions de la Mitidja.

Malek (2011) a étudié la diversité génétique de quelques espèces du genre *Lathyrus* d'origines géographiques différentes par la caractérisation phénologique, agronomique et morphologique. Les résultats ont montré une large diversité génétique entre et au sein des espèces étudiées pour l'ensemble des caractères et a permis de regrouper ces espèces en trois groupes en fonction des caractères étudiés.

Achir (2012) a étudié la variabilité de onze populations locales de gesse cultivées (*Lathyrus sativus* L.) sous un climat semi-aride dans la région de Sétif. Les résultats obtenus montrent des différences significatives entre les 11 populations pour la plupart des caractères étudiés. Deux groupes de populations ont été distingués : des populations à graines sombres et des populations à graines claires.

Achir (2012) a étudié la valeur fourragère de quelques populations locales de gesse cultivée (*Lathyrus sativus L.*) en vue de leur utilisation comme aliment concentré de bétail.

L'absence d'une stratégie claire en matière de préservation, de gestion durable des ressources phylogénétiques et l'insuffisance de réglementation permettant la préservation et la circulation des ressources phylogénétiques ont provoqué une érosion génétique évaluée à environ 60 % du potentiel végétal local (Anonyme, 2006).

5. Diversité génétique

L'utilisation de la diversité génétique dans un programme de sélection passe inévitablement par son estimation et par le choix du type de marqueur susceptible de la traduire le plus fidèlement possible.

Les évaluations de la diversité génétique de nombreuses espèces de cultures ont été menées avec des marqueurs d'ADN seuls et/ou avec des analyses morphologiques (Noli *et al.*, 2015).

5.1. Analyse de la diversité morphologique

Traditionnellement, la diversité dans et entre les populations était déterminée en évaluant les différences morphologiques. Ces mesures ont l'avantage d'être immédiatement disponibles, de ne pas nécessiter d'équipement sophistiqué et d'être la mesure la plus directe du phénotype, donc être disponibles pour une utilisation immédiate, ce qui est un atout important. Cependant, les déterminations morphologiques doivent être réalisées par un expert de l'espèce, elles sont sujettes à des changements dus à des facteurs environnementaux et peuvent varier selon les stades de développement et leur nombre est limité.

Les caractères morphologiques très héréditaires telles que la couleur des feuilles, la couleur des fleurs, la couleur des graines et la taille des graines sont les marqueurs génétiques les plus utilisés (Jackson et Yunus, 1984). Ces auteurs ont ainsi identifié une nette distinction entre les formes à fleurs bleues de l'Asie du Sud-Ouest, d'Éthiopie et du sous-continent indien, et les formes à fleurs blanches et bleues avec des graines blanches qui ont une distribution plus occidentale (Îles des Canaries aux ex-républiques occidentales de l'Union soviétique). Ces espèces d'origine méditerranéenne / européenne étaient systématiquement plus productives, avec des graines beaucoup plus grosses et plus tardives (Hanbury *et al.*, 1999). Ces espèces avaient aussi une teneur en ODAP faible (Abd El Moneim *et al.*, 2001).

Selon Ulloa et Mera (2010), l'environnement exerce un fort effet sur le poids moyen des graines de la gesse et l'effet est d'autant plus fort que le poids des graines augmente.

Pandey *et al.* (1995) ont signalé une grande variabilité de la hauteur des plantes (15 à 68 cm), du nombre de branches par plant (1,8 à 28,4), du nombre de gousses par plant (2,4 à 59), de la longueur de la gousse (1,88 à 5,18 cm), de la largeur des gousses (0,26 à 1,3 cm), du nombre de graines par gousse (1,6 à 4,6), l'indice biologique (0,4 à 51 g), le rendement par plant (0,62 à 19,81 g) et la teneur en ODAP (1,28 à 0,872 %) chez *Lathyrus sativus*. De même, Dixit *et al.* (1996) ont observé le plus haut coefficient de variation pour les gousses par plant suivi du rendement en grain et du poids de 100 graines chez cette culture.

Sharma *et al.* (1997) ont signalé un coefficient de variation génotypique élevé pour le nombre de jours jusqu'à la maturité et le rendement en grain chez *Lathyrus sativus*.

Malek (1998) a signalé une large gamme de variations pour le nombre de jours jusqu'à la floraison, le nombre de graines par gousse et la teneur en ODAP chez 1821 accessions collectées dans trois régions agro-climatiques différentes du Bangladesh.

Sammour *et al.* 2007 ont évalué soixante-six accessions représentant dix-huit espèces du genre *Lathyrus* collectées dans différentes régions géographiques sur des variations des caractères de qualités (100 graines de pois, cendre, protéines totales et teneur en ODAP contenu dans les graines).

Sedehi *et al.* (2008) ont évalués les caractères morphologiques des variétés locales de *Lathyrus sativus*. L'analyse de la variance a indiqué des différences hautement significatives entre 20 accessions locales.

Lioi *et al.* (2011) ont évalué les relations génétiques entre 13 gesses cultivées (*Lathyrus sativus* L.) dans le sud de l'Italie, en utilisant les caractères agronomiques. Les données obtenues ont fourni des informations utiles pour le choix des meilleures variétés locales de gesse pour les zones marginales du sud de l'Italie.

5.2. Analyse de la diversité par l'utilisation des marqueurs biochimiques et moléculaires

Les marqueurs biochimiques, généralement des isozymes ou des protéines de réserve, ont un pouvoir de discrimination plus élevé que les marqueurs morphologiques, ils traduisent directement l'activité des gènes, ils sont neutres et peuvent être révélés dans plusieurs organes à différents stades de développement (Buth et Murphy 1999 ; Bank *et al.*, 2001).

Les marqueurs biochimiques sont soumis à l'influence de l'environnement. En conséquence, la capacité d'utiliser un marqueur pourra varier selon l'environnement dans lequel la plante aura été cultivée, une situation qui est évidemment indésirable (Bank *et al.*, 2001).

Les marqueurs moléculaires reposent sur la mise en évidence du polymorphisme de la taille des fragments d'ADN. Les qualités attendues pour un marqueur moléculaire sont principalement un niveau de polymorphisme adéquat et une abondance élevée (Hartl 1988, Vekemans et Jacquemart, 1997). Le développement des marqueurs moléculaires durant les dernières années offre la possibilité d'établir de nouvelles approches pour améliorer les stratégies de sélection. Contrairement aux marqueurs traditionnels (morphologiques et biochimiques), les marqueurs moléculaires ne sont pas influencés par les fluctuations de l'environnement et sont indépendants de l'organe analysé et du stade de développement de la plante (Hartl, 1988). Outre leur intérêt dans le domaine de la sélection, les marqueurs moléculaires constituent des outils puissants pour la caractérisation moléculaire des gènes de résistance via la cartographie fine des régions contenant ces gènes menant à leur clonage (Tanksley *et al.*, 1989 ; Michelmores, 1995).

Les différents types de marqueurs moléculaires les plus utilisés dans l'analyse génomique des plantes sont : restriction fragment length polymorphism (RFLP), random amplified polymorphic DNA (RAPD), amplified fragment length polymorphism (AFLP), inter-simple sequence repeats (ISSRs), sequence characterized regions (SCARs), sequence tag sites (STSs), cleaved amplified polymorphic sequences (CAPS), microsatellites or simple sequence repeats (SSRs), expressed sequence tags (ESTs) and single nucleotide polymorphisms (SNPs). Cependant, les marqueurs d'ADN reposant sur des Sequence Repeats (ISSRs) inter-simples amplifiés par PCR ont été utilisés avec succès comme outils de caractérisation moléculaire (tableau 2).

Tableau 2. Comparaison des principales techniques

Marqueurs	nombre	codominant	polymorphisme	Spécificité de locus	Technicité	Coût
Isozymes	<90	Oui	Faible	Oui	Faible	faible
RFLP	Illimité	Oui	Moyen	Oui	Elevée	moyen
RADP	Illimité	Non	Moyen	Non	Faible	faible
DAF	Illimité	Non	Très élevé	Non	Faible	faible
AP-PCR	Illimité	Oui	Très élevé	Non	Faible	faible
Microsatellites	Illimité	Oui	Très élevé	oui	Faible ^a	Faible ^a
SCAR	Illimité ^b	Oui /non	Faible/moyen	Oui	Moyenne	faible
CAPS	Illimité ^b	Oui	Faible/moyen	oui	Moyenne	faible
ISSR	Illimité	Non	Elevé	Oui	Faible/moyenne	Faible /moyenne
AFLP	Illimité	Non	Elevé	Non	Moyenne	moyen
Séquençage	Illimité	Oui	Elevé	Oui/non	Elevée	Elevé
EST	Illimité	Oui	Faible /moyen	Oui	Moyenne	moyen
SNP	Illimité	Oui	Très élevé	Oui	Elevée	Elevé

^aa quand les microsatellites ont déjà été identifiés et les amorces définies

^ben fonction des autres marqueurs disponibles

Source. IPGRI and Cornell University, 2003

Chaque technique de marquage présente des avantages et des inconvénients. Le choix du système de marquage dépend de l'objectif précis fixé, des moyens et des compétences disponibles au laboratoire (tableau 3).

Tableau 3. Les principaux avantages et inconvénients des différents types de marqueurs génétiques

Types de marqueurs	principes	avantages	Inconvénient
Marqueurs morphologiques		<ul style="list-style-type: none"> – Disponibles immédiatement – Nécessitent seulement un équipement simple – Constituent la mesure la plus directe du phénotype 	<ul style="list-style-type: none"> Nécessitent une expertise sur la plante cultivée ou l'espèce – Soumis à l'influence de l'environnement – En nombre limité
Marqueurs protéiques (biochimiques)	<ul style="list-style-type: none"> -Basés sur les propriétés de migration des protéines, qui permet leur séparation par électrophorèse -Détectés par des dosages histochimiques spécifiques 	<ul style="list-style-type: none"> Nécessitent un équipement relativement simple. Complément robuste de l'évaluation morphologique de la variation 	<ul style="list-style-type: none"> Soumis à l'influence de l'environnement En nombre limité
Les marqueurs ADN (moléculaires)	Polymorphismes détectés dans la séquence de l'ADN du noyau ou des organites	<ul style="list-style-type: none"> Non soumis à l'influence de l'environnement Potentiellement en nombre illimité Mesure objective de la variation 	Nécessitent un équipement technique plus complexe

Source. IPGRI and Cornell University, 2003

Karp *et al.* (1996) ont signalé que pour mesurer la variabilité génétique, les techniques les plus courantes sont les isozymes, RFLP et les marqueurs génétiques basés sur la PCR tels que RAPD, séquence simple répétitions (SSR) et AFLP. En effet, ces techniques ont été utilisées par différents auteurs cités ci-dessous.

Croft *et al.* (1999) ont étudié la diversité génétique intra spécifique de huit accessions de *Lathyrus sativus* L. à l'aide de l'analyse RAPD.

Belaid *et al.* (2006) ont évalué la diversité génétique du genre *Lathyrus* par la méthode de répétition de séquence inter-simple (ISSR) chez cinq populations.

Barik *et al.* (2007) ont signalé la diversité génétique parmi les gesses sélectionnées utilisant des marqueurs RAPD. Sur 30 amorces décimères aléatoires testées, 20 ont montré une amplification d'ADN reproductible. Un total de 257 locus ont été amplifiés dont 159 étaient polymorphes et 57 bandes uniques.

Lioi *et al.* (2011) ont évalué les relations génétiques entre 13 variétés locales de gesse (*Lathyrus sativus* L.) principalement collectées dans le sud de l'Italie en utilisant les marqueurs

AFLP. Ces marqueurs ont fourni des informations importantes sur la variation génétique et les relations entre les populations locales. Même si le nombre de fragments polymorphes détectés par AFLP était faible mais, c'était suffisant pour discriminer les accessions.

Ambade (2013) a étudié la diversité génétique de 48 accessions avec leurs 10 parents en utilisant des marqueurs ISSR qui ont montré un polymorphisme. Parmi 48 génotypes, BIO-L-203 et RLK120 sont les moins similaires avec un coefficient de similarité de 0,63.

Wang *et al.* (2015) ont étudié la diversité génétique entre *Lathyrus sativus* L. et les espèces apparentées pour des aperçus sur l'origine et pour fournir des options pour relever le défi des changements climatiques. Trente locus SSR étaient employés pour évaluer la diversité génétique et la structure des individus issus des populations sauvages et domestiquées d'Afrique, d'Europe, d'Asie et de l'ICARDA. Les résultats ont montré que les espèces cultivées ont été tout à fait distinctes des espèces apparentées, cependant un faible niveau de différenciation s'est révélé entre leurs origines géographiques.

Marghali *et al.* (2016) ont utilisé les marqueurs Sequence related amplified polymorphism (SRAP) pour évaluer les variations interspécifiques chez 40 génotypes de *Lathyrus* (quatre espèces) (Fabaceae). Dix combinaisons d'amorces SRAP ont été obtenues avec une forte variabilité interspécifique.

5.3. Analyse de la diversité des caractères de qualité

Malgré la bonne qualité nutritionnelle des légumineuses, elle est souvent associée à une série de composés connus sous le nom d'anti-nutriments, qui interfèrent généralement avec l'assimilation de certains nutriments. Les anti-nutriments sont définis comme des substances qui, par elles-mêmes ou par leurs produits métaboliques, interfèrent avec l'utilisation de la nourriture et affectent la santé humaine et la production animale (Francis *et al.*, 2001).

En Ethiopie, il y avait une forte relation épidémiologique entre la consommation excessive de *Lathyrus sativus* et le développement d'une paralysie des jambes, connu sous le nom de neurolathyrisme chez les humains et chez les animaux (Urga et Gebretsadik, 1993). Les principaux composés antinutritionnels présents dans la gesse comprennent les inhibiteurs de la protéase (inhibiteurs de la trypsine), l'acide phytique, les tanins et le β -ODAP (Sarma et Padmanaban 1969, Lambein *et al.*, 1993).

La consommation de graines pendant 3 à 6 mois peut provoquer le lathyrisme, un syndrome qui se caractérise par une rigidité musculaire, un état de faiblesse et la paralysie des muscles des jambes (Urga *et al.* 2005). Le lathyrisme existe encore en Inde, où la gesse est utilisée pour faire de

la farine (Campbell, 1997, Urga *et al.*, 2005, Tsegaye, 2007). Ainsi la concentration en ODAP est sous l'influence génétique et environnementale (Campbell, 1997, Cocks *et al.*, 2000, AbdEl-Zaher *et al.*, 2007). Hanbury *et al.* (1999) ont évalué un certain nombre de lignées pour le rendement en grain et la concentration en ODAP dans des environnements de type méditerranéen. Leurs résultats démontrent clairement le rôle de l'environnement sur les lignées testées et ainsi l'importance des études d'interaction G x E chez la gesse et les stratégies de sélection. La teneur de l'ODAP est fortement influencée par les conditions climatiques et édaphiques, avec des effets génotype × environnement très importants (Fikre *et al.*, 2011, Jiao *et al.*, 2011; Girma et Korbu, 2012). Le stress hydrique peut doubler la teneur en toxines dans la plante (Hanbury *et al.*, 1999), cependant, la fertilisation au zinc peut la réduire (Lambein *et al.*, 1994), bien que le mécanisme par lequel la teneur en ODAP est réduite par l'ajout de zinc soit inconnu (Abd El-Moneim *et al.*, 2010).

L'analyse d'un grand nombre d'accessions de *L. sativus* a révélé que des échantillons provenant du Bangladesh, de l'Ethiopie, de l'Inde, du Népal et du Pakistan ont une teneur élevée en β-ODAP dans les graines sèches, dans une gamme variant de 0,7 % à 2,4 %, alors que les échantillons du Nord de l'Afrique, la Syrie, la Turquie et Chypre ont une teneur en β-ODAP inférieure, allant de 0,02% à 1,2% (Abdel Moneim *et al.*, 2000).

Afin de réintroduire la gesse dans les rotations culturales dans ces milieux marginaux, des programmes de sélection sont en cours dans le monde entier pour améliorer les génotypes combinant un haut rendement, une forte teneur en protéines et une faible ou zéro teneur en neurotoxine (ODAP) (Bozzini, 1997 ; Siddique et Hanbury, 1998 et Hanbury *et al.*, 2000) parce que les graines ayant moins de 0,2 % ODAP sont sans danger pour la consommation (Abd El Moneim *et al.*, 1999). La teneur en ODAP semble être liée à l'espèce, puisque la teneur moyenne en ODAP de *L. cicera* est généralement plus faible que celle de *L. sativus* (Hanbury *et al.*, 2000 ; Abd El Moneim *et al.*, 2001 ; Kumar *et al.*, 2011). La teneur en ODAP est comprise entre 0,02 et 2,59 % chez *L. sativus* (Granati *et al.*, 2003 ; Tadesse et Bekele, 2003 ; Grela *et al.*, 2010, 2012 ; Piergiovanni *et al.*, 2011) et de 0,09 à 0,49 % dans les graines de *L. cicera* (Granati *et al.*, 2003 ; Sanchez-Vioque *et al.*, 2009). De nombreuses études ont été menées pour réduire les acides aminés neurotoxiques dans les lignées de *Lathyrus*. Quelques lignées ont été identifiées à faible teneur en acides aminés neurotoxiques (Sammour *et al.*, 2007).

Les études menées en Turquie ont montré que les génotypes 452, 508 et 519 ont une faible teneur en ODAP et une faible variabilité entre un semis d'hiver et de printemps (Karadag *et al.*, 2010).

Parmi 66 accessions représentant 18 espèces du genre *Lathyrus* collectées dans différentes régions géographiques, les accessions tunisiennes présentent un faible niveau en ODAP et une teneur en protéine élevée (Sammour *et al.*, 2007).

L'hybridation interspécifique avec des espèces sauvages de *Lathyrus* dépourvues ou avec un contenu très bas d'ODAP pourraient être une solution. De plus, elle permettrait d'étudier les mécanismes biochimiques et génétiques qui contrôlent la biosynthèse d'ODAP.

Narayan *et al.*, 2000 ont essayé de croiser *L. sativus* avec 12 espèces sauvages de *Lathyrus*. Seuls les croisements entre *L. sativus* et *L. pseudo-cicera* ont réussis, les autres croisements ont échoué à donner des graines viables. Dans plusieurs croisements interspécifiques, le développement des gousses a été observé mais l'embryon a avorté pendant les premiers stades de développement.

Des études ont montré que la teneur en ODAP est un caractère quantitatif, probablement contrôlés par des gènes majeurs et mineurs (Tiwari et Campbell, 1996). Cela présente un intérêt considérable pour connaître le niveau de variabilité génétique de la teneur en ODAP dans les collections de gesse cultivée et le transfert des allèles favorables à faible teneur en ODAP dans les lignées sélectionnées. L'utilisation des marqueurs moléculaires pour la sélection des gènes majeurs contrôlant le contenu ODAP est possible. En raison du taux d'allogamie chez la gesse, les progrès dans l'identification des lignées stables à faible teneur en ODAP sont limités (Campbell, 1994). Par conséquent, la priorité dans l'amélioration génétique de la gesse est la création de cultivars à haut rendement et à faible teneur en ODAP, qui puissent être consommés sans risque.

Il existe également aujourd'hui un consensus que la teneur en ODAP en soi ne semble pas être un problème parce que la consommation de la gesse est inoffensive aux humains et aux animaux lorsqu'elle est consommée dans le cadre d'un équilibre alimentaire (Getahun *et al.*, 2002, 2003, 2005 ; Lambein et Kuo, 2009) et parce que les graines peuvent être partiellement détoxifiées par divers traitements telles que la fermentation ou le pré-trempage et la cuisson (Kuo *et al.*, 2000, Kumar *et al.*, 2011).

Shiwani Srivastava *et al.* (1999) ont signalé que le trempage des graines de *Lathyrus sativus* dans divers milieux réduit les teneurs en ODAP ; les pertes en ODAP étaient plus élevées après trempage dans de l'eau bouillie, des solutions alcalines, mais moins après trempage dans l'eau du robinet.

Haileyesus *et al.* (2005) ont rapporté que tremper les graines dans l'eau avant de cuisiner divise le risque de neurolathyrisme environ par deux mais la cuisson dans des ustensiles en argile peut le diminuer de quatre fois.

La torréfaction a entraîné seulement une réduction marginale de la teneur en ODAP (20,61 %) (Tadelle *et al.*, 2003). Selon une étude faite par Girma *et al.* (1998), la torréfaction et l'autoclavage des graines de gesse broyées réduisent significativement la teneur en β -ODAP jusqu'à 30 % et 50 %, par rapport à la quantité brute des graines. De plus, les risques de surconsommation peuvent être réduits par l'association de la gesse avec des céréales riches en acides aminés soufrés et des condiments riches en antioxydants, tels que l'oignon, l'ail et le gingembre (Getahun *et al.*, 2003, 2005).

Cependant, des études épidémiologiques récentes ont montré que les anti-nutriments peuvent être bénéfiques, en petites quantités, dans la prévention de maladies comme le cancer et les maladies coronariennes. Pour cette raison, ils sont maintenant souvent appelés composés non nutritifs ou bioactifs ; bien qu'ils puissent diminuer la valeur nutritive, ils ne sont pas toujours nuisibles (Muzquiz *et al.*, 2000). *L. sativus* contient de l'homoarginine, qui est une alternative pour la biosynthèse de l'oxyde nitrique (Rao, 2011). L'oxyde nitrique est connu pour son rôle dans la lutte contre les maladies cardio-vasculaires, il joue un rôle dans certaines fonctions physiologiques et le bien-être. Une autre fonction thérapeutique de l'ODAP est l'activation de la protéine kinase C qui ajoute une nouvelle dimension dans le traitement de la maladie d'Alzheimer (Rao, 2011).

Les espèces de *Lathyrus* les plus importantes sur le plan économique se trouvent dans la section *Lathyrus*, et comprennent *L. sativus*, *L. cicera* et *L. odoratus*. Bien qu'il y ait relativement peu d'efforts dans le monde pour l'amélioration génétique de ces espèces par rapport à d'autres cultures, certains programmes existent visant à améliorer leurs rendements, leurs qualités et leurs adaptabilités (VazPatto et Rubiales, 2014).

***CHAPITRE II. ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DU GENRE
LATHYRUS***

1. Introduction

Lathyrus (Leguminosae; Papilionoideae) est le plus grand genre de la tribu Vicieae et possède une importance en tant que denrées alimentaires traditionnelles dans de nombreux pays du monde (Kenicer *et al.*, 2005). Les espèces du genre *Lathyrus* jouent un rôle important en tant que nitrifiants du sol et en tant que stabilisateurs des dunes (Campbell *et al.*, 1994; Tadesse and Bekele, 2003).

Lathyrus a évidemment été profondément influencé par le climat et les changements tectoniques en Méditerranée, responsables de la grande diversité des espèces dans la région (Kenicer *et al.*, 2005). Les chercheurs ont divisé le genre *Lathyrus* en 170 espèces (Kenicer, 2008 ; Lewis *et al.*, 2005) en 12 sections (Asmussen et Liston, 1988 ; ILDIS, 2010 ; Leht, 2009). Le genre *Lathyrus* contient plus de 200 taxons et a une distribution presque mondiale (Allkin *et al.*, 1986). Les centres de diversité de *Lathyrus* sont la région méditerranéenne, l'Asie mineure et l'Amérique du nord ainsi que l'Amérique du Sud et l'Afrique de l'Est (Klimt et Schifino-Wittmann, 2000). Le genre *Lathyrus* a été divisé en 13 sections par Kupicha (1983) in Asmussen et Liston (1988), qui ont ensuite été modifiées par Asmussen et Liston (1988) et plus récemment par Kenicer *et al.* (2008), qui a accepté onze sections. Récemment, Shehadeh (2011) a divisé le genre *Lathyrus*, en 9 sections.

Beaucoup d'espèces de *Lathyrus* sont largement utilisées comme cultures de couverture, fourrage (*L. cicera* L., *L. hirsutus* L. et *L. sativus* L.), en tant que plantes ornementales (*L. odoratus* L., *L. latifolius* L. et *L. sylvestris* L.) et pour l'alimentation humaine (*L. sativus*, *L. ochrus* L.) DC et *L. montanus* Bernh. (avec des tubercules comestibles) et aussi pour le contrôle de l'érosion, comme engrais vert et pour la médecine ; des toxines sont présentes chez certaines espèces, provoquant le lathyrisme (Campbell, 1994).

Le genre *Lathyrus* L. est économiquement et nutritionnellement très important. En général, *L. sativus* L., *L. hirsutus* L., *L. cicera* L., *L. ochrus* (L.) DC. et *L. sylvestris* L. sont cultivées comme fourrage et pour l'alimentation humaine. Celles-ci sont très nutritives et sont les aliments préférés des animaux domestiques (Yamamoto *et al.*, 1984).

Il est urgent de conserver la diversité génétique du genre en utilisant à la fois les méthodes de conservation *ex situ* (banques de gènes) et *in situ* (habitats naturels) (Shehadeh, 2011). L'objectif de cette étude est de caractériser morphologiquement la diversité de 56 accessions appartenant à 11 espèces du genre *Lathyrus* dont 08 populations locales.

2. Matériels et méthodes

2.1. Matériel végétal

Il a été étudié 11 espèces du genre *Lathyrus* représentées par 56 accessions provenant de différents pays et de 08 populations locales. Les 56 accessions proviennent des banques de gènes de l'ICARDA et de l'USDA. Plus de détail sur le matériel végétal se trouve au niveau du tableau 4.

Tableau 4. Présentation des 11 espèces avec leurs accessions étudiées

N°	Abréviation	Nom espèce	Accessions	Pays d'origine	Source
1	1.ann	<i>L. annus</i>	PI 255365	Former serbia and Monteneg	USDA
2	1aph	<i>L. aphaca</i>	PI 602378	Turkey	USDA
3	2aph	<i>L. aphaca</i>	PI 602382	Pakistan North-West Front	USDA
4	3aph	<i>L. aphaca</i>	W6 2747	Syria	USDA
5	1art	<i>L. articuLatus</i>	IFLA 13	France	ICARDA
6	2art	<i>L. articuLatus</i>	IFLA 61	Greece	ICARDA
7	3art	<i>L. articuLatus</i>	IFLA 75	Portugal	ICARDA
8	5art	<i>L. articuLatus</i>	IFLA 79	Morocco	ICARDA
9	6art	<i>L. articuLatus</i>	IFLA 1406	Algeria	ICARDA
10	7art	<i>L. articuLatus</i>	IFLA 1411	Algeria	ICARDA
11	8art	<i>L. articuLatus</i>	IFLA 1651	Tunisia	ICARDA
12	1cly	<i>L. clymenum</i>	PI 283503	Portugal	USDA
13	2cly	<i>L. clymenum</i>	PI 344076	Turkey	USDA
14	3cly	<i>L. clymenum</i>	PI 358851	Spain	USDA
15	1inc	<i>L. inconspicus</i>	PI 229700	Iran	USDA
16	3inc	<i>L. inconspicus</i>	W6 8274	Usbekistan	USDA
17	1och	<i>L. ochrus</i>	PI 344075	Turkey	USDA
18	2och	<i>L. ochrus</i>	PI 432343	Cyprus	USDA
19	1odo	<i>L. odoratus</i>	PI 615559	United States California	USDA
20	1ste	<i>L. stenophyllus</i>	IFLA 1084	Turkey	ICARDA
21	2.ste	<i>L. stenophyllus</i>	IFLA 1111	Turkey	ICARDA
22	2sph	<i>L. sphaericus</i>	IFLA 1093	Turkey	ICARDA
23	3sph	<i>L. sphaericus</i>	IFLA 1444	Azerbaijan	ICARDA
24	4sph	<i>L. sphaericus</i>	IFLA 1481	Turkmenistan	ICARDA
25	5sph	<i>L. sphaericus</i>	IFLA 1486	Tajikistan	ICARDA
26	1tin	<i>L. tingitanus</i>	PI 493288	Portugal	USDA
27	1sat	<i>L. sativus</i>	PI 221467	Afganistan	USDA
28	2sat	<i>L. sativus</i>	PI 283546	Egypt	USDA
29	3sat	<i>L. sativus</i>	PI 283560	Morocco	USDA
30	4sat	<i>L. sativus</i>	PI 283565	Morocco	USDA
31	5sat	<i>L. sativus</i>	PI 283566	Morocco	USDA

Tableau 4 (suite). Présentation des 11 espèces avec leurs accessions étudiées

N°	Abréviation	Nom espèce	Accessions	Pays d'origine	Source
32	7sat	<i>L. sativus</i>	PI 283598	Tunisia	USDA
33	8sat	<i>L. sativus</i>	PI 283599	Tunisia	USDA
34	10sat	<i>L. sativus</i>	PI 568189	Turkey Ankara	USDA
35	11sat	<i>L. sativus</i>	W6 15650	Pakistan	USDA
36	12sat	<i>L. sativus</i>	W6 32957	United States Washigton	USDA
37	13sat	<i>L. sativus</i>	W6 32958	United States Washigton	USDA
38	15sat	<i>L. sativus</i>	W6 32960	United States Washigton	USDA
39	16sat	<i>L. sativus</i>	W6 32961	United States Washigton	USDA
40	23sat	<i>L. sativus</i>	W6 32969	United States Washigton	USDA
41	25.sat	<i>L. sativus</i>	W6 32971	United States Washigton	USDA
42	17sat	<i>L. sativus</i>	W6 32962	United States Washigton	USDA
43	18sat	<i>L. sativus</i>	W6 32963	United States Washigton	USDA
44	19sat	<i>L. sativus</i>	W6 32965	United States Washigton	USDA
45	20sat	<i>L. sativus</i>	W6 32966	United States Washigton	USDA
46	21sat	<i>L. sativus</i>	W6 32967	United States Washigton	USDA
47	22sat	<i>L. sativus</i>	W6 32968	United States Washigton	USDA
48	24sat	<i>L. sativus</i>	W6 32970	United States Washigton	USDA
49	Lat1	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Constantine)	Zghida A.
50	Lat.2	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Constantine)	Zghida A.
51	Lat1.2	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Constanttine)	Zghida A.
52	Lat3	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Constantine)	Zghida A.
53	.Lat4.2	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Constantine)	Laouar M.
54	Lat21	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Guelma)	Abdelguerfi A.
55	Lat4	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Guelma)	Abdelguerfi A.
56	Lat41	<i>L. sativus</i>	/	Algeria (Guelma)	Abdelguerfi A.

2.2. Présentation de l'essai

Le premier essai (2010/2011) a été installé à la station expérimentale de l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Alger (I.N.R.A.A.) à Baraki (Mehdi Boualem) qui se situe à une altitude de 18 m, une longitude de 3°11'Est et une Latitude 36°68' Nord. Cette station est située dans la plaine de la Mitidja et elle est soumise à un climat de type méditerranéen subhumide avec une pluviométrie moyenne supérieure à 500 mm.

Le total des précipitations enregistrées au cours de la campagne 2010-2011 est de 717,30 mm avec une variabilité dans la répartition. La pluviométrie la plus abondante a été enregistrée pendant les mois d'octobre et de février. Les températures moyennes de l'année varient de 11,97 °C pour le mois de février à 23,05°C pour le mois de juin déterminant successivement le mois le plus froid et le mois le plus chaud de la campagne (tableau 5).

Le sol du site d'étude est de type argilo-limono-sableux, pourvu en matière organique et le pH est alcalin (Malek, 2011).

Une seule irrigation (par aspersion) a été apportée avec un débit horaire de 5,64 mm/h durant cette campagne. Des traitements phytosanitaires contre le mildiou ont été contrôlés par 2 applications de KOCIDE® 2000 (matière active : 350 g/kg de cuivre sous forme d'hydroxyde de cuivre) à la dose de 40 kg/ha le 03-05-2011. Pour le contrôle des insectes, un insecticide, Hunter® 24 (matière active : 240 g / l chlorfenapyr) a été appliqué à la dose de 2,81ml/ha le 08 et 10-05-2011.

Tableau 5. Pluviométries et températures de la campagne agricole 2010-2011

Mois	Précipitations (mm)	Température (°C)		
		T° min.	T° max.	T° moy.
septembre	11,4	19,24	29,50	24,37
octobre	138,5	15,03	29,98	20,00
novembre	33,0	11,73	19,37	15,55
décembre	104,4	8,27	18,57	13,42
janvier	53,0	7,82	16,80	12,31
février	134,6	7,18	16,76	11,97
mars	33,3	10,31	19,93	15,12
avril	68,7	12,97	22,39	17,68
mai	105,2	15,82	24,75	20,29
juin	17,6	18,68	27,43	23,05
total	699,7			

Source. Station météorologique de l'INRAA 2011

La disposition des 11 espèces composées de 56 accessions s'est faite de manière aléatoire. L'espacement entre les lignes est de 1,50 m. La longueur de la ligne est de 2m et l'espace entre les plants est de 20 cm. Le semis a eu lieu le 12 décembre 2011 (Figure 3).



Figure 3. Vue de l'essai 2010 /2011

2.3. Caractères étudiés

Trois individus pour la majorité des caractères à l'exception de début floraison (DF), pleine floraison (PF), début formation de gousses (DG) et maturité (MT) pour lesquels seuls 2 individus ont été caractérisés pour l'ensemble des accessions en utilisant le descripteur international de l'IPGRI (2000). Le nombre des caractères (descripteurs) mesurés est de 22 (tableau 6) et sont subdivisés en 6 groupes, à savoir : les caractères phénologiques, les caractères morphologiques, les caractères agronomiques, les caractères liés aux fleurs, les caractères liés aux gousses et les caractères liés aux graines.

Tableau 6. Caractères étudiés, leur méthode de mesure et leur abréviation

Caractères	Méthodes de mesure	Abréviations
Stades phénologiques		
Début floraison	Nombre de jours du semis jusqu'à l'apparition des premières fleurs (jours)	DF
Pleine floraison	Nombre de jours du semis jusqu'à 50 % des plants fleuris	PF
Début formation de gousses	Nombre de jours du semis jusqu'à 50 % des plants ayant leurs gousses formées	DG
Maturité	Nombre de jours du semis jusqu'à 80 % des plants ayant leurs gousses mures	MT
Caractères morphologiques		
Hauteur du plant	Mesurée du sol jusqu'à la pointe de la plus longue tige (cm)	HT
Longueur du pédoncule	Longueur de pédoncule (cm)	LP
Nombre de ramifications primaire par plant	Comptage du nombre de ramifications primaires	NR
Nombre d'entre-nœuds à la première gousse apparue sur le plant	Comptage des entre-nœuds du collet jusqu'à l'apparition de la première gousse	NENIG
Longueur de la tige à la première gousse apparue sur le plant	Longueur de la tige du collet jusqu'à l'apparition de la première gousse (cm)	LIG
Caractères agronomiques		
Nombre de gousses par plant	Nombre total de gousses récoltées par plante	NG
Nombre de grains par gousse	Nombre moyen de graines comptées sur 20 gousses prises au hasard	NGRG
Poids de 1000 graines	1000 graines ont été prises au hasard de chaque plante (g)	PMG
Biomasse aérienne (g)	C'est le poids de la biomasse de chaque plant récolté (g)	BIO
Rendement en grain par plant	Les graines de chaque plant récolté ont été pesées (g)	RDT
Biométrie de la fleur		
Longueur de la carène	Longueur maximale de la carène (cm)	LOC
Largeur de la carène	Largeur maximale de carène (cm)	LAC
Longueur de l'étendard	Longueur maximale de l'étendard (cm)	LOE
Largeur de l'étendard	Largeur maximale de l'étendard	LAE
Biométrie de la gousse		
Longueur de la gousse	Longueur moyenne maximale des gousses mures prises au hasard (cm).	LGO
Largeur de la gousse	Largeur moyenne maximale des gousses mures prises au hasard (cm).	LAGO
Biométrie de la graine		
Longueur de la graine	Estimée à partir de la longueur moyenne maximale des graines prises au hasard (cm)	LOGN
Largeur de la graine	Estimée à partir de la largeur moyenne maximale des graines prises au hasard (cm).	LAGN

2.4. Analyses statistiques

Les résultats obtenus ont été traités par une analyse de variance à un critère de classification pour tester les différences entre les 56 accessions appartenant aux 11 espèces pour les 22 caractères étudiés. L'estimation de la variation inter et intra- espèces a été calculée pour les caractères quantitatifs en utilisant IBM SPSS pour Windows version 20 (2011).

Une analyse en composantes principales (ACP) a été réalisée pour identifier les principales variables discriminantes entre les 11 espèces du genre *Lathyrus* à l'aide du logiciel Statistica version 6.

La Classification ascendante hiérarchique (CAH) utilisant les distances euclidiennes, calculées à partir des variables descriptives et la méthode d'agrégation de Ward (1963), sans fixation à priori du nombre final de classes, a été utilisée.

En prenant en compte l'ensemble des accessions sans spécifier l'espèce pour les 22 caractères étudiés, une analyse de variance a été réalisée. Les moyennes ont été soumises au test des groupes homogènes de Student au seuil de 5 %.

Le test de corrélations de Pearson a été utilisé pour estimer le degré d'association entre les différentes variables quantitatives des espèces étudiées. Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel STATISTICA version 6.

3. Résultats

3.1. Diversité inter -espèces du genre *Lathyrus*

3.1.1. Analyse de variance

Les résultats de l'analyse de variance à un critère de classification (espèces) appliquée aux onze espèces (tableau 7) mettent en évidence un effet espèces très hautement significatif pour tous les caractères considérés. Les coefficients de variation sont très élevés et varient de 28,66 % (NR) à 135,11 (RDT) pour la majorité des caractères (tableau 7) à l'exception des caractères DF (11,37 %), PF (10,81 %), PG (9,77) et MT (3,6 %) qui présentent des coefficients de variation acceptables. Les variations importantes observées pour les différents paramètres témoignent d'une hétérogénéité au niveau de chaque espèce. Les écarts observés entre les valeurs extrêmes de tous les caractères étudiés sont importants (tableau 7).

Tableau 7. Moyenne, écarts type, coefficient de variation et carrés moyens des 11 espèces pour les 22 caractères étudiés

Caractères	Moy ± ET	CV %	CM erreur (ddl=133)	CM espèces (ddl=10)
HT	87,15±22,68	26,02	514,4	21227,20***
L1G	32,4±12,01	37,06	144,2	6076,5***
LP	2,78±0,93	33,55	0,87	61,03***
NR	5,4±1,34	24,85	1,8	10,31***
NEN1G	6,17±2,16	34,95	4,65	29,39***
NGP	48,19±33,87	70,29	1147,23	3423,95***
LOG	4,26±0,83	19,50	0,69	18,87***
LAG	0,85±0,26	31,13	0,07	0,88***
NGNG	4,55±1,14	24,96	1,29	45,52***
LOGN	0,46±0,1	21,74	0,01	0,20***
LAGN	0,44±0,1	22,73	0,01	0,25***
PMG	52,09±18,56	35,63	344,5	8175,2***
LAE	1,51±0,24	16,22	0,06	4,87***
LOE	1,49±0,22	15,01	0,05	5,16***
LAC	1,06±0,14	13,34	0,02	2,27***
LOC	0,65±0,1	15,38	0,01	1,18***
BIO	338,36±202,47	59,84	40994	420282,00***
RDT	21,33±20,22	94,83	409,13	6432,54***
Caractères	Moy ± ET	CV %	CM erreur (ddl=82)	CM espèces (ddl=10)
DF	108,83±8,89	8,17	79	842,80***
PF	114,72±8,30	7,24	68,9	822,80***
DG	125,24±8,23	6,52	67,7	208,00***
MT	177,39±4,47	2,52	20	766,90***

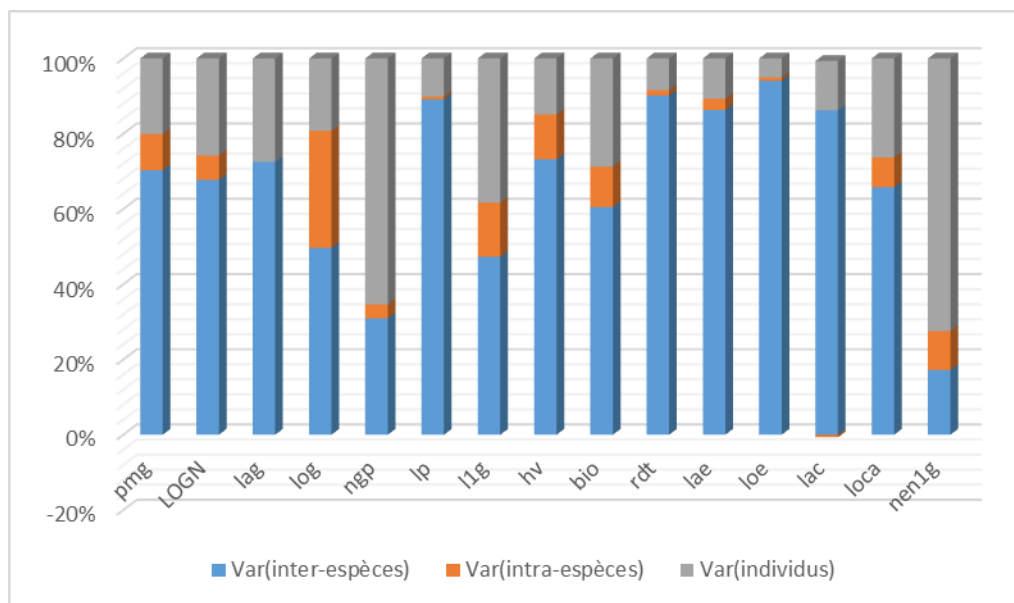
*** effet très hautement significatif ($P < 0,001$)

Le tableau 7 donne les coefficients de variation inter spécifique de l'essai ainsi que la variation entre individus (plants). Pour cette analyse, seules les espèces présentant un nombre de répétitions supérieurs à cinq ont été retenues. Par conséquent, cette variation a été calculée pour 19 variables quantitatives et 05 espèces.

La variation inter-espèces est plus élevée pour les caractères considérés sauf pour le caractère nombre d'entre- nœuds (NEN1G) et nombre de gousses par plant (NGP) (tableau 8 et figure 4). Ces variations peuvent varier de 31 à 90 %, ce qui témoignerait d'une forte diversité inter- espèces.

Tableau 8. Estimation de la variation pour les 15 variables retenues

Caractères	Var (entre espèces) %	Var (intra-espèces) %	Var (individus) %
PMG	70,3	9,61	20,09
LOGN	67,74	6,45	25,81
LAG	72,46	0,00	27,54
LOGN	49,64	31,09	19,27
NGP	30,92	3,64	65,43
LP	89,14	0,79	10,08
L!G	47,26	14,47	38,27
HV	73,16	11,92	14,93
BIO	60,47	10,80	28,73
RDT	90,13	1,43	8,43
LAE	86,28	3,02	10,70
LOE	94,07	0,85	5,08
LAC	87,33	-0,67	13,33
LOC	65,79	7,89	26,32
NEN1G	17,24	10,31	72,45

**Figure 4.** Fréquence de la variation inter et intra spécifique

3.1.2. Analyse multivariée (ACP et Dendrogramme)

Afin d'analyser le polymorphisme agro-morphologique des 11 espèces de *Lathyrus* à partir des 22 caractères étudiés, les moyennes des accessions de chaque espèce (tableau 9) ont

fait l'objet d'une analyse en composantes principales (ACP) et d'une classification hiérarchique.

L'ACP permet de décrire et représenter les ressemblances entre les espèces par rapport à l'ensemble des variables ainsi que d'établir des corrélations entre les variables. L'ensemble des données agro-morphologiques a permis de ressortir 3 axes avec une variance cumulée de 83,4 %. La forte représentativité des trois axes témoigne d'une organisation phénotypique forte des accessions étudiées. Les deux axes principaux 1 et 2 contribuent respectivement à 42,14% et 23,25 % de l'inertie totale. Le poids factoriel permet d'attribuer les variables liées à chaque axe (figure 9). L'axe 1, le plus important est affecté négativement par la hauteur de la plante (HT), la longueur du pédoncule, le nombre de ramifications primaires (NR), le nombre d'entre-nœuds à la première gousse (NEN1G), la largeur de la gousse (LAG), la longueur de la graine (LOGN), la largeur de la graine (LAGN), la biomasse (BIO), le nombre de graines par gousse (NGNG), le nombre de gousse par plant (NGP), la longueur de l'étendard (LOE), la largeur de l'étendard (LAE), la largeur de la carène (LAC) et le poids de mille graines (PMG). Cet axe peut être défini comme l'axe des composantes du rendement, du développement végétatif et de la biométrie des fleurs et des graines. L'axe 2 est déterminé plus par les variables phénologiques : le début de floraison (DF), la pleine floraison, le début de formation des gousses (DG) et la maturité (MT) ainsi que le nombre de ramifications primaires (NR) sont corrélés négativement à l'axe 2. Trois variables contribuent à la formation du troisième axe, il s'agit du rendement par plant (RDT), du nombre de gousses par plant et du nombre de graines par gousse (NGNG). Cet axe apporte une information complémentaire à l'axe 1 et explique 18,01 % de la variabilité totale. Ces axes constituent les facteurs majeurs différenciant les espèces étudiées (figure 5).

Tableau 9. Vecteurs propres et pourcentage de variation exprimée par les trois premiers axes de l'analyse en composantes principales

Axes	Axe1	Axe 2	Axe 3
Variance propre	9,27	5,12	3,96
% Variance totale	42,14	23,25	18,01
% Variance totale accumulée	42,14	65,39	83,4
Corrélation des variables avec les composantes			
DF	0,01	-0,96	0,11
PF	0,04	-0,95	0,14
DG	-0,07	-0,91	-0,03
MT	-0,46	-0,76	0,18
HT	-0,72	-0,54	0,37
L1G	-0,79	0,13	-0,50
LP	-0,20	0,31	0,46
NR	-0,09	-0,62	0,54
NEN1G	-0,91	-0,24	-0,20
LOG	-0,66	-0,47	-0,47
LAG	-0,87	0,38	0,04
LOGN	-0,86	0,05	0,41
LAGN	-0,72	0,26	0,57
RDT	-0,33	0,44	0,61
BIO	-0,96	-0,16	0,16
NGP	-0,38	0,06	0,76
NGNG	0,14	-0,12	-0,69
PMG	-0,81	0,37	0,30
LOE	-0,89	0,08	-0,35
LAE	-0,85	0,05	-0,46
LACA	-0,74	0,45	-0,40
LOCA	-0,81	-0,20	-0,47

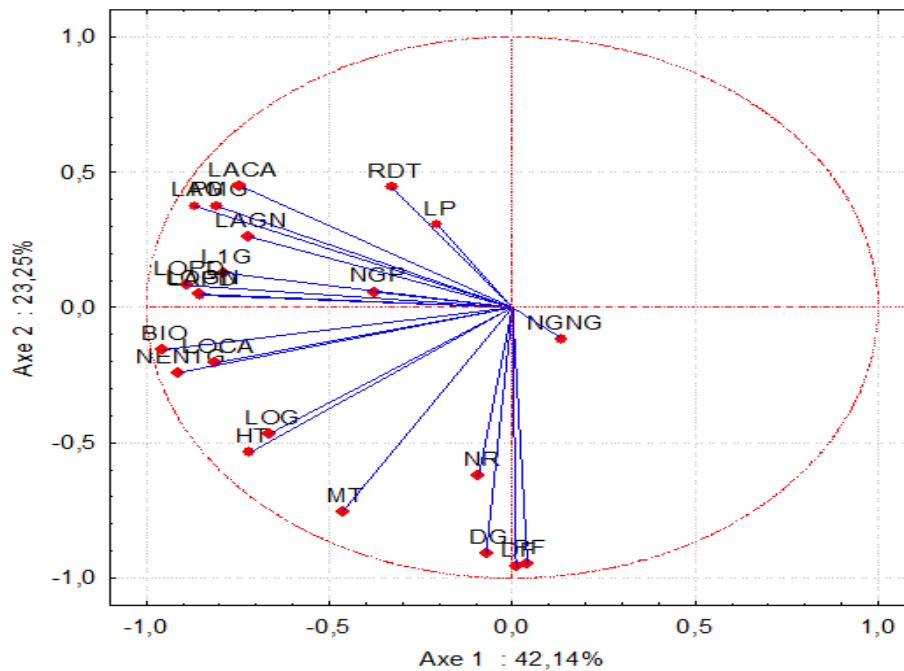


Figure 5. Projection des variables dans le plan formé par les axes 1 et 2 de l'ACP

La figure 6 ainsi que le Dendrogramme (figure 7) ont mis en évidence un regroupement en quatre ensembles ou groupes chez les différentes espèces.

La figure 6 présente la projection des individus sur le plan formé par les axes 1 et 2 en fonction de leur contribution. L'examen de cette figure permet de distinguer 4 groupes d'espèces dont la contribution relative à la formation des axes est importante.

L'axe 1 met en évidence une distinction entre le groupe 1 (G1) et le groupe 3 (G3). En effet, le groupe 1 rassemble les espèces *L. sativus* (dont 8 populations locales), *L. ochrus* et *L. odoratus* du côté négatif de l'axe 1. Ce groupe est composé d'espèces de taille et de biomasse élevées et possédant un nombre de gousses par plant, un poids de mille grains et un rendement en grain élevés. Par contre le groupe 3 (G3) constitué de *L. stenophyllus*, *L. sphaericus*, *L. incospicus* et *L. aphaca* est corrélé positivement à l'axe 1 et il est caractérisé par des accessions courtes et présentant les plus faibles valeurs de rendement en grain et de ses composantes avec les plus petits grains et les plus petites fleurs.

L'axe 2 oppose le groupe 4 (G4) composé d'une seule espèce (*L. tingitanus*) qui s'individualise des autres accessions par un cycle tardif et une hauteur élevée de la tige. Elle se caractérise par un poids de mille grains moyen et une biomasse élevée avec de plus grandes fleurs.

Le groupe 2 (G2), formé par les espèces *L. artycularis*, *L. clymenum* et *L. annuus* situé au milieu des axes, présente des caractères moyens par rapport à l'ensemble. Le tableau 10 indique les données moyennes des caractères de chaque groupe.

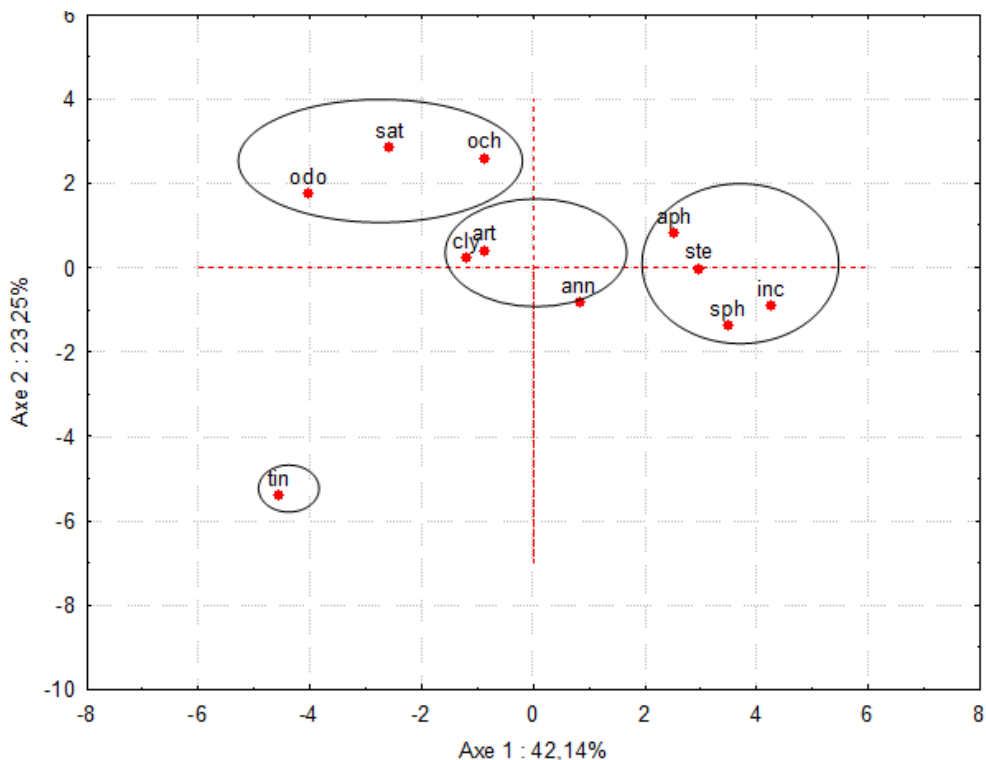


Figure 6. Projection des individus dans le plan formé par les axes 1 et 2 de l'ACP

Tableau 10. Caractéristiques moyennes pour les quatre groupes établis par la CHA

Groupes	DF	PF	DG	MT	HV	L1G	LP	NR	NEN1G	LOG	LAG
1	101,9	107,1	121,0	174,46	64,01	79,58	2,69	4,17	7,87	5,18	1,08
2	118,6	123,9	134,49	176,23	94,60	27,03	1,16	4,88	6,03	4,99	0,77
3	116,49	122,02	133,25	179,03	32,33	11,64	0,90	5,24	4,32	4,15	0,47
4	145,0	149,0	160,0	199,00	203,67	74,67	0,93	7,67	11,67	8,0	0,87
Groupes	LOGN	LAGN	RDT	BIO	NGP	NGNG	PMG	LOE	LAE	LAC	LOC
1	0,47	0,42	16,80	415,97	41,57	6,07	69,79	2,12	2,35	1,12	1,09
2	0,47	0,43	2,48	305,02	43,73	6,37	54,62	1,33	1,52	1,70	0,57
3	0,26	0,23	0,54	51,92	29,96	4,82	9,26	0,66	0,75	0,44	0,43
4	0,57	0,40	2,25	678,00	54,00	6,00	51,00	2,23	2,35	0,80	1,73

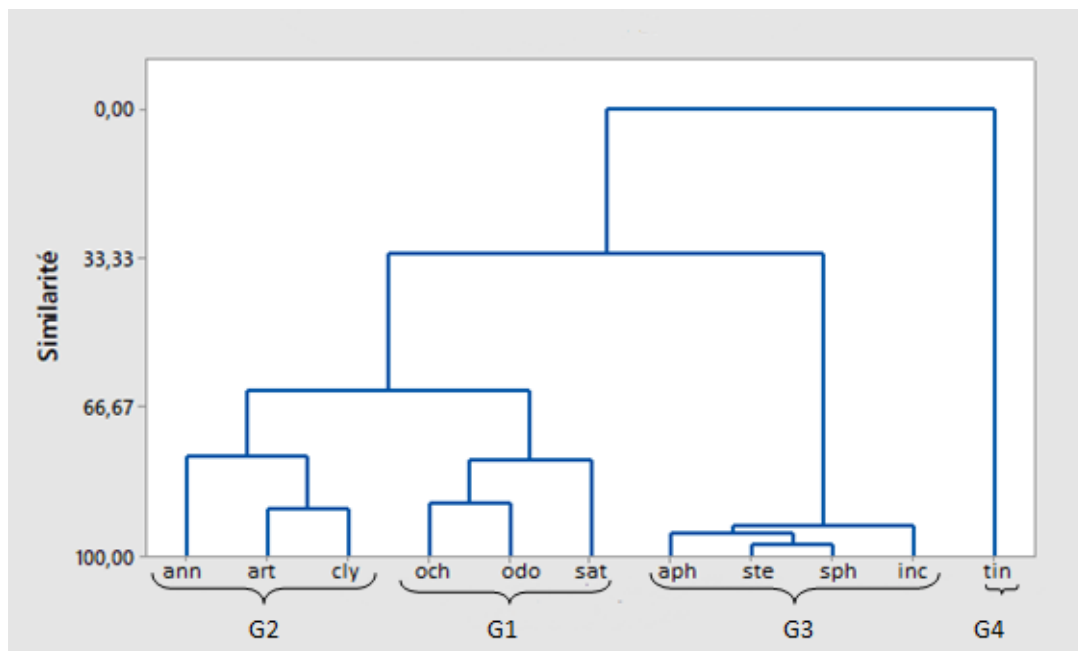


Figure 7. Dendrogramme illustrant les relations existantes entre 11 espèces du genre *Lathyrus*, construit à partir des 22 caractères étudiés

3.2. Diversité inter-accessions du genre *Lathyrus*

3.2.1. Analyse de variance

3.2.1.1. Caractères phénologiques

L'analyse de la variance (tableau 11 et annexe 1, tableaux 2 à 54) a montré une différence très hautement significative ($p < 0,001$) avec un coefficient de variation qui ne dépasse pas les 10,85%. Nous constatons une variabilité inter accessions pour les dates de floraison, laissant voir que les accessions de 2sat 11sat, 25sat, 7 art, 2cly et 20 sat se distinguent par une précocité à la floraison (début et pleine floraison). Elles sont donc plus précoces en moyenne, par rapport aux autres accessions. Par contre, l'accession 15sat, qui a débuté sa floraison parmi les premières, a atteint sa pleine floraison assez tardivement. L'accession 1och de Turquie présente une durée du cycle du semis jusqu'à la formation des gousses (DG) courte et les accessions 2aph du front nord-ouest du Pakistan et 3aph de Syrie présentent une durée courte jusqu'à la maturité (MT). La durée du cycle la plus longue est représentée par l'accession 1tin pour toutes les phases du cycle de la plante, elle est donc la plus tardive par rapport aux autres accessions (tableau 11).

Chez les populations locales de *Lathyrus sativus* Lat1 et Lat2 sont précoces avec 99 jours du semis à la floraison alors que la population Lat2.1 est la plus tardive (107,5 jours). Pour la pleine floraison, les populations Lat1 et 1at1.2 forment un seul groupe homogène dont

le nombre de jours est le plus faible (107 jours). Chez la population Lat4.2, le nombre de jours du semis jusqu'à la pleine floraison est le plus élevé (111 jours). La date de formation des gousses la plus courte est représentée par les populations Lat1 et Lat2 (soit 115, 5 et 116 jours respectivement) alors que la plus longue est enregistrée chez les accessions Lat4 et Lat4.1 (soit 122 et 121,5 jours respectivement). La date de maturité la plus courte est donnée par la population locale Lat1 (167,5 jours) alors que la population locale Lat2.1 présente la durée du cycle du semis à la maturité la plus longue (188 jours).

Tableau 11. Classement des moyennes (GH) des caractères phénologiques du genre *Lathyrus*

N°	Accessions	DF	GH	PF	GH	DG	GH	MT	GH
1	1.ann	130,5	h	136,5	i	147,5	k	178	defghij
2	1.aph	122	gh	128	hi	134,5	efghijk	176	cdefghi
3	2aph	101	abcde	108	abcdef	125,5	bcdefgh	162,5	A
4	3aph	111	def	113	cdef	133	defghijk	163,5	A
5	1art	124	gh	129	hi	137	ghijk	177	cdefghij
6	2art	99	abcd	107	abcdef	112,5	ab	179	efghijk
7	3art	131	h	137	i	144	jk	179,5	efghijk
8	5art	123,5	gh	133,5	i	144	jk	181,5	ghijkl
9	6art	109	cdef	114	cdef	119	abcdef	182	ghijkl
10	art	97,5	abc	100,5	ab	117	abcd	179,5	efghijk
11	8.art	109,5	cdef	115	ef	123,5	bcdefgh	181	ghijkl
12	1cly	131	h	134,5	i	146	jk	179,5	efghijk
13	2cly	97,5	abc	102,5	abcd	111	ab	179	efghijk
14	3cly	107	abcde	110,5	abcdef	126,5	bcdefghi	179	efghijk
15	1inc	117,5	fg	123,5	gh	140	ijk	179,5	efghijk
16	3inc	126,5	gh	131	hi	137	ghijk	179	efghijk
17	1och	99	abcd	104	abcde	108	a	184	ijklm
18	2och	102	abcde	107	abcdef	117,5	abcd	170	bcd
19	1odo	104	abcde	108	abcdef	131	cdefghij	174,5	bcdefgh
20	1ste	104	abcde	110	abcdef	123	bcdefgh	169	bc
21	2ste	123,5	gh	130	hi	135	efghijk	171	bcd
22	2sph	108	bcdef	111,5	abcdef	121	abcdefh	183,5	ijklm
23	3sph	112	eg	116,5	f	141	jk	183	hijklm
24	4sph	128,5	h	134	i	132	defghij	179,5	efghijk
25	5sph	127	h	136	i	144	jk	181	ghijkl
26	1tin	<u>145</u>	i	<u>149</u>	j	<u>160</u>	l	<u>199</u>	N
27	1sat	105	abcde	108	abcdef	117,5	abcde	179	efghijk
28	2sat	95	a	100,5	ab	118,5	abcdef	171,5	bcdef
29	3sat	106	abcde	109	abcdef	115,5	abcd	171	bcde
30	4sat	104	abcde	114,5	def	123	bcdefgh	174	bcdefg

Tableau 11 (suite). Moyennes et groupes de moyennes des caractères phénologiques du genre *Lathyrus*

N°	Accessions	DF	GH	PF	GH	DG	GH	MT	GH
31	5sat	103,5	abcde	109	abcdef	117,5	abcd	178,5	efghij
32	7sat	104	abcde	108,5	abcdef	115,5	abcd	171,5	bcdef
33	8sat	101	abcde	109	abcdef	116	abcd	174	bcdefg
34	10sat	98	abc	105,5	abcdef	116	abcd	173	bcdefg
35	11sat	95	a	99,5	a	113,5	abc	176	cdefghi
36	12sat	104,5	abcde	108,5	abcdef	120	abcdef	178	defghij
37	13sat	105	abcde	112,5	bcdef	119	abcdef	176	cdefghi
38	15sat	97,5	abc	113	cdef	119	abcdef	173,5	bcdefg
39	16sat	102	abcde	107,5	abcdef	117	abcd	185,5	jklm
40	23sat	100	abcde	106	abcdef	117,5	abcde	189	M
41	25sat	96	ab	100,5	ab	118,5	abcdef	180	fghijk
42	17sat	103	abcde	112	bcdef	118,5	abcdef	181	ghijkl
43	18sat	101,5	abcde	105,5	abcdef	120	abcdef	176	cdefghi
44	19sat	101,5	abcde	112	bcdef	117,5	abcd	174	bcdefg
45	20sat	97,5	abc	102	abc	112	ab	178	defghij
46	21sat	99	abcd	106,5	abcdef	117,5	abcde	180	fghijk
47	22sat	104	abcde	116,5	fg	122	bcdefgh	176	cdefghi
48	24sat	100	abcde	108,5	abcdef	123	bcdefgh	173,5	bcdefg
49	Lat1	99	abcd	107	abcdef	115,5	abcd	167,5	Ab
50	Lat.2	99	abcd	104,5	abcdef	116	abcd	173,5	bcdefg
51	Lat1.2	100	abcde	104,5	abcdef	144	jk	179	efghijk
52	Lat.3	100,5	abcde	110,5	abcdef	123,5	bcdefgh	187	Klm
53	Lat4.2	102,5	abcde	111	abcdef	121	abcdef	180	fghijk
54	Lat2.1	107,5	abcde	107	abcdef	120	abcdef	188	Lm
55	Lat4	101	abcde	108	abcdef	122	bcdefgh	177,5	defghij
56	Lat4.1	102,5	abcde	108	abcdef	121,5	bcdefgh	174	bcdefg
Moy.		107,6		113,65		124,79		177,6	
CV%		10,85		10,23		9,35		3,52	
SIG.		***		***		***		***	

3.2.1.2. Caractères morphologiques

L'analyse de la variance (tableau 12 et annexe 1, tableaux 6 à 10) a montré des différences très hautement significatives ($p < 0,001$) pour tous les caractères morphologiques étudiés avec des coefficients de variation élevés.

Concernant la hauteur des plants (Tableau 12), l'accession 17 (1och) de Turquie s'est distinguée par la plus faible valeur avec une moyenne de 20,33 cm alors que l'accession 26

(1tin) du Portugal présente la hauteur la plus élevée avec une moyenne de 203,67cm. Pour les populations locales de *Lathyrus sativus* la hauteur de la tige varie de 90,33 cm chez la population (Lat4) à 130 cm chez la population (Lat4.2) qui ne semblent pas se distinguer des autres accessions de la même espèce.

L'accession 1inc d'Iran présente la longueur de la tige à l'apparition de la première gousse la plus faible (7cm) alors que l'accession 1odo de Californie en présente la plus élevée soit 121,67cm. Pour les populations locales de *Lathyrus sativus*, la longueur de la tige (à la première gousse) oscille entre 24 et 38 cm.

La longueur du pédoncule des accessions 1inc de l'Iran et 3sph d'Azerbaïdjan présentent les longueurs du pédoncule les plus faibles avec une moyenne de 0,27cm et 0,20 cm respectivement. La longueur du pédoncule la plus élevée caractérise l'accession 8sat *L. sativus* de Tunisie soit une moyenne de 6,83 cm. Les populations locales présentent des valeurs moyennes intermédiaires qui varient entre 3,8 cm chez (Lat2 1.2) et 5,95 cm chez (Lat2.1) (tableau 12).

L'accession 17 (1och) de Turquie présente le nombre de ramifications primaires le plus faible avec une moyenne de 2,67 alors que l'accession 22 (2sph) de Turquie donne la valeur la plus élevée soit une moyenne de 10,6. Pour les populations locales, le nombre de ramifications primaires varie de 5,33 (Lat22 et Lat1.2) à 7,27 (Lat1) (tableau 12).

L'accession 3sph d'Azerbaïdjan affiche un nombre moyen d'entre-nœuds à la première gousse le plus faible soit 2,33 alors que l'accession 3art du Portugal affiche le nombre moyen le plus élevé soit 12. Le nombre d'entre-nœuds moyen chez les populations locales varie de 5,34 (Lat4.1) à 8,33 (Lat.3) (tableau 12).

Tableau 12. Moyennes et groupes de moyennes des caractères morphologiques chez les différentes accessions

N°	Accessions	HT	GH	L1G	GH	LP	GH	NR	GH	NEN1G	GH
1	1ann	74,67	cdefg hijk	17,33	abcdef	5,4	efgh	4,33	abcde	5,33	abcde
2	1aph	35,33	abcd	10,67	abc	2,83	cd	6	bcdef	4	abcd
3	2aph	33,67	abc	14,67	abcde	1,97	abc	5,67	bcdef	7	abcdef
4	3aph	39	abcde	16,33	abcdef	2,33	bc	5,67	bcdef	6,33	abcdef
5	1art	96	ghijkl	20	abcdefg	0,5	ab	5	abcdef	3,33	abc
6	2art	60	abcde fgh	19,33	abcdefg	0,4	ab	4,33	abcde	5	abcde
7	3art	111,33	ijkl	54	ij	0,4	ab	4,67	abcdef	<u>12</u>	h
8	5art	81	defgh ijk	23,33	abcdefgh	0,47	ab	5,33	abcdef	4	abcd
9	6art	131	kl	27,67	abcdeffghi	0,77	ab	5,67	abcdef	6,67	abcdef
10	7art	48,67	abcde f	14	abcde	0,57	ab	4,67	abcdef	3,67	abcd
11	8art	96	ghijkl	22,67	abcdefgh	0,57	ab	4,33	abcde	8	cdefg
12	1cly	130,67	kl	47	ghij	0,5	ab	4,67	abcdef	7,67	bcdefg
13	2cly	95	ghijkl	24,67	abcdefgh	0,57	ab	6,67	cdef	6,33	abcdef
14	3cly	134,33	kl	42	efghij	0,6	ab	5	abcdef	6	abcdef
15	1inc	23	ab	7	a	0,27	a	4,33	abcde	3,67	abcd
16	3inc	23,33	ab	10,33	abc	0,37	ab	4	abcd	3,33	abc
17	1och	20,33	a	61	jk	1,83	abc	2,67	a	4,67	abcd
18	2och	25,67	ab	106,0 7	l	1,27	abc	4,67	abcdef	8,67	defgh
19	1odo	57,67	abcde fg	121,6 7	<u>m</u>	1,7	abc	3	ab	10,33	fgh
20	1ste	31,33	abc	11,33	abcd	0,43	ab	4,33	abcde	4,33	abcd
21	2ste	34,33	abc	11,33	abcd	0,43	ab	4,33	abcde	4	abcd
22	2sph	23,67	ab	9,33	ab	0,6	ab	<u>10,67</u>	g	2,67	ab
23	3sph	39	abcde	9	ab	0,2	a	5,67	bcdef	2,33	a
24	4sph	41,67	abcde	12,33	abcd	0,43	ab	5	abcdef	4,67	abcd
25	5sph	45	abcde	20	abcdefg	0,67	ab	5,33	abcdef	5,67	abcdef
26	1tin	<u>203,67</u>	m	74,67	k	0,93	ab	7,67	f	11,67	gh
27	1sat	140	l	36,67	bcdefghij	5,33	efgh	7	def	8,33	cdefgh
28	2sat	115,28	ijkl	30,11	abcdeffghi	5,41	efgh	7,39	ef	5,78	abcdef
29	3sat	108	hijkl	40	defghij	5,08	efgh	5	abcdef	5,5	abcdef
30	4sat	82,75	efghij kl	43,17	efghij	5,44	efgh	6,46	cdef	7,83	cdefg
31	5sat	120,42	ijkl	39,58	cdefghij	4,26	defg	6,68	cdef	6,17	abcdef
32	7sat	126,72	kl	40,57	defghij	4,58	efg	6,17	cdef	7,87	cdefg
33	8sat	123,33	jkl	49,83	hij	<u>6,83</u>	h	5,87	bcdef	7,67	bcdefg
34	10sat	123	jkl	40,42	defghij	5,31	efgh	5,4	abcdef	5,92	abcdef
35	11sat	59,67	abcde fgh	29	abcdeffghi	1,86	abc	5,33	abcdef	7,73	bcdefg
36	12sat	127	kl	31,56	abcdeffghi	5,3	efgh	4,72	abcdef	6,44	abcdef
37	13sat	130,22	kl	34,44	abcdeffghi	5,11	efgh	6,22	cdef	10	efgh
38	15sat	120,93	ijkl	25,87	abcdeffghi	4,28	defg	6,13	cdef	8,73	defgh

Tableau 12 (suite). Classement des moyennes des caractères morphologiques chez les différentes accessions

N°	Accessions	HT	GH	L1G	GH	LP	GH	NR	GH	NEN1G	GH
39	16 SAT	131,33	kl	38,33	bcdefghij	5,83	fh	6,67	cdef	6,67	Abcdef
40	23 sat	131,67	kl	27,67	abcdeffghi	5,83	fgh	7,67	f	6,33	abcdef
41	25 sat	70,33	bcdefghi	18	bcdefg	2,17	abc	4	abcd	5,33	abcdef
42	17sat	125,5	jkl	31,33	abcdeffghi	5,57	efgh	5,33	abcdef	5	abcde
43	18sat	109,13	hijkl	31,8	abcdeffghi	3,74	de	5,11	abcdef	6,13	abcdef
44	19sat	92,47	fghijkl	44,83	fghij	4,72	efg	3,8	abc	7	abcdef
45	20sat	93,67	ghijkl	29,67	abcdeffghi	4,09	defg	4,06	abcd	4,47	abcd
46	21sat	105,67	ghijkl	28,22	abcdeffghi	4,94	efgh	5,75	bcdef	6,32	abcdef
47	22sat	90,67	fghijkl	25,33	bcdefgh	5,53	efgh	5,17	abcdef	3,47	abc
48	24sat	125,47	jkl	30,89	abcdeffghi	5,31	efgh	5,67	bcdef	6,27	abcdef
49	Lat1	110,76	ijkl	37,06	bcdefghij	5,45	efgh	7,28	ef	6,89	abcdef
50	Lat.2	103,29	ghijkl	28,83	abcdeffghi	3,8	de	5,33	abcdef	6,58	abcdef
51	Lat1.2	109	ijkl	33,67	abcdeffghi	3,83	deg	5,33	abcdef	6,33	abcdef
52	Lat.3	127,33	kl	44,33	fghij	5,83	fgh	6,67	cdef	8,33	cdefgh
53	Lat4.2	130	kl	31,33	abcdeffghi	4,67	efg	6,67	cdef	6,33	abcdef
54	Lat2.1	104,89	ghijkl	28,83	abcdeffghi	5,59	efgh	5,78	bcdef	6,33	abcdef
55	Lat4	99,33	ghijkl	29,33	abcdeffghi	4,96	efgh	5,77	bcdef	5,67	abcdef
56	Lat4.1	103	ghijkl	24,78	bcdefgh	4,05	defg	6,47	cdef	5,34	abcde
Moy.		90,56		32,38		3,07		5,51		6,21	
CV		47,24		68,21		73,06		27,23		38,57	
%											
SIG.		***		***		***		***		***	

*** effet très hautement significatif ($P < 0,001$), SIG = signification

3.2.1.3. Rendement en grain, ses composantes et biomasse aérienne

Dans le tableau 13 et annexe 1 (Tableaux 11 à 15), l'analyse de la variance a montré des différences très hautement significatives ($p < 0,001$) pour le rendement et ses composantes. Les coefficients de variation inter- accessions sont élevés.

Sur l'ensemble de 56 accessions, 24 accessions (1ann, 1aph, 2aph, 3aph, 1art, 2art, 3art, 5art, 6art, 7art, 8art, 1cly, 3cly, 1inc, 3inc, 1och, 1odo, 1ste, 2ste, 2sph, 3sph, 4sph, 5sph, 1tin) affichent un rendement en grain faible alors que l'accession 7sat provenant du Maroc donne le rendement le plus élevé soit 122,13 g/plant suivie de l'accession 15sat d'Amérique (104,77) et de la population locale (2Lat2 ; 95,80g) (tableau 13).

Quatre accessions (3aph, 1inc, 3inc, 3sph) se distinguent par une biomasse faible (soit 36,23, 28,3, 23,7 et 41 g respectivement) alors que les individus de l'espèce de *Lathyrus*

sativus telle que l'accession 3sat du Maroc affichent la plus grande biomasse soit 810 g (tableau 13).

Deux groupes se sont formés pour le nombre de gousses par plant. La majorité des accessions forment un seul groupe pour donner le nombre de gousses par plant le plus faible à l'exception de l'accession 1sat d'Afghanistan qui forme le deuxième groupe pour donner le nombre moyen de gousses par plant le plus élevé soit 174,67 (tableau 13).

La population locale Lat4 présente un nombre moyen de graines par gousse le plus faible soit 1,73 alors que l'accession 20 (1odo) de Californie présente le nombre moyen le plus élevé soit 10,67 (tableau 13).

Deux accessions 15 (1inc) d'Iran et 16 (3inc) d'Ouzbékistan se sont distinguées pour les poids de mille grains les plus faibles soit 7g et 6,67g respectivement alors que la population locale (Lat1.2) affiche un poids moyen de mille grains de 200 g (tableau 13).

Tableau 13. Classement des moyennes du rendement en grain, de ses composantes et de la biomasse aériennes chez les différentes accessions

N°	Accessions	RDT	GH	BIO	GH	NGP	GH	NGNG	GH	PMG	GH
1	1ann	1,22	a	235	abcdef	31	a	5,33	bcdefgh	34	abcd
2	1aph	0,95	a	48,6	ab	38,33	a	3,67	abcde	10,67	ab
3	2aph	0,71	a	57,2	ab	29	a	3,67	abcde	12,33	ab
4	3aph	0,22	a	36,3	a	66	a	4,33	abcdef	18,33	abc
5	1art	1,44	a	255	abcdef	54	a	3,33	abcd	38,67	abcde
6	2art	2,69	a	632	ghijk	59,67	a	4,67	abcdef	98	ijklmno
7	3art	3,1	a	403	abdefghij	52	a	5	abcdefg	47,33	bcdef
8	5art	4,03	a	246	abcdef	23	a	4,33	abcdef	34,67	abcd
9	6art	1,88	a	216	abcdef	51,67	a	3,67	abcde	102,67	lmno
10	7art	1,72	a	93,7	abcd	41,33	a	3,67	abcde	67	defghijklm
11	8art	3,54	a	313	abcdefg	70,33	a	5	abcdefg	83,67	fghijklmno
12	1cly	0,9	a	330	bcdefgh	24,67	a	5,33	bcdefgh	34,33	abcd
13	2cly	7,71	abc	328	bcdefgh	69,67	a	5	abcdefg	91,33	ghijklmno
14	3cly	2,13	a	457	defghijk	55,33	a	4,33	abcdef	61,67	defghijk
15	1inc	0,55	a	28,3	a	35	a	4,33	abcdef	7	a
16	3inc	0,35	a	23,7	a	16,33	a	4,33	abcdef	6,67	a
17	1och	0,5	a	59,7	ab	25,33	a	7	fghi	77	efghijklm
18	2och	10,75	abc	683	hijk	86	a	7,67	ghij	73,33	defghijklm
19	1odo	0,51	a	407	abdefghij	11	a	7	fghi	53,33	cdefgh
20	1ste	0,54	a	64,2	ab	32,33	a	<u>10,67</u>	k	6	a
21	2ste	1,19	a	64,7	ab	21,67	a	9,67	jk	7,67	a
22	2sph	0,21	a	52,4	ab	15	a	8	hij	9	a
23	3sph	0,15	a	41	a	23	a	8,33	ij	8	a
24	4sph	0,26	a	52	ab	32,33	a	6,67	efghi	14,33	ab
25	5sph	0,31	a	134	abcde	20,67	a	5,33	bcdefgh	7	a
26	1tin	2,25	a	678	hijk	54	a	6	defghi	51	cdefg
27	1sat	5,71	ab	748	jk	<u>174,67</u>	b	5,67	cdefgh	64,33	defghijkl
28	2sat	23,37	abcd	311	abcdefg	53,28	a	3,12	abcd	78,9	efghijklm
29	3sat	32,67	abcdef	<u>810</u>	k	36,67	a	2,93	abcd	77,67	efghijklm
30	4sat	51,67	defgh	244	abcdef	24,83	a	2,99	abcd	40	abcde
31	5sat	63,97	h	700	ijk	66,94	a	3,32	abcd	94,77	ijklmno
32	7sat	<u>122,1</u>	j	725	ijk	64,1	a	2,8	abcd	101,8	klmno
33	8sat	51,33	defgh	573	fghijk	43,67	a	2,64	abcd	60	cdefghi
34	10sat	57,83	fgh	399	abdefghij	42,83	a	2,9	abcd	53,77	cdefgh
35	11sat	29,87	abcdef	107	abcd	47,58	a	3,28	abcd	51,5	cdefg

Tableau 13 (suite). Classement des moyennes du rendement en grain, de ses composantes et de la biomasse chez les différentes accessions

N°	Accessions	RDT	GH	BIO	GH	NGP	GH	NGNG	GH	PMG	GH
36	12.sat	36,9	cdefg	573	fghijk	34,17	a	2,85	abcd	83,28	fghijklmno
37	13.sat	62,9	gh	706	ijk	31,94	a	2,63	abcd	81,22	fghijklmo
38	15.sat	<u>104,8</u>	i	546	fghijk	60,9	a	3,28	abcd	60,72	defghij
39	16.sat	28,33	abcdef	584	fghijk	81,67	a	3	abcd	59	cdefghi
40	23.sat	29	abcdef	494	efghijk	47	a	3,67	abcde	82,33	fghijklmno
41	25.sat	26,33	abcde	271	abcdefg	54,67	a	3,67	abcde	64,33	defghijkl
42	17.sat	35,67	bcdefg	424	bcdefghij	33,17	a	3,77	abcde	53,5	cdefgh
43	18.sat	27,33	abcdef	575	fghijk	89,89	a	4,08	abcdef	39,37	abcde
44	19.sat	29	abcdef	307	abcdefg	39,67	a	2,97	abcd	37,7	abcde
45	20.sat	35,87	bcdef	301	abcdefg	66,83	a	3,58	abcde	52,8	cdefg
46	21.sat	64	gh	259	abcdef	61,78	a	2,95	abcd	57,77	cdefghi
47	22.sat	25,33	abcde	84,3	abc	40,67	a	3,05	abcd	91	ghijklmno
48	24.sat	29,97	abcdef	560	fghijk	49,53	a	2,68	abcd	63,25	defghijkl
49	Lat1	46,25	defgh	382	abcdefghi	86,11	a	3,03	abcd	101,2	ijklmno
50	Lat.2	95,8	i	380	abcdefghi	58	a	2,47	abc	144,77	p
51	Lat1.2	55	efgh	682	hijk	47,33	a	2,67	abcd	<u>200</u>	q
52	Lat.3	34,67	bcdef	528	fghijk	95,67	a	3	abcd	120	no
53	Lat4.2	26,33	abcde	677	hijk	54,33	a	3,33	abcd	120	np
54	Lat2.1	45,83	defgh	296	abcdefg	63,67	a	2,53	abc	105,56	mno
55	Lat4	28,33	abcdef	445	cdefghij	20,83	a	1,73	a	90,67	ghijklmno
56	Lat4.1	29,67	abcdef	380	abcdefghij	68,5	a	2,13	ab	94,67	hijklmno
Moy.		24,67		357		49,63		5,14		62,15	
CV%		119,50		70,39		71,51		48,54		64,67	
SIG.		***		***		***		***		***	

*** effet très hautement significatif ($P < 0,001$)

3.2.1.4. Biométrie des fleurs

Dans le tableau 14 et l'annexe 1 (tableaux 16 à 19) l'analyse de la variance a montré des différences très hautement significatives ($p < 0,001$) pour la biométrie des fleurs. Les coefficients de variation sont très élevés.

La longueur de l'étendard la plus faible est enregistrée chez l'accession 3sph d'Azerbaïdjan avec 0,23cm alors que la longueur la plus élevée est donnée par trois accessions 1tin du Portugal, 5sat du Maroc et 21sat de Washington avec 2,23 cm pour les deux premières et 2,27 cm pour la troisième. Chez les populations locales, elle varie de 1,57 cm chez Lat.3 à 2,13 cm chez Lat4.1 (tableau 14).

Les accessions 1inc d'Iran et 3inc d'Ouzbékistan présentent les valeurs les plus faibles pour la largeur de l'étendard soit 0,38 cm et 0,40 cm respectivement. La largeur de l'étendard la plus élevée est enregistrée chez l'accession 1tin du Portugal avec 2,53 cm. Chez les populations locales, la largeur de l'étendard varie de 1,53cm chez la population Lat2.1 à 2,13 cm chez la population 4Lat4.2.

La largeur de la carène la plus faible est donnée par les accessions 1inc et 16 3inc soit 0,28 cm et 0,27 cm respectivement. La plus grande largeur est donnée par l'accession 1odo soit 2,6 cm. Chez les populations locales, la largeur de la carène varie de 1,17cm pour la population Lat1.2 à 1,63 cm pour la population Lat4.

La longueur de la carène la plus faible est enregistrée chez le groupe d'accessions 1inc d'Iran, 16 3inc d'Ouzbékistan, 3sph d'Azerbaïdjan et 4sph de Turkménistan soit 0,20 cm pour les deux premières et 0,27 cm pour les deux dernières. La plus longue carène est enregistrée chez l'accession 1tin soit 1,73 cm. Chez les populations locales, la longueur de la carène varie de 0,6 cm pour la population Lat2.1 à 0,87 cm pour la population Lat4.

Tableau14. Classement des moyennes des caractères mesurés sur la fleur chez les différentes accessions

N°	Accessions	LOE	GH	LAE	GH	LAC	GH	LOC	GH
1	1ann	1,1	c	1,23	c	0,87	cde	0,37	abcd
2	1aph	0,63	ab	0,83	b	0,63	bc	0,53	bcdefg
3	2aph	0,77	bd	0,87	b	0,67	bc	0,53	bdefg
4	3aph	0,63	ab	0,73	ab	0,5	ab	0,3	abc
5	1art	1,5	cefghijkl	1,63	cdefghijklm	1,23	efg	0,73	fghi
6	2art	1,47	cefghil	1,43	cde	1,17	defg	0,67	efghi
7	3art	1,47	cefghikl	1,93	efghijklmn	1,33	gh	0,57	defgh
8	5art	1,47	cefghi	1,67	cdefghijklm	1,27	efh	0,53	defg
9	6art	1,27	cef	1,63	cdefghijklm	1,33	g	0,67	fghi
10	7art	1,4	cefgh	2	fghijklmn	1,2	efg	0,63	efghi
11	8art	1,27	cefg	1,53	cdefghk	1,3	fg	0,63	efghi
12	1cly	1,53	cefghijklmno	1,67	cdefghijklm	1,2	efg	0,67	efghi
13	2cly	1,5	cefghijkln	1,57	cdefghijk	1,13	efg	0,67	efghi
14	3cly	1,37	cefgh	1,67	cdefghijklm	1,37	gh	0,77	fghi
15	1inc	0,38	ab	0,38	a	0,28	a	0,2	a
16	3inc	0,37	ab	0,4	a	0,27	a	0,2	a
17	1och	1,2	cde	1,33	c	1,4	g	0,5	bdef
18	2och	1,1	cd	1,27	c	1,2	efg	0,7	fghi
19	1odo	<u>3,3</u>	q	<u>4</u>	p	2,6	i	1,93	k
20	1ste	1,13	cd	1,27	c	0,43	ab	0,73	fghi
21	2ste	1,17	cde	1,27	c	0,43	ab	0,77	fghi
22	2sph	0,5	ab	0,57	ab	0,5	ab	0,4	abcde
23	3sph	0,23	a	0,47	ab	0,43	ab	0,27	a
24	4sph	0,43	ab	0,57	ab	0,37	ab	0,27	a

Tableau 14 (suite). Classement des moyennes des caractères mesurés sur la fleur chez les différentes accessions

N°	Accessions	LOE	GH	LAE	GH	LAC	GH	LOC	GH
25	5sph	0,5	ab	0,6	ab	0,47	ab	0,3	ac
26	1tin	2,23	p	2,53	o	0,8	cd	1,73	j
27	1sat	1,77	fghijklmnop	2,23	n	1,17	efg	0,73	fghi
28	2sat	2,1	mop	1,67	cdefghijklm	1,13	efg	0,73	fghi
29	3sat	1,8	fghijklmnop	1,9	defghijklmn	0,9	cdef	0,83	hi
30	4sat	1,63	cefghijklmno	2,07	ilmn	1,17	efg	0,63	efghi
31	5sat	2,23	p	1,63	cdefghijklm	1,2	efg	0,83	hi
32	7sat	1,83	ghijklmnop	1,47	cdeg	1,23	efg	0,77	fghi
33	8sat	2,1	mop	1,53	cdefghijk	1,33	gh	0,8	ghi
34	10sat	2,03	jklmnop	1,5	cdefgh	1,13	defg	0,7	fghi
35	11sat	1,8	fghijklmnop	1,37	cd	1,07	defg	0,5	bcdef
36	12sat	2	ijklmnop	1,53	cdefgh	1,18	efg	0,63	efghi
37	13sat	1,9	hijklmnop	1,53	cdefgh	1,23	efg	0,63	efghi
38	15sat	2,07	jmno	1,47	cdefg	1,27	efg	0,67	efghi
39	16.sat	1,53	cefghijklmn	2,07	ijklmn	1,23	efg	0,77	fghi
40	23.sat	1,6	cefghijklmno	2,03	hijklmn	1,37	g	0,67	efghi
41	25.sat	1,4	cefg	2,1	lmn	1,17	efg	0,5	bcdef
42	17sat	2,07	mop	1,67	cdefghijklm	1,27	efg	0,67	fghi
43	18sat	2,03	jmno	1,6	cdefghijkl	1,3	fgh	0,67	efghi
44	19sat	1,77	fghijklmnop	1,7	cdefghijklm	1,13	efg	0,63	efghi
45	20sat	1,7	efghijklmno	1,46	cde	1,17	efg	0,53	defg
46	21sat	2,27	p	1,67	cdefghijklm	1,27	efg	0,67	efghi
47	22sat	2	ijklmnop	1,57	cdefghijk	1,2	efg	0,7	fghi
48	24sat	2,1	mop	1,57	cdefghijk	1,2	efg	0,67	fghi
49	Lat1	2,07	jmno	1,6	cdefghijkl	1,2	efg	0,67	efghi
50	Lat.2	2,07	mnop	1,57	cdefghijk	1,03	defg	0,83	hi
51	Lat1.2	1,6	cefghijklmno	2,07	ijlmn	1,17	efg	0,7	fghi
52	Lat.3	1,57	cefghijklmno	2	fhijklmn	1,27	efh	0,7	fghi
53	Lat4.2	1,6	cefghijklmno	2,13	mn	1,2	efg	0,7	fghi
54	Lat2.1	2,03	jklnop	1,53	cdefghijk	1,27	efg	0,6	defghi
55	Lat4	2,1	mop	1,73	cdefghijklm	<u>1,63</u>	h	<u>0,87</u>	i
56	Lat4.1	2,13	op	1,67	cdefghijklm	1,3	fgh	0,77	fghi
Moy.		1,55		1,55		1,09		0,66	
CV%		38,59		39,96		37,02		43,56	
SIG		***		***		***		***	

*** effet très hautement significatif du facteur ($P < 0,001$)

3.2.1.5. Biométrie des gousses et des graines

L'analyse de la variance (tableau 15 et annexe 1 tableaux 20 à 23) a montré des différences très hautement significative ($p < 0,001$) pour la biométrie des gousses et des graines. Les coefficients de variation sont élevés.

L'accession 1aph originaire de Turquie donne la longueur de la gousse la plus faible avec une moyenne de 2,62 cm alors que l'accession 1tin du Portugal affiche la longueur moyenne la plus élevée soit 8 cm. Les populations locales affichent des longueurs de gousse variant entre 3,08 cm (Lat1) et 4,43cm (Lat4.2) (tableau 15).

L'accession 15 (1inc) d'Iran présente la plus faible largeur du grain soit une moyenne de 0,33 cm alors que la valeur moyenne la plus élevée est représentée par l'accession 8sat de Tunisie soit 1,64 cm. Chez les populations locales la largeur moyenne des grains varie de 0,80 cm (Lat1) à 1,42 cm (Lat4) (tableau 15).

Pour la longueur des graines, les accessions 15 (1inc) d'Iran et 16 (3inc) d'Ouzbékistan ont une longueur du grain la plus faible soit 0,18 cm alors que l'accession 9 (6art) d'Algérie affiche une longueur moyenne des graines la plus élevée soit 0,77 cm, ainsi que les populations Lat1 avec 0,47 cm et 2Lat2 avec 0,73 cm.

L'accession 3inc présente une largeur des graines la plus faible (0,15 cm) alors que l'accession 23sat enregistre la valeur la plus élevée (0,7 cm). Chez les populations locales, la largeur des graines varie de 0,53 (Lat3) à 0,62 (Lat1.2 et Lat4.1).

Tableau 15. Classement des moyennes de la biométrie des gousses et des graines chez les différentes accessions.

N°	Accessions	LOG	GH	LAG	GH	LOGN	GH	LAGN	GH
1	1ann	3,8	abcde	0,83	abcdefghijkl	0,4	cdefghi	0,4	cdefghi
2	1aph	2,62	a	0,72	abcdefghi	0,33	abcdef	0,33	bcdf
3	2aph	2,93	abc	0,6	abcdefg	0,3	abcde	0,3	abc
4	3aph	3,27	abcde	0,67	abcdefgh	0,37	bcdefgh	0,3	abc
5	1art	4,8	cdefghij	0,62	abcdefg	0,45	defghijk	0,42	cdefghij
6	2art	6,23	ijkl	0,83	abcdefghijklmn	0,72	mno	0,52	efghijklmn
7	3art	5,07	efghij	0,6	abcdefg	0,45	defghijk	0,35	bcdefg
8	5art	4,63	bcdefghi	0,53	abcde	0,45	defghijk	0,38	cdefgh
9	6art	7,27	lm	0,97	bcdefghijklmnopqr	<u>0,77</u>	o	0,53	ghijklmn
10	7art	3,17	abcde	0,73	abcdefghij	0,45	defghijk	0,45	cdefghijkl
11	8art	6,27	jklm	0,83	abcdefghijklmno	0,52	fghijklm	0,53	ghijklmn
12	1cly	4,77	cdefghij	0,57	abcdef	0,35	bcdefg	0,28	abc
13	2cly	5,67	ghijk	0,83	babdefghijkln	0,6	ijklmno	0,5	defghijklmn
14	3cly	7	klm	0,87	abcdefghijklmnopq	0,5	fghijkl	0,57	hijklmn
15	1inc	3,77	abcde	0,33	a	0,18	a	0,18	ab
16	3inc	3,87	abcdef	0,47	abc	0,18	a	0,15	a
17	1och	5,63	fghijk	0,97	bcdefghijklmnopqr	0,53	fghijklm	0,43	cdefghijk
18	2och	4,73	cdefghij	0,97	bcdefghijklmnopqr	0,4	cdefghi	0,3	abc
19	1odo	6,87	klm	1,17	ghijklmnopqrs	0,4	cdefghi	0,33	bcdef
20	1ste	4,93	defghij	0,4	ab	0,27	abcd	0,2	ab
21	2ste	5,07	efghij	0,4	ab	0,3	abcde	0,28	abc
22	2sph	4,57	bcdefghi	0,5	abcd	0,27	abcd	0,2	ab
23	3sph	4,67	bcdefghij	0,4	ab	0,23	abc	0,2	ab
24	4sph	4,43	abcdefg	0,42	ab	0,2	ab	0,18	ab
25	5sph	5,77	hijk	0,4	ab	0,22	ab	0,2	ab
26	1tin	<u>8</u>	m	0,87	abcdefghijklmnop	0,57	hijklmn	0,4	cdefghi
27	1sat	4,03	abcdefg	1,1	efghijklmnopqr	0,57	hijklmn	0,42	cdefghijk
28	2sat	3,8	abcde	1,08	efghijklmnopqr	0,57	hijklmn	0,62	jklmn

Tableau 15 (suite). Classement des moyennes de la biométrie des gousses et des graines chez les différentes accessions

N°	Accessions	LOG	GH	LAG	GH	LOGN	GH	LAGN	GH
29	3sat	4,63	bcdefghi	1,39	mnopqrs	0,58	ijklmn	0,5	defghijklm
30	4sat	3,09	abcd	1,21	hijklmnopqrs	0,51	fghijkl	0,61	jklmn
31	5sat	3,87	abcde	1,39	mnopqrs	0,56	hijklmn	0,65	lmn
32	7sat	3,41	abcde	1,38	lmnopqrs	0,59	ijklmn	0,56	hijklmn
33	8sat	3,66	abcde	<u>1,64</u>	s	0,71	lmno	0,69	mn
34	10sat	3,01	abcd	1,3	jklmnopqrs	0,52	fghijklm	0,56	hijklmn
35	11sat	3,72	abcde	0,86	abcdefghijklmnopq	0,5	fghijkl	0,56	hijklmn
36	12sat	3,28	abcde	1,43	qrs	0,58	ijklmn	0,61	jklmn
37	13sat	3,22	abcde	1,48	rs	0,56	hijklmn	0,61	jklmn
38	15sat	3,23	abcde	0,88	abcdefghijklmnopq	0,41	cdefghij	0,33	abcd
39	16.sat	3,23	abcde	0,95	abcdefghijklmnopqr	0,55	ghijklmn	0,55	hijklmn
40	23.sat	3,6	abcde	1,13	fghijklmnopqrs	0,63	klmno	<u>0,7</u>	n
41	25.sat	3,17	abcde	0,68	bcdefghi	0,5	fghijkl	0,47	cdefghijkl
42	17sat	3,05	abcd	0,72	bcdefghi	0,51	fghijkl	0,5	defghijklmn
43	18sat	3,09	abcd	0,77	bcdefghij	0,41	cdefghij	0,57	hijklmn
44	19sat	2,77	ab	0,67	bcdefgh	0,52	fghijklm	0,61	jklmn
45	20sat	2,97	abc	0,76	bcdefghij	0,48	efghijkl	0,52	efghijklmn
46	21sat	3,09	abcd	0,83	abcdefghijklmnop	0,42	cdefghij	0,5	defghijklm
47	22sat	3,46	abcde	1,04	cdefghijklmnopqr	0,59	ijklmno	0,53	ghijklmn
48	24sat	3,26	abcde	0,88	abcdefghijklmnopq	0,48	efghijkl	0,57	hijklmn
49	Lat1	3,06	abcd	0,8	bcdefghijk	0,47	efghijkl	0,57	hijklmn
50	Lat.2	3,89	abcde	1,05	defghijklmnopqr	0,73	no	0,59	ijklm
51	Lat1.2	3,9	abcde	1,25	ijklmnopqrs	0,62	jklmno	0,62	jklmn
52	Lat.3	4,03	abcdefg	1,35	klmnopqrs	0,65	klmno	0,53	ghijklmn
53	Lat4.2	4,43	abcdefg	1,4	opqrs	0,57	hijklmn	0,52	efghijklmn
54	Lat2.1	3,91	abcde	1,03	cdefghijklmnopqr	0,6	ijklmno	0,57	hijklmn
55	Lat4	3,58	abcde	1,42	pqrs	0,57	hijklmn	0,57	hijklmn
56	Lat4.1	3,37	abcde	1,25	ijklmnopqrs	0,67	klmno	0,62	klmn
Moy.		4,19		0,9		0,49		0,46	
CV%		31,69		40,13		31,57		34,09	
SIG.		***		***		***		***	

*** effet très hautement significatif ($P < 0,001$)

La figure 8 montre les photos de la plante, de la fleur, de la gousse et de la graine chez les différentes espèces étudiées.



Figure 8. Photos de la plante, la fleur, la gousse et la graine des 11 espèces de *Lathyrus* étudiées

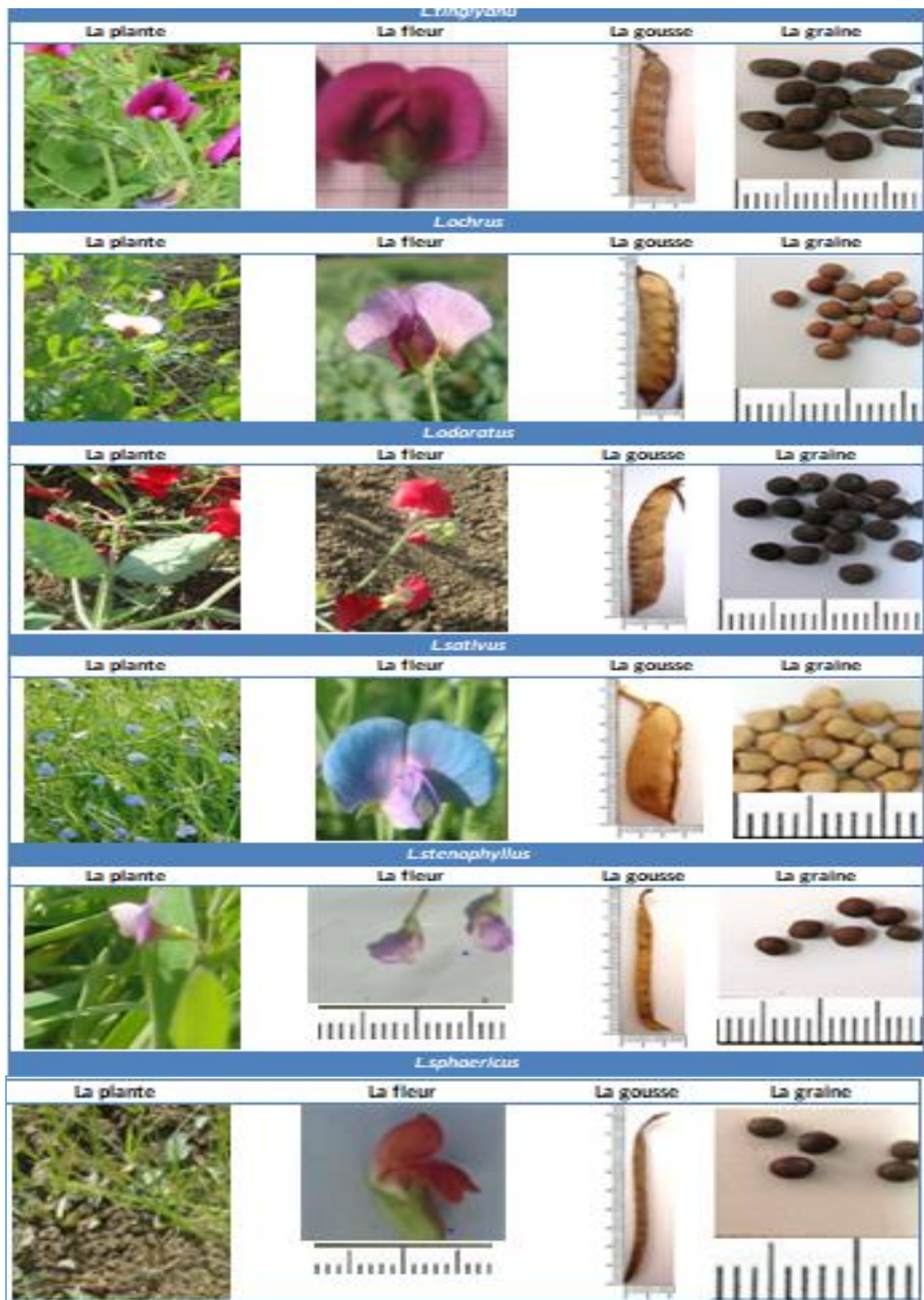


Figure 8 (suite). Photos de la plante, la fleur, la gousse et la graine des 11 espèces de

3.2.2. Corrélations entre les 22 caractères étudiés

L'analyse en composantes principales a fourni une matrice des corrélations entre les caractères mesurés (Annexe 1, tableau 24). La majorité de ces corrélations sont très hautement significatives ($r > 0,537$). L'analyse de cette matrice met en évidence des corrélations positives et négatives entre de nombreux caractères.

La plus forte corrélation positive ($r = 0,99^{***}$) a été obtenue entre la longueur de l'étendard (LOE) et la largeur de l'étendard (LAE). Il existe de fortes corrélations positives entre les paramètres relatifs à la biométrie de la fleur, des graines et des gousses et entre les caractères morphologiques. Les fortes corrélations positives ($r = 0,65^{***}$) entre la biomasse (BIO) et date de maturité (MT) ; la biomasse et la hauteur de la tige (HT), la longueur de la tige à la première gousse (L1G), le nombre de graines par gousse (NGNG), le poids de mille grains (PMG) et le rendement en grain. Ce dernier caractère est corrélé également au poids de mille grains (PMG) et au nombre de gousses par plant (NGP).

La plus forte corrélation négative ($r = -0,43$) lie le rendement en grain (RDT) et le nombre de grains par gousse (NGRG). Les corrélations négatives ont été observées entre le rendement et les caractères phénologiques ce qui suggère que les accessions les plus productives sont les plus précoces. Ces différentes relations montrent que les caractères phénologiques et la productivité sont significativement corrélés.

4. Discussion

La caractérisation morphologique est l'une des étapes importantes dans la description et la classification du germoplasme des plantes cultivées (Manzano *et al.*, 2001 ; Yobi *et al.*, 2002 ; Radhouane, 2004). En outre, tout programme d'amélioration s'appuie nécessairement sur la variabilité morfo-phénologique (Smith *et al.*, 1991). Cette caractérisation permet de mettre à la disposition des améliorateurs des informations capitales, nécessaires pour leurs travaux (Fraleigh, 1987).

Les analyses descriptives de la diversité inter et intra-espèces ont montré des différences très hautement significatives pour l'ensemble des caractères étudiés. Les variations importantes observées pour les différents paramètres (coefficient de variation élevé) sont attribuées aux différentes espèces et aux différentes régions géographiques et habitats des accessions/espèce étudiées (Sammour *et al.*, 2007). L'estimation de la variation a montré une grande diversité inter-espèces qui peut être attribuée à des facteurs génétiques et environnementaux (Sammour *et al.* 2007 ; Allahverdiyeva et Asgarov, 2018). Cette diversité

a été structurée en 4 groupes. Le groupe 1 rassemble les espèces (*L. sativus*, *L. ochrus* et *L. odoratus*) de taille et biomasse élevées et possédant un nombre de gousses par plant, un poids de mille grains et un rendement en grain élevé. Le groupe 2, formé par les espèces *L. artycularis*, *L. clymenum* et *L. annuus* présentent des caractères moyens par rapport à l'ensemble. Par contre, le groupe 3 constitué de *L. stenophyllus*, *L. sphaericus*, *L. incospicuis* et *L. aphaca* est caractérisé par des accessions courtes et présentant les plus faibles valeurs de rendement en grain et de ses composantes avec les plus petits grains et fleurs. Le groupe 4 composé d'une seule accession 1 tin se distingue significativement de toutes les autres par les caractères suivants : la durée du cycle, la hauteur de la tige, le nombre de gousses par plant, le nombre de ramifications et la longueur de la gousse.

L'ACP a montré que la précocité, les caractères de rendement, ainsi que la taille des graines, gousses et fleurs contribuent à discriminer les accessions. Ces descripteurs sont donc les plus pertinents pour l'explication de la variabilité.

Les corrélations constituent un outil indispensable pour les améliorateurs dans le choix des caractères à intégrer dans les programmes de sélection. La précocité est un facteur adaptatif qui permet de maintenir un rendement ou une qualité satisfaisante malgré les stress (thermiques et hydriques). Ces corrélations montrent que les plantes tardives sont plus hautes et elles ont tendance à développer une plus grande ramification et par conséquent un plus grand rendement.

Barasan (2016) a bien souligné que les caractères phénologiques sont fortement influencés par les changements agro-météorologiques et qu'ils pouvaient subir de ce fait des changements importants. Sarwar *et al.* (1995) trouvent que chez l'espèce *Lathyrus sativus*, la durée moyenne de la floraison est de 79 jours et elle est de 125 jours à la maturité. De la Rosa et Martin (2001) ont évalué 150 accessions de *Lathyrus sativus* et ont trouvé que ces populations sont plus tardives que celles évaluées par Hanbury *et al.*, (1999). Grela *et al.*, (2012) notent une étroite relation entre *Lathyrus sativus* et *Lathyrus cicera* pour le nombre de jours du semis à la floraison.

Beaucoup d'auteurs ont signalé que plus le cycle est court plus la variété a des chances d'arriver à maturité (De la Rosa *et al.*, 1999 ; De la Rosa et martin, 2001 ; Barro-Kondombo, 2010 ; Ghalmi *et al.*, 2010 ; Nadjiam *et al.*, 2015 ; Rahal, 2016) dans les conditions agro-climatiques difficiles des zones sèches et arides d'Afrique et d'Asie (Ousmane *et al.*, 2014).

Ainsi, les dates de floraison, de formation et de maturation des gousses indiquent nettement que l'accession Itin est la plus tardive. Cependant, elle peut être retenue pour sa production en graines. En effet, cette accession a exprimé un poids de 1000 graines élevé. Les accessions appartenant à l'espèce *L. sativus*, *L. odoratus* et/ou *L. ochrus* peuvent être retenues pour leurs fortes productions en graines et leur précocité. La grande variation de la taille des graines observée dans cette étude peut être utile à l'améliorateur, en particulier les corrélations entre la taille des graines et le rendement sont confirmées par Hanbury *et al.* (1995) et Grela *et al.* (2012). De plus, Rybinsky *et al.*, (2008) ont trouvé que le poids de 100 graines est corrélé à la longueur, la largeur et l'épaisseur de la graine ce qui est en accord avec nos résultats.

Les études de Upadhyaya *et al.*, (2005) et Bautista Salas (2009) ont montré que les accessions du germoplasme de pigeonpea d'Océanie étaient caractérisées par une courte durée de croissance, une petite taille, peu de branches, des gousses avec peu de graines, une plus petite taille des graines et de faibles rendements en grain. Les accessions d'Afrique étaient plus tardives, d'une taille plus grande, avec des gousses multi grains et de plus grandes graines.

Les populations locales présentent des caractéristiques morphologiques d'intérêt agronomique ce qui montre l'intérêt de leur implication dans des programmes d'amélioration.

5. Conclusion

Au cours de ce travail, nous avons contribué à l'étude de la caractérisation agromorphologique de 56 accessions appartenant à 11 espèces provenant de différentes origines géographiques, dans un but de déterminer la diversité contenue dans la collection à l'aide des 22 descripteurs. La diversité inter-espèces apparaît très importante et cela indépendamment de leur origine géographique et de leur attribution taxonomique.

Les accessions analysées ont présenté une variabilité phénotypique importante pour la plupart d'entre elles. Les fortes corrélations observées entre paramètres morphologiques et agronomiques font des caractères concernés des indices importants à utiliser dans les programmes d'amélioration. L'ACP et la CAH ont confirmé cette importante variabilité morphologique. Il ressort de la forte représentativité des trois axes de l'ACP (83,4 %), l'existence d'une forte organisation phénotypique du matériel étudié. Cette diversité a été structurée en 4 groupes.

Les caractères liés à la graine, la gousse, la fleur, la phénologie, la hauteur de la plante et aux paramètres liés au rendement sont les plus distinctifs.

L'ensemble des résultats a permis une bonne compréhension de la structure et de la distribution de la diversité actuelle et permettra de définir les stratégies des futures missions de collecte pour une meilleure conservation et une utilisation de la collection dans les programmes de reproduction, de valorisation et de promotion du germplasma. Enfin, une étude génétique par le biais des marqueurs moléculaires doit venir compléter ces observations et fournir une analyse plus fine qui aidera à entreprendre un programme de conservation par l'établissement d'une collection noyau (core-collection).

***CHAPITRE III. ETUDE DE LA DIVERSITE GENETIQUE DE
QUELQUES POPULATIONS LOCALES DE GESSE (LATHYRUS
SATIVUS)***

1. Introduction

Les stratégies de sélection envisageables pour l'amélioration génétique nécessitent une bonne connaissance de la diversité génétique qui s'est accumulée au sein des variétés traditionnelles sous l'effet des sélections naturelle et humaine. Les morphotypes cultivés par les paysans méritent une investigation poussée pour mieux les discriminer.

La variabilité des espèces végétales, en général, s'exprime au niveau des caractéristiques de l'appareil végétatif et/ou de l'appareil reproducteur de la plante (Mars et Marrakchi, 2004).

Les descripteurs morphologiques, malgré l'influence des facteurs environnementaux, restent tout de même pertinents pour des travaux préliminaires de caractérisation. Il a été montré que les cultivars constituent le réservoir des gènes utiles pour l'amélioration des plantes cultivées (Jana et Choudhuri, 1982).

Pour une exploitation efficiente de la gesse locale et afin de la sauvegarder d'une éventuelle disparition, une évaluation de la variabilité agro-morphologique de douze populations locales et de deux témoins a été entreprise. Les accessions performantes et les caractères qui se révéleront intéressants seront utilisés pour de futurs travaux de sélection et d'amélioration variétale.

Cette étude se propose d'évaluer la diversité des populations locales de gesse cultivée, il s'agit

- (1) : d'analyser la variabilité agro-morphologique des populations de gesse ; et
- (2) : d'identifier les variables les plus discriminantes qui différencient ces populations.

2. Matériel et méthodes

2.1. Matériel végétal

Douze populations locales et deux variétés étrangères de *Lathyrus sativus* ont été utilisées dans cette étude (tableau 16 ; figure 9).

Tableau 16. Codes des 12 populations locales et 02 variétés étrangères et leur provenance

N°	Code	Nom de l'espèce	Source
1	L1	L. sativus	Khroub1
2	L2	L. sativus	Khroub2
3	L3	L. sativus	Constantine
4	L4	L. sativus	Constantine
5	L5	L. sativus	Alger
6	L6	L. sativus	Constantine
7	L7	L. sativus	Ouest1
8	L8	L. sativus	Ouest2
9	L9	L. sativus	Tizi Ouzou
10	L10	L. sativus	Tizi Ouzou
11	L11	L. sativus	Tizi Ouzou
12	L12	L. sativus	Tissemsilt
13	L13	L. sativus	Pakistan USDA
14	L14	L. sativus	United states USDA



Figure 9. Les zones de provenance des populations locales

2.1. Présentation de l'essai

L'essai a été réalisé sous abri à la station de recherche de Mehdi Boualem de Baraki, située à une altitude de 18m à 3°11' de longitude Est et de 36°68' de latitude Nord. Le climat est de type subhumide caractérisé par un hiver doux et un été chaud. La pluviométrie moyenne annuelle est supérieure à 500 mm.

Les pots ont un volume de 5 l, remplis de 2/3 de terre argileuse et 1/3 de tourbe placés sur des palettes sous un abri grillagé. Le semis a été effectué le 19 décembre 2013 à raison de 3 graines par pot. Après la levée, un démariage des plants a été fait en laissant 2 plants par pot. Le dispositif est un bloc aléatoire complet à raison de trois blocs avec 15 répétitions/population/bloc (figure 10).



Figure 10. Photo de l'essai

2.3. Caractères étudiés

Le suivi du comportement des plantes a été fait quotidiennement. Les données quantitatives ont été également recueillies. Vingt descripteurs ont été utilisés pour caractériser les 14 accessions (tableau 17).

Tableau 17. Les caractères quantitatifs mesurés

Caractères	Méthodes de mesure	Abréviations
	Stades phénologiques	
Date floraison	Nombre de jours du semis jusqu'à l'apparition de 50 % de fleurs (jours)	df
Date de formation des gousses	Nombre de jours du semis jusqu'à 50 % des plants qui ont leurs gousses formées	dg
Maturité	Nombre de jours du semis jusqu'à 80 % des plants qui ont leurs gousses mures	dm
	Caractères morphologiques	
Hauteur du plant	mesurée du sol jusqu'à la pointe de la plus longue tige (cm)	ht
Longueur du pédoncule	Longueur du pédoncule (cm)	lp
Nombre de ramifications primaire par plant	Comptage du nombre de ramifications primaires	nr
	Caractères agronomiques	
Nombre de gousses par plant	Estimé à partir de la moyenne des plants pris au hasard	ng
Nombre de graines par gousses	Nombre moyen de graines comptées sur 20 gousses prises au hasard	ngrg
Nombre de graines par plant	Nombre moyen de graines par plant	ngr
Poids de 1000 graines	1000 graines ont été prises au hasard de chaque plant et pesées à l'aide d'une balance de précision en g.	pmg
Biomasse aérienne (g)	le plant récolté a été pesé (g)	biom
Rendement en grain par plant (g)	Les graines de chaque plant récolté ont été pesées (g).	rdt
Poids des gousses par plant	Poids des gousses par plant (g)	pog
	Biométrie de la fleur	
Longueur de la carène	Longueur maximale de la carène (cm)	loc
Largeur de la carène	Largeur maximale de la carène (cm)	lac
Longueur de l'étendard	Longueur maximale de l'étendard (cm)	loe
Largeur de l'étendard	Largeur maximale de l'étendard	lae
	Biométrie de la gousse	
Longueur de la gousse	Longueur moyenne maximale des gousses mures prises au hasard (cm).	log
Largeur de la gousse	Largeur moyenne maximale des gousses mures prises au hasard (cm).	lag
	Biométrie de la graine	
Longueur de la graine	Estimée à partir de la longueur moyenne maximale des graines prises au hasard (cm)	logr
Largeur de la graine	Estimé à partir de la largeur moyenne maximale des graines prises au hasard (cm).	lagr

2.4. Traitement et analyse des données

Les résultats obtenus lors de ce travail ont été traités par une analyse de variance à un facteur étudié pour tester les différences entre les populations. Les moyennes ont été soumises au test des groupes homogènes (test LSD Fisher ou ppds). L'évaluation de la structuration de la diversité morphologique a été faite par une Analyse en Composantes Principales (ACP) et une Classification Hiérarchique Ascendante (CAH). Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide des logiciels GENSTAT et STATISTICA version 6.

3. Résultats

3.1. Analyse de la variance et comparaison des moyennes

Les résultats de l'analyse de la variance à un facteur ont montré qu'il y a une variabilité génotypique significative à très hautement significative pour tous les caractères étudiés (Tableaux 18, 19, 20 et annexe 2, tableaux 1 à 21).

3.1.1. Caractères phénologiques et morphologiques

Au niveau des stades phénologiques (tableau 18 et annexe 2, tableaux 1, 2, 3, 4, 5 et 6), les populations les plus précoces ont formé leur première fleur à 76 j après le semis et les plus tardives à 91,33 jours avec un coefficient de variation de 5,76 %. Le stade de formation des gousses varie de 98 jours (pour les populations précoces L2, L3, L4, L5, L6, L7, L9 L11, L12 et la variété témoin L13) à 108,33 jours (pour la population tardive L10) avec un coefficient de variation de 3,64 %. La date de maturation des accessions varie de 156,67 à 163,77 jours après le semis avec un coefficient de variation de 1,63%. La comparaison des moyennes a permis de définir 4 groupes homogènes. Le premier groupe, ayant la date de maturation la plus courte, est composée des populations L2, L3, L4 et L6. Le dernier groupe, qui a la date de maturation la plus longue, est composé des populations L9 et L1.

Au niveau des caractères morphologiques, l'analyse de la variance (tableau 18) de la hauteur de la tige a mis en évidence l'existence de différences significatives entre les accessions étudiées ($p < 0,05$). Le coefficient de variation est de 10,91% (tableau 17). Le test de comparaison des moyennes de ce paramètre a fait ressortir trois groupes différents. En effet, les populations L2, L4, L7, L8, L9, L10 et L11 constituent le premier groupe qui présente la hauteur de la tige la plus courte. Les populations L1, L3, L5, L12 et la variété témoin L14 forment le dernier groupe avec une hauteur de la tige la plus élevée.

Le nombre de ramifications varie de façon hautement significative ($p < 0,01$) de 3,93 à 6, le coefficient de variation est de 15,75 % (tableau 18). La comparaison des moyennes fait ressortir 03 groupes homogènes. Les populations L1, L2, L4, L5, L6, L7, L8, L9, et L10 représentent le premier groupe qui a le plus faible nombre de ramifications. La variété témoin L14 forme le dernier groupe caractérisé par le nombre de ramifications le plus élevé.

La longueur du pédoncule varie significativement ($p < 0,05$) de 17,81 à 23,7 avec un coefficient de variation de 10,58% (tableau 18). La comparaison des moyennes fait ressortir 03 groupes homogènes. Les populations L2 et L7 représentent le premier groupe et a le plus faible nombre de ramifications. Les populations L1, L3, L4, L5, L6, L10, L11, L12 et les variétés témoins L13 et L14 forment le dernier groupe caractérisé par la longueur du pédoncule la plus élevée.

Tableau 18. Classement des moyennes des caractères phéno-morphologiques de 12 populations locales et 02 variétés témoins de gesse (*L. sativus*)

Pop	df (jours)	GH	dg (jours)	GH	dm (jours)	GH	ht (cm)	GH	nr	GH	lp (mm)	GH
L1	90,33	cd	103	bc	163,77	d	68,01	c	5,06	abc	22,38	c
L2	85,67	bc	99	ab	156,67	a	60,7	abc	5,13	abc	18,73	ab
L3	89,33	bcd	99,67	ab	158,27	ab	68,5	c	5,73	bc	21,93	c
L4	89,33	bcd	100,33	abc	159,33	ab	60,67	abc	4,43	abc	23,7	c
L5	89,33	bcd	101,33	abc	163,13	cd	67,47	c	4,24	ab	22,05	c
L6	76	a	99,33	ab	159,67	abc	62,75	bc	4,59	abc	22,77	c
L7	85,67	bc	101,67	abc	160,93	bcd	55,2	ab	4,81	abc	17,81	a
L8	86,33	bcd	104	cd	160,6	bcd	53,45	a	3,93	a	20,96	bc
L9	91,33	d	98,67	a	163,33	d	61,27	abc	4,73	abc	21,07	bc
L10	84,33	b	108,33	e	160,3	bcd	57	ab	4,47	abc	21,53	c
L11	85,67	bc	100,33	abc	160,5	bcd	57,89	ab	4,2	ab	22,59	c
L12	79	a	100	abc	160,67	bcd	69,1	c	4,99	abc	22,96	c
L13	89	bcd	98	a	160,27	bcd	63,36	bc	5,63	bc	22,09	c
L14	89,67	cd	107,33	de	162,93	cd	67,26	c	6	c	23,2	c
CV%	5,76		3,64		1,63		10,91		15,75		10,18	
Moy.	86,5		101,5		160,5		62,33		4,85		21,7	
Sig	*		***		*		*		***		*	

df : Date de floraison. **GH**: Groupes homogènes. **dg**: Date de formation des gousses. **dm**: Date de maturation. **ht** : Hauteur tige **nr** : Nombre de ramification. **lp**: Longueur du pédoncule. **CV**: coefficient de variation. **Moy.**: moyenne. **Sig** : Niveau de signification * $P < 0,05$, ** $P < 0,01$, *** $P < 0,001$.

3.1.2. Biomasse aérienne, rendement et ses composantes

L'analyse de la variance montre une variabilité génotypique pour la production de biomasse aérienne hautement significative ($p < 0,01$) (annexe 2, tableau 7). Cette dernière varie de 10,10 à 18,55 g/plante avec un coefficient de variation de 22,82% (tableau 20). La comparaison des moyennes montre 4 groupes. Le groupe ayant la plus faible production de biomasse aérienne est composé des populations L11, L10, L9, L8, L7, L6, L4, L2 et L1 alors que la population L5 représente le groupe ayant produit la biomasse la plus élevée.

Le nombre de gousses par plant varie de façon très hautement significative ($p < 0,001$) de 9,43 à 16,68, le coefficient de variation est de 26,77% (tableau 19 et annexe 2, tableau 8). La comparaison des moyennes montre 3 groupes. Le groupe ayant le plus faible nombre de gousses par plant est composé des populations L11, L10, L9, L8, L4, L2, L1 et L7, alors que la population L5 représente le groupe ayant donné le nombre de gousses le plus élevé.

Le nombre de grains par gousse varie de façon hautement significative ($p < 0,01$) de 1,5 à 2,8. Le coefficient de variation est de 27,76 % (tableau 19 et annexe 2, tableau 9). La comparaison des moyennes montre 4 groupes. Le groupe ayant le plus faible nombre de grains par est composé des populations L7, L6, L5, L4, L2 et L1, alors que la variété témoin L13 représente le groupe ayant donné le nombre de grains par gousse le plus élevé.

Le nombre de grains par plant varie de façon très hautement significative ($p < 0,001$) de 12,41 à 35,33 avec un coefficient de variation de 35,33 % (tableau 19 et annexe 2, tableau 10). La comparaison des moyennes fait ressortir 4 groupes. Le groupe ayant le plus faible nombre de graines par plant est composé des populations L3, L4, L7 et L9, alors que les variétés témoins L13 et L14 représentent le groupe ayant donné le nombre de graines par plant le plus élevé.

Le rendement moyen en grain varie de façon très hautement significative ($p < 0,001$) de 2,5 à 6,8 g/plant, le coefficient de variation est de 37,58 % (tableau 19 et annexe 2, tableau 11). La comparaison des moyennes permet de distinguer 5 groupes homogènes. Le groupe ayant le plus faible rendement en grain est composé des populations L3, L4, L6, L7, L10, L11 et la variété témoin L13. La variété témoin L14 et la population L8 représentent le groupe ayant le rendement en grain le plus élevé.

Le poids moyen de mille graines varie de façon hautement significative ($p < 0,01$) (annexe 2, tableau 12) de 120,92 à 211,34 g avec un coefficient de variation de 21,68 %

(tableau 19) . La comparaison des moyennes fait ressortir 4 groupes homogènes. Le premier groupe est formé des populations L5, L7, L9, L2 et L12 qui ont produit un poids de mille graines le plus petit, tandis que la variété témoin L13 a donné le poids de mille grains le plus élevé.

Le poids moyen des gousses varie de façon très hautement significative ($p < 0,001$) (annexe 2, tableau 13). Ce caractère varie de 3,91 à 7,24g, le coefficient de variation est de 22,95 % (tableau 19) et. La comparaison des moyennes fait ressortir 5 groupes homogènes. Les populations L1, L2, L4, L5, L6, L11, L12 et la variété témoin L13 représentent le premier groupe et ayant le plus faible poids des gousses. La variété témoin L14 forme le groupe caractérisé par le poids des gousses le plus élevé.

Tableau 19. Classement des moyennes de la biomasse, du rendement et ses composantes de 12 populations locales et 02 variétés étrangères de gesse (*L. sativus*)

Pop	biom (g)	GH	ng	GH	ngrg	GH	ngr	GH	rdt (g)	GH	pmg (g)	GH	pgo (g)	GH
L1	11,62	ab	12,87	abcde	1,77	ab	20,55	c	4,72	cd	168,56	bcd	4,28	ab
L2	12,30	abc	12,77	abcd	1,99	ab	32,40	d	3,91	abcd	128,08	ab	3,91	a
L3	15,53	cd	13,90	bcde	2,37	bcd	12,41	a	2,50	a	177,24	cd	5,25	bcd
L4	12,18	abc	11,33	abc	1,72	ab	12,66	ab	3,49	abc	171,87	bcd	3,90	a
L5	18,57	d	16,68	de	1,67	ab	20,77	c	5,24	de	120,92	a	4,01	ab
L6	11,74	ab	14,37	cde	1,72	ab	19,22	c	3,95	abcd	177,99	cd	4,82	ab
L7	11,95	abc	12,65	abcd	1,50	a	12,76	ab	3,46	abc	154,32	abc	5,71	cd
L8	11,15	a	11,89	abc	2,33	bcd	21,44	c	6,80	e	193,86	cd	6,39	de
L9	10,98	a	12,10	abc	2,00	ab	18,00	abc	2,97	ab	120,88	a	5,27	bcd
L10	10,88	a	9,73	ab	2,39	bcd	18,34	bc	3,11	abc	200,73	cd	5,20	bcd
L11	10,10	a	9,43	a	2,13	abc	18,73	c	3,33	abc	190,39	cd	4,81	ab
L12	13,35	abc	14,03	cde	2,80	cd	20,33	c	4,56	bcd	164,85	abcd	4,09	ab
L13	12,85	abc	21,01	f	3,06	d	35,33	d	3,21	abc	211,34	d	5,03	ab
L14	15,29	cd	16,99	ef	1,70	ab	30,00	d	6,68	e	186,44	cd	7,24	e
CV%	22,82		26,77		27,76		35,33		37,58		21,68		22,95	
Moy.	12,75		13,55		2,08		20,93		4,14		169,10		4,99	
Sig	**		***		**		***		***		**		***	

biom : Biomasse aérienne ; **ng** : Nombre de gousses/plant ; **ngrg** : Nombre de grains /gousse ; **ngr** : Nombre de grains / plant ; **pmg** : Poids de mille grains ; **rdt** : Rendement en grains/plant ; **pog** : Poids des gousses/plant. ; **CV**: coefficient de variation. **Moy.**: moyenne. **Sig** : Niveau de signification ; ** $P < 0,01$, *** $P < 0,001$

3.1.3. Biométrie des gousses, des graines et des fleurs

La longueur de la gousse varie de façon très hautement significative ($p < 0,0001$) (annexe 2, tableau 14). de 29,86 à 35,4 cm, le coefficient de variation est de 5,6 % (tableau 19). La comparaison des moyennes fait ressortir 05 groupes. Le groupe ayant la plus faible production de biomasse aérienne est composé des populations L1, L11, L10 et L13 alors que la population 5 représente le groupe ayant donné une longueur de la gousse la plus élevée.

La largeur de la gousse varie de façon hautement significative ($p < 0,001$) (annexe 2, tableau 15). Ce caractère varie de 8,97 à 13,67 cm avec un coefficient de variation de 11,2 % (tableau 20). La comparaison des moyennes montre 7 groupes. La population L12 donne la plus faible largeur de la gousse, alors que l'accession 5 forme le groupe ayant donné le nombre de gousses le plus élevé.

La longueur des graines varie de façon très hautement significative ($p < 0,001$) (annexe, tableau 16). Elle varie de 3,87 à 9,03mm avec un coefficient de variation est de 22,08 % (tableau 20). La comparaison des moyennes montre 6 groupes. Le groupe ayant le plus faible nombre de gousses par plant est composé uniquement de la variété témoin L13, alors que la population L2 représente le groupe ayant la longueur de la graine la plus élevée.

La largeur des graines varie significativement ($p < 0,001$) (annexe 2, tableau 17) de 3,9 à 8,82 mm avec un coefficient de variation de 20,03 mm (Tableau 20,). La comparaison des moyennes fait ressortir 7 groupes. Le groupe ayant la plus faible largeur de la graine est composé uniquement de la variété témoin L13 provenant du Pakistan, alors que la population L2 est le groupe qui a donné la largeur de la graine la plus élevée.

La longueur de la carène varie de façon hautement significative ($p < 0,01$) (annexe 2, tableau 18) de 1,53 à 2,57 mm avec un coefficient de variation de 13,38 % (tableau 20). La comparaison des moyennes permet de distinguer 4 groupes homogènes d'accessions. Le groupe ayant la plus faible longueur de la corolle est la variété témoin L13 du Pakistan. L'accession L12 d' Ouled Bessem représente le groupe ayant la longueur de la carène la plus élevée.

La largeur de la carène varie significativement ($p < 0,05$) (annexe 2, tableau 19) de 1,27 à 1,83 mm avec un coefficient de variation est de 10,62 % (tableau 20). La comparaison des moyennes montre 4 groupes homogènes. Le premier groupe est formé la variété témoin L13

du Pakistan qui a donné la largeur de la carène la plus petite, tandis que la population L7 a donné la largeur de la carène la plus élevée.

La longueur de l'étendard (partie située au-dessus de l'axe de la fleur) varie de façon très hautement significative ($p < 0,001$) (annexe 2, tableau 20) de 0,6 à 1,47 mm avec un coefficient de variation de 19 % (tableau 20). La comparaison des moyennes distingue 3 groupes homogènes d'accessions. La variété témoin L13 du Pakistan représente le premier groupe et a la plus faible largeur de l'étendard. La population L2 forme le groupe caractérisé par la longueur de l'étendard la plus élevée.

La largeur de l'étendard varie de façon très hautement significative ($p < 0,001$) (annexe 2 tableau 21) de 0,47 à 0,77 mm, le coefficient de variation est de 14,66 % (Tableau 20). La comparaison des moyennes permet de distinguer 5 groupes homogènes d'accessions. Le groupe ayant la plus faible largeur de l'étendard est la variété témoin L13 du Pakistan. La population L2 représente le groupe ayant la largeur de l'étendard la plus élevée.

Tableau 20. Classement des moyennes de la biométrie des gousses, graines et fleurs de 12 populations locales et 02 variétés étrangères de gesse (*L. sativus*)

Pop	log (mm)	GH	lag (mm)	GH	logr (mm)	GH	lagr (mm)	GH	loc (cm)	GH	lac (cm)	GH	loe (cm)	GH	lae (cm)	GH
L1	33,5	bcde	12,9	defg	8,25	ef	8,24	fg	2,27	bcd	1,63	bcd	1,1	b	0,67	bcde
L2	32,89	bcd	12,92	defg	9,03	f	8,82	g	2,23	bcd	1,57	bc	1,1	b	0,6	bc
L3	34,26	cde	12,44	cdef	7,97	ef	7,82	ef	2,37	cd	1,57	bc	1,47	c	0,6	bc
L4	33,26	bcde	12,63	cdef	7,39	de	6,88	cde	2,2	bc	1,6	bc	1,17	b	0,57	ab
L5	35,4	e	13,1	efg	7,63	de	7,2	de	2,27	bcd	1,43	ab	1,17	b	0,7	cde
L6	33,41	bcde	12,51	cdef	7,79	def	7,23	de	2,17	bc	1,57	bc	1,1	b	0,6	bc
L7	34,57	de	13,49	fg	8,52	ef	7,78	ef	2,3	bcd	1,83	d	1,33	bc	0,63	bcd
L8	34,92	de	13,76	g	8,24	ef	7,51	ef	2	b	1,7	cd	1,17	b	0,77	e
L9	32,77	bcd	11,61	c	6,41	cd	6,19	c	2,23	bcd	1,6	bc	1,23	bc	0,73	de
L10	31,71	ab	11,83	cd	5,86	bc	6,37	cd	2,3	bcd	1,6	bc	1,2	b	0,6	bc
L11	31,99	abc	12,55	cdef	7,36	de	7,08	bcd	2,2	bc	1,7	cd	1,17	b	0,67	bcde
L12	29,86	a	8,97	a	4,8	ab	4,59	b	2,57	d	1,53	bc	1,27	bc	0,57	ab
L13	31,34	ab	10,18	b	3,87	a	3,9	a	1,53	a	1,27	a	0,6	a	0,47	a
L14	33,33	bcde	12,2	cde	7,19	cde	6,95	bcd	2,13	bc	1,57	bc	1,13	b	0,7	cde
CV	5,6		11,2		22,08		20,03		13,38		10,62		19		14,66	
%																
Moy.	33,09		12,22		7,16		6,9		2,2		1,58		1,16		0,63	
Sig	**		***		***		***		**		*		***		***	

Log : Longueur gousse ; **Lag** : Largeur gousse; **Logr** : Longueur des graines ; **Lagr** : Largeur des graines ; **Loc** : Longueur carène ; **Lac** : Largeur de la carène ; **Loe** : Longueur de l'étendard ; **Lae** : Largeur de l'étendard ; **GH** : Groupes homogènes ; **CV**: coefficient de variation. **Moy.**: moyenne. **Sig** : Niveau de signification * P < 0,05, ** P < 0,01 et *** P < 0,001

3.2. Corrélations entre les caractères quantitatifs

Comme l'indique le tableau 22 en annexe 2, l'analyse de cette matrice montre une forte corrélation positive entre de nombreux caractères.

Des corrélations positives et très hautement significatives (annexe 2, tableau 22) ont été observées entre la longueur et la largeur des graines ($r=0,98$; $p=0,001$), la largeur des gousses et la longueur des graines ($r=0,89$; $p=0,001$); la longueur des gousses et la largeur des gousses ($r=0,87$; $p=0,0001$) ; la largeur des gousses et la largeur des graines ($r=0,87$; $p=0,001$) ; la longueur des gousses et la largeur de graines ($r=0,69$; $p=0,001$) ; la longueur de la carène et la longueur de l'étendard ($r=0,86$; $p=0,001$). Des corrélations positives et hautement significatives entre la biomasse, la hauteur ($r=0,66$; $p=0,01$) et le nombre de gousses ($r=0,60$; $p=0,01$) ; la largeur de la carène et la longueur de l'étendard ($r=0,66$; $p=0,001$). Des corrélations positives entre d'une part la hauteur de la tige et d'autre part la longueur du pédoncule ($r=0,54$; $p=0,05$) et le nombre de gousses par plant d'autre part ($r=0,53$; $p=0,05$) ; le nombre de grains par gousse et le poids de mille grains ($r=0,48$; $p=0,05$).

Des corrélations négatives ont été observées entre la longueur et la largeur de la gousse et le nombre de graines par gousse ($r=0,66$; $p=0,01$; $r=0,73$; $p=0,001$ respectivement). Ce dernier est corrélé négativement à la longueur des grains ($r=-0,75$; $p=0,001$) et la largeur des grains ($r=-0,71$; $p=0,001$ (annexe 2, tableau 22).

3.3. Analyse en composantes principales

Les résultats issus de l'analyse en composantes principales, présentés dans le tableau 23, a permis de retenir les cinq premiers axes factoriels pour l'étude de la variabilité. Les 5 premières composantes expliquent respectivement 37,49, 16,92, 13,82, 8,27 et 6,38 % de la variabilité, soit 82,89 % de la variabilité totale.

Tableau 21. Valeurs propres des axes et corrélations des variables avec les 5 premiers axes factoriels

	Axe 1	Axe 2	Axe 3	Axe 4	Axe 5
Val. propre	6,75	3,05	2,49	1,49	1,15
% Total	37,49	16,92	13,82	8,27	6,38
Cumul	37,49	54,41	68,23	76,50	82,89
biom	0,14	0,86	0,22	0,03	-0,02
ht	0,41	0,66	0,50	0,17	0,16
nr	0,49	0,44	0,13	-0,31	0,37
lpg	0,46	0,15	0,34	0,54	-0,41
ng	0,68	0,61	-0,27	-0,01	0,10
logo	-0,68	0,53	-0,30	-0,06	-0,21
lago	-0,84	0,21	-0,42	-0,12	-0,11
nrgg	0,75	-0,37	0,07	-0,10	-0,06
logr	-0,89	0,27	-0,19	-0,08	0,20
lagr	-0,85	0,26	-0,14	-0,13	0,21
df	0,16	0,42	0,22	-0,54	-0,60
ngr	0,59	0,25	-0,54	-0,07	0,21
pmg	0,40	-0,42	-0,31	0,15	-0,10
rdt	-0,14	0,31	-0,44	0,79	0,10
loc	-0,50	-0,01	0,78	0,18	0,24
lac	-0,84	-0,37	0,07	-0,03	0,06
loe	-0,69	0,00	0,64	0,04	0,05
lae	-0,66	0,21	-0,08	0,23	-0,42

L'examen des coordonnées des variables (tableau 21) montre que le premier axe caractérise les populations ayant un nombre de gousses élevé et un nombre de graines par gousse élevé et à graines et fleurs les plus petites. Le second axe se définit par des populations dont la biomasse (Biom) et la hauteur de la tige (ht) sont les plus élevées. Le troisième axe caractérise les populations possédant une grande carène (loc). Le quatrième axe définit les populations ayant un rendement élevé (rdt). Le dernier axe avec un seul caractère, la date de floraison (df), qui lui est corrèle. Ces caractères constituent donc la source de variation la plus forte.

La figure 11 montre la projection de variables sur le plan des deux premiers axes. L'axe 1 est positivement corrélé aux nombres de ramifications (nr), de gousses par plant (ng), de graines par plant (ngr) et de graines par gousse (nrgg) et négativement corrélé à la taille des gousses, des graines et des fleurs.

L'axe 2 est fortement lié aux composantes du rendement des plantes, de la biomasse (biom) et de la hauteur des tiges (ht).

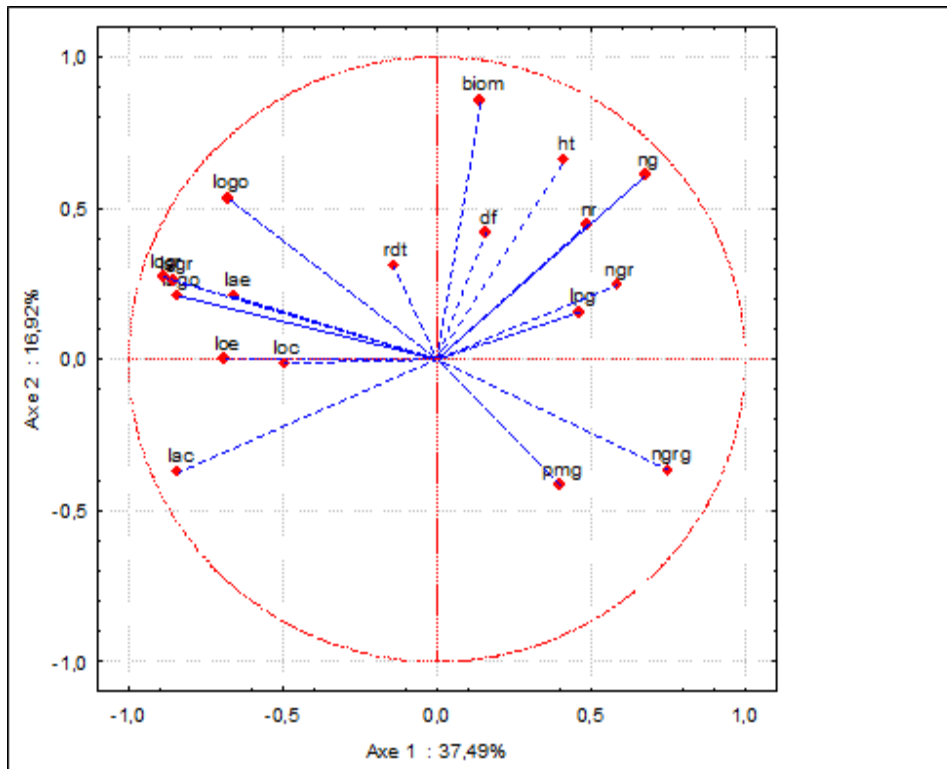


Figure 11. Analyse des composantes principales selon les modalités des variables quantitatives.

3.4. Analyse de la diversité des populations

Le dendrogramme construit en se basant sur les 18 caractères quantitatifs étudiés a permis de répartir les populations et les variétés témoins en 3 groupes (figures 12 et 13).

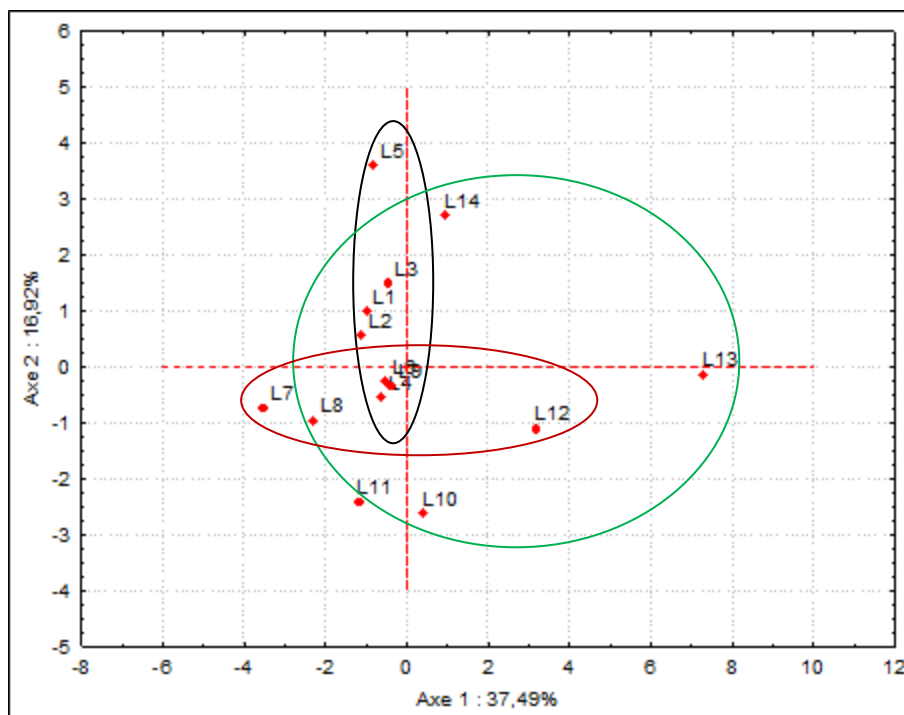


Figure 12. Représentation graphique de la distribution spatiale de 12 populations locales et 02 variétés témoins dans les plans 1-2.

Le groupe 1 constitué par les populations L2, L5 et L9 qui sont caractérisées par des rendements en biomasse élevés, une hauteur de la tige élevée et des gousses courtes avec un nombre moindre de graines par gousse. Les tailles des fleurs, des gousses et des graines sont les plus grandes chez ce groupe.

Dans le groupe 2, on trouve les populations L3, L6, L4, L12, L1 et L7 ayant une taille et une biomasse intermédiaires.

Le groupe 3 comprend les populations L13, L10, L14, L11 et L8 qui sont caractérisées par une biomasse et une hauteur des tiges les plus faibles. Les variables longueur des gousses et nombre de graines par gousse sont presque identiques aux individus du groupe 2 mais la taille des fleurs et des graines est plus petite.

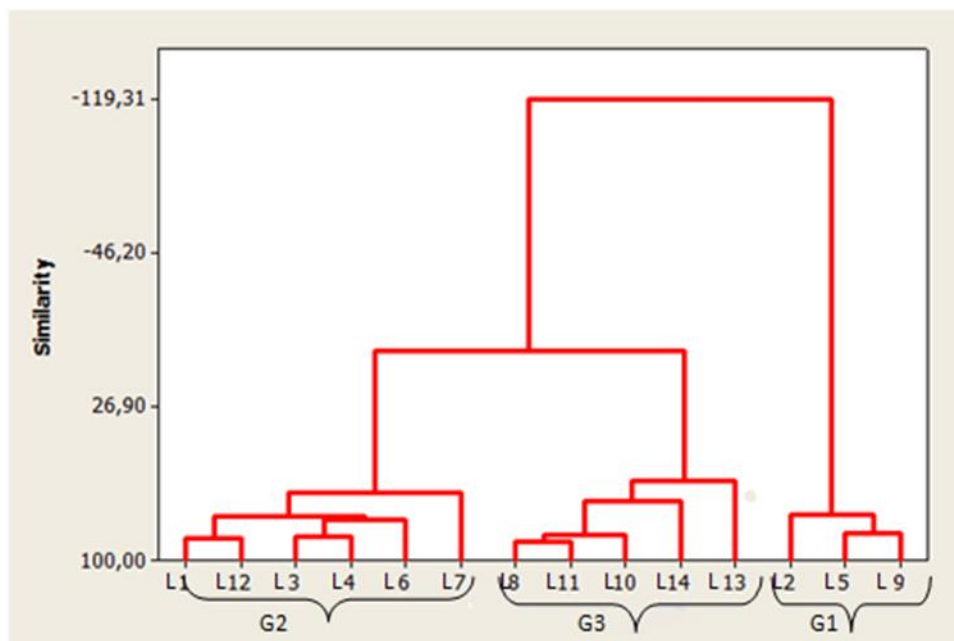


Figure 13. Classification hiérarchique ascendante (CHA) de 12 populations locales et 02 variétés témoins.

4. Discussion

Les analyses descriptives ont montré une forte diversité agro-morphologique pour l'ensemble des caractères analysés. L'effet de la population est significatif pour tous les caractères. Les variations importantes observées pour les différents paramètres témoignent d'un polymorphisme phénotypique important entre les populations.

Les corrélations constituent un outil indispensable pour les améliorateurs dans le choix des caractères à intégrer dans les programmes de sélection.

Des corrélations entre le nombre de gousses par plante, la hauteur de la plante et la taille de la graine ont été enregistrées. Les populations à petites graines ont donc plus de graines par gousse que les populations à grosses graines. Des corrélations similaires ont été obtenues par Campbell *et al.* (1994), Campbell (1997) et Grela *et al.*, (2012). La grande taille des gousses est un caractère héréditaire à 84,1 % (Gupta *et al.*, 2018 ; Singh, 1997) et cela pourrait éventuellement améliorer les rendements.

Des corrélations positives et significatives ont été observées entre les composantes du rendement (biomasse, hauteur et nombre de ramifications). La sélection pour le rendement en biomasse pourrait être efficace pour prédire les meilleures accessions. De plus, ces caractères hauteur et biomasse des plantes sont les plus héréditaires (Maamouri, 2014). Ces deux

caractères contribuent fortement à la diversité phénotypique et dans les programmes de sélection.

La classification ascendante hiérarchique basée sur les coordonnées des individus sur les 2 premiers axes de l'ACP, représentant au total plus de 54,36 % de la variabilité totale, a permis d'identifier trois grands groupes phénotypiques. L'analyse a montré que la biomasse, la hauteur ainsi que les caractères des graines et des gousses contribuent à différencier entre les populations. L'étude a montré une variabilité importante structurée en 3 groupes. Le groupe 1 renferme les populations à forts rendements en biomasse et avec des hauteurs de la tige élevées. La taille de leurs fleurs, de leurs gousses et de leurs graines sont les plus grandes. Le second groupe comporte les individus de taille et de biomasse intermédiaires. Le groupe 3 est composé d'individus ayant des biomasses et des hauteurs de tiges les plus faibles. La taille de leurs fleurs, de leurs gousses et de leurs graines est la plus petite. Cette variabilité génétique observée entre les populations peut être exploitée pour la sélection variétale ou un programme d'amélioration. Ces descripteurs sont donc les plus pertinents pour l'explication de la variabilité. La biomasse, la hauteur de la plante et les caractères liés à la gousse et les graines sont des variables qui ont servis à décrire la variabilité des populations. Les différents groupes ainsi formés offrent une possibilité de choix de géniteurs pour la création de variétés de gesse ayant de hauts potentiels de rendement fourrager.

5. Conclusion

Au cours de cette étude, une caractérisation agro-morphologique de quelques populations de gesse a été réalisée. Ce travail constitue une première caractérisation de quelques populations algériennes de gesse. Le suivi de certains caractères morphologiques a été réalisé suivant les descripteurs de l'IPGR (2000) pour mettre en évidence les caractéristiques des populations algériennes. En effet, tous ces paramètres présentent des différences significatives. Trois groupes différents de populations ont été déterminés. En effet, nous avons observé une variabilité entre les populations basée surtout sur la biomasse et la hauteur de la tige, ces dernières peuvent être sélectionnées à des fins alimentaires pour le bétail grâce à leur forte productivité en fourrage.

La variabilité observée dans cette étude pourrait être due au régime préférentiellement allogame de cette espèce. De plus, ces traits intéressants peuvent être pris en compte dans des programmes d'amélioration variétale. La variabilité agro-morphologique observée dans cette

étude permet d'affirmer que ces populations constituent un véritable réservoir génétique. La préservation de ces populations permet de réduire les effets de l'érosion génétique.

Cette diversité, obtenue à l'issue de l'évaluation phénotypique des populations, permettra une utilisation rationnelle de cette ressource dans les programmes d'amélioration de la gesse.

***CHAPITRE IV. TOLERANCE AU STRESS HYDRIQUE DE
QUELQUES POPULATIONS DE GESSE (LATHYRUS SATIVUS)***

1. Introduction

En Algérie, le genre *Lathyrus* est cultivé principalement pour la production de graines (alimentation humaine) et également utilisé comme fourrage (alimentation animale) par les petits agriculteurs. *Lathyrus sativus* L. ou gesse a une bonne résistance à la sécheresse et a été cultivé avec succès dans des zones où la moyenne annuelle des précipitations est de 380 mm à 650 mm (Campbell *et al.*, 1994 ; Hanbury *et al.*, 2000). Cependant, sa place reste très limitée par rapport à celle des autres légumineuses. Le déficit hydrique est l'un des facteurs les plus importants qui affectent non seulement la croissance et le développement des plantes, mais limitent également la productivité (Boyer, 1982). Sous un niveau de sécheresse extrême, la gesse est la seule culture productive et devient la seule nourriture pour les pauvres dans certaines zones rurales ou marginales (Vaz Patto *et al.*, 2006). En conséquence, la gesse est considérée comme l'une des sources d'amidon et de protéines les plus prometteuses pour les populations et elle est en expansion dans les régions d'Asie et d'Afrique sujettes à la sécheresse (Jiao *et al.*, 2011; Vaz Patto *et al.* 2006).

La gesse a non seulement un potentiel en tant que culture importante pour l'alimentation animale et humaine, mais elle peut également être utile pour les études sur la résistance à la sécheresse des plantes. Le stress hydrique qui survient à n'importe quel moment pendant la croissance reproductive peut entraîner une forte modification du rendement en grain. Le moment le plus propice pour évaluer un déficit hydrique sur de nombreuses cultures productrices de semences est l'élongation des tiges et la période de la floraison (Kakaei *et al.*, 2010, Ahmadi *et al.*, 2012, Zebarjadi *et al.*, 2012). Comparé à d'autres légumineuses, la gesse a développé certains caractères morphologiques de tolérance à la sécheresse, dont des feuilles étroites, des tiges avec des bordures ailées et un système racinaire profond et étendu. La recherche fondamentale sur les mécanismes de la résistance à la sécheresse de la gesse est essentielle pour comprendre comment cette plante combat le stress dû au manque d'eau. À mesure que les ressources en eau deviennent plus limitées, le développement de cultures tolérantes à la sécheresse deviendra de plus en plus important.

L'objectif de cette expérience était de déterminer l'influence du stress hydrique appliqué lors de la floraison de 5 populations algériennes et de 2 variétés de gesse (*Lathyrus sativus*).

2. Matériel et méthodes

2.1. Matériel végétal

Cinq populations algériennes (4Lat 4-1, 4Lat 4-2, 2lat2-1, lat.3-1 et 1 Lat-1), et 2 variétés témoins provenant des Etats-Unis, Washington (21 Lat) et du Pakistan (11Lat) de *Lathyrus sativus* (c'est le même témoin L13 et L14 utilisés dans le chapitre précédent) ont été évaluées sous deux conditions hydrique (irriguée et stressée).

2.2. Présentation de l'essai

L'expérience a été réalisée à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique d'El Harrach à Alger sous serre. Les accessions de gesse ont été semées dans des pots (14 litres) contenant un mélange de 25 % de tourbe, 25 % de terre et 25 % de sable. Le dispositif expérimental est un split-plot avec six répétitions. Lorsque les plantes ont atteint le stade floraison, un stress hydrique a été imposé pour les pots stressés, tandis que les pots non stressés ont continué à être irrigués. Le stress a été interrompu lorsque 80 % de l'eau disponible dans le sol avait été épuisée. La capacité au champ a été déterminée par la méthode gravimétrique après 72 h de drainage. Les pots des deux traitements ont été pesés quotidiennement.

2.3. Variables mesurées

Quatorze variables quantitatives, ont permis de décrire les accessions. Il s'agit de la hauteur du plant (HP), du nombre de branches primaires par plant (NBP), du nombre de graines par gousse (NGRG), du nombre de gousses par plant (NGP), du nombre de graines par plant (NGRP), du poids de mille graines (PMG), du poids des gousses (PG), de la durée de floraison (DF), de la longueur des gousses (LOG), de la largeur des gousses (LAG), de la longueur du pédoncule (LP), de la date de maturité (DM), du rendement biologique (BIO), du rendement en grain par plant (RDT) et de la teneur en protéines (PROT). Le poids de mille grains et le rendement en grain ont été mesurés à l'aide d'une balance de précision. Le nombre de graines par gousse et le nombre de gousses par plant ont été comptés manuellement. La méthode de Kjeldahl (AFNOR, (1985) a été utilisée pour déterminer la teneur en protéines (PROT).

% de protéines brutes = azote total x 6,25

2.4. Analyses statistiques

L'analyse de la variance (ANOVA), les corrélations, l'analyse en composantes principales et le dendrogramme ont été obtenus à l'aide des logiciels GEN STAT et STATISTICA (Système logiciel d'analyse de données, version 6, Stat Soft Inc.).

3. Résultats et discussion

3.1. Analyse de la variance

Une analyse de la variance a été réalisée afin d'étudier les effets des génotypes et du stress hydrique sur les caractères de *Lathyrus sativus* (tableaux 22, 23 et annexe 3, tableaux 1 à 14). Les résultats ont montré qu'il y avait une différence significative entre les génotypes pour la date de floraison ($p < 0,05$), la date de maturité ($p < 0,05$), la largeur des gousses ($p < 0,001$), le nombre de gousses par plant ($p < 0,001$), le poids des gousses/plant ($p < 0,05$), nombre de grains/gousse ($p < 0,001$), le nombre de grains par plant ($p < 0,001$), poids de 1000 grains ($p < 0,001$) et le rendement en grain par plant ($p < 0,05$) à l'exception de la hauteur de la tige, la longueur des gousses, du nombre de branches primaires et de la biomasse aérienne. Les coefficients de variation pour les génotypes varient de 3,8 % (date de maturité) à 28,8 % (rendement biologique) (tableaux 21 et 22).

L'effet irrigation est significatif pour la hauteur de la tige ($p < 0,05$), la longueur des gousses ($p < 0,05$), la largeur des gousses ($p < 0,05$), le nombre de branches primaires ($p < 0,05$), le nombre de gousses/plant ($p < 0,001$), le poids des gousses/plant ($p < 0,05$), le nombre de grains/gousse ($p < 0,001$), le nombre de grains/plant ($p < 0,05$), le rendement en grain/plant ($p < 0,05$) et la biomasse aérienne ($p < 0,05$) à l'exception du poids de 1000 grains, de la date de floraison et de la date de maturité. Les coefficients de variation pour l'effet stress varient de 0,9 % (date de maturité) à 10,20 % (nombre de gousses et poids de 1000 graines) (tableaux 21 et 22).

L'effet interaction génotype \times stress était significatif (annexe 3, tableaux 1 à 14) pour la date de maturité ($p < 0,01$), le poids des gousses/plant ($p < 0,01$) et le rendement en grain/plant ($p < 0,05$). Cela indique que les populations réagissaient différemment au traitement hydrique pour ces caractères (tableaux 21 et 22, annexe 3, tableaux 1 à 14). Gallais (1990) a indiqué que la présence d'une interaction génotype \times environnement signifie que l'expression des gènes n'est pas la même dans diverses conditions environnementales. La comparaison avec le

test de Newman et Keuls (tableau 22) a montré que la variété témoin 21Lat en conditions irriguées donne un rendement en grain le plus élevé (21,05 g) et en conditions de stress (17,13 g), le rendement en grain a été réduit par rapport aux conditions d'irrigation (34,11%).

La réduction du rendement en grain variait de 19 à 39 % par rapport à l'irrigués, lorsque le stress hydrique était imposé au stade reproductif (Gunasekara *et al.*, 2006). Mafakheri *et al.* (2010) ont rapporté que le rendement des populations et leurs témoins était affecté par le stress hydrique, les plants stressés au stade végétatif, mais non stressés par la suite, ont donné un rendement significativement plus élevé que les plants stressés pendant l'anthèse ou au stade végétatif.

La comparaison des moyennes a montré que la variété témoin 11Lat donne le nombre le plus élevé de gousses par plant dans des conditions de confort hydrique (77,5) et de stress (38,3). Les résultats du tableau 21 ont montré que la moyenne des gousses par plant des populations de gesse dans des conditions de stress a été réduite par rapport aux conditions d'arrosage (39,96 %). Habituellement, lorsque le stress hydrique est appliqué après la floraison, il provoque la réduction du nombre de gousses par plant en raccourcissant la période de floraison, la durée de croissance reproductive et enfin la fertilité des fleurs (Nasri *et al.*, 2008). La diminution du rendement en grain dans des conditions de stress est due principalement à la réduction du nombre de gousses par plant (Lopez *et al.*, 1996, Pilbeam *et al.*, 1992). Selon Mouhouche *et al.* (1998), le nombre de gousses par plant est plus sensible dans les conditions de stress hydrique.

Les résultats du tableau 21 ont montré que le nombre moyen de grains par gousses des génotypes de gesse dans des conditions de stress a été diminué par rapport aux conditions arrosées (20,51%). La comparaison des moyennes a montré que la variété témoin 11Lat possède le nombre moyen de grains par gousse le plus élevé dans des conditions irriguées (4,22) et de sécheresse (3,23).

La production du rendement biologique des génotypes de gesse dans des conditions de stress (tableau 21) a été réduite par rapport aux conditions de confort hydrique (25,73 %). La comparaison des moyennes a montré que les variétés témoin 11Lat et 21 Lat ont le

rendement biologique par plant le plus élevé dans des conditions de confort hydrique (60,83 g) et de stress (52,07 g et 44,35 g respectivement).

L'analyse de la variance (annexe 3, tableau 1) a montré qu'il y avait une variation significative entre les génotypes pour la date de floraison (tableau 22). La comparaison des moyennes dans des conditions de confort hydrique a montré que la population 2Lat2-1 avec 94,17 jours après le semis a été la plus tardive et la variété témoin 11Lat avec 78,83 jours après le semis a été la plus précoce. La comparaison des moyennes dans des conditions de stress hydrique a montré que les génotypes 2Lat2-1 et 1Lat-1 avec 84,5 jours après le semis ont été les plus tardifs et le génotype 1Lat-1 avec 71,83 jours après le semis a été le plus précoce.

Les résultats du tableau 22 ont montré que la taille moyenne des génotypes de gesse dans des conditions de stress a diminué par rapport aux conditions de confort hydrique (12,05 %). Les résultats indiquent que le stress limite la croissance végétative et reproductive du plant.

Les résultats ont montré que pour tous les génotypes, la longueur des gousses était réduite dans des conditions de stress par rapport aux conditions irriguées. Les résultats du tableau 21 montrent que la longueur moyenne des gousses des populations de pois dans les conditions de stress a été réduite par rapport aux conditions irriguées (10,53 %). La comparaison des moyennes a montré que 4Lat4-1 avait la plus grosse gousse en conditions irriguées (1,55 cm) et en conditions de stress (1,36 cm). Les résultats ont montré que les génotypes à gousses les plus grosses ont été réduites dans des conditions de stress par rapport aux conditions de confort hydrique (7,46 %). Les résultats du tableau 23 ont montré que le nombre moyen de branches par accession dans des conditions de stress a diminué par rapport aux conditions irriguées (10,27 %). La réduction du nombre de branches provoquée par le stress, entraîne une réduction de la production et de la stimulation des primordiums des branches et réduit le transport des assimilats (Kahrizi et Allahvarand, 2012).

Les résultats du tableau 22 ont montré que la longueur moyenne du pédoncule des génotypes de *Lathyrus sativus* dans des conditions de stress a diminué par rapport aux conditions de confort hydrique (19,51 %).

L'analyse de la variance du pourcentage des protéines brutes n'a pas montré de différences significatives entre les génotypes (tableau 22). Les teneurs moyennes en protéines

brutes des populations de gesse soumises aux conditions de stress ont été augmentées par rapport à celles dans les conditions de confort hydrique (8,68 %). Ces résultats sont conformes à ceux obtenus par Henry et MacDonald (1978), Khalid (2006) et Osuawagwu et Edeoga (2013). Nos valeurs de protéines brutes étaient inférieures à celles rapportées par Granati *et al.* (2001), Milczak *et al.* (2001) et Karadag et Yavuz (2010). Karadag et Yavuz (2010) ont expliqué que les différents cultivars ont une croissance différente et que les teneurs en protéines brutes et le niveau d'azote du sol ont également affecté les valeurs protéiques brutes du plant.

Osuawagwu et Edeoga (2013) ont signalé que l'augmentation du pourcentage des cendres, de protéines brutes et de graisse brute dans les feuilles d'*O. gratissimum* et de *G. latifolium* pourrait être due à leur production accrue par les plants en réponse au stress hydrique.

Table 21. Classement des moyennes des caractères étudiés dans les conditions de stress (s) et d'irrigation (w) et le pourcentage de perte chez la gesse.

Genotypes	Nombre de gousses par plant		Poids des gousses(g)		Nombre de Grains/gousse		Nombre de grains / plant		Poids de mille grains (g)		Rendement en grain/plant(g)		Rendement biologique (g)		Protéine Brute (%)	
	w	s	w	s	w	s	w	s	w	s	w	s	w	s	w	s
4Lat4-1	42,17b	29,17cd e	22,12abcd	17,48de	3,23bc	2,35def	88,17d	54,50f	232,61bcd	199,90de	16,87bcd e	12,67f	53,63ab c	35,23d	17,75	18,83
4 Lat4-2	43,17b	29,00bc d	25,65a	20,07bc de	2,72cde	1,92f	82,67de	57,00ef	260,81abc	241,10bcd	19,90ab	14,82def	55,00ab c	40,12cd	16,97 a	18,69 a
2Lat2-1	40,50b	28,00cd e	23,82ab	17,03e	2,78cde	2,3ef	68,0def	56,17ef	226,47cd	295,46a	19,07abc	12,95f	57,85ab d	42,05bc a	16,89 a	21,23 a
3Lat3-1	36,00bcd	23,67e	22,63abc	16,95e	2,88bcd	2,38def	83,0de	53,0f	248,60abcd	201,25de	16,17cdef	13,31ef	57,90ab d	42,98bc d	18,06	20,69 a
1Lat-1	41,67b	25,5de	25,87a	18,18cd e	2,58de	2,32ef	78,17def	53,17f	267,70ab	261,14abc	20,07ab	14,62def	58,30ab d	43,50bc d	15,04 a	17,67 a
11Lat	77,5a	38,3bc	19,95bcde	17,22e	4,22a	3,23bc	183,16a	120,33c	114,12fg	89,26g	16,07cdef	13,48def	60,83a c	52,07ab c	17,36 a	19,45 a
21Lat	67,83a	46,17b	26,45a	22,87ab c	3,42b	2,85cde	152,17b	135,17b c	128,07fg	153,17ef	21,05a	17,13bcd	60,83a cd	44,35ab cd	18,37 a	19,06 a
Moyenne	49,83	31,41	23,78	18,54	3,12	2,48	102,62	75,62	212,49	205,9	21,45	14,14	57,76	42,9	17,21	19,37
Effet Genotype	***		*		***		***		***		*		NS		NS	
Effet Stress	***		*		***		***		NS		*		*		*	
Genotype x stress	NS		**		NS		NS		NS		*		NS		NS	
CV % génotype	22,70		19,10		17,30		25,90		20,40		19,40		28,80		13,8\5	
CV % stress	10,20		7,80		4,00		3,70		10,20		8,70		8,80		3,8	
Pourcentage De perte	36,96		22,03		20,51		26,31		3,10		34,11		25,73		8,68	

NB. *, ** et *** = significatif à $p < 0,05$, $p < 0,01$ et $p < 0,001$ respectivement.

Table 22. Classement des moyennes des caractères étudiés dans les conditions de stress (s) et d'irrigation (w) et le pourcentage de perte chez la gesse.

Génotypes	Date de floraison		Date de maturité		Hauteur de la plante (cm)		Longueur de la gousse (cm)		Largeur de la gousse (cm)		Nombre de ramifications primaires		Longueur du pédoncule (cm)	
	w	s	w	s	w	s	w	s	w	s	w	s	w	s
4Lat4-1	82,00bc	75,33bc	108,33bcd	103,17de	97,333a	75,33b	3,78abc	3,43bcd	1,55a	1,36bcd	8,0a	7,33a	4,72a	3,67bc
4Lat4-2	89,33ab	79,67ab	112,33ab	106,33bcde	96,583a	86,25ab	3,85a	3,45abcd	1,4bc	1,35bcd	7,67a	7,33a	4,13ab	2,75d
2Lat2-1	94,17a	84,55ab	111,83ab	111,17abc	94,167ab	86,25ab	3,83ab	3,4cd	1,45ab	1,28cd	7,83a	6,33a	4,08ab	3,5bcd
3Lat3-1	86,17bc	75,67bc	112,33ab	109,83abcd	90,67ab	89,17ab	3,78abc	3,38cd	1,32cd	1,23de	7,17a	6,5a	4,32ab	3,2cd
1Lat-1	85,67ab	71,83c	113a	111,33abc	87,167ab	74,67b	3,82ab	3,45abcd	1,4bc	1,35bcd	6,67a	6,5a	3,72bc	2,72d
11Lat	78,83bc	76,5bc	85e	87,83e	90,67ab	78,42ab	3,77abc	3,13d	1,15ef	1,1fg	7,0a	6,0a	4,72a	3,78bc
21Lat	79,00bc	74,00bc	105,5cde	102,5de	91,67ab	84,67a	3,78abc	3,53abcd	1,1fg	1,02g	7,5a	6,5a	3,67bc	3,88abc
Moyenne	85,02	76,79	106,9	104,59	92,63	81,47	3,8	3,4	1,34	1,24	7,4	6,64	4,19	3,36
Effet	*		*		NS		NS		***		NS		*	
Génotype	NS		NS		*		*		*		*		*	
Effet stress	NS		NS		*		*		*		*		*	
Génotype x stress	NS		**		NS		NS		NS		NS		NS	
CV % génotype	12,6		3,8		20,0		9,8		8,9		19,8		19,8	
CV % stress	3,5		0,9		4,4		3,0		3,1		8,8		8,8	
Pourcentage De perte	9,68		2,07		12,05		10,53		7,46		10,27		19,51	

NB. *, ** et *** = significatif à $p < 0,05$, $p < 0,01$ et $p < 0,001$ respectivement, NS = non significatif.

3.2. Analyse en composantes principales

Représentations des variables et des individus

L'analyse en composantes principales pour deux traitements (irrigué (W) et stressé (S)) a été réalisée sur la base de quinze caractères et les deux premiers axes expliquent ensemble 72,65 % de la variabilité (tableau 24). Le premier axe représente 43,09 % et le second, 29,29 %. Les corrélations des caractères analysés avec les deux premiers axes principaux est donnée dans le tableau 26.

Tableau 23. Analyse en composantes principales des populations locales et des variétés témoins

Axes factoriels	Axe 1	Axe 2
Valeur propre	6,46	4,39
Variabilité (%)	43,09	29,29
% cumulé	43,08	72,37
DM	0,22	-0,87
HP	-0,65	-0,33
LOG	-0,73	-0,36
LAG	0,07	-0,81
NBP	-0,51	-0,56
LOP	-0,77	0,06
NGP	-0,85	0,42
PG	-0,75	-0,40
GRG	-0,77	0,51
NGRP	-0,70	0,68
PMG	0,36	-0,82
RDT	-0,75	0,43
BIO	-0,91	0,04
PROT	-0,66	-0,17

La figure 14 montre que le premier axe est corrélé négativement avec la hauteur des plants (HP), la longueur des gousses (LOG), la longueur du pédoncule (LOP), le nombre de gousses par plant (NGP), le poids des gousses (PGO), le nombre de grains par gousse (NGRG), le nombre de grains par plant (NGRP), le rendement en grain par plant (RDT), le rendement biologique par plant (BIO) et les protéines brutes (PROT). Le deuxième axe est corrélé positivement avec la date de floraison (DF), la date de maturité (DM), la largeur de la gousse (LAG), le nombre de branches primaires (NBP) et négativement avec le poids de mille grains (PMG).

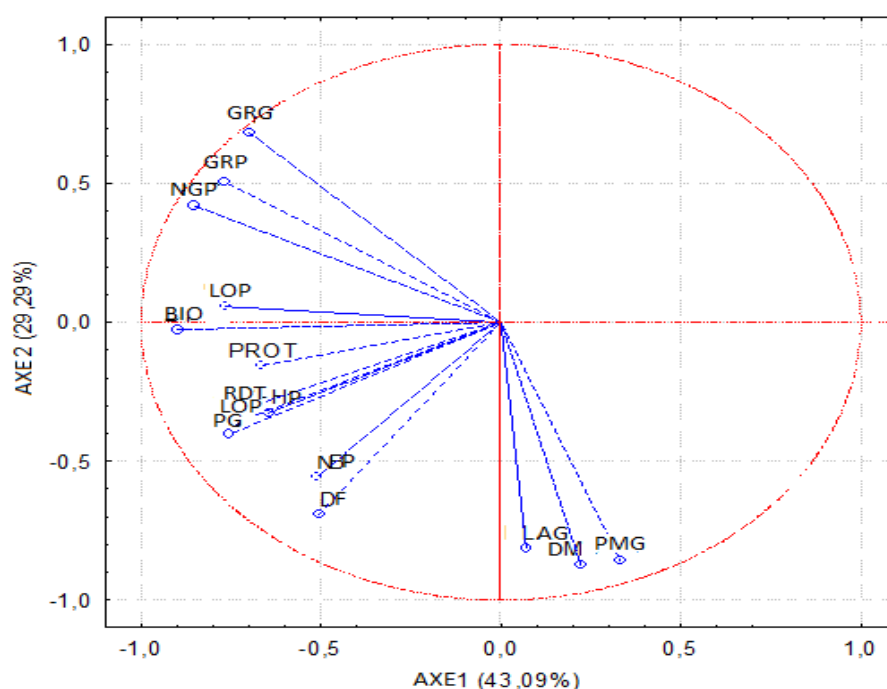


Figure 14. Projection des variables dans le plan formé par les axes 1 et 2

La projection des individus dans le plan 1-2 montre une séparation claire entre les populations locales et les variétés étrangères (Figure 14) en raison de leur origine géographique. Une opposition entre les populations locales (4Lat4-1W, 4Lat4-2W, 2Lat2-1W, 3Lat.3-1W et 1Lat-1W) est également observée au niveau du traitement irrigué (W) avec des valeurs plus élevées de rendement en grain par plant, de poids des gousses, de longueur des gousses, de hauteur de la plante, du nombre de branches primaires et de la date de floraison. Les mêmes individus mais sous stress hydrique (S) (4Lat4-1S, 4Lat 4-2S, 2Lat2-1S, 3Lat.3-1S et 1Lat-1S) ont une valeur élevée pour la largeur des gousses, la date de maturité et le poids de mille grains. Cependant, pour les variétés étrangères, un comportement similaire a

été noté chez les variétés étrangères 11LatS, 21LatS, 21LatW et 11LatW avec un nombre élevé de gousses et de grains par plant (figure 14).

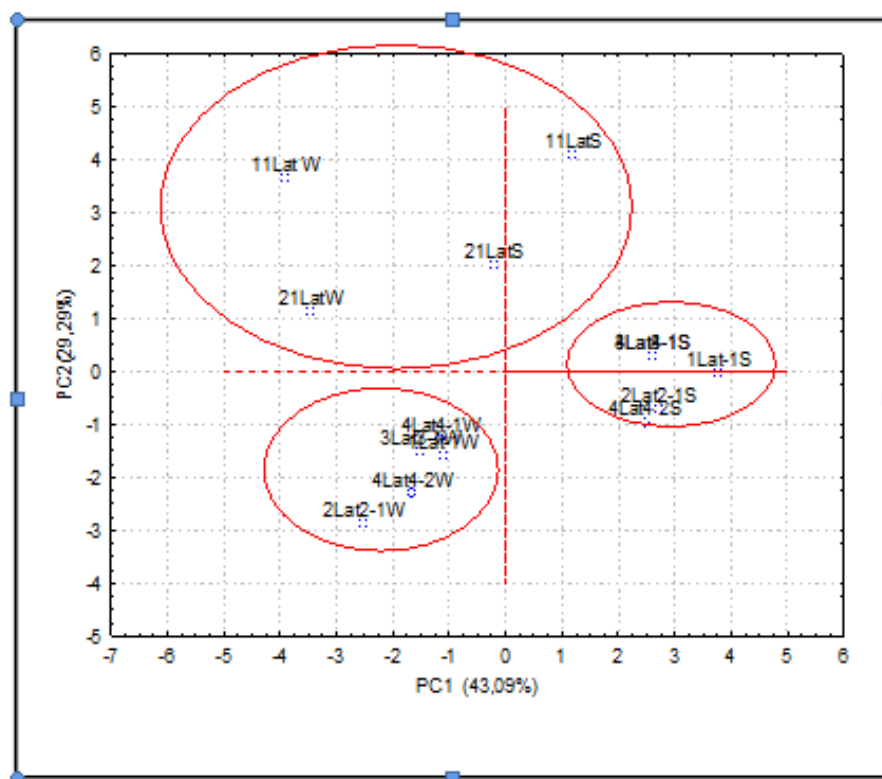


Figure 15. Projection des individus dans le plan formé par les axes 1 et 2

3.3. Corrélations

Les corrélations de Pearson ont été évaluées pour les deux traitements (stressé et irrigué). Les corrélations entre les caractères (annexe3, tableau 16) ont montré que le rendement en grain était significativement et positivement corrélé avec le nombre de gousses par plant ($r = 0,566 *$), la hauteur des plants ($r = 0,608 *$), le poids des gousses ($r = 0,977 ***$) et la longueur des gousses ($r = 0,663 **$). Ces résultats sont en accord avec ceux obtenus par Zirgoli et kahrizi (2015) qui ont rapporté qu'il y a une relation significative entre le rendement en grain, le nombre de gousses par plant et la longueur de la gousse. Pour l'amélioration et la sélection des plantes, il est intéressant que le nombre de gousses par plant et la longueur de la gousse puissent être sélectionnés. Sadaqat *et al.* (2003) ont constaté que le rendement en grain présentait des corrélations positives significatives avec la hauteur de la plante, le nombre de gousses par plant et le nombre des branches par plant dans des conditions de sécheresse. Des corrélations positives entre le nombre de gousses par plant et les caractères : nombre de

graines par plant ($r = 0,870$ ***), nombre de grains par gousse ($r = 0,923$ ***) et rendement biologique par plant ($r = 0,719$ **), ce qui concorde avec les résultats de Cambell (1997) et de Benková et Žáková (2001), où le nombre de gousses par plant a permis de donner un poids élevé des grains. Des corrélations significatives entre les protéines brutes d'une part et la date de floraison ($r = 0,548$ *) ; la hauteur de la plante ($r = 0,592$ *) et la longueur du pédoncule ($r = 0,654$ *) d'autre part ont été notées. D'autres corrélations positives et significatives ont été enregistrées entre le rendement biologique d'une part et la hauteur de la plante ($r = 0,581$ *), la longueur de la gousse ($r = 0,656$ *) et la longueur du pédoncule ($r = 0,648$ *) d'autre part. Une forte corrélation positive significative a été notée entre le nombre de jours à la floraison et la hauteur du plant ($r = 0,683$ **). Le nombre de jours jusqu'à la maturité présente une corrélation positive et significative avec la largeur de la gousse ($r = 0,567$ *) et des corrélations négatives et significatives avec le nombre de gousses par plant ($r = -0,551$ *), le nombre de grains par gousse ($r = -0,638$ *), le nombre de grains par plant ($r = -0,713$ **) et le poids de mille grains ($r = 0,814$ ***). Vidyadhar *et al.* (2007) ont obtenu des corrélations significatives avec le nombre de jours à la floraison, la hauteur des plants, la longueur des feuilles, la largeur des feuilles, le diamètre des tiges et le rendement fourragé suggérant que ces caractères pourraient être utiles pour les hybrides à haut rendement fourrager du mil.

3.4. Classification ascendante hiérarchique (CAH)

Les données obtenues à partir de l'essai ont été utilisées pour la classification hiérarchique en utilisant la méthode Ward et la distance euclidienne au carré. Les résultats de l'analyse par grappe ont montré que les populations avec leurs témoins sont divisées en trois groupes (I, II, III) dans les deux conditions (figure 16). Les résultats trouvés par l'analyse des clusters (Figure 16) sont identiques à ceux obtenus par l'ACP.

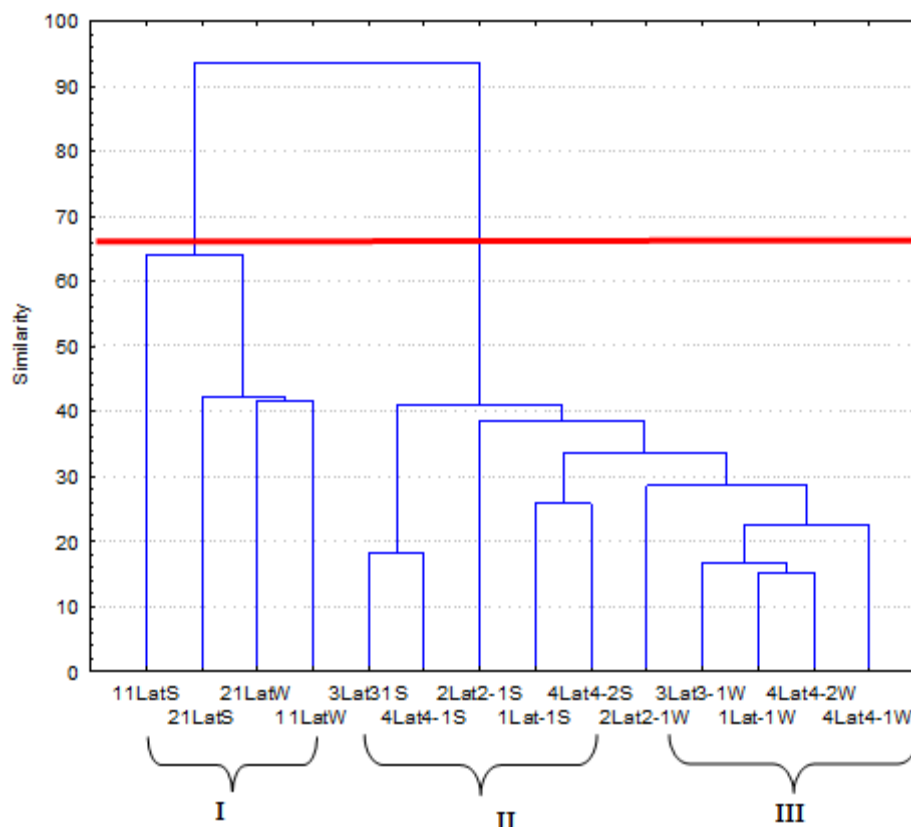


Figure 16. Dendrogramme pour 5 populations locales et 02 variétés témoins basé sur quinze caractères dans deux traitements (stressé (S) et irrigué (W)).

4. Conclusion

Les résultats obtenus au cours de cette étude montrent l'impact du stress hydrique sur les différentes populations locales et les variétés étrangères de gesse et sur tous les caractères étudiés.

L'interaction génotype \times stress était significative pour certains traits indiquant que les génotypes réagissaient différemment au manque d'eau.

Les résultats montrent que le stress hydrique entraîne un faible rendement en grain en raison d'un manque d'eau au stade critique de la plante.

Le rendement en grain par plant dans les conditions de stress hydrique peut être amélioré à travers la hauteur de la plante, la longueur des gousses et le poids des gousses par plant. Les caractéristiques de la plante, dont la hauteur de la plante, la longueur des gousses et le poids des gousses par plant, peuvent être utilisées pour la sélection indirecte des génotypes de gesse à haut rendement sous stress hydrique. La variété témoin 21 Lat et les populations locales 4Lat4-2 et 2Lat2-1 ayant des performances élevées pour la longueur des gousses, le poids des gousses par plant, le rendement en grains par plant, le rendement biologique et le poids de 1000 grains sont plus tolérantes aux conditions de stress hydrique. Ces génotypes pourraient être utilisés comme source de germoplasme pour l'amélioration à la tolérance au stress hydrique.

***CHAPITRE V. ETUDE DE LA VALEUR NUTRITIONNELLE DE
QUELQUES POPULATIONS DE GESSE (LATHYRUS SATIVUS)***

2. Introduction

Lathyrus sativus présente d'énormes potentialités agronomiques et alimentaires, c'est une excellente culture candidate pour fournir des protéines et de l'amidon pour l'alimentation humaine et animale dans de nombreux pays tels que le Bangladesh, la Chine, l'Inde, le Népal et le Pakistan et, dans une moindre mesure, dans de nombreux pays d'Europe, du Moyen-Orient, de l'Afrique du Nord, et au Chili et au Brésil dans le Sud de l'Amérique (Campbell *et al.*, 1993). Les graines contiennent 18,2 à 34,6% de protéines, 0,6% de matières grasses, 58,2% glucides (environ 35% d'amidon) et 0,38% d'acides aminés méthionine essentiels (Duke 1981, Williams *et al.*, 1994) et présentent une meilleure tolérance au pâturage par rapport aux autres légumineuses à graines (Moneim et Cocks, 1993). L'utilisation de légumineuses comme source de protéines dans l'industrie des aliments pour le bétail devrait augmenter dans le proche avenir (Hanbury *et al.*, 2000).

En Algérie, les fourrages cultivés sont composés essentiellement d'avoine qui représente 28% de la surface fourragère et 25% de la superficie sont affectés aux céréales fourragères : maïs, sorgho, orge, avoine et seigle. Pour les légumineuses fourragères, les espèces cultivées se limitent à la luzerne, le bersim et la vesce en association avec des graminées (Abdelguerfi et Laouar, 2002). Les contraintes essentielles se résument à la faiblesse de la production de semence, au peu de variabilité des espèces cultivées et à la contribution très modeste des cultivars locaux.

Comme les autres légumineuses à grains, la gesse contient des composées antinutritionnelles. L'acide bêta-oxalyl-diamino-propionique (β -ODAP) est un métabolite secondaire neurotoxique présent chez *Lathyrus sativus*. Les teneurs en β -ODAP, même au sein d'une même espèce, peuvent être influencés par l'environnement et les pratiques culturales. Des lignées dépourvues totalement en β -ODAP n'ont pas encore été identifiées, mais de faibles teneurs ont été signalées à moins de 0,01% au Canada, à l'ICARDA et en Éthiopie (Campbell, 1997)

L'objectif de ce travail est d'étudier la composition chimique des graines de 12 populations locales et de 02 variétés étrangères de *Lathyrus sativus*.

2. Matériel et Méthodes

2-1. Matériel végétal

Des graines appartenant aux douze (12) populations locales et de deux (02) variétés témoins de *L. sativus* (figure 17), étudiées dans le chapitre 3 ont été utilisées pour l'analyse de leurs composition chimique.

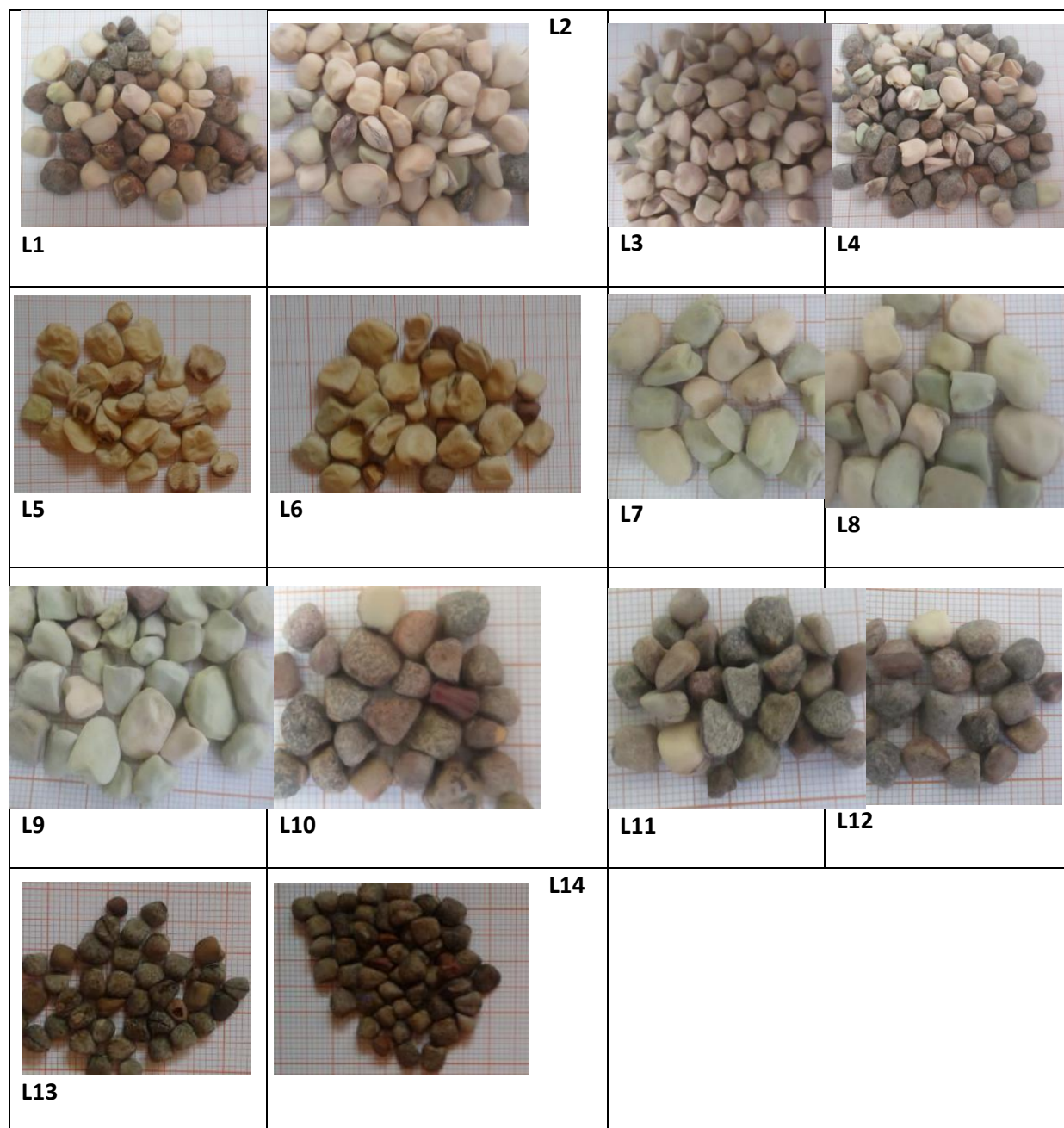


Figure 17. Photos des graines de 12 populations locales et 02 variétés étrangères étudiées

2.2. Caractères étudiés

La production en grain (P100 G) et la matière sèche (MS) sont important pour estimer la production. L'analyse chimique est la méthode la plus simple pour apprécier la qualité des produits alimentaires destinés aux ruminants. Cette dernière fournit une première évaluation du potentiel nutritif de l'aliment : La matière organique (MO), la matière minérale (MM), les protéines (CP) et la cellulose brute (CB). Compte tenu de la spécificité de cette espèce, un dosage de la teneur en Acide β -N-oxalyl-L- α , β -diaminopropionique (ODAP) a été réalisé pour permettre de sélectionner les populations non seulement les plus productives et les plus riches en MO et protéines mais aussi à faible dose de neurotoxine.

2.2.1. Poids de 100 grains (P100G)

Le comptage de 100 graines a été effectué manuellement et le poids à l'aide d'une balance électronique.

2.2.2. Teneur en matière sèche (MS)

La matière sèche des graines est déterminée après dessiccation de 3g de chaque échantillon dans une étuve à 105°C jusqu'au poids constant. La différence de poids correspond à la perte d'humidité et le résidu représente donc la teneur en matière sèche.

2.2.3. Teneur en matière organique (MO) et minérale (MM)

La matière minérale correspond au résidu obtenu après incinération de 3 g de graines de chaque échantillon sec dans un four à moufle à 550°C pendant 6 heures. La perte de poids correspond à la matière organique et le résidu aux cendres ce dernier correspond à la matière minérale.

2.2.4. Dosage des protéines totales (CP)

Les protéines sont dosées via le procédé Kjeldhal (AFNOR 1985). Ce procédé est basé sur le principe de la transformation des matières organiques azotées en ammoniacque sous l'action de l'acide sulfurique concentré et bouillant et en présence d'un catalyseur. Il suffit ensuite de doser l'ammoniacque pour connaître la concentration en protéines totales sachant que la teneur en protéines totales est égale à N Kjeldahl $\times 6,25$.

2.2.5. Dosage de la cellulose brute (CB)

La méthode largement utilisée pour l'estimation de la cellulose brute est la méthode de « Weende » : les matières cellulosiques sont le résidu organique obtenu après deux hydrolyses successives, l'une en milieu acide (acide sulfurique 0,26N) et l'autre en milieu alcalin (soude 0,23N). Les solutions sont appliquées à l'approche du point d'ébullition, chaque traitement dure $30 \text{ mn} \pm 1$. Le résidu est à chaque fois lavé à l'eau chaude et séché. Finalement, le résidu est calciné pendant 5 h à $400 \text{ }^\circ\text{C}$.

2.2.6. Dosage de la teneur en Acide β -N-oxalyl-L- α , β -diaminopropionique (ODAP)

La teneur en neurotoxine (ODAP) a été analysée selon la méthode de Rao modifiée (Rao, 1987). Les graines ont été finement broyées et 100 mg de ce broya a été ajouté à 10 ml d'éthanol 60% (v/v) pendant 5 h. La suspension a ensuite été centrifugée et 75 μl du surnageant ont été ajoutés à 92 μl d'eau distillée et 0,33 ml de KOH 3N. L'échantillon (3 répétitions/ accession) a été mis dans un bain marie pendant 30 mn (hydrolyse alcaline pour convertir l'ODAP en DAP qui peut être déterminé) et ensuite porté à 1 ml avec de l'eau. Pour détecter l'ODAP, le réactif OPT (Ortho-phthalaldehyde) a été utilisé, il est composé de 100 mg d'OPT, 1 ml d'éthanol à 95%, 0,2 ml de mercaptoéthanol et 99 ml de tétra de potassium tampon borate (0,05 M dans de l'eau distillée, pH 9,9). Ce réactif fraîchement obtenu est utilisé pendant 3 jours seulement. Le réactif OPT (2 ml) a été ajouté à l'échantillon et une couleur jaune est ainsi obtenue. La solution a été mesurée après 30 mn en utilisant un spectrophotomètre réglé à $\lambda = 420 \text{ nm}$. Les résultats obéissent à la loi de Beer. $A = C \epsilon L$
(A) l'absorbance, (C) la concentration, (ϵ) l'absorption est constante et (L) est la longueur du trajet qui est toujours de 1 cm.

2.3. Analyses statistiques

Les données enregistrées ont été dans une première phase soumises à une analyse descriptive. Les moyennes, les écarts types et les coefficients de variation ont été déterminés pour l'ensemble des traits quantitatifs. L'évaluation de la structuration de la diversité a été faite par une analyse en composantes principales (ACP) et une classification hiérarchique ascendante (CHA). Le logiciel STATISTICA (Système logiciel d'analyse de données, version 6, Stat Soft Inc.) a servi aux analyses.

3. Résultats

3.1. Analyse descriptive

Les résultats de l'analyse de la variance à un facteur (annexe 4, tableaux 1 à 7) ont montré qu'il y a une variabilité génotypique très hautement significative pour tous les paramètres étudiés (. Les coefficients de variation (tableau 25) varient de 0,17 % pour la matière organique (MO) à 11,82 % pour la cellulose (CB). On observe un coefficient de variation élevé pour le poids de 100 graines (P100G) et la teneur en ODAP avec respectivement 34,67 % et 33,04 % (tableau 28).

Tableau 25. Classement des moyennes des caractères mesurés

Pop	CP	GH	CB	GH	MS	GH	P100G	GH	MM	GH	MO	GH	ODAP	GH
L1	18,72	d	8,52	e	85,55	def	22,38	g	3,36	ab	96,64	ef	0,044	f
L2	19,12	e	8,19	d	85,1	bc	22,68	g	3,57	bcd	96,43	abcd	0,037	e
L3	19,29	ef	9,32	g	85,42	bde	15,93	de	3,72	cd	96,28	a	0,031	c
L4	18,30	c	9,39	g	85,81	f	20,37	f	3,66	bcd	96,34	ab	0,063	h
L5	19,57	g	8,79	f	84,58	a	15,50	de	3,36	ab	96,64	ef	0,036	e
L6	17,89	b	9,14	g	85,07	b	16,53	e	3,42	abc	96,58	cde	0,044	f
L7	19,37	f	8,65	ef	85,15	bc	23,42	g	3,69	cd	96,31	ab	0,031	c
L8	18,61	d	9,18	g	84,71	a	27,05	h	3,38	ab	96,62	de	0,043	f
L9	17,60	a	8,89	f	84,80	ac	23,45	g	3,55	bcd	96,45	abcd	0,069	i
L10	20,65	h	6,54	a	85,67	ef	16,35	e	3,36	ab	96,64	def	0,056	g
L11	21,39	j	6,61	a	85,12	bc	14,33	c	3,43	abcd	96,57	cde	0,032	d
L12	20,92	i	8,22	d	85,29	bd	14,98	cd	3,18	a	96,82	f	0,026	ab
L13	19,16	ef	7,16	b	86,25	g	5,77	a	3,51	bcd	96,49	bcde	0,028	b
L14	19,17	ef	7,43	c	85,77	ef	7,49	b	3,73	d	96,27	a	0,026	a
Moy	19,27		8,29		85,30		17,59		3,49		96,5		0,040	
CV	5,69		11,82		0,55		34,67		4,72		0,17		33,04	
Sig	***		***		***		***		***		***		****	

CP: Protéines totales; CB : Cellulose brute ; MS : Matière sèche ; P100G: Poids de 100 graines ; MM : Matière minérales; MO: Matière organique; GH : Groupes homogènes ; Moy. : Moyenne générale; Sig. : Signification. *** : très hautement significatif a p<0,001

3.1.1. Poids de 100 graines

La comparaison de moyenne a décelé huit groupes homogènes. Les variétés témoins L13 et L14 ont le poids le plus faible. La population locale L8 donne le poids le plus élevé avec 27,05g (figure 18).

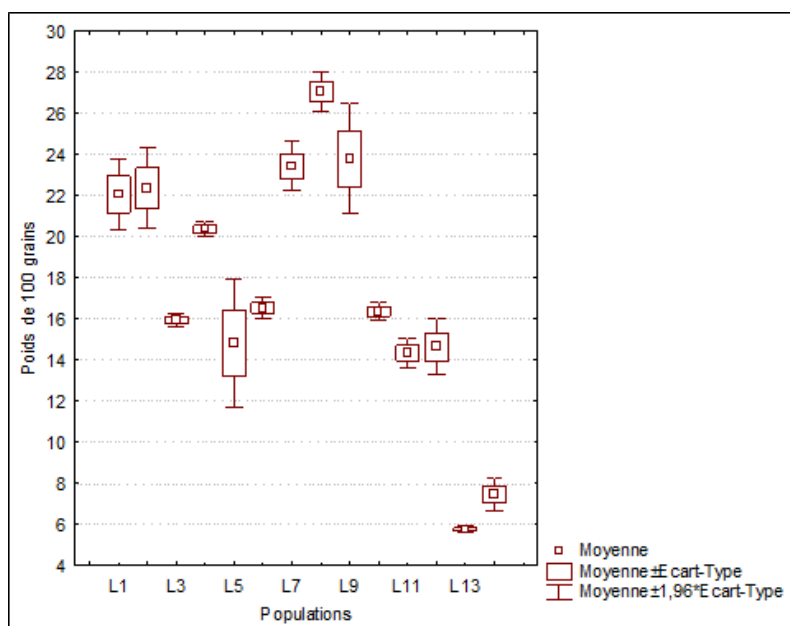


Figure 18. Box plot du poids de 100 grains des populations et leurs témoins

3.1.2. Teneur en matière sèche

Sept groupes homogènes sont été déterminés (tableau 25). Le premier groupe est constitué des populations L5 et L8 offrant les teneurs en MS les plus faibles soit 84,58% et 84,71% respectivement, inférieur aux deux témoins, alors que les plus élevés sont observés pour le dernier groupe constitué de la variété témoin L13 du Pakistan soit 86,25% (figure 19).

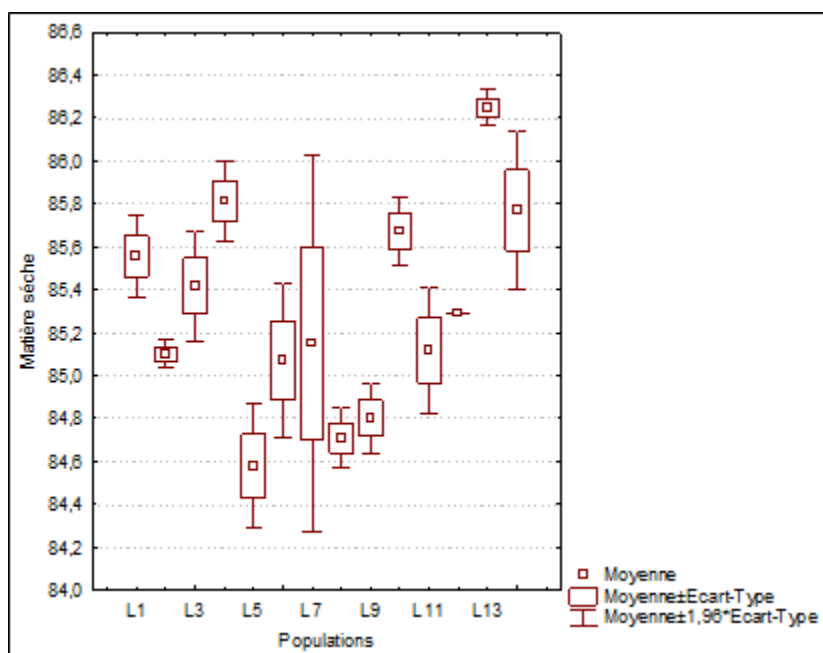


Figure 19: Box plot de la teneur en matière sèche des populations et leurs témoins

3.1.3. Teneur en matière organique

Les populations et les variétés témoins étudiés présentent toutes des taux élevés en matière organique (MO), faisant ressortir six groupes homogènes (tableau 25). La valeur la plus élevée est notée pour la population L12 (96,82 % MS), supérieure aux deux témoins. La valeur la plus faible est observée chez la population locale L3 et le témoin L14 soit 96,28 et 96,27 % de MS respectivement (figure 20).

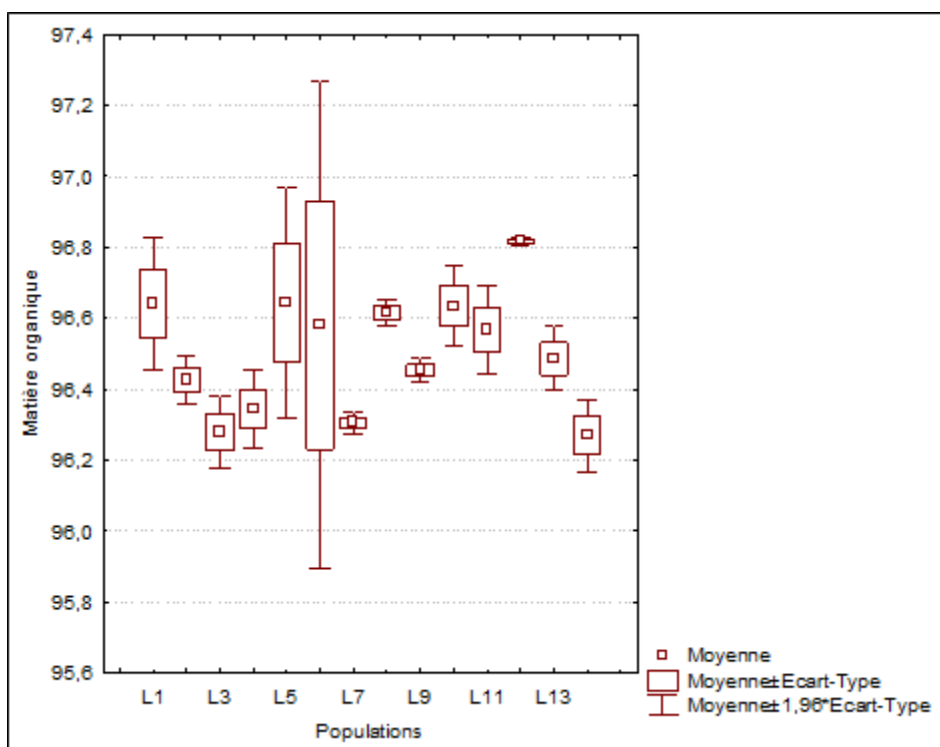


Figure 20. Box plot de la teneur en matière organique des populations et leurs témoins

3.1.4. Teneur en matière minérale

Le contenu en matière minérale (MM) est compris entre 3,18 et 3,73 % de MS (tableau 25). La comparaison des moyennes de populations étudiées, fait ressortir sept groupes homogènes. La variété témoin L14 présente la valeur la plus élevée soit 3,73 % MS (groupe d), alors que la population L12 a été classée dans le groupe (a) avec une teneur relativement faible soit 3,18 % MS (figure 21).

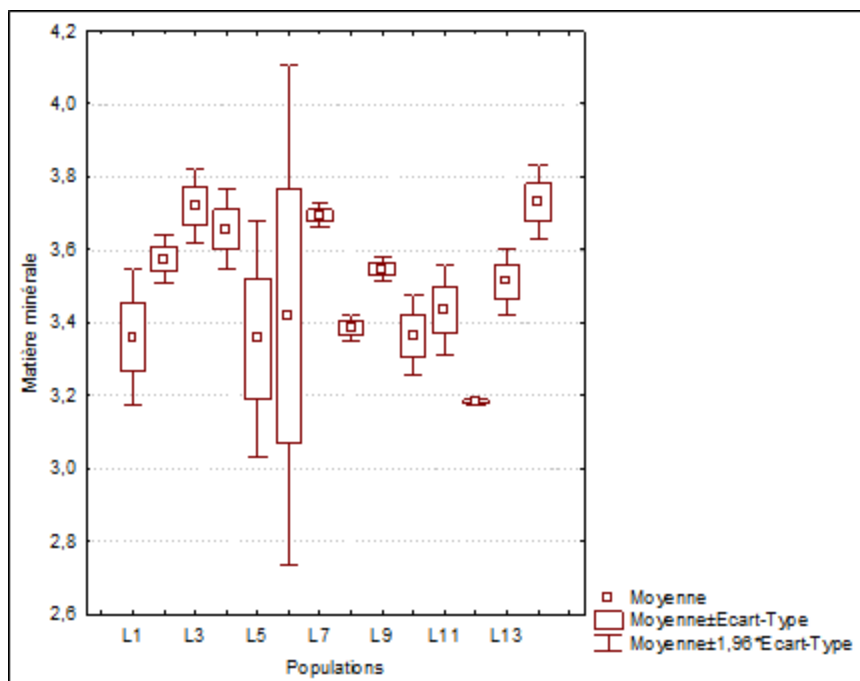


Figure 21. Box plot de la teneur en matière minérale des populations et leurs témoins

3.1.5. Teneur en protéines

La teneur en protéines de nos populations varie entre les valeurs extrêmes de 17,60% MS et 20,92% MS (tableau 25). Cette variation forme dix groupes homogènes. La plus faible valeur est enregistré par la population L9 avec 17,60% de MS, cette valeur est inférieure à celle des témoins alors que la valeur la plus élevée est enregistrée par la population L11 de Fréha (Tizi Ouzou) qui est supérieur aux deux témoins (figure 22).

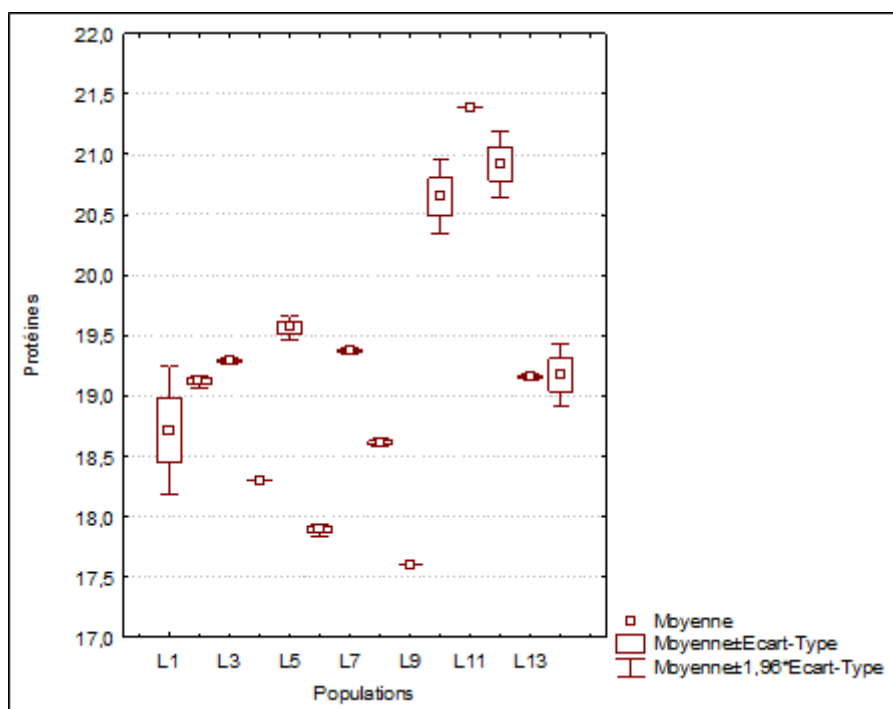


Figure 22. Box plot de la teneur en protéines des populations et leurs témoins

3.1.6. Teneur en cellulose brute

La teneur en cellulose brute varie entre les valeurs extrêmes de 6,54 et 7,84 % MS (tableau 25). La teneur la plus élevée est enregistrée chez les populations L3, L4, L6 et L8 qui sont supérieures à celles des témoins et la teneur la plus faible caractérise les populations L10 et L11 (figure 23).

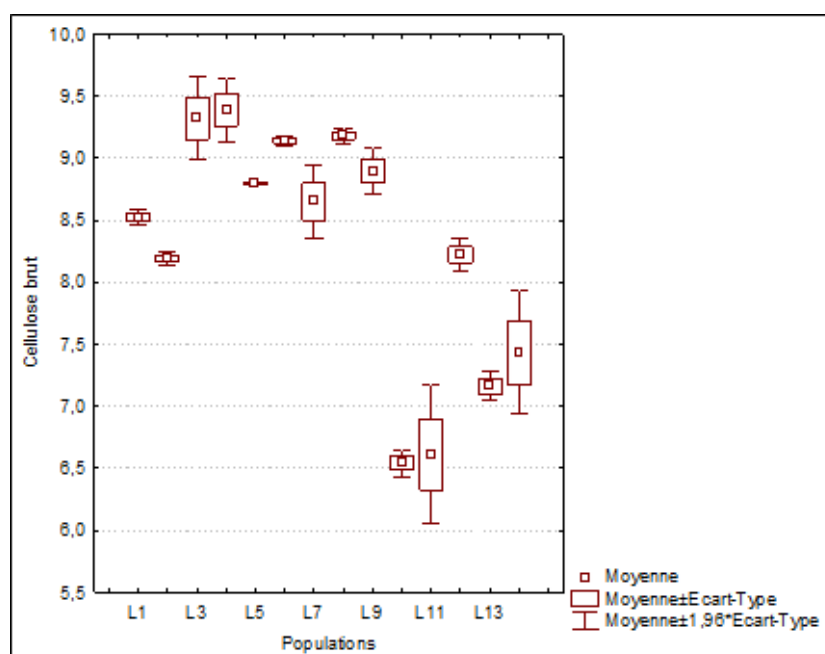


Figure 23. Box plot de la teneur en cellulose brute des populations et leurs témoins

3.1.7. Teneur en neurotoxine ODAP

La teneur en ODAP varie entre les valeurs extrêmes de 0,026 et 0,069 % (tableau 25). La teneur la plus élevée est enregistrée chez la population L9 qui est supérieure à celle des témoins et la teneur la plus faible est enregistrée chez la variété témoin L14 (Figure 24).

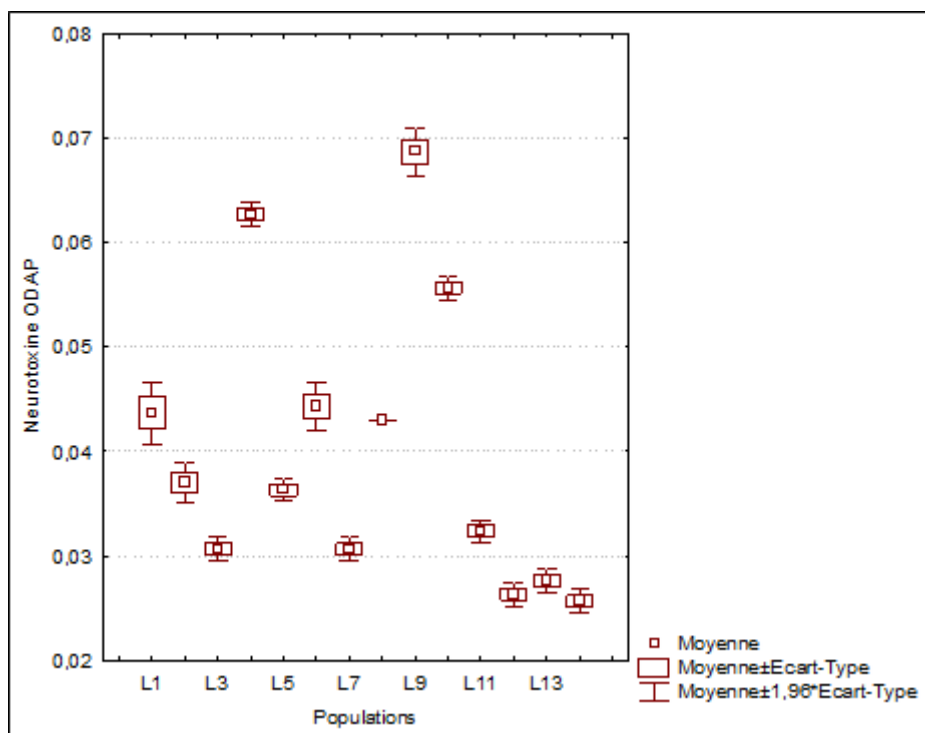


Figure 24. Box plot de la teneur en neurotoxine (ODAP) des populations et leurs témoins

3.2. Analyse en composantes principales (ACP)

Les résultats relatifs à la définition des axes de l'ACP (tableau 27) a permis de retenir les deux premières composantes qui expliquent 72,07 % de la variabilité observée (tableau 26). La première composante explique 39,31 % de la variabilité totale et est corrélée positivement avec la teneur en cellulose brute (CB), le poids de 100 graines (P100G), la teneur en ODAP tandis que la teneur en protéines (CP) est corrélée négativement à cet axe. La deuxième composante présente 32,76 % de la variation elle est représentée négativement par la matière sèche (MS) et la matière minérale (MM). Le taux de matière organique (MO) est corrélée positivement à cet axe (figure 25).

Tableau 26. Valeurs propres des axes et corrélations des variables avec les 2 premiers axes factoriels

	Axe 1	Axe 2
Val. propre	2,75	2,29
% Total	39,31	32,76
Cumul	39,31	72,07

	Axe 1	Axe2
CP	-0,83	0,20
CB	0,83	0,10
MS	-0,43	-0,63
P100G	0,74	0,45
MM	0,37	-0,89
MO	-0,37	0,89
ODAP	0,61	0,23

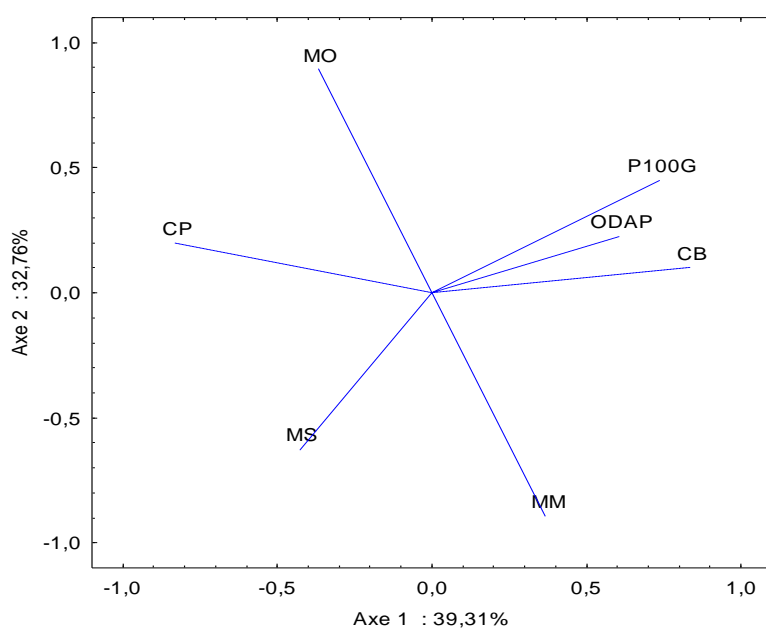


Figure 25. Cercle de corrélation des variables par rapport aux deux axes 1 et 2

La projection de 12 populations locales et 02 variétés étrangères sur le plan formé par les deux axes de l'ACP montre une variabilité au sein des accessions évaluées. Celle-ci est démontrée par la dispersion en nuage de points représentant les accessions (figure 26).

On retrouve des accessions éloignées du reste comme les variétés témoins L13 et L14 qui sont riches en matière sèche et en matière minérale mais faible en poids de 100 grains et en neurotoxine (ODAP).

Les populations locales L10 L11 sont proches entre elles et sont riches en protéines et faible en cellulose brute et en neurotoxine (ODAP).

La population locale L12 se distingue par des teneurs en matière organique et en protéines élevées par contre des teneurs en matière minérale et en neurotoxine faibles.

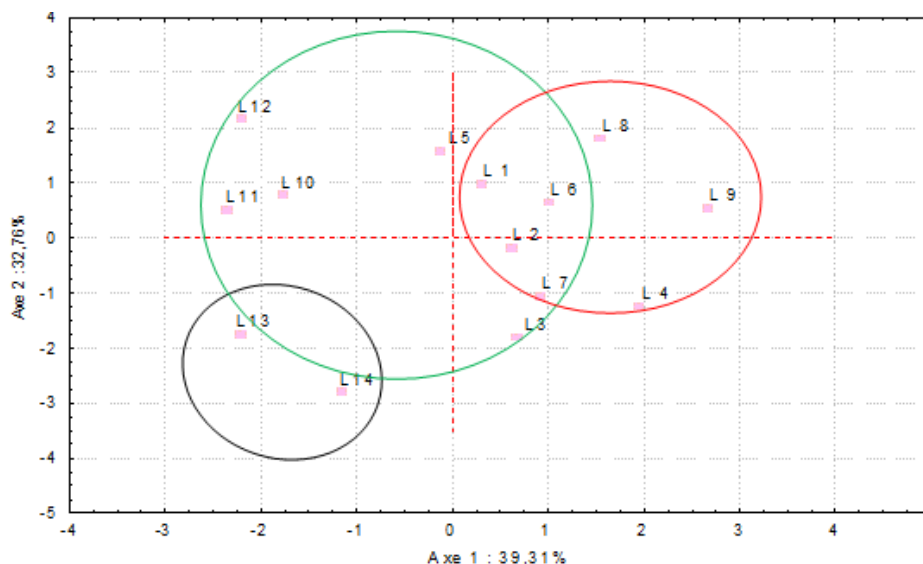


Figure 26. Cercle de corrélation des individus par rapport aux deux axes 1 et 2

3.3. Classification hiérarchique ascendante (CHA)

Les 12 populations locales et les 02 variétés analysées sont réparties selon le coefficient de di-similarité en trois groupes (figure 27) :

- Le premier groupe est constitué des 2 variétés témoins L13 et L14 qui est riches en matière sèche (86,01 %), faible en poids de 100 grains (6,63 g), en neurotoxine (0,049 %) et en cellulose brute (7,29 %), moyennement riches en protéines (19,16 %) et en matière minérale (36,62 %).

- Le deuxième groupe renferme six populations locales (L3, L5, L6, L10, L11 et L12) riche en cellulose brute (7,91 %), riches en protéines (23,61 %), en matière minérale (3,72 %) et en matière organique (96,58 %) mais pauvres en neurotoxine.

- Le troisième groupe comprend également 6 accessions (L1, L2, L4, L7, 8 et L 9) présentant le poids de 100 graines le plus élevé, une teneur en protéines totales faibles (18,62 %), une teneur en cellulose brute moyennement riche (7,44 %) mais faible en matières minérales (3,23

%) et en neurotoxine (0,027 %). Le tableau 27 récapitule les caractéristiques moyennes de chaque groupe.

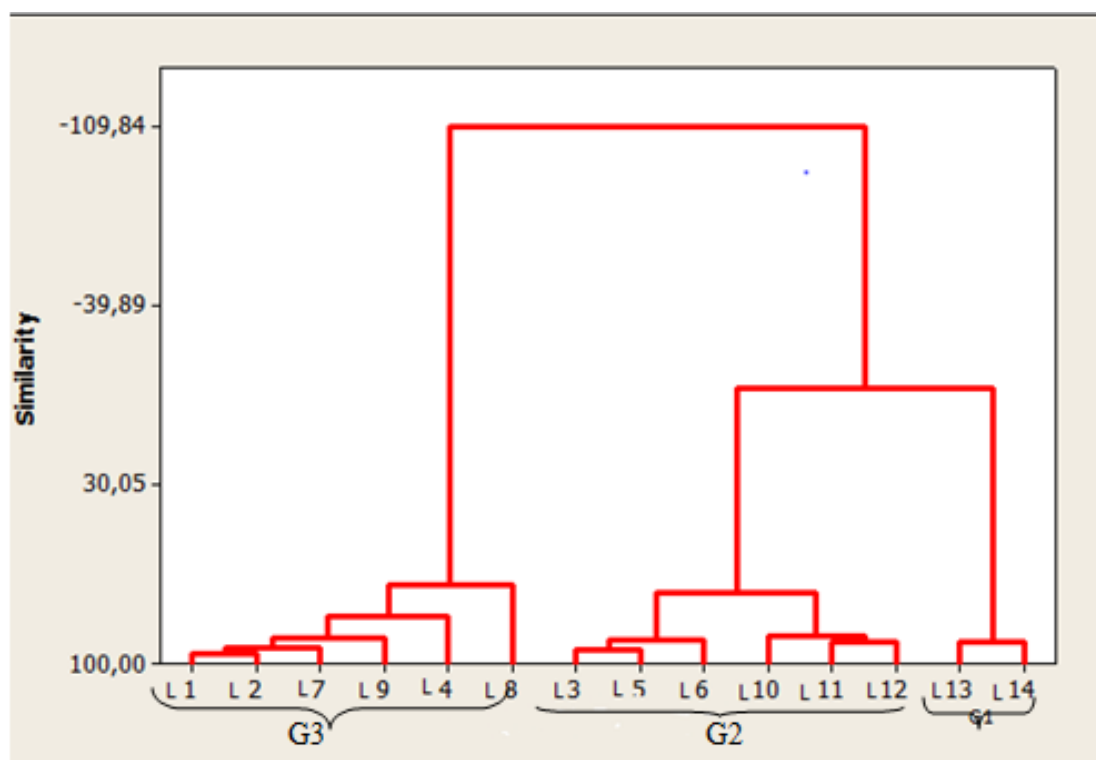


Figure 27. Structuration de 12 populations locales et 02 variétés étrangères par la méthode de la Classification Hiérarchique Ascendante

Tableau 27. Caractéristiques moyennes pour les trois groupes établis par la CHA

Groupes	P 100G	CP	MS	CB	MM	MO	ODAP
G1	6,63	19,16	86,01	7,29	3,62	96,38	0.049
G2	15,6	23,61	85,19	7,91	3,72	96,58	0.038
G3	23,22	18,62	85,17	7,44	3,23	96,5	0.027

4. Discussion

Une importante variabilité a été mise en évidence et concerne le poids de 100 graines, le teneur en matière sèche et les caractères chimiques. Concernant le poids de 100 graines, un grand écart a été noté entre la variété originaire du Pakistan (5,77 g) et la population locale L8 (27,05 g) au niveau du matériel végétal de *Lathyrus sativus* de cette étude. Les résultats montrent que l'accumulation des réserves dans les graines dépend de l'accession (Khan *et al.*, 2010). Le poids sec de 100 graines est plus élevé chez la population locale L8 avec 27,05 g comparativement aux autres populations. Ces résultats confirment ainsi l'hypothèse d'une

différence dans l'efficacité de la mobilisation des assimilés et donc de la capacité des populations à assurer le remplissage des graines. La capacité à remplir les graines serait plus importante chez les populations locales que chez les variétés étrangères.

Les graines de *Lathyrus sativus* contiennent des cendres dont la valeur la plus élevée est de 3,77 % obtenue chez la variété étrangère L14 des états unis d'Amérique. Ces résultats sont comparables à ceux de Mebdoua (2011), Ghavidel et Prakash (2007) et Herken et al. (2007) sur le niébé.

Les graines de la population L11 ont donné la teneur en protéines la plus élevée (21,39 %). En général, une teneur élevée en protéines est souhaitable pour une meilleure nutrition (Lambotl, 2002). Par conséquent, la teneur en protéines la plus élevée observée chez la population L11 suggère qu'elle pourrait être une importante source de protéines pour la consommation humaine et pour le cheptel. Toutefois, les teneurs en protéines que nous avons obtenus sont inférieures à celles obtenues par Hove et King (1978), Roy et Rao (1978), Granati *et al.*, (2001), Urga *et al.* (2005), qui ont trouvé des teneurs en protéines allant de 23 à 31% avec une valeur moyenne de 29,7%. Cela s'expliquerait probablement par la pauvreté du sol de culture et les conditions climatiques.

Aucune corrélation significative n'a été trouvée entre ODAP et les autres caractères quantitatifs. Les mêmes résultats ont été obtenus par Sammour *et al.*, 2007. La variation du contenu β -ODAP entre les différents ensembles de données pourrait être attribuée à la méthode d'analyse utilisée (Tavoletti *et al.*, 2005), aux conditions environnementales et aux facteurs génétiques (Siddique *et al.*, 1996). La gamme de la teneur en ODAP varie selon les études (Dixit *et al.*, 2016). Le germplasma de *Lathyrus sativus* du subcontinent indien contient une teneur élevée en ODAP (0,7% -2,4 %) contrairement au germoplasme local (0,02 % à 1,20 %) et du Proche-Orient (Abd el Moneim *et al.*, 2000). La teneur limite autorisée pour la consommation humaine est inférieure à 0,2 % (Abdel Moneim *et al.*, 1999). La teneur en ODAP en soi ne semble pas être un problème, parce que les graines de la gesse sont inoffensives aux humains et aux animaux lorsqu'elles sont consommées dans le cadre d'un régime alimentaire équilibré (Getahun *et al.*, 2002, 2003, 2005, Lambein et Kuo, 2009) et aussi car les graines peuvent être partiellement détoxifiées par divers traitements tels que la fermentation ou le pré-trempe dans des solutions alcalines et la cuisson (Kuo *et al.*, 2000, Kumar *et al.*, 2011). La consommation de *Lathyrus sativus* en petites quantités n'entraîne pas de neurolathyrisme. Tadelle *et al.* (2003) indiquent que la substitution des graines de *Guizotia*

abyssinica par les graines de *L. sativus* bouillies est possible sans aucun risque sur la performance des poulets de chair et aucun signe de lathyrisme n'est observé. Toutes les accessions étudiées ont eu une faible teneur en β -ODAP dans les graines, allant de 0,026% à 0,064%. Selon Abd El Moneim *et al.*, (1999), les graines ayant moins de 0,2 % ODAP sont sans danger pour la consommation. Le semis tardif conduit à une augmentation de la teneur en ODAP par rapport au semis précoce (Girma et Korbu, 2012).

La valeur nutritive des cultivars semble être en grande partie conditionnée par leur teneur en cellulose brute (parois totales). Van Soest (1982) note que la richesse en parois cellulaires notamment en ligno-cellulose a une influence négative sur la digestibilité. Demarquilly et Andrieu (1992), confirment que la digestibilité et la valeur énergétique d'une plante donnée sont liées positivement à sa teneur en matières azotées et négativement à sa teneur en cellulose brute. Notre étude montre que les populations locales L10 et L11 de Tizi Ouzou, qui ont une faible teneur en cellulose, présentent ainsi une bonne digestibilité. Chez les autres légumineuses, la teneur en cellulose brute est de 2,8 à 3,7 % de MS pour le pois-chiche, 3,38 à 4,7 % de MS pour le haricot et de 4,9 à 5,7 % de MS pour la lentille (Amir *et al.*, 2006 ; Siddiq *et al.*, 2010).

5. Conclusion

Il ressort de cette étude que les graines de *Lathyrus sativus* sont des aliments riches en protéines avec une valeur moyenne de 19,27 % de MS et pauvres en cellulose brute ce qui facilite leur digestibilité.

Les populations locales L10 et L11 de Tizi Ouzou ayant enregistré la teneur en protéine la plus élevée et une faible teneur en cellulose brute et en ODAP peuvent être utilisées en alimentation pour combler les déficits en apport protéique des populations, comme elles peuvent être incorporées dans l'alimentation animale, en substitution aux graines de soja.

CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES

CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES

Les espèces négligées ou sous utilisées sont en voie de disparition dans plusieurs régions du monde. En effet, quelques espèces comme le riz, le maïs, le blé,... à elles seules occupent les superficies agricoles les plus importantes. Aussi, l'introduction des variétés améliorées à haut rendement a contribué à restreindre l'aire de culture des variétés traditionnelles qu'on retrouve uniquement dans les zones les plus reculées.

Les études de diversité des plantes cultivées ont montré clairement que les variétés traditionnelles, bien que moins productives, sont génétiquement plus diversifiées que les variétés améliorées. L'analyse morphologique constitue une première approche d'évaluation de la diversité génétique.

Au niveau du genre *Lathyrus*, la variation inter-espèce est plus importante que la variation intra spécifique, ce qui démontre la délimitation génétique des espèces. Une grande variabilité existe au niveau de ce genre. Les espèces qui présentent des caractères agronomiques intéressants sont *L. sativus*, (dont 8 populations locales), *L. ochrus* et *L. odoratus*. Les caractères morphologiques retenus pour différencier entre les espèces sont les suivants : la précocité, les caractères de rendement, ainsi que les paramètres liés aux graines, aux gousses et aux fleurs.

L'étude de la diversité agro morphologique des populations de la gesse et de leur structuration sur la base des 22 descripteurs a montré que les populations locales analysées présentent une variabilité importante pour la plupart des caractères étudiés. L'ensemble de ces résultats témoigne de l'existence d'une diversité importante au sein des accessions qui pourrait résulter de l'expression d'une forte hétérogénéité génotypique.

Une première caractérisation de quelques populations algériennes de gesse par le suivi de certains paramètres morphologiques a été réalisée suivant les descripteurs de l'IPGR (2000) pour mettre en évidence la diversité existante. En effet, tous les paramètres ont montré un effet populations significatif. L'analyse en composantes principales et la classification ascendante hiérarchique ont permis de déceler trois groupes différents regroupant des populations qui ont un certain nombre de paramètres agro-morphologiques similaires. En effet, nous avons observé une variabilité entre les populations L2, L5 et L9 basée surtout sur la biomasse et la hauteur de la tige qui peuvent être sélectionnées à des fins alimentaires pour le bétail grâce à leur forte productivité en fourrage.

Le déficit hydrique appliqué au stade floraison pour 05 populations locales et 02 variétés étrangères de *Lathyrus sativus* a réduit considérablement toutes les composantes du

rendement. Les résultats obtenus montrent une importante variation entre les populations pour l'ensemble des caractères agro morphologiques sous l'influence du stress hydrique. La variété témoin 21 Lat et les populations locales 4Lat4-2 et 2Lat2-1 ont présenté la meilleure réponse adaptative en condition de stress hydrique, surtout pour la production des graines.

Les caractéristiques chimiques des graines de douze populations locales et de deux variétés étrangères de *Lathyrus sativus* ont été déterminées. Il ressort de cette étude que les graines sont des aliments énergétiques, riches en protéines, par contre, elles sont pauvres en cellulose brute et en neurotoxine (ODAP) ce qui les rend plus digestes et moins toxiques.

Les populations locales L10 et L11 de Tizi Ouzou ayant enregistré la teneur en protéine la plus élevée et une faible teneur en cellulose brute et en neurotoxine (ODAP) peuvent être utilisées en alimentation pour combler les déficits en apport protéique des populations, comme elles peuvent être incorporées dans l'alimentation animale, en substitution aux graines de soja.

L'ensemble des résultats a permis une bonne compréhension de la structure et de la distribution de la diversité des populations locales étudiées et permettra de définir les stratégies des futures missions de collecte pour une meilleure conservation et utilisation dans les programmes de sélection, de valorisation et de promotion de la gesse. Enfin, une étude génétique par le biais des marqueurs moléculaires doit venir compléter ces observations et fournir une analyse plus fine qui aidera à entreprendre un programme de conservation par l'établissement d'une collection noyau.

L'accroissement du nombre d'accessions des différentes espèces et l'utilisation des différentes méthodes de caractérisation pourront contribuer à l'établissement de core collection, qui reste la meilleure stratégie de conservation du germoplasme.

L'érosion génétique des populations locales de gesse nécessite la mise en place rapide de programme de conservation *in situ* et *ex situ* pour sauvegarder cette richesse génétique.

REFERENCES

1. Abdelguerfi A., Laouar M. 1997. La privatisation du foncier : impact sur l'environnement et sur les ressources génétiques en Algérie. CIHEAM, p. 203-207 (Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens; n. 32)
2. Abdelguerfi A et Laouar M. (2002). Les espèces pastorales et fourragères, leurs utilisations au Maghreb (Algérie, Maroc, Tunisie). FAO Régional Office For The Near East. p19.
3. Abd El Moneim, AM., van Dorrestein, B., Baum, M., Ryan, J., Vejiga, G. 2000. Role of ICARDA in improving the nutritional quality and yield potential of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) for subsistence farmers in dry areas. *Lathyrus Lathyrism Newsletter*. 22:55–58.
4. Abd El-Moneim, A. M., Van Dorrestein, B., Baum, M. and Mulugeta, W. 2001. Improving the Nutritional Quality and Yield Potential of Grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Food Nutr. Bull.*, 21(4): 493-496.
5. Abd El Moneim, AM, Nakkoul, H., Masri, S., Ryan, J. 2010. Implications of zinc fertilization for ameliorating toxicity (neurotoxin) in grasspea (*Lathyrus sativus*) *Journal of Agricultural Science and Technology*. 12:69–78.
6. Abdel Moneim, A., Dorrestein, B. Van, Baumc, M., Mulugeta, W. 1999. Role of ICARDA in improving the nutritional quality and yield potential of grass pea for subsistence farmers in developing countries. *Agriculture-Nutrition* 5–6 October, los Bannose, The Philippines.
7. Abd El-Zaher, M.A., Badr, S., Taher, W., Reda H.A. 2007. Evaluation of *Lathyrus* spp. Germplasm for Quality Traits *Journal of Biological Sciences* Volume 7, Number 8, 1339-1346, 2007
8. Achir, Ch. 2012. Caractérisation et étude de comportement de onze populations de *Lathyrus sativus* L. dans une région semi-aride (Nord de Sétif). These ing. ENSA. 26p.
9. Achir, Ch. 2012. Caractérisation chimique des graines de *Lathyrus sativus* L. en vue de leur utilisation comme aliment concentré de bétail. Thèse Master ENSA. 40p.
10. AFNOR, 1985. Aliments des animaux. Méthodes d'analyses françaises et communautaires, 2^{ème} édition.
11. Ahmadi, G., Akbarabadi, A., Kahrizi, D., Rezaizad, A. et Gheythouli, M., 2012. Study

- of drought tolerance of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes in seedling stage. *Biharean Biologist* 6(2), 77-80.
12. Allahverdiyev, G. F., Asgarov, A. M. 2018. Distribution and Eco-Biological Research of *Lathyrus* Species in Azerbaijan. *International Journal of Current Research in Biosciences and Plant Biology*. Volume 5. Number 5.
 13. Alitor, A.V., Abd El-Moneim, A. M., Goodchild, A. V. 1994. Evaluation of Seeds of Selected Lines of Three *Lathyrus* Species for B-N-oxalylammo-L-alanine (BOAA), Tannins, Trypsin Inhibitor Activity and Certain in vitro Characteristics. *J. Sci. Food Agric.*, 65: 143-151.
 14. Allkin, R., Macfarlane, TD., White, FA., Bisby, FA., Adey, ME. 1983. Names and synonyms of species and subspecies in Viciae. Issue 2, Viciae Database Project Publication No.2, Southampton, UK
 15. Ambade, B., Ghosh, S. 2013. Characterization of PM10 in the ambient air during Deepawali festival of Rajnandgaon.
 16. Amir, Y., Haenni, A.L., Youyou, A. 2007. Physical and biochemical differences in the composition of the seeds of Algerian leguminous crops. *Journal of Food Composition and Analysis* 20 (6):466-471.
 17. Anonyme, 2006. Deuxième rapport national sur l'état des ressources phytogénétiques. INRAA et FAO, 91 p.
 18. Arslan, M. 2016. Importance and current situation of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) in forage crops production of Turkey. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, 3, 17–23. (*Lathyrus sativus*) genotypes in Turkey
 19. Asmussen, CB. Liston, A. 1998. Chloroplast DNA characters, phylogeny, and classification of *Lathyrus* (Fabaceae) *American Journal of Botany*. 85:387–401.
 20. Aura, J.E., Carrión, Y., Estrelles, E., Jordà, G.P., 2005. Plant economy of hunter-gatherer groups at the end of the last Ice Age: plant macroremains from the cave of Santa Maira (Alacant, Spain) ca. 12,000–9000 B.P. *Vegetation History and Archaeobotany* 14, 542–550.
 21. Badr, A., El Shazly, H., El Rabey, H., Watson, LE. 2002. Systematic relationships in *Lathyrus* sect. *Lathyrus* (Fabaceae) based on amplified fragment length polymorphism (AFLP) data. *Canadian Journal of Botany*. 80:962–969.
 22. Barik, DP., Acharya, L., Mukherjee, AK., Chand, PK. 2007. Analysis of genetic diversity among selected grasspea (*Lathyrus sativus* L.) genotypes using RAPD

- markers, *Zeitschrift für Naturforschung*, vol. 62c (pg. 869-874).
23. Basaran, U., Acar, Z., Karacan, M., Onar, A.T. 2013. Variation and Correlation of Morpho-Agronomic Traits and Traits and Biochemical Contents (Protein and B-Odap) in Turkish Grass Pea (*Lathyrus Sativus* L.) Landraces. *Turkish Journal of Field Crops*, 18 (2):166–173.
 24. Basaran U, Mut H, Gulumser E, Copur Dogrusoz M 2016. Evaluation of Turkish grass pea (*Lathyrus sativus* L.) collections for its agronomic characters with a special reference to ODAP content. *Legume Res* 39: 876-882
 25. Barro-kondombo c.p., 2010. *Diversité agro-morphologique et génétique de variétés locales de sorgho (Sorghum bicolor (L.) Moench) au Burkina Faso. Eléments pour la valorisation des ressources génétiques locales*. Thèse de doctorat, Univ. de Ouagadougou, 114 p.
 26. Belaid, Y., Chtourou-Ghorbel, N., Marrakchi, M., Trifi-Farah, N. 2006. Genetic diversity within and between populations of *Lathyrus* genus (Fabaceae) revealed by ISSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*.53:1413–1418.
 27. Belarbi N., 1998. Comportement et évaluation de quelques espèces fourragères dans la région de Sétif. Mémoire d'ingénieur d'état en Agronomie, Institut National Agronomique El Harrach- Alger-, 144 p.
 28. Ben Brahim, N., Salhi, A., Chtourou, N., Combes, D., Marrakchi M. 2002. Isozymic polymorphism and phylogeny of 10 *Lathyrus* species. *Genetic Resources and Crop Evolution*.49:427–436.
 29. Benkova, M., Zakova M., 2001. Evaluation of selected traits in grasspea (*Lathyrus sativus* L.) genetic resources. *Lathyrus Lathyrism Newsl* 2, 27–30.
 30. Boyer, JS. 1982. Plant productivity and environment. *Science* 218, 443–448.
 31. Bozzini A. 1997. Utilizzazione di germoplasma in alcune leguminose da granella presso il C.R. Casaccia dell'ENEA. Atti 3rd National Congress "Biodiversità: tecnologie-qualità", Reggio Calabria (Italy) 16-17 June 1997, pp. 107-121.
 32. Buth, D.G., Murphy, R.W. 1999. The use of isozyme characters in systematic studies. *Biochem. Syst. Ecol.*, 27: 117-129.
 33. Campbell, C.G., Mehra, R.B., Agrawal, SK. 1994. Current status and future strategy in breeding grass pea (*Lathyrus sativus*) *Euphytica*. 1994; 73:167–175.
 34. Campbell, C.G. 1997. Grasspea. *Lathyrus sativus* L. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops.18. Institute of Plant Genetics and Resources:

- Rome, Italy, 92pp.
35. Chinnusamy, V., A. Jagendorf and J.K. Zhu. 2005. Understanding and improving salt tolerance in plants. *Crop Sci.*, 45: 437-448.
 36. Chtourou-Ghorbel, N., Lauga, B., Combes D., Marrakchi, M. 2001. Comparative genetic diversity studies in the genus *Lathyrus* using RFLP and RAPD markers. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 62–68.
 37. Cocks, P., K. Siddique, C. Hanbury. 2000. *Lathyrus*. A new grain legume: A report for the rural industries Research and development corporation. Rural Industries Research & Development Corporation.
 38. Croft, AM., Pang, ECK, Taylor, PWJ. 1999. Molecular analysis of *Lathyrus sativus* L. (grass pea) and related *Lathyrus* species. *Euphytica* 107: 167-176.
 39. De la Rosa, M.J., R.B. Ferreira, A.M. Teixeira. 1999. Storage proteins from *Lathyrus sativus* seeds. *J. Agric. Food Chem.* 48:5432– 5439
 40. De la Rosa, L., Martin, I. 2001. Morphological characterisation of Spanish genetic resources of *Lathyrus sativus* L. *Lathyrus Lathyrism Newsletter*. 2001;2:31–34.
 41. Demarquilly C., Andrieu J. 1992. Composition chimique, digestibilité et ingestibilité des fourrages européens exploités en vert. *INRA Prod. Anim*, 5(3), 213-221.
 42. Deshpande, S.S., Campbell, C.G. 1992. Genotype variation in BOAA, condensed tannins, phenolics and enzyme inhibitors of grass pea (*Lathyrus sativus*). *Can J Plant Sci* 72: 1037–1047.
 43. Dixit, G.P., Parihar, A.K., Bohra, A. and Singh, N.P. 2016. Achievements and prospects of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) improvement for sustainable food production. *The Crop Journal* 4:407-416.
 44. Dixit, G.P., Chandra, S., Pandey, P.S. and Asthana, A.N. 1996. Variability and correlation studies for yield and its components in grasspea. *Indian J. Pulses Res.*, 9(1): 59-60.
 45. Duke, J.A., 1981. *Handbook of Legumes of World Economic Importance*. Plenum Press, New York, pp.199–265.
 46. Erskine, W., Tufail, M., Russell, A., Taygi, M. C., Rahman, M. M., and Saxena, M. C. 1994. Current and future strategies in breeding lentil for resistance to biotic and abiotic stresses. *Euphytica* 73, 127–135.
 47. F.A.O. 1996. The state of *ex-situ* conservation. In: *The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture*. F.A.O., Rome. 510 P.

48. Fikre WA, Negwo T, Kuo YH, Lambein R. 2011. Climatic, edaphic and altitudinal factors affecting yield and toxicity of *Lathyrus sativus* grown at five locations in Ethiopia. *Food and Chemical Toxicology*. 49:623–630.
49. Francis, G., Makkarb, H.P.S. and Becker, K. 2001. Anti-nutritional factors present in plant derived alternate fish feed ingredients and their effects in fish. *Aquaculture*, 199:197–227.
50. Fraleigh B. 1987. Importance des banques de ressources phytogénétiques, In: *Amélioration et protection des plantes vivrières tropicales*, (Eds) Saint Pierre C-A., Demaly Y., AUPELF-UREF, Québec, Canada, 13-18.
51. Gallais, A., 1990. *Théorie de la sélection en amélioration des plantes*. Theory of selection in the improvement of plantes. Collection sciences agronomiques, Masson, Paris.
52. Garavandi, M., Farshadfar, E., Kahrizi, D., 2011. Evaluation of some physiological traits as indicators of drought tolerance in bread wheat genotypes. *Russian Journal of Plant Physiology* 58(1), 69-75.
53. Getahun H, Lambein F, Van der Stuyft P. 2002. ABO blood groups, grass pea preparation, and neurolathyrism in Ethiopia. *Trans R Soc Trop Med Hyg*. 2002 Nov-Dec;96(6):700-3.
54. Getahun H., F. Lambein, M. Vanhoorne and P. Van der Stuyft. 2003. Food-aid cereals to reduce neurolathyrism related to grass-pea preparations during famine. *Lancet*, 362: 1808- 1810.
55. Getahun, H., Lambein, F., Vanhoorne, M., and Van der Stuyft, P. 2005. Neurolathyrism risk depends on type of grass pea preparation and on mixing with cereals and antioxidants. *Tropical Medicine and International Health*, 10: 169-178.
56. Ghalmi N, Malice M, Jacquemin JM, Ounane SM, Mekliche L, Baudoin JP. 2010. Morphological and molecular diversity within Algerian cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp. landraces. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 57: 371-386
57. Ghavidel. A., Prakash P. 2007. The impact of germination and dehulling on nutrients, antinutrients, in vitro iron and calcium bioavailability and in vitro starch and protein digestibility of some legume seeds. *LWT -Food Science and Technology*, 40 : 1292–1299.
58. Girma, M., Wodajo, N., Gorton, L., Yigzaw, Y., Kalcher, K., Belay, A., Akalu, G., Nair, BM., Solomon, T. 2004. Glutamate oxidase advances the selective bioanalytical

- detection of the neurotoxic amino-acid β ODAP in grass pea: A decade of progress. *Pure Appl. Chem.* 76(4): 765-775.
59. Girma, M., K. D. Kofoed, and J. C. Reese. 1998. Sorghum germplasm tolerant to greenbug (Homoptera : Aphididae) feeding damage as measured by reduced chlorophyll loss. *Journal of Kansas Entomological Society* 71:108–115.
60. Girma, D. and L. Korbu. 2012. Genetic improvement of grass pea (*Lathyrus sativus*) in Ethiopia: an unfulfilled Promise. *Plant Breeding* 131, 231-236.
61. Glutamate oxidase advances the selective bioanalytical detection of the neurotoxic amino acid β -ODAP in grass pea: A decade of progress. *Pure appl. Chem.*, Vol. 76, No. 4, pp. 765-775.
62. Granati, E., Bisignano, V., Chiaretti, D., Crinò, P., Polignano GB. 2003. Characterization of Italian and exotic *Lathyrus* germplasm for quality traits. *Genetic Resources and Crop Evolution.* 50:273–280.
63. Granati E., V. Bisignano, D. Chiaretti , G.B. Polignano, P.Crino. 2001. Seed quality in accessions of *Lathyrus spp.* *Lathyrus Lathyrism Newsletter.*, 2: 69-71.
64. Grela ER, Rybinski W, Matras J, Sobolewska S. 2012. Variability of phenotypic and morphological characteristics of some *Lathyrus sativus L.* and *Lathyrus cicera L.* accessions and nutritional traits of their seeds. *Genetic Resources and Crop Evolution.* 59: 1687–1703.
65. Grela, E.R., Rybinski, W., Klebaniuk, R. and Matras, J. 2010. Morphological characteristics of some accessions of grass pea (*Lathyrus sativus L.*) grown in Europe and nutritional traits of their seeds. *Genet Resour Crop Evol* 57(5):693–701.
66. Gunasekara C. P., Martin L. D., French R. J., Siddique K. H., Walton M. G. 2006. Genotype by environmental interactions of Indian mustard (*Brassica juncea L.*) and canola (*Brassica napus L.*) in Mediterranean type environments. *Crop growth and seed yield. European Journal of Agronomy*, 25: 1–12.
67. Gupta, P, Udupa, SM., Sen Gupta DS., Kumar, J., Kumar, S. 2018 .Population structure analysis and determination of neurotoxin content in a set of grass pea (*Lathyrus sativus L.*) accessions of Bangladesh origin. *Crop J* 6:435–442
68. Hammer, KA, Carson, CF., Riley, TV. 1999. Antimicrobial activity of essential oils and other plant extracts. *J. Appl. Microbiol.* 86: 985-990.
69. Hanbury, C.D., A. Sarker, K.H.M. Siddique and M.W. Perry. 1995. Evaluation of *Lathyrus* germplasm in a mediterranean type environment in south-western Australia.

- Occasional Paper No. 8. Co-operative Research Centre for Legumes in Mediterranean Agriculture
70. Hanbury, CD., Siddique, KHM., Galwey, NW., Cocks, PS. 1999. Genotype–environment interaction for seed yield and ODAP concentration of *Lathyrus sativus* and *L. cicera* L. in Mediterranean-type environments. *Euphytica*.110:445–460.
 71. Hanbury, CD., White, CL., Mullan, BP., Siddique, KHM. 2000. A review of the potential of *Lathyrus sativus* L. and *L. cicera* L. grain for use as animal feed. *Animal Feed Science and Technology*. 2000; 87:1–27.
 72. Hartl, D.L. 1988. A primer of population genetics. 2nd ed.Sinaucr Assoc. Inc., Sunderland, Mass.
 73. Henry, J.L., et Mcdonald K.B., 1978. The effects of soil and fertilizer nitrogen and moisture stress on yield, oil and protein content of rape. *Can. J. Plant Sci.*, 58, 303-310.
 74. Herken, EN. , Ibanoglu, S., Oner, MD. , Bilgicli, N., Guzel, S. 2007. Effect of storage on the phytic acid content, total antioxidant capacity and organoleptic properties of macaroni enriched with cowpea flour. *In Quality Assurance and Safety of Crops & Foods* 8(1):1-6.
 75. Hillocks, R.J., Maruthi, M.N. 2012. Grass pea (*Lathyrus sativus*): Is there a case for further crop improvement. *Euphytica* 186: 647-654.
 76. Hove, E. L., King, S. 1978. Composition, protein quality, and toxins of seeds of the grain legumes *Glycine max*, *Lupinus* spp., *Phaseolus* spp. *Pisum sativum*, and *Vicia faba* , *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 21:3, 457-462,
 77. Ioutichene, R. 2011. Comportement et variabilité chez différentes espèces du genre *Lathyrus* dans les conditions de la Mitidja, Mémoire magister. ENSA, El-Harrach. 102 p.
 78. ILDIS 2010. International Legume Database and Information Service. <http://www.ildis.org/>
 79. IPGRI. 2000. Descriptors for *Lathyrus* ssp. International Plant Genetic Resources Institute, Rome
 80. Jackson, MT., Yunus, AG. 1984. Variation in the grass pea (*Lathyrus sativus* L.) and wild species. *Euphytica*. 33:549–559.
 81. Jiao, C.J., Jiang, J.L., Ke, L.M., Cheng, W., Li, F.M., Li, Z.X., Wang, C.Y. 2011. Factors affecting beta-ODAP content in *Lathyrus sativus* and their possible physiological mechanisms. *Food Chem. Toxicol.* 49, 543–549.

82. Jana, S. and M.A. Choudhuri. 1982. Senescence in submerged aquatic angiosperms: Effect of heavy metals. *New Phytol.* **90**: 477-484.
83. Jones, G. 1992. Ancient and modern cultivation of *Lathyrus ochrus* (L.) DC. in the Greek islands. *Annual of the British School of Archaeology of Athens*, 87:211-217.
84. Kakaei, M., Kahrizi, D., Ebadi, A.G., 2010. Study of drought response extremes wheat varieties via seed storage constitutive proteins. *American Journal of Scientific Research* 12, 32-35.
85. Karadag, Y., Yavuz, M. 2010. Seed yields and biochemical compounds of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) lines grown in semi-arid regions of Turkey. *African Journal of Biotechnology* Vol. 9(49), 8343-8348.
86. Karadag, Y., Isildak, O., Elmastas, M. Yavuz, M. 2010. Comparison of I, ù and total ODAP (ù-N-oxalyl-L-Ř,ù- diamino propionic acid) contents in winter- and spring-sown grasspea (*Lathyrus sativus* L.) genotypes. *Afr J Biotechnol* 9(49): 8339-8342.
87. Karp, A., Seberg, O., Buiatti, M. 1996. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. *Ann. Bot.*, 78: 143-149.
88. Kay, D.E. 1979. Food legumes. Crop and product digest No. 1. London: TPI, p. 142.
89. Kenicer, G. 2008. An introduction to the genus *Lathyrus* L. *Curtis's Bot Mag* 25(4): 286-295.
90. Kenicer, G., Kajita, T., Pennington, R., Murata, J. 2005. Systematics and biogeography of *Lathyrus* (Leguminosae) based on internal transcribed spacer and cpDNA sequence data. *Am J Bot* 92:1199–1209
91. Khan M. A., Shereen A., Kaleri G. M. 2010. Evaluation of high yielding canola type Brassica genotypes/mutants for drought tolerance using physiological indices as screening tool. *Pakistan Journal of Botany*, 42: 3807–3816.
92. Khalid, KH.A. 2006. Influence of water stress on growth, essential oil, and chemical composition of herbs (*Ocimum sp*), *International. Agrophysics*, 20, 289-296.
93. Kislev, M.E. 1989. Origin of the cultivation of *Lathyrus sativus* and *L. cicera* (Fabaceae). *Econ. Bot.*, 43:262–270.
94. Klimt, A. Schifino-Wittmann, M.T. 2000. Karyotype Morphology and Evolution in some *Lathyrus* (Fabaceae) Species of Southern Brazil, *Genet. Mol. Biol. São Paulo*, 23: 463–7.
95. Kumar, S. 1997. Utilization of *Lathyrus*. *Lathyrus Genetic Resources Network*. 8-10 December. New Delhi/Índia, 57-59.

96. Kumar, S., Bejiga, G., Ahmed, S., Nakkoul, H. and Sarker, A. 2011. Genetic improvement of grass pea for low neurotoxin (b-ODAP) content. *Food and Chemical Toxicology* 49: 589-600.
97. Kumari, V. et R. Prasad, 2005. Model plant type in Khesari (*Lathyrus sativus* L.) suitable for hill farming. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 4: 15-17.
98. Kuo, YH., Bau, HM., Rozan, P., Chowdhury, B., Lambein, F. 2000. Reduction efficiency of the neurotoxin beta-ODAP in low-toxin varieties of *Lathyrus sativus* seeds by solid state fermentation with *Aspergillus oryzae* and *Rhizopus microsporus* var *chinensis*. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 80:2209–2215.
99. Lambein, F., Kuo, YH. 1997. *Lathyrus sativus*: cultivation and nutritive value in animals and humans. p.6-12
100. Lambein, F., Kuo, YH. 2009. Lathyrism. *Grain Legumes*. 54: 8–9.
101. Lambein, F., Haque, R., Khan, J.K., Kebede, N., Kuo, Y.H., 1994. From soil to brain: zinc deficiency increases the neurotoxicity of *Lathyrus sativus* and may affect the susceptibility for the motorneurone disease neurolathyrism. *Toxicon* 32, 461–466.
102. Lambein, F., Khan, J.K., Kuo, Y.H., Campbell, C.G., Briggs, C.J. 1993. Toxin in the seedlings of some varieties of grass pea (*Lathyrus sativus*). *Natural Toxins* 1:246–249.
103. Lazányi, J. 2000. Grass pea and green manure effects in the Great Hungarian Plain. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 1, 28-30.
104. Leht, M. 2009. Phylogeny of Old World *Lathyrus* L. (Fabaceae) based on morphological data. *Feddes Repert* 120(1-2): 59-74.
105. Lewis, G., Schrire, B., Mackinder, B., Lock, M. 2005. *Legumes of the world*. Royal Botanic Gardens, Kew.
106. Lioi, L., Sparvoli F, Sonnante G, Laghetti G, Lupo F, Zaccardelli M. 2011. Characterization of Italian grasspea (*Lathyrus sativus* L.) germplasm using agronomic traits, biochemical and molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 58:425–437.
107. Lambot C.; 2002. Industrial potential of cowpea. In: C. A. Fatokun, S. A. Tarawali, B. B. Singh, P. M. Kormawa, and M. Tamo (Eds), *Challenges and Opportunities for enhancing sustainable cowpea production*, Ibadan: IITA, pp: 367-375.
108. Lopez, FB., Johansen, C., Chauhan, YS. 1996. Effect of timing of drought stress on phenology, yield and yield components of a short-duration pigeon pea. *J Agron & Crop Sci*. 177: 311-320.

109. Maamouri, A. 2014. Variabilité génétique de la luzerne cultivée en association avec une graminée fourragère », Thèse de Doctorat de l'Université de Poitiers.
110. MADR, 2013. Statistiques du commerce extérieur de l'Algérie. Ministère des finances, direction générale des douanes.
111. Mafakheri, A. Siosemardeh, B. Bahramnejad, P.C. Struik, Y. Sohrabi . 2010. Effect of drought stress and subsequent recovery on protein, carbohydrate contents, catalase and peroxidase activities in three chickpea (*Cicer arietinum*) cultivars. *AJCS* 5(10):1255-1260.
112. Malek, MA. 1998. Genetic resources of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) in Bangladesh. In: Mathur PN, Rao VR (eds) *Lathyrus Genetic Resources Network: Proc IPGRI-ICARDA-ICAR Regional Working Group Meeting*. National Bureau of Plant Genetic Resources, IPGRI Office for South Asia, New Delhi, India, pp 1–6.
113. Malek, M.A., A. Afzal, M.M. Rahman, and A.B.M. Salahuddin. 2000. *Lathyrus sativus*: a crop for harsh environments. p. 369-373. In R. Knight (ed.) *Linking research and marketing opportunities for pulses in the 21st century*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands
114. Malek N. 2011. Etude de la diversité génétique de quelques espèces du genre *Lathyrus* (L.), Thèse - Mémoire 90p,
115. Malek, M., and Gazipur, B. 1999. Genetic resources of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) in Bangladesh. *Lathyrus Genetic Resources Network* 8, 1.
116. Mars, M., Marrakchi, M. 2000. Dynamique de floraison et régime de reproduction chez le grenadier (*Punica granatum* L.) en Tunisie. *Fruits*, vol. 59, p. 39–48.
117. Marghali, S., Touati, A., Gharbi, M., Sdouga, D and Trifi-Farah, N. 2016. Molecular phylogeny of *Lathyrus* species: insights from sequence-related amplified polymorphism markers. *Genet. Mol. Res.* 15 (1): gmr. 15017198.
118. Mathur, PN., Ramantha Rao V., Arora RK. 1998. *Lathyrus Genetic resources network: proceedings of a IPGRI-ICARDA-ICAR regional working group meeting*, 8–10 December 1997, National Bureau of Plant Genetic Resources, New Delhi. International Plant Genetic Resources Institute, Office for South Asia, New Delhi, India.
119. Manzano A.R., Nodals R.A.A., Gutiérrez R.A.I.M., Mayor F.Z., Alfonso C.L. 2001. Morphological and isoenzyme variability of taro (*Colocasia esculenta* L.Schott) germplasm in Cuba. *Plant Genetic Resources Newsletter*, 126, 31-40.
120. Michelmore, R.W. 1995. Isolation of disease resistance genes from crop plants. *Curr.*

- Opinions in Biotechnology 6:145-152.
121. Mikić A, Kosev V, Gantner R, Mihailović V, Smýkal P, Ambrose M. 2010. Diversity and agronomic utility of leaf types in pea (*Pisum sativum* L.). Book of Abstracts, XXIVth Genetic Days, Brno, Czech Republic, 1-3 September 2010, 53.
 122. Milczak, M, Pećdzin'ski, M., Mnichowska, H., Szwed-Urbas, K, Rybin'ski W. 2001 Creative breeding of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) in Poland. *Lathyrus Lathyrism Newslett* 2:18–23.
 123. Milczak, M, Pedzinski M, Mnichowska H, Szwedurbas K, Rybinski W., 2001. Creative breeding of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) in Poland. *Lathyrus Lathyrism Newsletter*, 2, 85-88.
 124. Mirzaei, A., Naseri R., Vafa P., Moradi M., 2014. Effects of Drought Stress on qualitative and quantitative traits of mungbean. *Biomolecular, Agricultural, Food and Biotechnological Engineering* 8, 148-152.
 125. Mouhouche, B., Ruget F., Delecolle R., 1998. Effect of water-stress applied at different phenological phase on yield components of dwarf bean. *Agronomie* 18, 197-207.
 126. Muehlbauer FJ, Tullu A. 1997. NewCROPFactSHEET — *Lathyrus sativus* L. Internet publication. <http://www.hort.purdue.edu/newcrop/CropFactSheets/grasspea.html>. Last updated 24 February 1998.
 127. MUZQUIZ, M., BURBANO, C., AYET, G., PEDROSA. MM., CUADRADO, C. 2000 The investigation of antinutritional factors in *Phaseolus vulgaris*. Environmental and varietal differences», *BASE* [En ligne], Volume 3 , 4, 210-216.
 128. Nadjiam, D., Doyam, AN., Bedingam, D. 2015. Etude de la variabilité agromorphologique de quarante-cinq cultivars locaux de niébé (*Vigna unguiculata*, (L.)Walp.) de la zone soudanienne du Tchad. *Afrique SCIENCE* 11(3) 138 - 151
 129. Narayan, D., Chambers, R., Shah, M. K., and Petesch, P. 2000. *Voices of the Poor: Crying out for Change*. New York: Oxford University Press for the World Bank
 130. Noli, L., Dajani, Y., Capalbo, A., Bvumbe, J., Rienzi, L., Ubaldi, F.M., Ogilvie, C., Khalaf, Y., and Ilic, D. 2015. Developmental clock compromises human twin model created by embryo splitting. *Hum. Reprod.*,
 131. Osuagwu, G.G.E., Edeoga H. O., 2013. The effect of water stress (drought) on the proximate composition of the leaves of *Ocimum gratissimum* and *Gongronema latifolium*. *International Journal of Medicinal and Aromatic Plants* 3 (2), 293-299.
 132. Pandey, M.R., Tandukar, R.P., Avouac, J.P., Lavé, J. and Massot, J.P. 1995.

- Interseismic strain accumulation on the Himalayan crustal ramp (Nepal). *Ecophysical Research Letters* 22.
133. Parsons R. 2009. Ornamental *Lathyrus* species. *Grain Legumes*. 54:6–7.
 134. Pena-Chocarro, L., Zapata Pena, L. 1999. History and traditional cultivation of *Lathyrus sativus L.* and *Lathyrus cicera L.* in the Iberian Peninsula. Volume 8, Issue 1–2, pp 9–52
 135. Pilbeam CJ, Akatse JK, Hebblethwaite PD, Wright CD. 1992. Yield production in two contrasting forms of spring-sown faba beans in relation to water supply. *Field Crops Res.* 29: 73-287.
 136. Piergiovanni, A.R., Lupo, F., Zaccardelli, M. 2011. Environmental effect on yield, composition and technological seed traits of some Italian ecotypes of grass pea (*Lathyrus sativus L.*). *Journal of the Science of Food and Agriculture* 91, 122-129.
 137. Polignano, G.B., Ugenti, P., Olita, G., Bisignano, Alba, V., Perrino, P. 2005. Characterization of grass pea (*Lathyrus sativus L.*) entries by means of agronomically useful traits. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 4:10-14.
 138. Qureshi J.V. · Goldner M. · le Riche W.H. · Hargreaves J.A. 1977. *Streptococcus mutans* Serotypes in Young Schoolchildren. *Caries Res.* 11:141–152
 139. Quezel, P., Santa S. 1962. Nouvelle flore d'Algérie et des régions désertiques méridionales. Paris, édition du Centre national de la recherche scientifique, tome I, 636 p.
 140. Radhouane L. 2004. Etude de la variabilité morpho-phénologique chez *Pennisetum glaucum (L.) R. Br.*, *Plant Genetic Resources Newsletter*, 138, 18-22.
 141. Rahal, H. 2016. Etude de la diversité génétique et des potentialités agronomiques et fourragères de génotypes d'orge (*Hordeum vulgare L.*) traditionnellement cultivés en Algérie. These Doctorat. ENSA 134p.
 142. Rahman, MM., Chowdhury, UK., Mukherjee, SC., Mondal, BK., Paul, K., Lodh, D. 2001. Chronic arsenic toxicity in Bangladesh and West Bengal, India—a review and commentary. *J Toxicol Clin Toxicol* 39:683–700.
 143. Rahman, MM., Kumar, J., Rahman, MA., Ali Afzal, M. 1995. Natural outcrossing in *Lathyrus sativus L.* *Indian Journal of Genetics* 13: 204–207.
 144. Rao, SLN. 2011. A look at the brighter facets of β -N-oxalyl-l- α , β -diaminopropionic acid, homoarginine and the grass pea. *Food and Chemical Toxicology*. 011; 49:620–622.
 145. Rao, S.L.N., 1978. A sensitive and specific colorimetric method for determination of

- a,b-diaminopropionic acid and *Lathyrus sativus* neurotoxin. *Anal. Biochem.* 86, 386–395.
146. Rees, H., Hazarika MH. 1969. Chromosome evolution in *Lathyrus*. *Chromosomes Today* 2: 158-165.
147. Rees, H., Cameron, F. M., Jones, G. H. and Hazarika, M. H. 1966. Nuclear variation between deplod angiosperms. *Nature* 211: 828–830.
148. Riepe, HW., Hori, N., Ludolph, AC., Carpenter DO. 1995. Failure of neuronal ion exchange, not potentiated excitation causes excitotoxicity after inhibition of oxidative phosphorylation. *Neuroscience* 64: 91-97.
149. Robertson, L.D., Abd El Moneim, A.M. 1995. *Lathyrus* germplasm collection, conservation and utilizatin. In: *Lathyrus Genetic Resources in Asia*. Proc. Reg.Workshop, December 27-29, Raipur, India.
150. Rotter, R.G., Marquardt, R.R., Campbell, C.G. 1991. The nutritional value of low lathrogenic *Lathyrus (Lathyrus sativus)* for growing chicks. *Br. Poult. Sci.* 32, 1055±1067.
151. Roy, D.N. and K.V. Rao, 1978. Physicochemical values in different varieties of *Lathyrus sativus* and their interrelationships. *J. Agric. Food Chem.*, 26: 687-689.
152. Russelle, M. 2001. Alfalfa. *American Sciences* 89: 252-259
153. Rutter, J. and S. Percy. 1984. The pulse that maims. *New Scientist* 23.
154. Rybinski, W., B. Szot, R. Rusinek. 2008. Estimation of morphological traits and mechanical properties of grass pea seeds (*Lathyrus sativus* L.) originating from EU countries. *Int. Agrophysics* 22: 261-275.
155. Sadaqat, H.A., M.H. Nadeem Thahir and Hussain M.T., 2003. Physiogenetics aspects of drought tolerance in canola (*Brassica napus* L.). *J. Agric. Biol.* 5; 611-614.
156. Sammour, R.H., A.E. Mustafa, S. Badr, W. Tahr. 2007. Genetic variability of some quality tarits in *Lathyrus* spp. germplasm. *Acta Agric Slov* 90:33–43.
157. Sánchez-Vioque R, De los Mozos-Pascual M, Rodríguez-Conde MF 2009. Contents of total protein and beta-N-oxalyl-l-alpha, beta-diaminopropionic acid (ODAP) in a collection of *Lathyrus cicera* of the Bank of Plant Germplasm of Cuenca (Spain). *Plant Breeding* 128:317-320.
158. Sarma, P. S., Padmanaban, G., 1969. In *Toxic Constituents of Plant Foodstuffs*, 267 (edit. by Liener, I.E.) Academic, New York.
159. Sarpaki, A. et Jones, G. 1990. Ancient and Modern Cultivation of *Lathyrus Clymenum*

- L. in the Greek Islands, *BSA* **85**, 363–8.
160. Sarwar, C.D.M., Sarkar, A., Mursheed, A.N.M.M. and Malik, M.A. 1995. Variation in natural population of grass pea. *Lathyrus* Lathyrism Newslett 3:27-31
 161. Sedehi, A.A.V., Solooki, M., Arzani, A., Ghanbari, A., Lotfi, A., Imamjomeh, A.A., Bahrami, S. 2008. Comparative analysis of genetic diversity among grass pea landraces as detected by random, semi random and morphological markers. *Asian Journal of Plant Sciences* 7: 454-460.
 162. Sharma, V.K., Chandrashekar, M.K., Nongkynrih, P. 1997. Daylight and artificial light phase response curves for the circadian rhythm in locomotor activity of the field mouse *Mus booduga*. *Biol Rhythm Res* 28: 39–49.
 163. Sharma, R. K., Singh, B., Bhat, T. K. 2000. Nitrogen solubility, protein fractions, tannins and in sacco dry matter digestibility of tree fodders of Shiwalik nge. *Indian J. Anim. Nutr.*, 17 (1): 1-7.
 164. Shehadeh, A. A., 2011. Ecogeographic, Genetic and Taxonomic Studies of the Genus *Lathyrus* L. Doctoral thesis, University of Birmingham, 401p.
 165. Shiwani Srivastava et al., 1999, The Big Five trait taxonomy: History, measurement, and theoretical perspectives. In L. A. Pervin & O. P. John (Eds.), *Handbook of personality: Theory and research* (2nd ed., pp. 102-138). New York: Guilford
 166. Srivastava, S., Khokhar S. 1996. Effects of processing on the reduction of β -ODAP (β -N-oxalyl-L-2, 3 diaminopropionic acid) and antinutrients of khesari dhal, *Lathyrus sativus*. *J. Sci.Food Agric*, 71, 50-58.
 167. Siddique, K.H.M., S.P. Loss, S.P. Herwig & J.M. Wilson, 1996. Growth, yield and neurotoxin (ODAP) concentration of three *Lathyrus* species in Mediterranean-type environments of Western Australia. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 36: 209–218.
 168. Siddique, K.H.M. & C.D. Hanbury, 1998. The introduction, evaluation and utilization of *Lathyrus* germplasm in Australia. In: P.N.Mathur, V. amanatha Rao and R.K. Arora (Eds.), 'Lathyrus genetic resources network', pp. 42–45. IPGRI, New Delhi, India.
 169. Siddiq, M., Ravi, R., Harte, J.B., Dolan, K.D. 2010. Physical and Functional Characteristics of Selected Dry Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Flours. *Journal of Food Science and Technology*, 43, 232-237.
 170. Smartt, J., 1984. Evolution of grain legumes. I. Mediterranean pulses. *Experimental Agriculture* 20: 275–296.

171. Smartt, J., Kaul, A.K., Araya, W.A., Rahman, M.M., Kearney, J., 1994. Grasspea (*Lathyrus sativus* L.) as a potential safe legume food crop. In: Muehlbauer, F.J., Kaiser, W.J. (Eds.), *Expanding the Production and Use of Cool Season Food Legumes*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Netherlands, pp. 144–155.
172. Smartt, J., 1990. Pulses of the classical world. In: Summerfield, R.J., Ellis, E.H. (Eds.), *Grain Legumes: Evaluation and Genetic Resources*. Cambridge Univ. Press, Cambridge, pp. 190–200.
173. Smith S.E., Doss A.A. 1991. Warburton M. Morphological and agronomic variation in North African and Arabian alfalfas, *Crop Science*, 31, 1159-1163
174. Tadelle, D., Alemu, Y., Nigusie, D., Peters, K. J. 2003. Evaluation of Processing Methods on the Feeding Value of Grass Pea to Broilers. *Inter. J. Poult. Sci.*, 2(2): 120-127.
175. Tadesse, W., Bekele E. 2003. Variation and association of morphological and biochemical characters in grass pea (*Lathyrus sativus* L.) *Euphytica*. 130:315–324.
176. Tanksley, S. D., Young, N. D., Paterson A. H., Bonierbale, M. W. 1989. RFLP mapping in plant breeding: new tools for an old science. *BioTechnology* 7: 257-264.
177. Tavoletti, S., Capitani, E. 2000. Field evaluation of grass pea populations collected in the Marche region (Italy). *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 1:17-20.
178. Tavoletti, S., L. Iommarini, P. Crino and E. Granati, 2005. Collection and evaluation of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) germplasm of central Italy. *Plant Breed.*, 124: 388-391
179. Teklehaimanot R, Wuhib E, Kassina A, Kidane Y, Alemu T and PS Spencer. 1993. Patterns of *Lathyrus sativus* (grass pea) consumption and ODAP content of food samples in the lathyrism endemic regions of North West Ethiopia. *Nutr. Res.* 3:1113-1126.
180. Tiwari, K.R., Campbell, C.G. 1996. Inheritance of seed weight in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *FABIS Newsletter* 38/39: 30-33.
181. Trabut, L. 1935. Répertoire des noms indigènes des plantes spontanés, cultivées, et utilisées dans le Nord de l’Afrique, 1830-1930. Alger : Imprimerie La Typo-litho et Jules Carbonnel. (Collection du Centenaire de L’Algérie 1830-1930. Études scientifiques).
182. Tsegaye, D., Tadesse, W., Bayable, M. 2005. Performance of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) somaclones at Adet, northwest Ethiopia. *Lathyrus lathyrism Newsletter* 4, 5-6.
183. Tsegaye, M., Demissew, S., Alexandra, J. 2007. Assessment of diversity,

- morphological variation and description of Grasspea (*Lathyrus sativus*) and other related species. M.Sc Thesis in biology (Botanical Science), Addis Ababa University, Addis Ababa, Ethiopia.
184. Upadhyaya HD, Dwivedi SL, Baum M, Varshney RK, et al. (2008). Genetic structure, diversity, and allelic richness in composite collection and reference set in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *BMC Plant Biol.* 8: 106.
 185. Ulloa, P., Mera M. 2010. Inheritance of Seed Weight in Large-Seed Grass Pea *Lathyrus sativus* L. *Chilean J. Agric. Res.* v.70 n.3 Chillán sep.
 186. Urga, K., Fufa, H., Biratu, E., Husain, A. 2005. Evaluation of *Lathyrus sativus* cultivated in Ethiopia for proximate composition, minerals, β -ODAP and anti-nutritional components. *African Journal of Food Agriculture and Nutritional Development*, 5, 1–16.
 187. Urga, K., Gebretsadik, M. 1993. The effect of soaking time and soaking solution on the nutritional quality of grass pea seeds were investigated. *Ethiop. J. Health Dev.* 7 (2): 79-83.
 188. Van Soest, P.J. 1982. *Nutritional ecology of the ruminant*. O and B books, Corvallis, or. USA, 374p.
 189. Vavilov, NI. 1951. The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. *Chron Bot* 13: 1-364.
 190. VazPatto, M.C., Fernández-Aparicio, M., Moral, A., Rubiales, D. 2006. Characterization of resistance to powdery mildew (*Erysiphe pisi*) in a germplasm collection of *Lathyrus sativus*. *Plant Breeding*, 125: 308–310.
 191. Vaz Patto MC, Rubiales D. 2014. Resistance to rust and powdery mildew in *Lathyrus* crops. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*.
 192. Vaz-Patto, M.C., Skiba, B., Pang, E.C.K., Ochatt, S.J. and Lambein, F. 2006. *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica* 147: 133-147.
 193. Vekemans, X. & Jacquemart, A.-L., 1997. Perspectives on the use of molecular markers in plant population biology. *Belgian Journal of Botany*, 129/2: 91-100.
 194. Vidyadha, B., Chand P., Swanalatha D., I.Vijaya Sai Reddy, M. Ramachandraiah, D., 2007. Genetic variability and character association in pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. BR.) and implication in selection. *Indian J. Agric. Res.* 41, 150 – 153.
 195. Wang, C.Q., Guthrie, C., Sarmast, M.K., Dehesh, K. 2015. The Transcriptional

- Regulator BBX19 Promotes Hypocotyl Growth by Facilitating COP1-Mediated EARLY FLOWERING3 Degradation in Arabidopsis. *The Plant Cell*, Vol. 27: 1128–1139.
196. Wang, F., Chen, X., Chen, Q., Qin, X., & Li, Z. 2000. Determination of neurotoxin 3-N-oxalyl-2, 3-diaminopropionic acid and non-protein amino acids in *Lathyrus sativus* by precolumn derivatization with 1-fluoro-2,4-dinitrobenzene. *Journal of Chromatography A*, 883,113–118.
197. White, C. L., Hanbury, C. D., Young, P., Philips, N., Wiese, S. C., Milton, J. B., Davidson, R. H., Siddique, K. H. M., Harris, D. 2002. The nutritional value of *Lathyrus cicera* and *Lupinus angustifolius* grain for sheep. *Anim. Feed Sci. Technol.*, 99 (1-4): 45-64.
198. Yadav, S.S., Bejiga, G. 2006. *Lathyrus sativus* L. In: Brink, M. ; Belay, G. (Eds). PROTA 1: Cereals and pulses/Céréales et legumes secs. (CD-ROM). PROTA, Wageingen, Pays Bas.
199. Yamamoto, K., Fujiware, T. and Blumenreich, I.D. 1984. Karyotypes and morphological characteristics of some species in the genus *Lathyrus* L. *Jpn. J. Breed.* 34: 273-284.
200. Yobi A., Henchi B., Neffati M., Jendoubi R. 2002. Système de reproduction et variabilité morpho-phénologique chez *Allium roseum*, *Plant Genetic Resources Newsletter*, 127, 29-34.
201. Zebarjadi, A., Mirany T., Kahrizi D., Ghobadi M., Nikoseresht R. 2012. Assessment of drought tolerance in some bread wheat genotypes using drought resistance indices. *Biharean Biologist* 6, 94-98.
202. Zhou, M., Aror, R.K. 1996. Conservation and use of underutilized crops in Asia. Pp. 91-96 in *Lathyrus* Genetic Resources in Asia, Proceedings of a Regional Workshop, 27-29
203. Zirgoli, Mh., Kahrizi, D. 2015. Effects of end-season drought stress on yield and yield components of rapeseed (*Brassica napus* L.) in warm regions of Kermanshah Province. *Bihraen biologist* 9, 133-140.

Tableau 1 : Superficie (ha) et production (q) de la gesse (Guerfalla) en Algérie durant la période 2000-2009.

Années	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009
Superficie (ha)	270	60	40	30	25	215	197	85	189	205
Production (q)	1020	280	270	180	150	650	1080	290	1960	1325

Source : MADR (2013)

Tableau 2 : Analyse de la variance de la date de Floraison (DF)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	14599	55	265	27,9	0,0000
Erreur	534	56	10		

Tableau 3 : Analyse de la variance de la date de pleine floraison (PF)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	14477	55	263	28,2	0,0000
Erreur	522	56	9		

Tableau 4 : Analyse de la variance de la date de formation des gousses (DG)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	14070	55	256	13,56	0,0000
Erreur	1057	56	19		

Tableau 5 : Analyse de la variance de la date de maturité (MT)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	4075	55	74	15,3	0,0000
Erreur	271	56	5		

Tableau 6 : Analyse de la variance de la hauteur de la tige (HT)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	274753	55	4996	17,78	0,0000
Erreur	31468	112	281		

Tableau 7 : Analyse de la variance de la hauteur de la tige à partir de la première gousse (L1G)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	72366,7	55	1315,8	16,22	0,0000
Erreur	9085,2	112	81,1		

Tableau 8 : Analyse de la variance de la longueur du pédoncule (LP)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	789,848	55	14,361	33,343	0,0000
Erreur	48,239	112	0,431		

Tableau 9 : Analyse de la variance du nombre de ramification (NR)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	277,79	55	5,051	5,765	0,0000
Erreur	98,13	112	0,876		

Tableau 10 : Analyse de la variance du nombre d'entre-nœuds à partir de la première gousse (NE1G)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	692,54	55	12,59	5,274	0,0000
Erreur	267,41	112	2,39		

Tableau 11 : Analyse de la variance de la biomasse (BIO)

	SCE	DDL	CM	F OBS.	p
ACC	8953636	55	162793	11,313	0,0000
Erreur	1611689	112	14390		

Tableau 12 : Analyse de la variance du rendement en grain par plant (RDT)

	SCE	DDL	CM	F	p
ACC	133768,2	55	2432,1	22,2206	0,0000
Erreur	12258,9	112	109,5		

Tableau 13 : Analyse de la variance du nombre de gousse (NG)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	115933,4	55	2107,9	2,4982	0,000022
Erreur	94499,9	112	843,7		

Tableau 14 : Analyse de la variance du nombre de grains par gousse (NGNG)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	595,608	55	10,829	9,977	0,0000
Erreur	121,570	112	1,085		

Tableau 15 : Analyse de la variance du poids de mille grains (PMG)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	249876,5	55	4543,2	24,499	0,0000
Erreur	20769,4	112	185,4		

Tableau 16 : Analyse de la variance de la longueur de l'étendard (LOE)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	60,1425	55	1,0935	31,12	0,0000
Erreur	3,9350	112	0,0351		

Tableau 17 : Analyse de la variance de la largeur de l'étendard (LAE)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	56,3069	55	1,0238	34,98	0,0000
Erreur	3,2776	112	0,0293		

Tableau 18 : Analyse de la variance de la longueur de la carène (LOC)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	25,0278	55	0,4551	26,54	0,0000
Erreur	1,9200	112	0,0171		

Tableau 19 : Analyse de la variance de la largeur de la carène (LAC)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	12,95185	55	0,23549	29,090	0,0000
Erreur	0,90667	112	0,00810		

Tableau 20 : Analyse de la variance de la longueur des gousses (LOG)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	254,504	55	4,627	13,006	0,0000
Erreur	39,848	112	0,356		

Tableau 21 : Analyse de la variance de la largeur des gousses (LAG)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	18,2468	55	0,3318	10,06	0,0000
Erreur	3,6934	112	0,0330		

Tableau 22 : Analyse de la variance de la longueur du grain LOGN

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	3,37545	55	0,06137	13,902	0,0000
Erreur	0,49444	112	0,00441		

Tableau 23 : Analyse de la variance de la largeur du grain (LAGN)

	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
ACC	3,63894	55	0,06616	16,028	0,0000
Erreur	0,46234	112	0,00413		

Tableau 24. Matrice des corrélations entre les 22 variables étudiés

	DF	PF	DG	MT	HT	L1G	LP	NR	NEN1 G	LOG	LAG	LOGN	LAGN	RDT	BIO	NGP	NGN G	PMG	LOE	LAE	LAC		
DF	1																						
PF	1	1																					
DG	0,96***	0,95** *	1																				
MT	0,71***	0,7	0,64** *	1																			
HT	0,52**	0,51**	0,52**	0,77***	1																		
L1G	-0,2	-0,2	-0,1	0,3	0,3	1																	
LP	-0,1	0	0	-0,2	0,1	0	1																
NR	0,53**	0,53**	0,45**	0,60***	0,63***	-0,3	-0,1	1															
NEN1 G	0,2	0,2	0,3	0,52**	0,69***	0,83***	0	0,2	1														
LOG	0,3	0,3	0,35*	0,65***	0,58***	0,70***	-0,46***	0,2	0,77***	1													
LAG	-0,3	-0,3	-0,2	0,1	0,39*	0,76** *	0,53** *	-0,2	0,73***	0,3	1												
LOG N	0	0	-0,1	0,41**	0,75** *	0,44**	0,3	0,2	0,67** *	0,41**	0,73** *	1											
LAG N	-0,2	-0,2	-0,2	0,2	0,63*	0,2	0,52**	0,2	0,45**	0,1	0,73** *	0,92** *	1										
RDT	-0,39**	-	-	0	0,3	0	0,56** *	0,2	0,1	-0,3	0,47**	0,45**	0,64** *	1									
BIO	0,2	0,36* 0,1	0,40* 0,2	0,65** *	0,82** *	0,69** *	0,2	0,3	0,86** *	0,67** *	0,77** *	0,88** *	0,72** *	0,36*	1								
NGP	0	0	-0,2	0,3	0,51**	0	0,2	0,43* *	0,2	0	0,3	0,74** *	0,71** *	0,48**	0,52**	1							
NGN G	0	0	0	-0,1	-0,3	0,2	-0,39* *	-0,3	0	0,39*	-0,3	-0,3	-	-	-0,2	-	1						
PMG	-0,35*	-	-	0,3	0,48**	0,56**	0,3	-0,1	0,54**	0,3	0,82** *	0,89** *	0,87** *	0,54**	0,48** *	0,43** *	0,44** *	1					
LOE	-0,1	-0,1	0,1	0,2	0,50**	0,82** *	0,2	-0,2	0,86** *	0,66** *	0,79** *	0,59** *	0,49** *	0,2	0,76** *	0	0,1	0,58** *	1				
LAE	-0,1	-0,1	0,1	0,2	0,45**	0,85** *	0,1	-0,2	0,86** *	0,71** *	0,74** *	0,53** *	0,39*	0,1	0,70** *	-0,1	0,1	0,51** *	0,99** *	1			
LOC	0,1	0,1	0,3	0,38*	0,54**	0,83** *	-0,1	0	0,92** *	0,82** *	0,60** *	0,46**	0,3	0	0,71**	-0,1	0,2	0,36**	0,92** *	0,94** *			
																							0,67** *

* significatif à $P < 0,05$, ** hautement significatif à $P < 0,01$ et *** très hautement significatif à $P < 0,001$

Tableau 1 : Analyse de la variance de la date floraison (df)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	57,00	28,50	2,18	0,1331
pop	13	417,33	32,10	2,46	0,0247
Erreur	26	339,67	13,06		

Tableau 2 : Analyse de la variance de la date de formation des gousses (dg)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	31,29	15,64	2,85	0,076
pop	13	386,50	29,73	5,42	0,0001
Erreur	26	142,71	5,49		

Tableau 3 : Analyse de la variance de la date de maturité (dm)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	7,06	3,53	0,79	0,4657
pop	13	158,41	12,19	2,72	0,0146
Erreur	26	116,65	4,49		

Tableau 4 : Analyse de la variance de la hauteur de la tige (ht)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	45,30	22,65	0,74	0,4856
pop	13	1057,63	81,36	2,67	0,0161
Erreur	26	792,85	30,49		

Tableau 5 : Analyse de la variance du nombre de ramifications primaires (bp)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	3,49	1,74	7,75	0,0023
pop	13	14,62	1,12	5,00	0,0002
Erreur	26	5,85	0,22		

Tableau 6 : Analyse de la variance de la longueur du pédoncule (lp)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	10,47	5,23	1,64	0,2132
pop	13	106,50	8,19	2,57	0,0196
Erreur	26	82,89	3,19		

Tableau 7 : Analyse de la variance de la Biomasse (biom)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	11,87	5,94	1,18	0,3234
pop	13	204,23	15,71	3,12	0,0065
Erreur	26	130,87	5,03		

Tableau 8 : Analyse de la variance du nombre de gousses par plant (ng)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	18,22	9,11	1,51	0,2402
pop	13	364,38	28,03	4,64	0,0004
Erreur	26	157,14	6,04		

Tableau 9 : Analyse de la variance du nombre de graines par gousse (ngrg)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	0,67	0,34	1,82	0,1827
pop	13	8,20	0,63	3,42	0,0037
Erreur	26	4,80	0,18		

Tableau 10 : Analyse de la variance du nombre de graines par plant (ngr)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	43,17	21,59	1,85	0,177
pop	13	1958,60	150,66	12,93	<,0001
Erreur	26	303,00	11,65		

Tableau 11 : Analyse de la variance du rendement en grain par plant (rdt)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	2,42	1,21	1,12	0,3411
pop	13	68,67	5,28	4,90	0,0003
Erreur	26	28,05	1,08		

Tableau 12: Analyse de la variance du poids de mille grains (pmg)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	488,59	244,30	0,29	0,7516
pop	13	32608,53	2508,35	2,96	0,0089
Erreur	26	22004,42	846,32		

Tableau 13 : Analyse de la variance du poids des gousses (PGO)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	0,95	0,47	0,79	0,466
pop	13	37,22	2,86	4,75	0,0004
Erreur	26	15,67	0,60		

Tableau 14 : Analyse de la variance de la longueur des gousses (logo)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	Pr > F
bloc	2	8,13	4,07	2,39	0,1118
pop	13	88,04	6,77	3,97	0,0013
Erreur	26	44,31	1,70		

Tableau 15 : Analyse de la variance de la largeur des gousses (lago)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,,	Pr > F
bloc	2	2,62	1,31	3,39	0,0494
pop	13	64,14	4,93	12,76	<,0001
Erreur	26	10,06	0,39		

Tableau 16 : Analyse de la variance de la longueur des graines (logr)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,,	Pr > F
bloc	2	0,23	0,11	0,15	0,859
pop	13	83,06	6,39	8,61	<,0001
Erreur	26	19,30	0,74		

Tableau 17 : Analyse de la variance de la largeur des grains (lagr)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F
bloc	2	1,16	0,58	1,73	0,197
pop	13	68,31	5,25	15,71	<,0001
Erreur	26	8,69	0,33		

Tableau 18 : Analyse de la variance de la longueur de la carène (loc)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,,	Pr > F
bloc	2	0,09	0,04	0,89	0,4214
pop	13	2,05	0,16	3,27	0,0049
Erreur	26	1,25	0,05		

Tableau 19: Analyse de la variance de largeur de la carène (lac)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F
bloc	2	0,01	0,00	0,24	0,7887
pop	13	0,66	0,05	2,68	0,0156
Erreur	26	0,49	0,02		

Tableau 20 : Analyse de la variance de la longueur de l'étendard (loe)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F
bloc	2	0,01	0,00	0,13	0,8792
pop	13	1,40	0,11	4,89	0,0003
Erreur	26	0,57	0,02		

Tableau 21 : Analyse de la variance de la largeur de l'étendard (lae)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F
bloc	2	0,00	0,00	0,39	0,6784
pop	13	0,24	0,02	4,36	0,0007
Erreur	26	0,11	0,00		

Tableau 22, Matrice de corrélation entre les caractères agro-morphologiques étudiés

	biom	ht	nr	lpg	ng	logo	lago	ngrg	logr	lagr	df	ngr	pmg	rdt	loc	lac	loe	lae
biom	1																	
ht	0,66**	1																
nr	0,34	0,59**	1															
lpg	0,19	0,54*	0,12	1														
ng	0,60**	0,53*	0,59**	0,19	1													
logo	0,37	-0,15	-0,21	-0,3	-0,01	1												
lago	-0,02	-0,43	-0,37	-0,45	-0,36	0,87***	1											
ngrg	-0,12	0,08	0,2	0,19	0,26	-0,66**	-0,73***	1										
logr	0,02	-0,21	-0,22	-0,49*	-0,41	0,75***	0,89***	-0,75***	1									
lagr	0	-0,17	-0,15	-0,45	-0,45	0,69**	0,87***	-0,71***	0,98***	1								
df	0,36	0,3	0,32	0,19	0,21	0,14	-0,02	0,06	-0,12	-0,08	1							
ngr	0,11	0,16	0,42	-0,01	0,61**	-0,29	-0,28	0,35	-0,3	-0,26	0,08	1						
pmg	-0,3	-0,18	0,13	0,22	0,08	-0,31	-0,2	0,48*	-0,38	-0,35	-0,14	0,13	1					
rdt	0,16	0,07	-0,14	0,17	0,22	0,3	0,23	-0,29	0,25	0,16	-0,41	0,24	0,09	1				
loc	0,11	0,23	-0,15	-0,01	-0,55*	-0,01	0,02	-0,32	0,32	0,34	-0,12	-0,60**	-0,46	-0,09	1			
lac	-0,47*	-0,54*	-0,38	-0,5	-0,77***	0,31	0,56*	-0,52*	0,63**	0,59**	-0,21	-0,60**	-0,09	0,03	0,49*	1		
loe	0,11	0	-0,16	-0,15	-0,60**	0,31	0,3	-0,37	0,49*	0,49*	-0,03	-0,76***	-0,35	-0,11	0,86***	0,66**	1	
lae	0,02	-0,2	-0,39	-0,1	-0,35	0,56	0,56*	-0,49*	0,52*	0,48*	0,15	-0,21	-0,34	0,4	0,24	0,51*	0,43	1

Biom : Biomasse aérienne ;Ht : Hauteur de la tige ;Nr :Nombre de ramifications ;Lp : Longueur du pédoncule ; Ng : Nombre de gousses/plant ; Lgo : Longueur de la gousse ; Larg : Largeur de la gousse ; Ngrg : Nombre de grains /gousse ; Logr : Longueur des graines ; Lagr : Largeur des graines ; Df : Date de la floraison ; Ngr : Nombre de grains / plant ; Pmg : Poids de mille grains ; Rdt : Rendement en grain/plant ; Loc : Longueur de la carène ; Lac : Largeur de la carène ; Loe : Longueur de l'étendard ; Lae : Largeur de l'étendard,

Tableau 1: Analyse de la variance de la date de floraison (DFL)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV (%)
BLOC	5	1114,95	222,99	3,98	0,0779	
STRESS	1	8,05	8,048	0,14	0,7203	3,5
BLOC*STRESS	5	280,24	56,048	0,54	0,7478	
Pop	6	1482,07	247,01	2,36	0,0408	12,6
STRESS*Pop	6	883,50	147,24	1,41	0,2260	
Erreur	60	6268,48	104,47			

Tableau 2: Analyse de la variance de la date de maturité (DM)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV (%)
BLOC	5	234,92	46,98	7,01	0,0260	
STRESS	1	7,44	7,44	1,11	0,3401	0,9
BLOC*STRESS	5	33,49	6,	0,37	0,8704	
Pop	6	467,95	77,99	4,25	0,0012	3,8
STRESS*Pop	6	412,48	68,75	3,75	0,0031	
Erreur	60	1100,43	18,34			

Tableau 3: Analyse de la variance de la hauteur de la tige (HT)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV (%)
BLOC	5	2068,35	413,67	3,95	0,0791	
STRESS	1	2613,00	2613,00	24,93	0,0041	4,4
BLOC*STRESS	5	524,01	104,80	0,35	0,8830	
Pop	6	892,11	148,69	0,49	0,8130	20,0
STRESS*Pop	6	689,93	114,99	0,38	0,8894	
Erreur	60	18190,10	303,17			

Tableau 4: Analyse de la variance de la longueur des gousses (LOGO)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	0,72	0,14	1,72	0,2825	
STRESS	1	3,44	3,44	41,00	0,0014	3,0
BLOC*STRESS	5	0,42	0,08	0,67	0,6462	
Pop	6	0,36	0,06	0,48	0,8186	9,8
STRESS*Pop	6	0,24	0,04	0,33	0,9206	
Erreur	60	7,49	0,12			

Tableau 5: Analyse de la variance de la largeur des gousses (LAGO)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV (%)
BLOC	5	0,071	0,014	1,29	0,3941	
STRESS	1	0,210	0,210	19,06	0,0072	3,1
BLOC*STRESS	5	0,060	0,011	0,84	0,5268	
Pop	6	1,500	0,250	19,05	<,0001	8,9
STRESS*Pop	6	0,080	0,013	1,00	0,4369	
Erreur	60	0,790	0,013			

Tableau 6: Analyse de la variance des branches primaires (BRP)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	12,38	2,48	1,90	0,2495	
STRESS	1	12,19	12,19	9,34	0,0282	6,2
BLOC*STRESS	5	6,52	1,305	0,40	0,8465	
Pop	6	13,79	2,30	0,71	0,6464	25,7
STRESS*Pop	6	3,64	0,61	0,19	0,9795	
Erreur	60	195,43	3,26			

Tableau 7: Analyse de la variance de la longueur du pédoncule (LP)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	5,56	1,11	1,43	0,3522	
STRESS	1	14,67	14,67	18,85	0,0074	8,8
BLOC*STRESS	5	3,89	0,78	1,39	0,2411	
Pop	6	9,87	1,65	2,94	0,0140	19,8
STRESS*Pop	6	4,9	0,82	1,46	0,2081	
Erreur	60	33,59	0,56			

Tableau 8: Analyse de la variance du nombre des gousses par plant (NGO)

Source	DDL	SCE	CM	Value	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	520,52	104,10	0,87	0,5575	
STRESS	1	7131,86	7131,86	59,80	0,0006	10,2
BLOC*STRESS	5	596,29	119,26	1,40	0,2379	
Pop	6	9828,48	1638,08	19,20	<,0001	22,7
STRESS*Pop	6	1696,81	282,80	3,32	0,0069	
Erreur	60	5117,86	85,30			

Tableau 9: Analyse de la variance du poids des gousses par plant (PDG)

Source	DDL	SCE	CM	Value	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	255,97	51,19	2,69	0,1511	
STRESS	1	576,71	576,71	30,26	0,0027	7,8
BLOC*STRESS	5	95,30	19,06	1,17	0,3343	
Pop	6	321,27	53,54	3,29	0,0073	19,1
STRESS*Pop	6	54,19	9,03	0,55	0,7645	
Erreur	60	977,06	16,28			

Tableau 10: Analyse de la variance du nombre de grains par gousse (NGRG)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	0,92	0,18	2,09	0,2194	
STRESS	1	8,61	8,61	97,44	0,0002	4,0
BLOC*STRESS	5	0,44	0,09	0,37	0,8639	
Pop	6	17,01	2,83	12,02	<,0001	17,3
STRESS*Pop	6	1,17	0,20	0,83	0,5512	
Erreur	60	14,15	0,24			

Tableau 11: Analyse de la variance du nombre de grains par plants (NGRP)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	2382,95	476,59	6,04	0,0352	
STRESS	1	18186,86	18186,85	230,63	<,0001	3,7
BLOC*STRESS	5	394,29	78,86	0,14	0,9812	
Pop	6	111635,83	18605,97	33,87	<,0001	25,9
STRESS*Pop	6	4895,98	815,99	1,49	0,1985	
Erreur	60	32956,76	549,28			

Tableau 12: Analyse de la variance du poids de mille grains (PMG)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	8766,27	1753,25	0,55	0,7359	
STRESS	1	911,26	911,26	0,29	0,6157	10,2
BLOC*STRESS	5	15925,60	3185,12	1,75	0,1360	
Pop	6	294566,34	49094,39	27,05	<,0001	20,4
STRESS*Pop	6	28937,06	4822,84	2,66	0,0236	
Erreur	60	108900,61	1815,01			

Tableau 13: Analyse de la variance du rendement en grain par plants (RDT)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	186,26	37,25	2,67	0,1521	
STRESS	1	390,87	390,87	28,06	0,0032	8,7
BLOC*STRESS	5	69,64	13,93	1,33	0,2623	
Pop	6	206,26	34,38	3,29	0,0072	19,8
STRESS*Pop	6	31,32	5,22	0,50	0,8059	
Erreur	60	626,50	10,44			

Tableau 14: Analyse de la variance du rendement biologique (BIOM)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs.	Pr > F	CV(%)
BLOC	5	305,10	61,02	0,45	0,8009	
STRESS	1	4639,74	4639,74	34,02	0,0021	8,8
BLOC*STRESS	5	681,83	136,37	0,65	0,6617	
Pop	6	591,82	98,64	0,47	0,8272	28,8
STRESS*Pop	6	593,65	98,94	0,47	0,8261	
Erreur	60	12566,26	209,44			

Tableau 15: Analyse de la variance des protéines brutes (PROT)

Source	DDL	SCE	CM	F Obs,	p	CV%
BLOC	5	1,84	0,37	0,18	0,9690	
STRESS	1	28,96	28,96	5,40	0,0280	3,8
BLOC*STRESS	5	1,32	0,26	0,13	0,9850	
Pop	6	35,66	5,94	1,11	0,3820	13,5
STRESS*Pop	6	33,55	5,59	1,04	0,4190	
Erreur	60	28,63	0,48			

Tableau 16. Corrélations entre les caractères étudiés

	Date de floraison	Date de maturité	Hauteur de plant	Longueur gousse	Largeur gousse	Nombre de Branches primaires	Longueur Pédoncule	Nombre gousses par plant	Poids gousses	nombre grains par gousse	Nombre grains par plant	Poids de mille grains	Rendement Par plant	Rendement biologique
Date maturité	0,388ns													
Hauteur plant	0,683**	0,200ns												
Longueur gousse	0,465ns	0,168ns	0,412ns											
Largeur gousse	0,528ns	0,567*	-0,039ns	0,296ns										
Nombre branches primaires	0,518ns	0,342ns	0,348ns	0,581*	0,589*									
Longueur pédoncule	0,424ns	-0,287ns	0,309ns	0,514ns	0,089ns	0,419ns								
Nombre gousses /plant	0,082ns	-0,551*	0,410ns	0,524ns	-0,394ns	0,259ns	0,604*							
Poids gousses	0,547*	0,250ns	0,595*	0,673**	0,141ns	0,550*	0,377ns	0,501ns						
Nombre grains/gousses	0,056ns	-0,638*	0,230ns	0,403ns	-0,299ns	0,165ns	0,747**	0,870***	0,241ns					
Nombre grains / plant	-0,163ns	-0,713**	0,234ns	0,279ns	-0,650*	-0,022ns	0,540*	0,923***	0,311ns	0,854***				
Poids de mille grains	0,442ns	0,814***	0,069ns	0,119ns	0,737**	0,185ns	-0,254ns	-0,600*	0,076ns	-0,650*	-0,785***			
Rendement/plant	0,527ns	0,189ns	0,608*	0,663**	0,109ns	0,514ns	0,355ns	0,566*	0,977***	0,320ns	0,363ns	0,012ns		
Rendement biologique	0,530ns	-0,185ns	0,581*	0,656*	-0,003ns	0,319ns	0,648*	0,719**	0,690**	0,749**	0,586*	-0,236ns	0,744**	
Protéine brute	0,548*	-0,021ns	0,592*	0,510ns	-0,013ns	0,456ns	0,654*	0,375ns	0,411ns	0,364ns	0,284ns	-0,203ns	0,356ns	0,466ns

Ns, *, ** et *** : non significatif, significatif à P<0,05, P<0,01 et P<0,001 % respectivement

Tableau 1: Analyse de la variance des protéines brutes (CP)

Source	SCE	D	CM	F OBS.	p
pop	46,84	13	3,60	364	0,0000000
Erreur	0,28	28	0,01		

Tableau 2: Analyse de la variance de la cellulose brute (CB)

Source	SCE	DDL	CM	F OBS.	p
pop	37,418	13	2,878	169,3	0,0000000
Erreur	0,476	28	0,017		

Tableau 3: Analyse de la variance de la variance de la matière sèche (MS)

Source	SCE	DDL	CM	FOBS.	p
pop	8,6	13	0,700	25	0,0000000
Erreur	0,7	28	0,025		

Tableau 4: Analyse de la variance du poids de cent grains (P100G)

Source	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
pop	1458,25	13	112,17	201,52	0,0000000
Erreur	15,59	28	0,56		

Tableau 5: Analyse de la variance de la variance de la matière minérale (MM)

Source	SCE	DDL	CM	F OBS.	p
pop	1458,25	13	112,17	201,52	0,0000000
Erreur	15,59	28	0,56		

Tableau 6: Analyse de la variance de la matière organique (MO)

Source	SC	Degr. de	MC	F	p
pop	1,1	13	0,100	6	0,00002
Erreur	0,4	28	0,014		

Tableau 7: Analyse de la variance de la teneur en (ODAP)

Source	SCE	DDL	MC	F OBS.	p
pop	0,000073	13	0,000006	868,9	0,0000000
Erreur	0	28	0		

