



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
MINISTRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
ÉCOLE NATIONALE SUPERIEURE AGRONOMIQUE – EL HARRACH- ALGER
المدرسة الوطنية العليا للزراعة - الحراش - الجزائر

THESE

En vue de l'obtention du diplôme de Doctorat 3^{ème} cycle en Sciences Agronomiques
Département : Productions Végétales
Spécialité : Production et Amélioration Végétales
Option : Ressources Génétiques et Amélioration des Productions Végétales

Diversité et structuration génétique du pois chiche
(*Cicer arietinum* L.) local (Algérie)

Présentée par : M^{me} BELLEMOU Djihad

Soutenu le : 13/09/2020

Devant le jury

Président:	M. LATATI M.	M.C.A (ENSA, El Harrach, Alger)
Directeur de thèse :	M ^{me} LAOUAR M.	M.C.A (ENSA, El Harrach, Alger)
Co-directeur de thèse :	M. ABDELGUERFI A.	Professeur (Alger)
Examineurs :	M ^{me} BENKHERBACHE N.	M.C.A (Université de M'Sila)
	M ^{me} BENSLIMENE H.	M.C.A (ENSA, El Harrach, Alger)

Dédicace

*A mes très chers parents, la lumière de mes yeux et le secret de ma force :
Chaque ligne de cette thèse, chaque mot et chaque lettre vous exprime l'amour, la
reconnaissance, le respect, et le merci d'être mes parents.*

A mon bien aimé, mon époux OUSSAMA

*J'aimerais bien que tu trouves dans ce travail l'expression de mes sentiments d'amour et
de reconnaissance les plus sincères ; c'est grâce à ta patience, ton soutien et ta
compréhension que cette thèse a pu voir le jour.*

*Une dédicace exceptionnelle pour mon petit poussin, ABDELMOUZY le rayon
du soleil qui égaye ma vie.*

*A ma très chère et unique grand-mère (SALMA), tes prières, tes
bénédictions et tes encouragements m'ont été d'un grand secours pour mener à bien mes
études. Que le BON DIEU t'accorde une bonne santé, te garde et te protège pour
nous.*

*A la mémoire de mon grand-père qui ALLAH le miséricordieux l'accueille dans
son vaste paradis*

*A mon unique frère MOHAMED et sa petite princesse ASLYHEN ainsi que
mon adorable sœur WISSAL*

*A mes chers beaux-parents : aucun mot ne pourrait exprimer à leur juste valeur
la gratitude et l'estime que je vous porte*

A mes adorables sœurs SARAH et IMEN et leur petite famille

A mon cher petit frère BADOU que je lui souhaite beaucoup de réussite

*À mes amies et mes sœurs de cœur (Hadjer, Sarah et Imen), mes collègues et
toutes les personnes qui ont participé à l'élaboration de ce travail, à tous ceux que j'ai
omis de citer.*

Remerciements

En premier lieu, je tiens à remercier, DIEU LE TOUT PUISSANT ET LE PLUS MISERICORDIEU pour toutes ces bénédictions qu'il m'a offertes.

Il est agréable d'exprimer ma profonde gratitude à Mme. LAOUAR Meriem ma directrice de thèse et Mr. ABDELGUERFI Aissa mon co-directeur pour leur entière disponibilité, leurs conseils, leurs orientations. Qu'ils soient remerciés pour leur gentillesse, pour les nombreux encouragements et pour leur soutien qu'ils m'ont prodiguée.

Mes vifs remerciements s'adressent à Monsieur LATATI Mourad d'avoir accepté de présider le jury de ce travail et à Mesdames BENKHERBACHE Nadja et BENSLIMENE Hamida qui ont bien voulu examiner ce travail.

Mes sincères remerciements s'adressent aussi Dr Teresa MILLAN et Dr Juan GIL ainsi qu'à toute l'équipe du Laboratoire de génétique (Université de Cordoba, Espagne) pour leur assistance lors de la réalisation de la partie moléculaire.

*Je tiens à exprimer mes sincères et vifs remerciements au feu **Dr. Labdi M.** (chercheur INRAA) de nous avoir apporté une énorme aide par son savoir et par la fourniture des semences locales de pois chiches. Je remercie également les banques de gènes ICARDA, ICRISAT, et USDA ainsi que le CNCC de nous avoir envoyé les semences des différents génotypes que nous avons utilisé pour la réalisation de cette thèse.*

Des remerciements particuliers à Mme LARABA Imen, Mr KADRI Adel et Mme TABTI Dahbia pour leurs énormes aides et soutiens apportés lors de la réalisation des statistiques.

Je tiens aussi à remercier vivement tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à l'achèvement de ce travail, qu'ils trouvent ici l'expression de mes profondes reconnaissances.

Abstract

Assessment of genetic diversity among chickpea (*Cicer arietinum* L.) germplasm at the morphological and molecular levels is fundamental for chickpea breeding and genetic resources conservation. Genetic variability of 46 chickpea genotypes including 42 Algerian genotypes and four control varieties was evaluated by using 15 agromorphological traits. Eleven molecular markers including nine simple sequence repeats, one sequence characterized amplified region (SCY17) and one gene-specific (CaETR4) were used to characterize the 46 genotypes and eight reference varieties added for their resistance/susceptibility diseases. Genotypes resistant to *Ascochyta* blight were identified by the presence of SCY17 and CaETR4 markers. High diversity was observed for all measured morphological traits between genotypes. Yield components, plant height, phenological traits and growth habit were the most traits involved in variation among genotypes and were partitioned into four groups by using principal component analysis. According to the multiple comparison based on Fisher test, 26 landraces genotypes were high yielding than the most productive reference varieties. While, the results of Best Linear Unbiased Predictors (BLUPs) highlighted 6 superior genotypes in which two appeared as superior in fisher test results. All molecular markers were polymorphic. In total, 91 alleles were obtained ranging from 2 to 21 per locus with average of 8.27 alleles per marker. Polymorphism information content ranged from 0.58 to 0.99 with an average value of 0.87. UPGMA clustering and Bayesian-based model structure analysis grouped genotypes into two clusters, but the distribution of the genotypes by cluster was not the same for the two analyses. According to the presence of markers indicating resistance to *Ascochyta* blight (SCY17 and CaETR4), three resistant genotypes (FLIP 82-C92, ILC 6909, ILC 7241) were selected and should be tested in controlled conditions for confirmation. Considering the narrow diversity of cultivated chickpea, the Algerian genotypes can be considered as interesting for future breeding programs.

Keywords: agro-morphological characterization, genetic diversity, genetic structure, landrace, PIC, SCAR, SSR markers.

Résumé

L'évaluation de la diversité génétique du germplasm du pois chiche (*Cicer arietinum* L.) aux niveaux agro-morphologique et moléculaire est fondamentale pour la sélection du pois chiche et la conservation des ressources génétiques. La variabilité génétique de 46 génotypes de pois chiches, dont 42 génotypes algériens et quatre variétés témoins, a été évaluée en utilisant 15 caractères agro-morphologiques. Onze marqueurs moléculaires, dont neuf répétitions de séquences simples, une région amplifiée caractérisée par une séquence (SCY17) et un gène spécifique (CaETR4) ont été utilisés pour caractériser les 46 génotypes et huit variétés de référence rajoutées pour leur résistance/sensibilité aux maladies. Les génotypes résistants à l'*Ascochyta blight* ont été identifiés par la présence des allèles de résistance des marqueurs SCY17 et CaETR4. Une grande diversité a été observée pour tous les caractères morphologiques étudiés. Les composantes du rendement, la hauteur de la plante, les caractères phénologiques et le port, s'avèrent être les caractères les plus impliqués dans la variation entre les génotypes ; sur cette base, les génotypes ont été subdivisés en quatre groupes distincts. La comparaison multiple des moyennes par le test de Fisher a révélé 26 génotypes locaux plus productifs que la variété témoin la plus productive. De plus, l'analyse des BLUPs, a identifié 6 génotypes supérieurs en termes de production en grain dont deux seulement ont été révélés par le test de Fisher. Tous les marqueurs moléculaires étaient polymorphes. Au total, 91 allèles ont été révélés allant de 2 à 21 allèles par locus avec une moyenne de 8,27 allèles par marqueur. Le PIC variait de 0,58 à 0,99 avec une valeur moyenne de 0,87. L'UPGMA et l'analyse de la structure des populations ont regroupé les génotypes en deux clusters, mais la distribution des génotypes par cluster n'était pas la même pour les deux analyses. Selon la présence des allèles de résistance à l'*Ascochyta blight* (SCY17 et CaETR4), trois génotypes putatives résistants (FLIP 82-C92, ILC 6909, ILC 7241) ont été sélectionnés et doivent être testés dans des conditions contrôlées pour la confirmation de leur résistance. Compte tenu, du pool génétique étroit du pois chiche cultivé, les génotypes algériens peuvent être considérés comme intéressants pour les futurs programmes de sélection.

Mots-clés: caractérisation agro-morphologique, diversité génétique, structure génétique, variétés locales, PIC, SCAR, marqueurs SSR.

ملخص

تقييم التنوع الوراثي للحمص (*Cicer arietinum* L.) على المستوى المورفولوجي و الجزيئي أمر أساسي لتحسين نوعية الحمص و الحفاظ على الموارد الوراثية. في هذه الدراسة، تم تقييم التنوع الوراثي على المستوى المورفولوجي الزراعي و على المستوى الجيني و الجزيئي لـ 46 نمط من حمص منها 42 نمط جزائري وأربعة أصناف استعملت كمرجع. لهذا الغرض تم استخدام 15 سمة مورفولوجية و إحدى عشرة علامة جزيئية. ثمانية أحماض ريبية نووية ADN اضيفت للدراسة الجزيئية استخلصت من انماط معروفة بمقاومة الأمراض أو حساسة لها. إن التعرف على الأنماط الجينية المقاومة للأسكوكينا أصبح ممكن بواسطة اثبات وجود أليلات المقاومة للعلامتين الجزيئيتين SCY17 و CaETR4 معاً في نفس النمط. أظهرت نتائج تحاليل الإحصائية تنوع كبير لجميع الصفات المورفولوجية المدروسة بين الأنماط الجينية. سمحت تحاليل المكونات الرئيسية (ACP) باستنتاج السمات المسؤولة عن الاختلاف بين الأنماط الوراثية و التي تمثلت في: مكونات الغلة، طول النبات، الصفات الفينولية وقوام النبات. استنادا على نفس التحلي (تحليل المكون الرئيسي) تم تقسيم أنماط الحمص الدروس إلى أربع مجموعات كل واحدة تضم الأنماط المتشابهة مورفولوجيا. وفقا لاختبار المقارنة المتعددة لفيشر تم استخلاص 26 نوع محلي كأفضل نوع منتج مقارنة بالمرجع الأكثر انتاجا، أما تحليل BLUPs فقد اظهر 6 انماط أكثر انتاجا، 2 فقط منها ظهرت في تحليل فيشر. المجموع الكلي الأليلات المتحصل عليها 91 الأليل يتراوح ما بين 2 إلى 21 الأليل و بمعدل 8.27 أليل للعلامة لجزيئية. تراوح PIC ما بين 0.58 إلى 0.99 بمتوسط قيمة 0.87. تحليل المجموعات الهرمية UPGMA و تحليل التركيب الجيني قسموا النمط الى مجموعتين فقط. بناءا على وجود الأليلات المقاومة، تم التعريف بثلاثة أنماط جينية مقاومة للأسكوكينا (FLIP 82-C92، ILC7241، ILC 6909). بالنظر إلى التنوع الضيق للحمص المزروع، يمكن اعتبار التنوع الوراثي الجزائري مثير للاهتمام لبرامج التحسين الوراثي المستقبلية.

الكلمات المفتاحية: التوصيف الزراعي المورفولوجي، التنوع الوراثي، التركيب الوراثي، السلالة، PIC، SCAR، علامات،

Table des matières

Introduction	1
Chapitre I : Synthèse bibliographique	
1. Présentation de la culture.....	5
1.1. Origine géographique	5
1.2. Systématique et taxonomie	5
1.3. Morphologie.....	5
2. Exigences culturelles.....	8
3. Types de culture de pois chiche	9
4. Stress biotiques et abiotiques	10
4.1. Stress biotiques	10
4.2. Stress abiotiques	11
5. Intérêts de la culture de pois chiche	11
5.1. Intérêts nutritionnels.....	11
5.2. Intérêts écologiques	12
6. Situation de la culture de pois chiche dans le monde	13
7. Culture de pois chiche en Algérie	15
7.1. Zones de productions	15
7.2. Productions, superficies, rendements et importation	15
7.3. Contraintes de la culture de pois chiches en Algérie.....	17
8. Ressources génétiques.....	18
8.1. Ressources génétiques du pois chiche dans le monde	18
8.2. Bilan des ressources génétiques de pois chiches en Algérie.....	18
9. Evaluation de la diversité génétique.....	21
9.1. Marqueurs morphologiques	21
9.2. Marqueurs moléculaires et génomique	22

9.2.1.	Microsatellites	22
9.2.2.	Marqueurs de polymorphisme mononucléotidique (SNP)	24
9.2.3.	Séquençage	24
10.	Sélection Assistée par Marqueurs (SAM)	25
11.	Utilisation de marqueurs lié au gene/QTL pour la sélection	27
11.1.	Marqueurs de sélection vis-à-vis de l'antracnose	27
11.2.	Marqueur de sélection vis-à-vis de la fusariose vasculaire	28s

Chapitre II : Matériels et methodes

1.	Caractérisation agro-morphologique	30
1.1.	Matériel génétique	30
1.2.	Dispositif expérimental	34
1.3.	Caractéristiques du site expérimental et conditions de l'essai	34
1.4.	Entretien et conduite de la culture	36
1.5.	Paramètres agro-morphologiques étudiés	37
2.	Caractérisation moléculaire	39
2.1.	Extraction de l'ADN génomique	39
2.2.	Extraction de l'ADN génomique	39
2.3.	Qualité et quantification des ADN	41
2.4.	Choix des marqueurs moléculaires	42
2.5.	Réaction en chaîne par polymérase (PCR)	42
2.6.	Visualisation des amplifiats	44
3.	Analyses statistiques	45
3.1.	Analyse statistique des données agro-morphologiques	45
3.2.	Analyse statistique des données moléculaires	46
3.3.	Analyse de la structure génétique	47

Chapitre III : Résultats et discussion

1.	Résultats	49
----	-----------------	----

1.1. Caractérisation agro-morphologique	49
1.1.1. Statistiques descriptives et analyse de variance	49
1.1.2. Comparaison des moyennes	49
1.1.3. Le meilleur prédicteur linéaire sans biais (BLUPs)	57
1.1.4. Corrélations	58
1.1.5. Analyse multivariée.....	62
1.2. Caractérisation moléculaire	66
1.2.1. Visualisation de l'ADN.....	66
1.2.2. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)	66
1.2.3. Diversité génétique	67
1.2.4. Hiérarchisation génétiques	68
1.2.5. Structure génétique	70
1.2.6. Identification moléculaire de la résistance à l'Ascochyta blight	71
2. Discussion.....	73
2.1. Diversité phénotypique	73
2.2. Corrélations entre les caractères agro-morphologiques.....	74
2.3. Diversité génétique	75
2.4. Structure génétique	77
2.5. Dépistage de la résistance à l'Ascochyta blight	78
Conclusion et perspectives.....	79
Références bibliographiques	82
ANNEXES.....	95

Liste des abréviations

ADN :	Acide désoxyribonucléique
AFLP :	Polymorphisme de longueur des fragments amplifiés(Amplified Fragment Length Polymorphism)
BAC :	Chromosome bactérien artificiel (Bacterial Artificial Chromosome):
BET :	Bromure d'éthidium.
BIBAC :	Chromosome artificiel bactérien binaire (Binary Bacterial Artificial Chromosome)
BLUES:	Best linear unbiased estimates of fixed effects
BLUPs :	Best Linear Unbiased Prediction
CNCC :	Centre National de Contrôle et Certifications des Semences et des Plants
CTAB :	Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide.
FAO :	Organisation des Nations Unis pour l'Alimentation et l'Agriculture (Food and Agriculture Organisation)
GWAS :	L'étude d'association pangénomique (Genome wide association study)
IBPGR :	Institut International des Ressources Phytogénétiques (International Board for Plant Genetic Resources)
ICARDA :	Le Centre international de recherche agricole dans les zones arides (The International Center for Agricultural Research in the Dry Areas)
ICRISAT :	Institut international de recherche sur les cultures des zones tropicales semi-arides Institut international de recherche sur les cultures des zones tropicales semi-arides)
INRA :	Institut national de la recherche agronomique
ITGC :	Institut Technique des Grandes Cultures
LG :	Group de linkage

NGS :	Technologies de séquençage de nouvelle génération (Next Generation Sequencing)
PIC :	Le contenu de l'information polymorphe (Polymorphic Information content)
QTL :	Locus de caractères quantitatifs (Quantitative Trait Loci)
RAPD :	Amplification aléatoire d'ADN polymorphe (random amplified polymorphic DNA)
RFLP :	Polymorphisme de longueur des fragments de restriction(Restriction Fragment Length Polymorphism)
SAM :	Sélection Assistée par Marqueurs
SCAR :	Sequence Characterized Amplified Region
SNP :	Polymorphisme mono-nucléotidique (single-nucleotide polymorphism)
SSR :	Simple Sequence Repeat (Microsatellite)
STMS :	Sequence Tagged Microsatellite Sites (Microsatellite)
TBE :	Tris - Borate- EDTA.
TH :	Température d'hybridation
UV :	Rayonnement ultraviolet
WGS:	Resequençage du genome entire (Whole-genome resequencing)

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1 : Composition moyenne chimique et minérale de pois chiche	12
Tableau 2 : QTLs et gènes-spécifiques dans les différent groupe de linkage (LG) de pois chiche	26
Tableau 3 : Codes, pedigree (statut biologique), type de semence, origine, altitude, latitude, longitude, caractéristiques et fournisseur/source de provenance des 54 génotypes de pois chiche	31
Tableau 4 : Résultats de l'analyse physico-chimique du sol (Tabti, 2018)	35
Tableau 5 : Pluviométrie (mm) et températures (°C) moyennes mensuelle de la campagne agricole 2014-2015 (Station météorologique ENSA, 2015).	35
Tableau 6 : Abréviation et méthodes d'évaluation des 15 caractères Agro-morphologiques étudiés.....	37
Tableau 7 : Caractéristiques des 11 marqueurs moléculaire.....	43
Tableau 8 : Statistique descriptive des 15 caractères agro-morphologique évalués pour 46 génotypes de pois chiche.....	50
Tableau 9 : Analyse de la variance des 15 caractères phénotypiques étudiés sur les 46 génotypes de pois chiche.....	50
Tableau 10 : Identification des 20 meilleurs génotypes en poids de grains (SY) par la méthode des BLUPs	59
Tableau 11 : Corrélations entre les caractères agro-morphologiques étudiés.....	61
Tableau 12 : Contribution de chaque caractère agro-morphologique a la variation totale	63
Tableau 13 : Résultats de la diversité génétique que révèle chaque marqueur moléculaire ...	68
Tableau 14 : Presence des alleles de resistance et de sensibilité des marqueurs SCY17 et CaETR4 chez les génotypes témoins et les génotypes putatives résistants à Ascochyta blight	72

LISTE DES FIGURES

Figure 1 : Description morphologique du pois chiche (Kudapa <i>et al.</i> , 2018)	7
Figure 2 : Les différentes couleurs de fleurs de pois chiche (Bellemou <i>et al.</i> , 2016)	7
Figure 3 : Les différents types de graine de pois chiche (Sing <i>et al.</i> , 2015)	7
Figure 4 : Pourcentage de production de pois chiche par continent en 2018 (FAO, 2019)	14
Figure 5 : Les quantités de pois chiche exportées par les 5 pays les plus grands exportateurs en 2018 (FAO, 2019)	14
Figure 6 : Les quantités de pois chiche importées par les 5 pays les plus grands importateurs en 2018 (FAO, 2019)	14
Figure 7 : Évolution des superficies emblavées, de la production et des rendements du pois chiche de 1962 à 2018 (FAO, 2019)	16
Figure 8 : Représentation en pourcentage des 42 génotypes algériens de pois chiches par wilaya (les données manquantes représentent 12%)	30
Figure 9 : Différents types de port : (A) représentation schématique selon le descripteur de pois chiche de l'IPBGR et al. (1993), (B) photos correspondantes prises du site expérimental par Bellemou (2015).....	38
Figure 10 : Histogramme représentant le nombre de jour moyen nécessaire pour la levée des 46 génotypes (les variétés témoins sont en rouge)	51
Figure 11 : Histogramme représentant le nombre de jour moyen nécessaire à la floraison des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	52
Figure 12 : Histogramme représentant le nombre de jour moyen nécessaire à la formation des gousses des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	52
Figure 13 : Histogramme représentant la moyenne du nombre jour moyen nécessaire à la maturité des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	52
Figure 14 : Histogramme représentant la longueur moyenne du plant par génotypes (variétés témoins en rouge)	53
Figure 15 : Histogramme représentant la hauteur moyenne de la 1ere gousse du sol (variétés témoins en rouge)	54
Figure 16 : Histogramme représentant le nombre moyen de ramifications primaires (variétés témoins en rouge)	54
Figure 17 : Histogramme représentant le nombre moyen de ramifications secondaires (variétés témoins en rouge)	54

Figure 18 : Histogramme représentant le nombre total moyen de gousse par plant des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	55
Figure 19 : Histogramme représentant le nombre moyen de graines par plants des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	56
Figure 20 : Histogramme représentant le poids moyen de 100 gousses des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	56
Figure 21 : Histogramme représentant le poids moyen de 100 graines des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	56
Figure 22 : Histogramme représentant le poids total moyen des gousses par plant des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	57
Figure 23 : Histogramme représentant le poids total moyen des graines par plant des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)	57
Figure 24 : ACP des quinze (15) caractères agro-morphologiques.....	64
Figure 25 : Diagramme de dispersion des 46 génotypes en se basant sur PC1 et PC2. Les couleurs noir, vert, bleu et rouge représentent respectivement le groupe 1, le groupe 2, le groupe 3 et le groupe 4.	64
Figure 26 : Dendrogramme montrant le groupement hiérarchique des 46 génotypes de pois chiche à la distance euclidienne 1	65
Figure 27 : Visualisation et comparaison qualitative et quantitative d'ADN génomique sur gel agarose à 2% révélé par le BET et observé sous UV (MT : Invitrogen Low DNA Mass Ladder; 0 : échantillon éliminé ; 1, 2 et 3 : les concentrations croissantes d'ADN qui représente respectivement échantillon à faible, moyenne et forte concentration d'ADN)	66
Figure 28 : Dendrogramme UPGMA, montrant le groupement hiérarchique des 54 génotypes de pois chiche, obtenu à partir de l'indice de similarité Jaccard	69
Figure 29 : Estimation du nombre de clusters (K) en se basant sur le calcul de delta K value (DK), suivant la méthode d'Evanno <i>et al.</i> (2005).	70
Figure 30 : Structure génétique des 54 génotypes de pois chiches basée sur les données des 11 marqueurs moléculaires et déterminée par le logiciel STRUCTURE avec K = 2. Cluster 1 et 2 sont colorés respectivement par le bleu et l'orange	71
Figure 31 : Les allèles de résistance et de sensibilité à l'antracnose des marqueurs SCY17 et CaETR 4 (R : allèle de résistance, S : allèle de sensibilité)	72

Introduction

La sécurité alimentaire est un sujet d'actualité vu que les besoins s'accroissent parallèlement à la croissance continue de la population à l'échelle mondiale (**Vural et Karasu, 2007**). L'Organisation des Nations Unis pour l'Alimentation et l'Agriculture (FAO), estime que la population mondiale passera de 7 milliards à plus de 9 milliards en 2050 d'où l'obligation d'augmenter la production alimentaire de 70% (**FAO, 2019**).

Les légumineuses à graines très riches en protéines végétales constituent un élément crucial dans l'agriculture et dans l'alimentation humaine (**Vural et Karasu, 2007**). Elles contribuent à l'amélioration durable de l'environnement en raison de leur unique capacité de fixation d'azote atmosphérique et donc maintenir et restaurer la fertilité des sols et améliorer les rendements de la culture suivante ou celle en association (**Vural et Karasu, 2007**). Ces légumineuses en association avec les céréales constituent un régime alimentaire équilibré, une riche source d'énergie, de minéraux et de certaines vitamines (**Jukanti et al., 2012**).

Le pois chiche (*Cicer arietinum* L.) est la deuxième culture de légumineuses la plus importante au monde en termes de superficie et de production après le haricot commun (**FAO, 2019**). Le pois chiche est très apprécié dans le système de culture pour l'amélioration de la fertilité du sol en fixant l'azote atmosphérique ; cette culture peut satisfaire jusqu'à 80% de ses besoins en azote grâce seulement à la fixation symbiotique. Le pois chiche laisse une quantité substantielle d'azote résiduel pour les cultures suivantes et ajoute de la matière organique pour maintenir et améliorer les propriétés physico-chimiques du sol (**Gaur et al., 2010**). Le pois chiche est apprécié pour la composition nutritive de ses graines, riches en protéines et utilisées pour corriger les carences en protéines animales (**Shrestha et al., 2011**).

En Algérie, la production du pois chiche, l'une des importantes sources de protéines, est en dessous des besoins nationaux ce qui nous oblige à assurer le déficit par des importations. En effet, l'Algérie est le 5^{ème} plus grand importateur de pois chiche au monde et le 1^{er} en Afrique (**FAO, 2019**). Cette situation est une conséquence d'un certain nombre de contraintes technico-économiques auxquelles s'ajoute l'érosion génétique.

Durant les années cinquante, plusieurs travaux d'inventaire et de caractérisation ont été entrepris sur des cultivars locaux et introduits et plus d'une trentaine de variétés ont été identifiées. Ces travaux traduisaient bien l'existence d'une variabilité génétique du pois chiche en Algérie. Malheureusement, cette diversité génétique n'a pas fait l'objet de gestion

ou de conservation et par conséquent, aucune collection n'a pu être préservée et les cultivars, populations ou variétés de pois chiche ont disparus. Actuellement, seules onze variétés sont produites pour répondre aux exigences des différentes zones agro-écologiques et faire face aux variations biotiques et abiotiques (**Amri–Tiliouine, 2020**).

L'indisponibilité des variétés/populations locales et l'absence d'information complète sur leur diversité génétique aux niveaux morphologique et moléculaire, a limité l'utilisation du pois chiche algérien. Des collections conservées dans certaines banques de semences et particulièrement celles de l'ICARDA, peuvent être utilisées à des fins de sélection après qu'une caractérisation agronomique, génétique et culinaire soit réalisée.

Les caractères morphologiques sont les déterminants les plus puissants de la valeur agronomique des végétaux. Les variations phénotypiques représentent un outil peu coûteux et facile pour identifier des génotypes avec les caractères agronomiques désirés dans la sélection du pois chiche (précocité, taille des graines, rendement en graines, port érigé, tolérance au stress). Toutefois, ces caractères morphologiques sont souvent biaisés par les facteurs environnementaux (**Jannatabadi et al., 2013 ; Zaccardelli et al., 2013**). En conséquence, l'usage de nouvelles approches d'ordre moléculaire peut fournir des informations plus fiables pour l'évaluation de la diversité (**Ghaffari et al., 2014**).

Les marqueurs moléculaires, contrairement aux marqueurs associés à des caractéristiques morphologiques ou biochimiques, révèlent directement les modifications du patrimoine génétique, c'est-à-dire de l'ADN, qu'elles se traduisent ou non par une modification phénotypique. Divers marqueurs ont été utilisés pour l'analyse de la diversité du pois chiche. Les marqueurs microsatellites ou marqueurs SSR (Simple Sequence Repeat) qui ont été extrêmement utiles pour estimer la diversité génétique en raison de leur : (i) abondance dans les génomes, (ii) co-dominance, (iii) neutralité et (iv) surtout pour leur capacité inhérente à résoudre un degré élevé de variabilité (**Powell et al., 1996 ; Varshney et al., 2005 ; Sethy et al., 2006**). Ces marqueurs microsatellites tels que les SSR ou STMS (Sequence Tagged Microsatellite Sites) ont été utilisés avec succès pour l'analyse de la diversité de plusieurs espèces de pois chiche (**Iruela et al., 2002 ; Nguyen et al., 2004 ; Singh et al., 2008 ; Castro et al., 2011 ; Jannatabadi et al., 2013**). De plus, les marqueurs moléculaires liés aux caractères d'intérêt permettent la détection d'allèles favorables dans les programmes de sélection et donc évitent les évaluations complexes et longues. Parmi ces marqueurs, des gènes/QTL liés à la résistance à plusieurs maladies, tel que l'antracnose causée par

Didymella rabiei (Kovatsch.) Arx. (anamorphe : *Ascochyta rabiei* (Pass.) Labr) (Millan *et al.*, 2003 ; Iruela *et al.*, 2006 ; Lichtenzweig *et al.*, 2006 ; Imtiaz *et al.*, 2008 ; Anbessa *et al.*, 2009 ; Madrid *et al.*, 2013 ; Sabbavarapu *et al.*, 2013) et la fusariose vasculaire du pois chiche causée par *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* (Padwick) Matuo et Sato (Sharma *et al.*, 2004 ; Cobos *et al.*, 2005 ; Sharma *et al.*, 2005 ; Gowda *et al.*, 2009 ; Tosh *et al.*, 2012 ; Sabbavarapu *et al.*, 2013) ont été identifiés.

En prenant en considération la situation d'érosion des variétés/populations locales du pois chiche (*Cicer arietinum* L.), il s'avère très important de reconstituer une collection locale sur laquelle des caractérisations multidisciplinaires seront menées pour établir une base de données fiable qui aidera dans la préservation et la valorisation du pois chiche en Algérie. Notre travail de recherche s'inscrit dans ce cadre ; il a porté sur une caractérisation agromorphologique et moléculaire, d'une collection algérienne de géotypes de pois chiche (*Cicer arietinum* L.) provenant en majeure partie de banques de gènes étrangères. Les nombreux résultats obtenus contribueront non seulement à la conservation, mais aussi à l'amélioration du pois chiche en Algérie.

Le mémoire de ce travail de recherche a été organisé en quatre parties. Il a été initié par une synthèse bibliographique qui situe le travail en se basant sur les données existantes ; suivi par la partie 'matériels et méthodes' dont laquelle la démarche suivie a été expliquée. La troisième partie a été dédiée aux résultats et discussion qui a été structurée en deux volets, le premier aborde la caractérisation agromorphologique et le deuxième la caractérisation moléculaire. Enfin, une conclusion, sur l'ensemble des travaux, et des perspectives ont été précisées.

Chapitre I : Synthèse Bibliographique

1. Présentation de la culture

1.1. Origine géographique

Le pois chiche est l'une des premières légumineuses à grains à être domestiquée dans l'ancien monde (**Van der Maesen, 1987**). Les plus anciens botanistes ont postulé plusieurs origines géographiques différentes. **De Candolle (1883)** a délimité la zone d'origine entre le sud du Caucase et le nord de la Perse ; **Vavilov (1926)** a identifié deux centres primaires d'origine, l'Asie du Sud et la Méditerranée et un centre secondaire en Ethiopie. **Ladizinsky et Adler (1976)**, en se basant sur l'analyse des protéines cytogénétique, et **Van der Maesen (1987)** en fonction de la présence des espèces annuelles étroitement liées aux *C. reticulatum* et *C. echinospermum*, ont considéré le sud-est de la Turquie jouxtant la Syrie comme le centre d'origine du pois chiche.

1.2. Systématique et taxonomie

Les enquêtes sur la parenté génétique entre les espèces du *Cicer* étaient réalisées au début par l'évaluation des similitudes caryo-morphologique (**Singh et Ocampo 1993**), des analyses des motifs des isoenzymes (**Labdi et al., 1996**), l'hybridation interspécifique (**Singh et Ocampo 1993**), et de la caractérisation de la chromatine (**Galasso et al., 1996**) entre les pois chiches et les parents sauvages. Les résultats de ces études ont indiqué que *C. arietinum* pourrait avoir comme progéniteur *C. reticulatum*. Plus récemment, les marqueurs moléculaires (**Choumane et al., 2000; Sudupak et al., 2002 ; Nguyen et al., 2004**) ont confirmé cette relation ancestrale.

Sur le plan taxonomique, le pois chiche se rattache à la famille des : Papilionacées ou Fabacées, genre *Cicer*. **Van Der-Maessen (1979)** a décrit les espèces de ce genre et il les a réparti en trois groupes : espèces annuelles sauvages, espèces pérennes sauvages et une seule espèce annuelle cultivée : *Cicer arietinum* L.

1.3. Morphologie

Sur le plan botanique, le pois chiche cultivé (*Cicer arietinum* L.) est une plante herbacée (dressée ou rampante), annuelle, diploïde ($2n=16$) et autogame présentant moins de 1% d'hybridation naturelle (**Singh et Reddy, 1991**). Elle comporte (**Figure 1**) une tige de 30 cm à 70 cm de hauteur, d'aspect velu et glanduleux. Elle est constituée de 1 à 8 branches primaires, des branches secondaires et tertiaires. On se basant sur l'angle des branches de la

verticale, cinq types de port peuvent être identifiés: érigés, semi-dressés, semi-étalés, étalés et prostrés (Gaur *et al.*, 2010). Les feuilles du pois chiche sont velues, composées et imparipennées avec 5 à 17 paires de folioles crénelées-dentées (Gaur *et al.*, 2010). Les fleurs du pois chiche sont hermaphrodites, de couleurs violettes ou pourpres, blanches et parfois rose (Figure 2). Les fruits sont des gousses ovales à réniformes, mesurent entre 15 et 30 mm de long sur 8 à 15 mm de large et porte de 1 à 3 graines (Saxena and Singh, 1987). Les graines chez le pois chiche présentent peu d'albumen, leurs couleurs, leurs tailles ainsi que leurs formes, varient selon le type de pois chiches. En effet, trois types existent, à savoir :

- Type Desi ou "microsperma" : caractérisé par des petites graines, angulaire avec la présence éminente d'un bec et une surface rugueuse. Les graines de ce type se caractérisent aussi par des téguments colorés et épais ; les couleurs comprennent diverses nuances qui combinent : le marron, le jaune, le vert et le noir (Figure 3) ;
- Type Kabuli ou "macrosperma" : caractérisé par des grosses graines, de couleur blanche ou beige avec la forme de « tête de bélier », des téguments minces et lisses (Figure 3) ;
- Un troisième type intermédiaire appelé Gulabi a été identifié par certains auteurs, présente des grains lisses, de couleur claire et d'une taille moyenne (ITGC, 2011).

Le système racinaire du pois chiche est généralement fort et profond (peut atteindre les 1m) qui se développe dans les deux sens, latéral et pivotant. Les racines latérales forment des nodules avec les bactéries symbiotiques, *Rhizobium*, capables de fixer l'azote atmosphérique sous une forme utilisable par les plantes. Les nodules sont visibles environ un mois après la levée des plantes, et généralement confinés aux premiers 15 cm de la surface (Gaur *et al.*, 2010). Les études récentes ont rapporté que les populations de rhizobium du pois chiche sont assez divers et se répartissent en plusieurs espèces à savoir *Mesorhizobium amorphae*, *Mesorhizobium loti*, *Mesorhizobium tianshanense*, *Mesorhizobium oportunistum*, *Mesorhizobium abyssinicae* et *Mesorhizobium shonense*.L ; mais avec une dominance de *Mesorhizobium ciceri* et de *Mesorhizobium mediterraneum* (Zhang *et al.*, 2020).

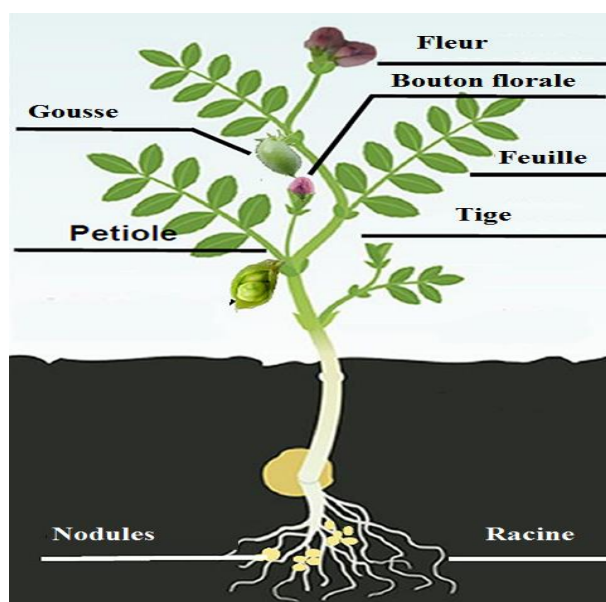


Figure 1 : Description morphologique du pois chiche (Kudapa *et al.*, 2018)



Figure 2 : Les différentes couleurs de fleurs de pois chiche (Bellemou *et al.*, 2016)

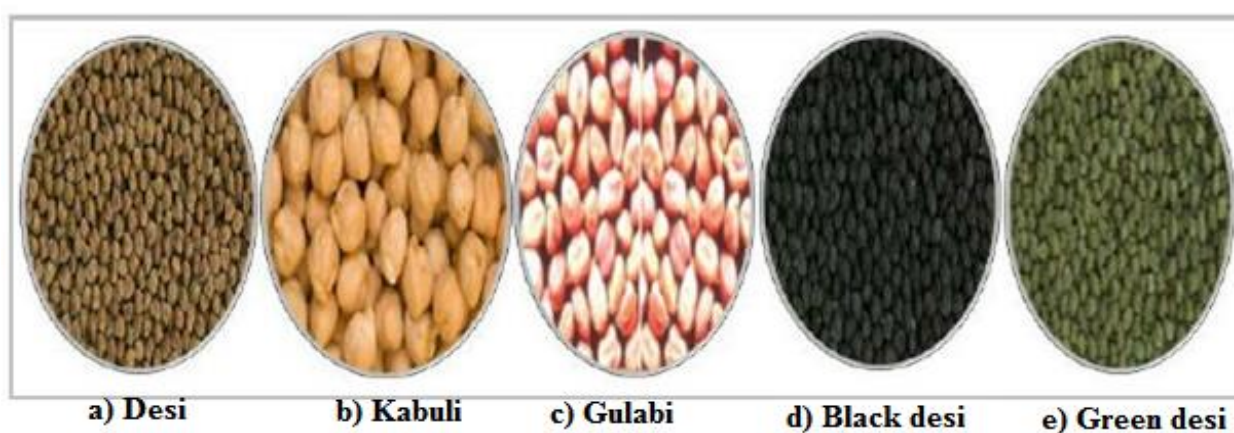


Figure 3 : Les différents types de graine de pois chiche (Sing *et al.*, 2015)

2. Exigences culturales

Le pois chiche est une culture peu exigeante en qualité du sol. Il peut être cultivé dans différents types de sol ; mais il préfère les sols lourds, profonds, bien drainés, de texture limoneuse et argilo-siliceuse et il redoute les sols calcaires qui prédisposent la plante à produire des graines de mauvaise cuisson. Le pH optimum du sol pour cette culture varie de 6 à 9 (ITGC, 2011). Quant à la fertilisation, la formule générale de fertilisation recommandée pour l'Algérie est : 10-20 U d'azote/ha au stade 6 à 8 feuilles, 50-75 U de P₂O₅/ha et 70-91 U de K₂O/ha (ITGC, 2011).

Le pois chiche est une légumineuse alimentaire de saison fraîche qui peut être cultivée dans une gamme de climats allant des tropiques semi-arides aux environnements tempérés.

La température exerce une forte influence sur les phases végétatives et reproductrices du pois chiche (Summerfield *et al.*, 1979). Une température ambiante, variant de 21 à 29°C le jour et de 15 à 21°C la nuit, assure un bon développement végétatif du pois chiche. Les basses températures inférieures à 5°C inhibent la formation de gousses. Des températures excessives en période de floraison provoquent la coulure des fleurs et l'échaudage du grain (ITGC, 2011).

Le pois chiche est considéré comme étant une plante de jour long (Summerfield *et al.*, 1979). L'intensité de la lumière et de la durée d'éclairement sont des facteurs importants pour la nodulation et la fixation d'azote (Summerfield *et al.*, 1979).

Cicer arietinum est aussi une espèce relativement résistante à la sécheresse. Grâce à son enracinement profond, elle peut extraire l'eau à partir des couches allant jusqu'à 1,5 m. Ses besoins physiologiques se situent entre 300 et 400 mm (ITGC, 2011). Cependant, comme la plupart des légumineuses à graines, le pois chiche est sensible à la sécheresse à certaines périodes. Sa plus grande sensibilité se situe à la floraison, un déficit hydrique à ce stade-là, se traduit par une diminution du nombre de gousses, de poids de 100 grains et par une augmentation de gousses vides (Wery *et al.*, 1988). Tandis qu'un excès d'eau provoque un prolongement de son stade végétatif et le rend sensible aux maladies (ITGC, 2011).

Le pois chiche représente un très bon précédent cultural ; il peut être utilisé dans les systèmes de rotation et d'association culturales avec d'autres cultures notamment pour les céréales dans le but d'assurer une meilleure utilisation des ressources en azote. Latati *et al.*, (2019) ont

rapporté dans leur étude ; une augmentation considérable des rendements et une élévation de la biomasse aérienne des cultures en association (association pois chiche/blé dur) par rapport à la monoculture. Compte tenu de la spécificité pois chiche /rhizobium, il est recommandé l'inoculation de rhizobium et l'apport d'engrais inorganiques qui sont hautement efficaces pour l'amélioration des rendements du pois chiche en quantité et en qualité avec un coût réduit surtout lors de l'introduction de la variété de pois chiche ou de l'espèce elle-même dans certaines régions où elles non jamais été cultivé au part avant (**Zhang et al. 2020**).

3. Types de culture de pois chiche

Le pois chiche est une espèce de jours longs. Les photopériodes prolongées et les températures élevées accélèrent les phases de développement végétatif et reproducteur (**Summerfield et al., 1979**). **Singh et Reddy (1991)** ont rapporté que bien qu'il y ait des différences génotypiques dans la sensibilité du pois chiche à la photopériode et à la température, les durées des phases végétatives et reproductives diminuent linéairement avec l'augmentation de la photopériode et de la température.

En Algérie, on distingue deux types de cultures selon la période de semis à savoir le pois chiche d'hiver et le pois chiche de printemps.

L'Algérie en tant que région méditerranéenne, le pois chiche est semé traditionnellement au printemps (15 février - 15 mars) ; les contraintes majeures de ce type de culture sont la chaleur et la sécheresse qui se traduisent par des rendements faibles et variables.

Les travaux de l'ITGC préconisent le semis précoce d'hiver entre la mi-novembre et la mi-décembre vu qu'il permet un bon développement des plants et une amélioration considérable du rendement. Cependant ce dernier, nécessite un choix minutieux de variétés résistantes à l'antracnose et un contrôle rigoureux des mauvaises herbes. Pour cette raison un programme sur le pois chiche a été réalisé, dans les années 80, initié par l'ICARDA en collaboration avec l'ITGC. Un vaste programme d'essais, échelonné sur une décennie, mené dans différentes conditions agro-écologiques a permis la sélection de plusieurs variétés de pois chiche présentant une résistance au froid et à l'antracnose. Parmi ces variétés: Chetoui 1 ou ILC 3279 (1984), Chetoui 2 ou ILC 482 (1985), FLIP 85-54 C (1988), FLIP 85-17C (1989), FLIP 84-79 C (1989), FLIP 82-150C (1993), FLIP 90-13 C (1993) (**ICARDA et al., 2005**).

4. Stress biotiques et abiotiques

Le pois chiche, cultivé dans divers types d'environnements, est soumis à des facteurs du milieu très diversifiés, ces derniers ont une influence colossale sur la phénologie, la croissance et sur le rendement en graines (Saxena, 1984). Les principales contraintes de la production du pois chiche contribuant aux fluctuations du rendement en graines sont les stress biotiques et abiotiques.

4.1. Stress biotiques

L'antracnose (Ascochyteose), causée par *Didymella rabiei* (Kovatsch.) Arx. (anamorphe : *Ascochyta rabiei* (Pass.) Labr), constitue avec la fusariose (Flétrissement ou wilt), causée par le pathogène *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* (Padwick) Matuo et Sato, les plus importantes maladies fongiques dévastatrices du pois chiche dans le monde. Une épidémie de fusariose ou d'ascochyteose peut engendrer des pertes de 100% lorsque les conditions de température (5-15°C) et d'humidité se réunissent (Millan *et al.*, 2015). En effet, des pertes totales des rendements ont été enregistrées dans de nombreuses régions tel que le Pakistan, l'Inde, les pays européens et les régions méditerranéennes, où plusieurs épidémies de l'antracnose ont eu lieu (Hawtin et Singh, 1984 ; Singh *et al.*, 1984 ; Pande *et al.*, 2006). L'utilisation de variétés présentant un haut niveau de résistance à l'antracnose et à la fusariose est considérée comme la solution la plus économique et la plus écologique pour la gestion de la maladie à long terme.

Malgré les faibles niveaux d'infestation des plantes parasites, comme l'orobanche et la cuscute chez le pois chiche par rapport aux autres légumineuses, elles peuvent causer de sérieuses pertes de production lors des semis d'hiver dans les conditions méditerranéennes (Roman *et al.*, 2007).

Les pertes liées aux mauvaises herbes dépendent de la période de semis. Avec une bonne préparation du sol pour un semis de printemps (deux binages), la plupart des mauvaises herbes sont détruites. En semis d'hiver, le désherbage chimique en pré-semis ou en prélevée est indispensable (ITGC, 2011).

Le pois chiche est la légumineuse la plus tolérante aux insectes. Cependant, des attaques de ravageurs peuvent avoir lieu mais seule la mineuse (*Liriomyza cicerina*) qui

provoquent des pertes de rendement et les bruches (*Callosobruchus* spp.) qui détériorent les récoltes stockées (ITGC, 2011).

4.2. Stress abiotiques

De nombreux stress abiotiques affectent les rendements du pois chiche dans le monde entier et dont les plus importants sont la haute température, le déficit hydrique et la salinité.

La sécheresse terminale est le stress abiotique causant l'instabilité des rendements dans les principaux pays d'Asie et d'Afrique, où le pois chiche est principalement cultivé en pluvial (Gaur *et al.*, 2012). Cette sécheresse terminale coïncide avec la phase de remplissage des gousses et occasionne d'importantes réductions du rendement en grains (Gaur *et al.*, 2012). En outre, un stress hydrique, intervenant à ce stade précis du cycle de la plante, affecte particulièrement certains processus physiologiques et biochimiques qui conditionnent la qualité des graines (Gaur *et al.*, 2012).

La salinité impose une limitation significative de la productivité liée aux effets néfastes sur le poids chiche ainsi que sur la nodulation et la fixation de l'azote (Manchanda et Garg, 2008).

5. Intérêts de la culture de pois chiche

5.1. Intérêts nutritionnels

Les légumineuses alimentaires y compris le pois chiche sont cultivées depuis fort longtemps dans le monde, elles occupent une place importante dans l'alimentation humaine pour de nombreux pays en voie de développement. Les nutritionnistes recommandent vivement l'introduction des légumineuses comme le pois chiche dans l'alimentation humaine au vu de nombreux avantages nutritionnels de cette ressource alimentaire (Ravi et Bhattacharya, 2004). Ainsi, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) recommande une consommation de 80 g/jour de légumineuses par personne (Yadav *et al.*, 2007). Les pois chiches représentent une excellente source de protéine de très bonne qualité ainsi que de glucide qui, ensemble, représentent environ 80% du poids sec des grains (Singh *et al.*, 1984). Selon Maalouf *et al.* (2019), un hectare de cette légumineuse alimentaire produit 1 tonne de protéines, soit dix fois plus qu'une production d'un élevage à viande sur la même surface.

Grâce aux glucides, éventuellement aux lipides qu'elles contiennent, elles constituent une véritable source de calories. Le pois chiche contribue aussi à la régulation des triglycérides vu qu'elles sont riches en fibres alimentaires (**Vasishtha et Srivastava, 2013**). De plus, ils assurent un bon apport en vitamines, surtout du groupe B, et en minéraux (**Singh et al., 1984**), tel que le magnésium, essentiels au maintien de certains métabolites liés aux maladies cardiovasculaires (**Grundy et al., 2006**) et le calcium qui intervient dans la protection de la santé osseuse (**Alajaji et El-Adawy, 2006**) (**Tableau 1**). Toutefois, la qualité nutritionnelle des graines peut varier en fonction du facteur génétique (variété), de l'environnement, du climat, de la biologie du sol, des pratiques culturales et des facteurs de stress biotiques et abiotiques (**Singh et al., 1984**).

En effet, le pois chiche est destiné, en sa majeure partie, pour la consommation humaine et les débris de culture sont utilisés pour le bétail comme fourrage (**Upadhyaya et al., 2017**). Par ailleurs, la plante entière, la graine et la paille, peuvent aussi être utilisées dans l'alimentation des ruminants et des volailles.

Tableau 1 : **Composition moyenne chimique et minérale de pois chiche (Mula et al., 2011)**

Composition organique (en %)		Composition minérale (en mg/100g)	
Protéines	23	phosphore	340
Amidon	47	calcium	190
Lipides	5	magnésium	140
fibres grossières	6	fer	7
sucres solubles	6	zinc	3
matière minérale	3		

5.2. Intérêts écologiques

Sur le plan écologique et agronomique les légumineuses permettent la restauration de la fertilité des sols grâce à leur capacité de fixation d'azote atmosphérique et donc la protection de l'environnement en réduisant les apports d'azote et par conséquent, la réduction des coûts de production.

Selon **Gaur et al. (2012)**, une culture de pois chiche peut fixer, par voie symbiotique, 140kg d'azote/ha. Grâce à ces importantes quantités d'azote, incorporées dans le sol et délaissées dans les résidus, la culture du pois chiche maintient, pour une longue durée, la fertilité du sol et entre dans le système d'agriculture durable (**Gaur et al., 2012**).

En Algérie, les agriculteurs cultivent le pois chiche en tête d'assolement, en rotation avec les céréales. Les assolements recommandés par l'ITGC mentionné par **Zghouane et al., (2018)** dépendent de la pluviométrie des régions et qui se résument comme suit :

Une pluviométrie supérieure à 500mm :

Assolement quadriennale : Pois chiche - blé - fourrage vert – blé.

Une pluviométrie entre 350mm et 500mm :

Assolement triennal : Pois chiche- blé- fourrage.

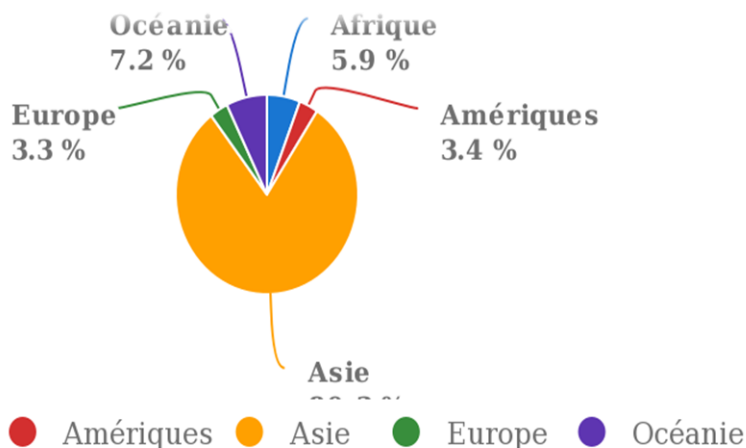
Assolement quadriennal : Pois chiche - orge - jachère - blé.

6. Situation de la culture de pois chiche dans le monde

Le pois chiche (*Cicer arietinum* L.) est la deuxième légumineuse alimentaire la plus cultivé dans le monde en termes de production et de superficie (**Gaur et al., 2012**). En 2016, la production mondiale a été estimée à 17 217 705 tonnes pour une superficie totale de 17 849 300 ha (**FAO, 2019**).

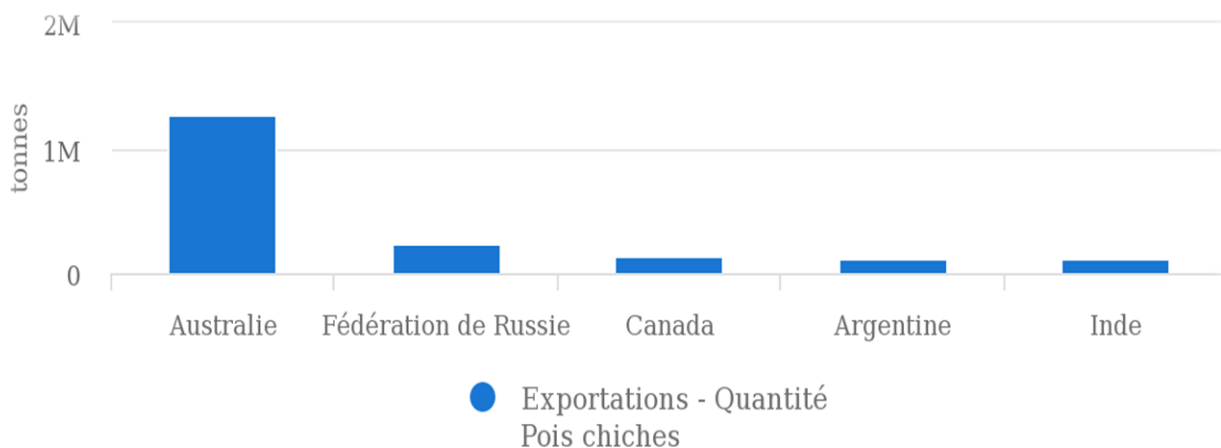
Plus de 80% de la production mondiale annuelle provient de l'Asie ; l'Inde étant le principal producteur de cette légumineuse (**Figure 4**). L'Afrique, par contre, ne contribue qu'avec 5.9% de la production annuelle mondiale, avec l'Ethiopie comme principal producteur du continent (**FAO, 2019**).

Auparavant, 90% des pois chiches se consumaient dans le pays où ils sont produits ; mais au cours de ces dernières années les échanges mondiaux de pois chiches ont fait que des pays exclusivement exportateurs ont apparus (**FAO, 2019**). En effet, les cinq plus grands exportateurs sont : l'Australie, la Russie, le Canada, l'Argentine et l'Inde (**Figure 5**). Par contre, les cinq plus grands importateurs sont : le Pakistan, l'Inde, le Bangladesh, le Pakistan, l'Emirates, et l'Algérie (**Figure 6**).



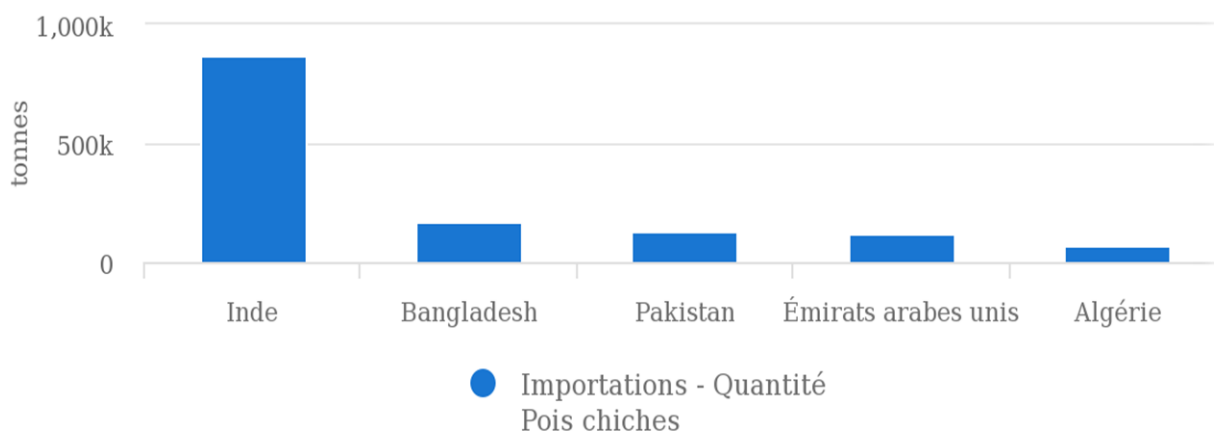
Source: FAOSTAT (oct. 14, 2018)

Figure 4: Pourcentage de production de pois chiche par continent en 2018 (FAO, 2019)



Source: FAOSTAT (oct. 14, 2018)

Figure 5: Les quantités de pois chiche exportées par les 5 pays les plus grands exportateurs en 2018 (FAO, 2019)



Source: FAOSTAT (oct. 14, 2018)

Figure 6: Les quantités de pois chiche importées par les 5 pays les plus grands importateurs en 2018 (FAO, 2019)

7. Culture de pois chiche en Algérie

7.1. Zones de productions

En Algérie, la culture de pois chiche est présente dans nos systèmes agricoles, associée aux céréales depuis fort longtemps (**Zine et al., 2015**). Le pois chiche est actuellement cultivé dans les zones de culture du blé dur, c'est-à-dire les zones où la pluviométrie annuelle moyenne est supérieure à 400 mm. Il s'agit de la zone Nord-Ouest (Ain Témouchent, Tlemcen, Sidi Bel-Abbès, Mostaganem, Mascara), du Nord-Est (Guelma, Skikda) et le Centre (Bouira, Chlef, Ain Defla). Les wilayas dont les superficies sont les plus importantes sont situées au Nord-Ouest. En effet, durant la campagne agricole 2016/2017, Ain Témouchent, Tlemcen, Mostaganem, Mascara et Sidi Bel-Abbès, ont emblavé 16 092 hectares, soit, 56,3% de la superficie nationale totale (28 553 ha) occupée par le pois chiche. Par contre, le Nord-Est et le Centre ne représentent, respectivement, que 20,4 % et 17 % de la superficie totale (**Zeghouane, 2018**).

7.2. Productions, superficies, rendements et importation

De l'indépendance à 1987, l'évolution des superficies a connu des fluctuations avec des augmentations remarquables. Ces augmentations sont devenues plus prononcées en 1983, avec l'exécution du programme de diminution des superficies consacrées à la jachère et d'intensification de la production des légumineuses alimentaires (**Labdi, 1990**). Mais depuis, on note une régression plus au moins constante des superficies passant de 68 590 ha en 1987 à 19 480 ha en 2000 (**FAO, 2019**). Ces dernières années et selon les statistiques de la **FAO (2019)** résumé dans **la figure 7**, certaines augmentations considérables de superficie ont été enregistrées mais qui restent de loin inférieures à celles de 1987 (29 320 ha en 2013 ; 32 065 ha en 2018).

Concernant la production nationale moyenne des pois chiches, elles fluctuent d'une décennie à l'autre. Le plus bas niveau a été enregistré en 2000 avec 66 610 q. Les productions les plus importantes ont été observées durant les années 2012-2014, avec une production maximale en 2014 de 351 180 q. Durant les deux années 2015 et 2016, une nette régression a été notée et estimée à plus de 15 000 q (**FAO, 2019**).

L'analyse de l'évolution des superficies récoltées, des productions et des rendements (**Figure 7**) montre que l'évolution de la production nationale moyenne ne suit pas celle des

superficiers mais plutôt celle des rendements. Au cours de la décennie 2008-2018, le rendement est passé d'environ 5,5 q/ha à 11,39 q/ha (FAO, 2019).

Cependant, la production nationale est très faible, irrégulière et ne peut satisfaire qu'une petite partie de la consommation locale croissante. En conséquence, afin de combler le déficit de la production en pois chiche, l'Algérie fait recours à des importations massives, de l'ordre de 66 000 tonnes, soit plus de 200% de sa production (FAO, 2019).

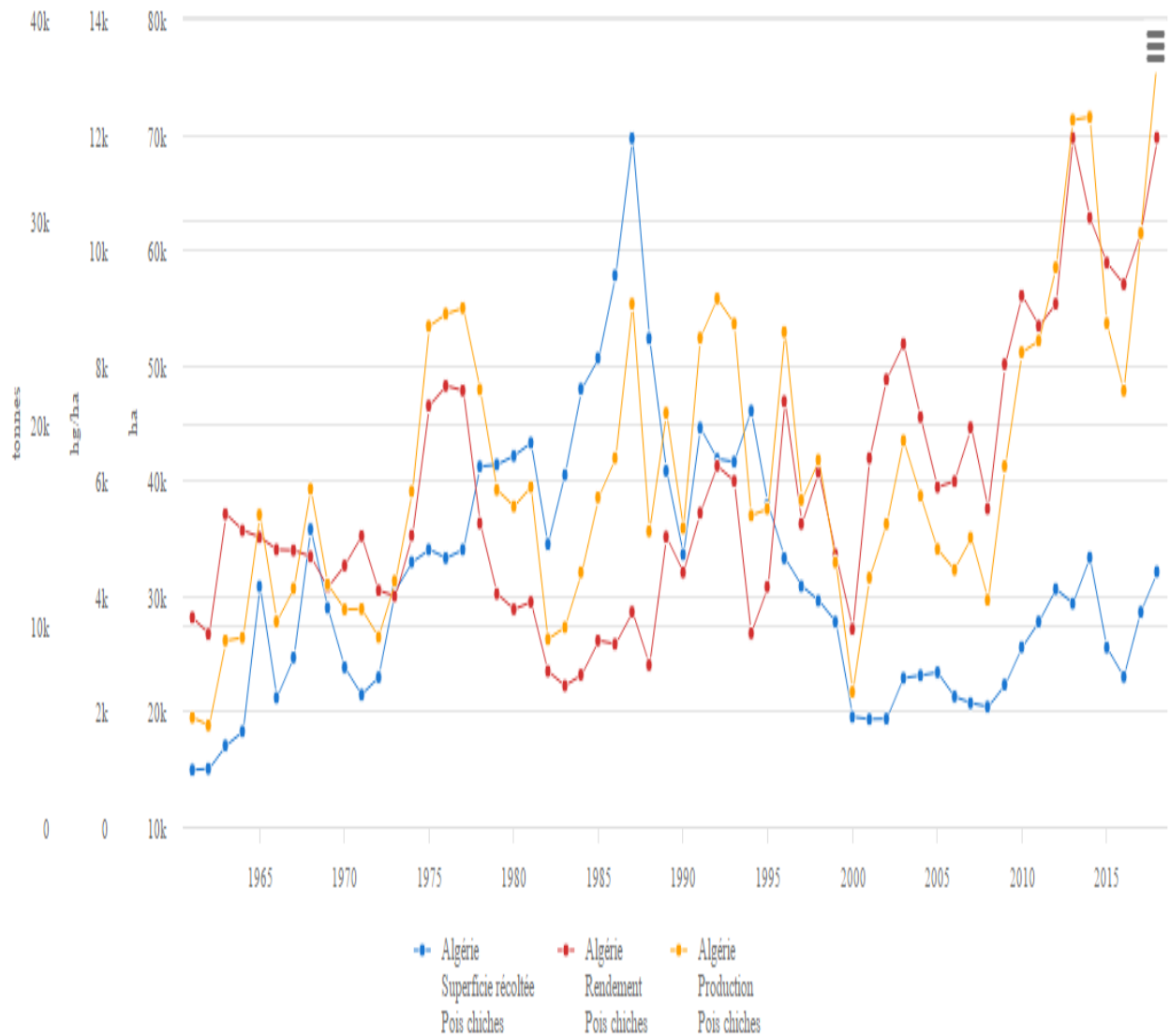


Figure 7: Évolution des superficies emblavées, de la production et des rendements du pois chiche de 1962 à 2018 (FAO, 2019)

7.3. Contraintes de la culture de pois chiches en Algérie

Bien que la culture de pois chiche a une très grande importance, elle est toujours loin d'avoir une place équivalente à celle des céréales dans le système de production. Le pois chiche souffre de nombreuses difficultés de l'ordre agronomique, climatique, technique et socio-économique (**Zeghouane et al., 2018**) à savoir :

Les contraintes agro-techniques :

- Manque de maîtrise des techniques de production (date d'installation de la culture, dose de semis) ;
- Absence de protection phytosanitaire spécifique;
- Les pertes pendant la récolte ;
- La non disponibilité de variétés adaptées et de semences certifiées ;
- Les stress abiotiques : Le pois chiche est cultivé principalement comme culture de précipitation, en hiver dans les climats subtropicaux et au printemps dans la région méditerranéenne et les climats tempérés. Il est l'unique légumineuse à graines conduite en culture pluviale de printemps dans le bassin méditerranéen (**Bamouh et al., 2002**). En conséquence, les grandes fluctuations dans la quantité et la distribution des pluies limitent sa productivité, cette culture se trouve donc exposée à la sécheresse durant sa phase de reproduction et aux gelées printanières (**Labdi, 1990**) ;
- Les stress biotiques : Les différentes contraintes biotiques dont souffre cette culture sont l'antracnose causée par *Didymella rabiei* (Kovatsch.) Arx. (anamorphe : *Ascochyta rabiei* (Pass.) Labr), la fusariose vasculaire causée par le champignon *Fusarium oxysporum f. sp. ciceris* (Padwick) Matuo et Sato, la pyrale (*Helicoverpa* spp.) et la mineuse des feuilles (*Liriomyza cicerina*) et les mauvaises herbes (**Amri-Tiliouine, 2020**).
- L'incapacité des cultivars introduits jugés à haut rendement à établir une bonne symbiose avec les populations rhizobiennes autochtones : cela prive la plante des conditions optimales de nutrition azotée d'où leur faible rendement dans certaines régions (**Dekkiche et al., 2018**).

Les contraintes socio-économiques :

- La faible marge bénéficiaire (faible productivité et forte charge);
- Concurrence des produits importés souvent de meilleure qualité et bien emballés.

A ces contraintes s'ajoute un autre problème majeur et qui est « **l'érosion génétique** » qui a coûté à l'Algérie la perte de beaucoup de ces cultivars locaux et introduits.

8. Ressources génétiques

La description et la mesure de la diversité génétique sont des préalables indispensables à la définition de stratégies d'amélioration ou de gestion des ressources. Les ressources génétiques végétales sont les composantes clés du développement durable de l'agriculture. Une utilisation efficace des ressources génétiques est un prérequis important pour leur amélioration et leur conservation (**De Vicente et Fulton., 2003**)

Parmi les objectifs de la conservation des collections de germoplasme, la préservation et la caractérisation de la diversité génétique des espèces en vue de leurs utilisations et valorisation à court, moyen et long termes (**Gaad, 2018**).

8.1. Ressources génétiques du pois chiche dans le monde

La collecte mondiale des ressources génétiques de pois chiches comprend 99 877 accessions conservées dans 120 banques de gènes nationales et internationales réparties dans 64 pays (**Upadhyaya et al., 2017**). Parmi elles, 1 476 accessions sont de type *Cicer* sauvage. Actuellement, les banques de gènes de l'ICRISAT et l'ICARDA détiennent la plus grande collection du matériel génétique de pois chiche avec, respectivement, 20 764 et 15 734 accessions (**Upadhyaya et al., 2017**).

8.2. Bilan des ressources génétiques de pois chiches en Algérie

Il y a un peu plus de 50 ans l'Algérie possédait une trentaine de variétés, mais actuellement les cultivars locaux ne semblent exister que dans quelques régions reculées (**Zine et al., 2015**).

Durant la période coloniale, plusieurs travaux d'inventaire et de caractérisation ont été entrepris sur les cultivars locaux et introduits. Malgré que ces anciens travaux traduisent bien l'existence d'une variabilité génétique du pois chiche en Algérie, actuellement, aucune collection n'a pu être préservée et les cultivars, populations ou variétés de pois chiche ne sont, malheureusement, plus connus.

En 1956, **Ducellier (1956)** a donné des indications très intéressantes sur la large gamme des pois chiches cultivés en Algérie. En se basant sur un matériel de départ constitué de 31 variétés locales, cet auteur a indiqué qu'on peut rencontrer en Algérie 4 variété botaniques de pois chiches à l'intérieur de l'unique espèce cultivée (*Cicer arietinum* L.) (**Abdelguerfi et Laouar, 2012**). L'observation des caractères variétaux et l'amélioration par la sélection massale et généalogique ont permis de distinguer les variétés cultivées mentionnées par **Laumont et Chevassus en 1956**. De 1944 à 1955, la collection de germoplasme utilisé était constituée de 31 variétés locales à savoir : Abdelys : 101/13, 199, 50/13, 499/13 ; ATEC : 1, 3, 7, 10, 28, 126, 161 ; Cunin : 9, 11 ; Issers : 537/10 ; Maroc 674 ; Mogador ; Oran : 177/34, 219, 425/4 ; Oran précoce 534/36 ; Sidi Bel Abbés : 123, 523 ; Soufetell ; Syrie : 11, 660/12, 424 ; Tassalah : 453, 445 (**Abdelguerfi et al., 1998**).

Il faut, cependant, signaler que les variétés cultivées dans la région de Kabylie en 1998 sont le plus souvent en mélange plus ou moins accusé. En effet, les grains fortement colorés ne font pas l'objet de culture séparée mais sont rencontrées en proportions plus ou moins fortes chez les variétés collectées (**Abdelguerfi et Laouar, 2012**).

Anthelme et al. (1978) ont établi un classement biochimique des diverses variétés de pois chiche autres que celles mentionnées par **Laumont et Chevassus (1956)**. Cette étude biochimique a révélé que, du point de vue équilibre chimique des protéines tant sur le plan quantitatif que qualitatif, les variétés les plus dignes d'intérêt sont : Cunin 11, Issers 537, AïnTémouchent 161 et ATEC 10.

En 1981, les services de l'Institut de Développement des Grandes Cultures (**IDGC, 1981**) avaient constaté que les variétés anciennes n'étaient déjà plus cultivées à grande échelle à l'exception d'AïnTémouchent 161/14 et Rabat 9 qui ne restaient cultivées que par quelques agriculteurs (**IDGC, 1981**). **Zine et Laouar (1998)** ont rapporté que parmi les six variétés utilisées en production, l'une est d'origine locale (Rabat 9), les cinq autres sont des obtentions à partir des lignées de l'ICARDA.

Par ailleurs, **Boughrarou (1992)** a décrit six anciennes variétés (Sebdou, Sidi Bel Abbès, Rabat 9, Aïn Témouchent, Abdelys et Oran Précoce) dont trois seulement (Aïn Témouchent, Abdelys et Oran Précoce) ont été mentionnées par **Laumont et Chevassus en 1956** ; **Boughrarou (1992)** n'a pu caractériser que ces six cultivars locaux car les autres n'étaient plus disponibles (extrêmement rares ou inexistant).

Dans le cadre d'une collaboration ICARDA-Algérie, un vaste programme de sélection échelonné sur une décennie, mené dans différentes conditions agro-écologiques, mettant l'accent sur le pois chiche d'hiver résistant à l'antracnose, a eu lieu depuis les années 1980. Cela a permis l'obtention de plusieurs variétés de pois chiche présentant une résistance au froid et à l'antracnose. Ces variétés sont : Chetoui 1 ou ILC 3279 (1984), Chetoui 2 ou ILC 482 (1985), FLIP 85-54 C (1988), FLIP 85-17C (1989), FLIP 84-79 C (1989), FLIP 84-92 C (1991), FLIP 82-150C (1993), FLIP 90-13 C (1993) (**ICARDA et al., 2015**).

En 2000, une prospection sur le pois chiche a été réalisée par **Abdelguerfi-Laouar et al. (2000)** dans plusieurs communes de la Wilaya de Tizi-Ouzou ; six cultivars locaux, à graines très mélangées (différentes formes, couleurs et textures), ont été obtenus.

En 2010, **Abdelguerfi-Laouar et al., (2010)** ont constitué une collection de 348 accessions de pois chiche avec quelques populations locales et dont l'objectif était la caractérisation et la recherche d'un matériel végétal résistant à certaines maladies et à la sécheresse (**Abdelguerfi et Laouar, 2012**).

Actuellement, 11 variétés de pois chiche sélectionnées pour leur précocité, leur tolérance à l'antracnose et au froid et aussi pour la qualité du grain (El Ogbane, Beni Hmiden, Souagui, Makerra, Beni Aziz, Tessala, Seraidi, Oued Rhumel, Ain Zada, Tafna, Djebel Fernan) sont produites ; 70% de ces variétés ont été introduite par l'ICARDA dans le cadre de coopération technique (**Zeghouane, 2018**).

Les cultivars locaux utilisés par les agriculteurs depuis longtemps, s'adaptent bien aux conditions locales et possèdent un grain de bonne qualité qui est très apprécié par le consommateur, sauf qu'ils se caractérisent par une assez faible productivité mais qui est stable. A cause de cela, ces variétés sont de plus en plus délaissées et remplacées par des variétés nouvellement introduites (**Zine et al., 2015**). Les introductions massives, d'une part, des semences étrangères et, d'autre part, des graines pour la consommation ont contribué aussi pour beaucoup dans la perte du matériel végétal local (**Zine et al., 2015**). En conséquence, une érosion importante a été remarquée sur les cultivars locaux de pois chiche. Le pois chiche ainsi que les autres espèces cultivées de légumineuses alimentaires n'ont bénéficié que de peu d'intérêt sur le plan de la recherche. Rassembler les collections "perdues", qui sont à la base de toutes recherches agronomiques, est une action primordiale.

9. Evaluation de la diversité génétique

La diversité génétique est la variation qui existe au niveau des gènes d'un individu, d'une population, d'une espèce ou d'une communauté. En d'autres termes, elle est définie par le niveau de similarité ou de différence dans la composition génétique des individus, des populations et des espèces (Mebarki, 2009). Cette diversité est le résultat de plusieurs phénomènes, à savoir la sélection, les mutations, la migration et la dérive génétique. Ces forces évolutives ont toutes des effets sur l'importance et l'organisation de la variabilité génétique. Les effets de ces forces portent sur l'ampleur et l'organisation du polymorphisme : la mutation et la migration augmentent la diversité alors que la sélection et la dérive la diminue (Mebarki, 2009).

La diversité génétique peut-être évaluée au niveau phénotypique et génotypique. L'évaluation de la variation phénotypique se concentre sur les caractères morphologiques qui définissent la forme et l'apparence d'un ensemble d'individus (caractères qualitatifs et quantitatifs). Ces mesures ont l'avantage d'être immédiatement disponibles, et de ne pas nécessiter des équipements sophistiqués. Cependant, les déterminations morphologiques sont sujettes à des changements en fonction des facteurs environnementaux d'où la nécessité de l'évaluation génotypique basée sur l'utilisation des marqueurs moléculaires qui sont neutres (De Vicente et Fulton., 2003).

9.1. Marqueurs morphologiques

Dans les programmes de sélection des plantes, les caractères morphologiques sont les premiers à être observés. Malgré l'importante dépendance à l'environnement, ces marqueurs ne peuvent pas être négligés.

Le descripteur du pois chiche publié en 1983 par l'International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR), l'ICRISAT et l'ICARDA (IPBGR *et al.*, 1983) est utilisé dans la caractérisation morphologique quantitative et qualitative du pois chiche. Ce descripteur, mondialement utilisé, est complété par des caractères établis par les sélectionneurs locaux. L'intérêt est d'uniformiser la caractérisation des collectes pour la conservation et la rationalisation de l'utilisation du germplasm.

9.2. Marqueurs moléculaires et génomique

Les marqueurs moléculaires peuvent être définis comme les segments d'ADN qui montrent des différences dans les séquences nucléotidiques de l'ADN d'un ou de plusieurs individus aux sites correspondants sur les chromosomes homologues qui suivent un modèle d'hérédité mendélien simple. Les marqueurs moléculaires offrent de nombreux avantages par rapport aux marqueurs morphologiques et biochimiques classiques, car ils sont stables, pratiquement illimités, détectables sur tous les tissus, indépendants à la croissance, à la différenciation et au stade de développement (**Bennett, 1994**). Ce sont des outils puissants pour la prise d'empreintes digitales, l'analyse de diversité génétique, le marquage de gènes utiles, la construction de cartes génétiques, l'identification de QTLs, la sélection assistée par marqueurs et les études évolutives (**Gupta et Rustgi, 2004 ; Varshney *et al.*, 2005 ; Agarwal *et al.*, 2008 ; Singh *et al.*, 2015**).

Les isoenzymes étaient les premiers marqueurs moléculaires utilisés dans les études génétiques sur les pois chiches (**Gaur et Slinkard, 1990**) ; mais ces marqueurs étaient peu nombreux et présentaient un très faible niveau de polymorphisme chez les espèces cultivées. Avec l'évolution des techniques moléculaires et de la génomique, de nombreux marqueur ont été développés tel que les RAPD, RFLP, ISSR, AFLP, SCAR, SSR et les SNP.

Pour le pois chiche l'utilisation extensive de marqueurs moléculaires n'a débuté qu'après le développement de marqueurs à séquence simple (SSR). Plus récemment, le séquençage consistant à déterminer la succession des nucléotides d'ADN, c'est imposé comme le nouveau outil précis et concomitant, pour l'évaluation de la variation génétique, la structure des populations, et pour la révélation du potentiel génétique non encore utilisé dans l'amélioration génétique (**Varshney *et al.*, 2019**).

9.2.1. Microsatellites

Les marqueurs microsatellites connus également sous le nom de SSR ou STMS sont des motifs (séquences courtes) répétés en tandem de type di-, tri- ou tétra-nucléotidiques, uniformément répartis en plusieurs exemplaires sur l'ensemble du génome. Ces marqueurs deviennent de plus en plus impliqués dans l'analyse de la diversité en raison de leur grand nombre, leur polymorphisme et la facilité du génotypage (**Torutaeva *et al.*, 2014**).

Actuellement et bien que les cartes génétiques soient encore incomplètes, les chances de trouver des marqueurs polymorphes ont considérablement augmenté, essentiellement grâce

au développement de marqueurs STMS (Hüttel *et al.*, 1999 ; Winter *et al.*, 1999; Lichtenzveig *et al.*, 2005 ; Sethy *et al.*, 2006 ; Choudhary *et al.*, 2009 ; Nayak *et al.*, 2010). Le premier ensemble de marqueurs SSR du pois chiche a été développé par Hüttel *et al.*, (1999). En fait, Winter *et al.* (1999) ont rapporté la première carte génétique établie par des marqueurs microsatellites. Lichtenzveig *et al.*, (2005) ont également développé 233 marqueurs SSR à partir des bibliothèques BAC et BIBAC de pois chiches. Plus de 2000 marqueurs sont disponibles et ont été utilisés pour l'analyse moléculaire du pois chiche (Singh *et al.*, 2015). Le projet de séquençage mené par Varshney *et al.*, (2013) a permis d'identifier 4800 SSR. Ces marqueurs microsatellite, s'avèrent constituer un outil puissant pour la recherche des variations alléliques, pour la sélection végétale, pour la cartographie génétique et l'identification des QTLs. Leur intérêt réside dans leur abondance et distribution sur l'ensemble de tout le génome, leur polymorphisme extrêmement élevé et reproductibilité, leur codominance et hérédité. Plusieurs travaux de recherche ont confirmé l'efficacité de ces marqueurs (Varshney *et al.*, 2013).

Upadhyaya *et al.*, (2008), ont analysé la diversité et la structure génétique d'une large collection de pois chiche constituée de 2915 accessions par l'utilisation de 48 marqueurs SSR. Un ensemble de 1683 allèles a été détecté dont 935 étaient considérés comme rares, 720 comme communs et 28 comme les plus fréquents. Tous les marqueurs utilisés étaient polymorphes avec un contenu de l'information polymorphe (PIC) variant de 0,467 à 0,974 et une moyenne de 0,854. Dans le même sens, Zaccardelli *et al.* (2013), ont confirmé que les marqueurs microsatellites sont un outil puissant et efficace pour l'évaluation de la diversité génétique. Dans leur étude, l'utilisation de 16 marqueurs SSR a regroupé 15 accessions italiennes de pois chiches dans des groupes discriminants, et ont fourni des informations utiles sur la variation génétique et les relations entre eux.

Une autre étude de diversité génétique portée sur 23 accessions de pois chiche renfermant des cultivars Kirghizistan, des lignées de sélection ICARDA, des cultivars espagnols et turcs par l'utilisation de 9 microsatellites à polymorphisme très élevé. 122 allèles ont été déterminés à raison de 9 à 20 allèles par locus et un contenu d'information polymorphe (PIC) variant de 0,71 à 0,90 (moyenne 0,83) (Torutaeva *et al.*, 2014).

Ce même type de marqueurs (SSR) a montré un haut niveau de polymorphisme et a reflété une diversité génétique considérable dans l'étude de Ghaffari *et al.*, (2014). Un total

de 59 allèles a été détecté (une moyenne de 4,2 allèles par locus) dans une collection de 60 accessions analysée par 14 SSR informatifs ayant un PIC > 0,5.

De plus, plusieurs autres travaux (**Imtiaz et al., 2008; Keneni et al., 2011; Aggarwal et al., 2018 ; Samyuktha et al., 2018**) ont aussi révélé le haut niveau du polymorphisme des marqueurs microsatellites, leur intérêt dans l'étude de la diversité génétique, et confirment qu'ils représentent un moyen puissant dans plusieurs branches de la biologie, notamment la biologie moléculaire (clonage positionnel), la génétique évolutive (cartographie comparative), la génétique quantitative (détection et identification des locus contrôlant les caractères quantitatifs) et l'amélioration des espèces (sélection assistée par marqueurs).

9.2.2. Marqueurs de polymorphisme mononucléotidique (SNP)

Plus récemment, les marqueurs de polymorphisme mononucléotidique (SNP) constituent la nouvelle classe privilégiée de marqueurs. Dans les pois chiches, les SNP ont été détectés dans les régions codantes et génomiques du pois chiche (**Rajesh et Muehlbauer, 2008 ; Varshney et al., 2009**) ; ils constituent une bonne source d'informations pour d'autres études de cartographie et de diversité du pois chiche (**Varshney et al., 2009**) en raison de leur haute précision et le polymorphisme élevé qu'ils engendrent (**Varshney et al., 2014**).

9.2.3. Séquençage

La technologie des marqueurs d'ADN a permis la génération de cartes génétiques assurant l'utilisation de Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) et le clonage positionnel de gènes d'intérêt. Des cartes génétiques de pois chiches utilisant des populations biparentales issues de croisements étroits et larges ont été lancées dans les années 90 et ont progressé avec l'intégration de marqueurs basés sur STMS / SSR (sites microsatellites à séquence marquée/répétition de séquence simple) et EST (étiquettes à séquence exprimée) (**Millán et al., 2015**). Ces marqueurs, spécifiques au locus, offrent la possibilité de comparer les cartes de différentes populations, d'unifier la nomenclature des groupes de liaison, d'établir des cartes de référence et de fournir des points d'ancrage pour comparer les génomes des espèces modèles comme *Medicago truncatula* et le pois chiche (**Millán et al., 2015**). Récemment, des technologies de séquençage de nouvelle génération (NGS) ont été efficacement générées dans des données de transcriptome à grande échelle de pois chiches, associées à des marqueurs génomiques basés sur des polymorphismes mononucléotidiques (SNP) facilitant le

développement de cartes génétiques de deuxième génération hautement saturées (**Hiremath et al., 2012**).

Plus récemment, **Varshney et al., (2019)** ont établi une carte génétique de 4,97 million SNP en séquençant le génome entier de 429 variétés de pois chiches provenant de 45 pays. Ces chercheurs ont identifié 122 régions candidates avec 204 gènes sélectionnés. L'étude d'association pangénomique (GWAS) a permis aussi d'identifier 262 marqueurs et plusieurs gènes candidats liés à la tolérance à la sécheresse, à la température élevée de 38°C ainsi qu'au haut rendement. Ces résultats ouvrent donc la voie au développement de nouvelles variétés de pois chiche, plus résistantes aux stress biotique et abiotique et adaptées aux changements climatiques.

10. Sélection Assistée par Marqueurs (SAM)

Les premières cartes génétiques de pois chiches étaient principalement centrées sur l'emplacement des zones génomiques contrôlant la résistance aux maladies, sur certains caractères agronomiques et sur quelques composants de qualité (**Millán et al., 2015**) (**Tableau 2**).

Les STMS ont été largement utilisés chez les pois chiches en raison de leur grande probabilité de trouver un polymorphisme. Cependant, la prédiction d'allèles favorables est plus précise que l'utilisation de marqueurs spécifiques d'un gène. Des exemples de marqueurs spécifiques d'allèles ont été obtenus pour les zones génomiques liées à la résistance à l'anthracnose (CaETR pour QTLAR1 et le SCY17 pour QTLAR2) ont permis de prédire avec succès des accessions résistantes (**Bouhadida et al., 2013 ; Gil et al., 2017**)

De nos jours, les marqueurs ciblant actuellement les gènes de résistance ou les QTLs sont majoritairement de type microsatellite, mais les plates-formes de génotypage de SNP à haut débit supplantent les SSR en tant que choix du type de marqueurs à utiliser dans le ciblage des collections de matériel génétique (**Millán et al., 2015**). En outre, la mise au point de cartes de transcription et d'informations sur la séquence du génome augmentera la densité des marqueurs dans les régions génomiques contrôlant les caractères d'intérêts. Les outils disponibles facilitent l'identification des familles de gènes impliquées dans les mécanismes de résistance, ou l'analyse de gènes orthologues associés à des caractéristiques agronomiques (à savoir, la période de floraison, le mode de croissance, le double développement, etc.) présents

dans d'autres légumineuses (Millán *et al.*, 2015). De même, les récents progrès de la technologie génomique faciliteront l'exploitation de la diversité naturelle grâce à la cartographie par association réalisée sur les collections de matériel génétique.

Tableau 2 : QTLs et gènes-spécifiques dans les différent groupe de linkage (LG) de pois chiche (Millán *et al.*, 2015)

Groupes de linkage	Caractères	QTLs et gènes spécifiques
LG1	B-carotène	GA11, TA122
	Poids des graines	GA11
	Date de floraison	H1F022, GAA40
LG2	Fusarium wilt (foc 0)	TA59, TS47
	Fusarium wilt (foc1)	H3A12, TA110
	Fusarium wilt (foc2)	TA96, H3A12
	Fusarium wilt (foc3)	H1BO6y, TA194
	Fusarium wilt (foc 4)	TA96, CS27
	Fusarium wilt (foc 5)	TA27, TA59, TA96
	Ascochyta blight	GA16, TA196, TR
	Poids des graines	TA110, TAA60
LG3	B-carotene	TA64, stms28
	Ascochyta blight	TS57, TA127, TA142
	Date de floraison	STMS28, TS12, TA64
LG4	Nombre de graine	TA130
	Pois des graines	GA14,STMS11, GA2
	Date de floraison	GAA47
	Ascochyta blight	CaETR, SCY17
LG5	Fusarimu wilt race 0	OPJ20, TR59
LG 6	Une/double gousse	TR44, TA_A
	Poids des graines	TA120, TR40
	Date de floraison	TS57, TA127
	Ascochyta blight	TA76
	<i>Botrytis grey mould</i>	SA14, TS71
LG 7	Rust	TA18, TA180
LG 8	Ascochyta blight	TA3, TS46, TS45, H3C11a

11. Utilisation de marqueurs lié au gene/QTL pour la sélection

11.1. Marqueurs de sélection vis-à-vis de l'antracnose

L'antracnose, causée par *Didymella rabiei* (Kovatsch.) Arx. (anamorphe : *Ascochyta rabiei* (Pass.) Labr), est une maladie foliaire destructrice qui peut engendrer la perte totale de la récolte. En effet, des pertes totales des rendements ont été enregistrées dans de nombreuses régions tel que le nord-ouest de l'Inde, Pakistan, l'Asie occidentale, l'Afrique du Nord et l'Europe du Sud (Labdi *et al.*, 2013). De ce fait, plusieurs travaux sur l'hérédité de cette maladie ont eu lieu. En outre, des études plus récentes, ont rapporté que la résistance est un caractère quantitatif et de nombreux QTL ont été identifiés sur la carte génétique de pois chiche (Bouhadida *et al.*, 2013). Trois QTL ont été validés dans des populations de lignées recombinantes issues de croisements intra et inter spécifiques : (i) QTLAR3 situé sur le groupe de liaison 2 (LG2) et (ii) QTLAR1 et QTLAR2 situés sur le LG4 de la carte génétique de pois chiche (Santra *et al.*, 2000; Iruela *et al.*, 2006, Iruela *et al.*, 2007; Cobos *et al.*, 2006; Anbessa *et al.*, 2009) et (iii) le marqueur co-dominant SCAR (SCY17590) étroitement liée au QTLAR2 (Iruela *et al.*, 2006). Ce dernier a été utilisé avec succès pour caractériser la résistance à l'antracnose (Imtiaz *et al.*, 2008).

Par ailleurs, les travaux conduits par Madrid *et al.*, (2012) dans le cadre de leurs efforts continus pour identifier des gènes liés à la résistance aux maladies chez le pois chiche, ont pu caractériser pour la première fois un allèle spécifique d'un marqueur permettant de différencier des génotypes résistants et sensible à l'antracnose du pois chiche (Madrid *et al.*, 2012). L'utilisation de ces amorces, conjointement avec le marqueur précédemment développé par Iruela *et al.*, (2006) qui est le SCY17590 lié à QTLAR2, ont permis d'identifier des génotypes résistants (Madrid *et al.*, 2013, Bouhadida *et al.*, 2013 et Gil *et al.*, 2017) ce qui démontre que les deux marqueurs peuvent être utilisés dans les programmes de sélection pour la recherche de cultivars résistants à l'antracnose.

11.2. Marqueur de sélection vis-à-vis de la fusariose vasculaire

La fusariose vasculaire, causée par *Fusarium oxysporum f. sp. ciceris* (Padwick) Matuo et Sato est la seconde maladie fongique du pois chiche qui peut engendrer aussi la perte de la totalité des rendements de pois chiche dans les conditions favorable (**Castro et al., 2010**). Divers travaux d'indentification de gène/QTL liés à la résistance à cette maladie ont été menés. Le premier gène lié à la résistance à la race 0 de la fusariose vasculaire ainsi que les marqueurs liés à cette dernière ont été localisés sur la carte génétique du pois chiche par **Cobos et al., (2005)** à l'issue d'un travail sur deux populations de RILs issues d'un croisement intra-spécifique. Les gènes de résistance à la fusariose vasculaire spécifiques à la race 0 sont cartographiés sur LG2 et LG5 (**Sharma et Muelhbauer 2007; Halila et al., 2009**). Ces régions génomiques identifiées sont seulement caractérisées par une séquence de microsatellites étroitement liés mais ne permettent pas de détecter avec précision les génotypes résistant à la fusariose. Par contre, et à partir de l'information disponible sur les cartes génétiques de pois chiches (**Millan et al., 2010; Nayak et al., 2010**) et sur le génome de pois chiches qui a été entièrement séquencé (**Varshney et al., 2013**) il serait possible de concevoir de nouveaux marqueurs stables et spécifiques aux gènes de résistance aux maladies (**Bouhadida et al., 2013**) afin d'identifier des gènes candidats comme ce qui a été fait précédemment dans les travaux de **Madrid et al., (2012)** pour l'antracnose. Le développement de ce genre de marqueurs serait d'une grande aide dans le criblage précoce, rapide et efficace de génotypes résistants à la fusariose vasculaire sans nécessairement passer par des criblages au champ (**Bouhadida et al.,2013**).

Chapitre II : Matériels et méthodes

1. Caractérisation agro-morphologique

L'objectif de cette étude phénotypique est la caractérisation agro-morphologique d'une collection de pois chiche, composée de 42 génotypes algériens et de 4 variétés témoins étrangères, en vue de déterminer une base de données informative sur les caractères végétatif et productif performants des génotypes de pois chiche algériens. Cela aura une répercussion positive sur les programmes de sélection et d'amélioration génétique ultérieurs et aidera la conservation de ces ressources génétiques.

1.1. Matériel génétique

Le matériel génétique est constitué d'une collection de cinquante-quatre (54) génotypes. Cette collection étudiée est composée de : (i) 42 génotypes algériens (locaux), (ii) 4 variétés étrangères, appréciées par les agriculteurs algériens, utilisées comme contrôle et (iii) 8 génotypes de référence connus pour leur sensibilité/résistance aux maladies et parasites (*Fusariose*, *Ascochyta blight* et *Orobanche*). L'origine, le pedigree, le type de semence ainsi que les instituts fournisseurs des génotypes sont récapitulés dans le **tableau 3**.

La répartition géographique des 42 génotypes algériens est illustrée dans la **figure 8**. Il est à noter que les graines des trois génotypes « ILC606, ILC607 et ILC2614 » ont montré une hétérogénéité d'où elles ont été représentées, respectivement, par 2, 2 et 3 types.

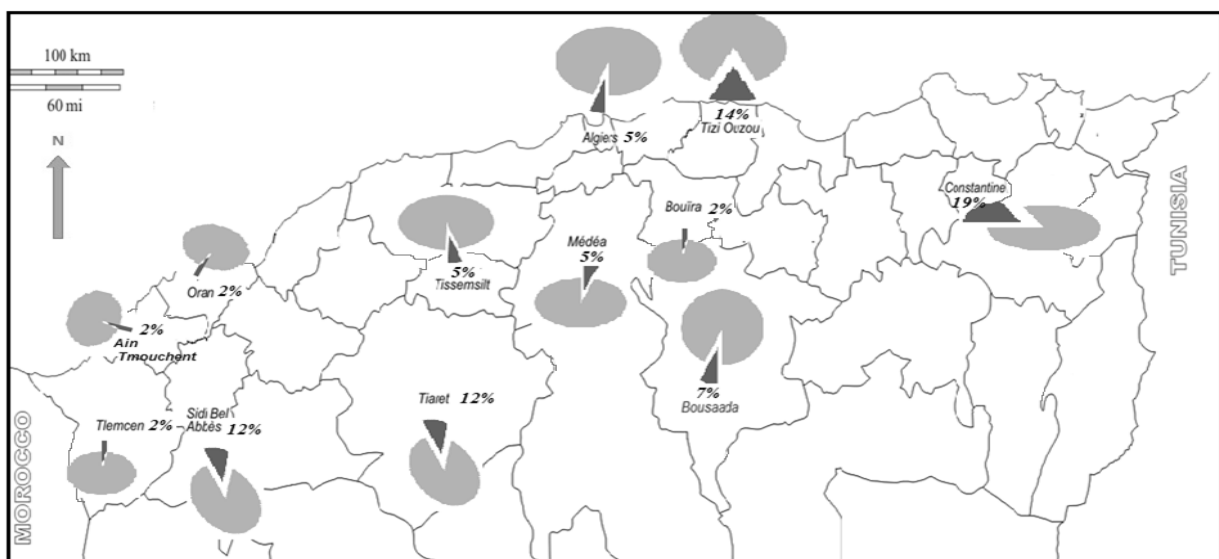


Figure 8 : Représentation en pourcentage des 42 génotypes algériens de pois chiches par wilaya (les données manquantes représentent 12%)

Tableau 3 : Codes, pedigree (statut biologique), type de semence, origine, altitude, latitude, longitude, caractéristiques et fournisseur/source de provenance des 54 géotypes de pois chiche

Code	Pedigree	Type de semence	Origine	Altitude (m)	Latitude (°)	Longitude (°)	Caractéristiques	Fournisseur ou source de provenance
Bouira1	NA	Kabuli	Bouira	506,65	36,373	3,898	NA	ENSA/INRAA
ILC533	NA	Kabuli	Médéa	789,18	36,285	2,768	NA	
FLIP82-92C	FLIP82-69x FLIP82-72	Kabuli	Médéa	789,18	36,285	2,768	NA	
ILC3279/PI 471915	Line	Kabuli	Tiaret	1013,64	35,367	1,322	NA	
F10-76	NA	Kabuli	INRAA	NA	NA	NA	NA	
GP10	NA	Kabuli	INRAA	NA	NA	NA	NA	
Haddach	Landrace	Kabuli	Tissems	880,9	35,601	1,807	NA	
Belkhadem	Landrace	Kabuli	Tissems	880,9	35,601	1,807	NA	
Tizi-Ouzou 1	Landrace	Kabuli	Tizi-	229	36,716	4,050	NA	
Khedim 1	Landrace	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	
Khedim 2	Landrace	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	
ICC2210	Landrace	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	Banque de gène de l'ICRISAT
ICC7267	Landrace	Kabuli	Algiers	100	36,733	3,083	NA	
ILC598 / ICC 7269	Landrace	Kabuli	Oran	121	35,700	-0,633	NA	
ICC 17517	Landrace	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	Banque de gène de l'USDA
ILC 595	Landrace	Kabuli	Alger	100	36,366	3,083	NA	
ILC 604/ICC 1991	Landrace	Kabuli	Constan	882,0	36,366	6,666	NA	
ILC606-1/ICC 19914	Landrace	Kabuli	Constan	882,0	36,366	6,666	NA	
ILC606-2/ICC 19914	Landrace	Kabuli	Constan	882,0	36,366	6,666	NA	
ILC607-1/ICC 18713	Landrace	Kabuli	Constan	882,0	36,366	6,666	NA	
ILC607-2/ICC 18713		Kabuli	tine				NA	
ILC 2614-1	Landrace	Kabuli	Constan	882,0	36,366	6,666	NA	
ILC 2614-2		Kabuli	tine				NA	
ILC 2614-3		Kabuli					NA	

IG 6441/NEC 1644	Selection from NEC 1644	Kabuli	Sidi Bel Abbes	465,0	35,250	-0,650	NA	Banque de gène de l'ICARDA
ILC6909/IG 71301	Line Sidi Bel Abbes 173	Kabuli	Sidi Bel Abbes	465,0	35,250	-0,650	NA	
ILC6911/IG 73303	77SD-193-81 (79 SBA)		Sidi Bel Abbes	465,0	35,250	-0,650	NA	
ILC6910/IG 73302	Line Témouchent 161-	Kabuli	Ain	NA	NA	NA	NA	
ILC7238/IG 73998	Landrace	Kabuli	Bousaad	525,0	35,250	4,166	NA	
ILC7241/IG 74001	Landrace	Kabuli	Boussaâ	736,0	35,166	4,15	NA	
ILC7242/IG 74002	Landrace	Kabuli	Boussaâ	550,0	35,166	4,15	NA	
ILC7245/IG 74005	Landrace	Kabuli	Tizi-	210,0	36,8166	4,0833	NA	
ILC7247/IG 74007	Landrace	Kabuli	Tizi	160	36,816	4,15	NA	
ILC7248/IG 74008	Landrace	Kabuli	Tizi-	160	36,816	4,083	NA	
ILC7249/IG 74009	Landrace	Kabuli	Tizi-	40,0	36,75	3,8	NA	
ILC7249/IG 74010	NA	Kabuli	Tizi-	40,0	36,75	3,8	NA	
ILC6193/IG 71009	Landrace	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	
ILC11829/IG 131922	NA	Kabuli	Tiaret	854,0	35,366	1,316	NA	
ILC11830/IG 131923	NA	Kabuli	Tiaret	854,0	35,366	1,316	NA	
IG134526	NA	Kabuli	Tiaret	854,0	35,366	1,316	NA	
IG134527	NA	Kabuli	Tiaret	854,0	35,366	1,316	NA	
IG131925/ILC 11832	NA	Kabuli	Tlemcen	736,0	34,8833	-1,3	NA	
Flip05-156C	FLIP98-2CxS99093xFLIP98-9C	Kabuli	Syria	NA	NA	NA	NA	CNCC
Flip05-21C	FLIP97-25C x S98588.	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	
'Ghab5'/FLIP 88-85C	ILC 629 x FLIP 82-144C	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	
'Twist'	NA	Kabuli	NA	NA	NA	NA	NA	

Nour*	NA	Kabuli	Tunisie	NA	NA	NA	Résistantes à l'Orobanche et à la fusariose (Bouhadida et al., 2013 ; Nefzi et al., 2016)	Département de génétique de l'université de Cordoba, Espagne
X96TH24*	NA	Kabuli	Tunisie	NA	NA	NA		
X96TH61*	NA	Kabuli	Tunisie	NA	NA	NA		
Moubarek*	NA	Kabuli	Maroc	NA	NA	NA	sensibles à l'Orobanche, résistants a l'anthracnose (Houasli et al., 2020)	
Zahar*	NA	Kabuli	Maroc	NA	NA	NA		
WR315*	NA	Desi	NA	NA	NA	NA	Pois chiches sensibles à l'anthracnose et résistants à la fusariose (Bouhadida et al., 2013 ; Gil et al., 2017)	
JG 62*	NA	Desi	NA	NA	NA	NA		
Cr5-9 (<i>Cicer reticulatum</i>)*	NA	Desi	NA	NA	NA	NA	sensible à l'anthracnose et à la fusariose (Bouhadida et al., 2013 ; Gil et al., 2017)	

NA: non disponible ; en gras les variétés témoins, * Variétés utilisées pour l'étude moléculaire

Pour la caractérisation agro-morphologique 46 génotypes seulement ont été étudiées comprenant 42 génotypes algériens et les 4 contrôles. Par contre, pour la caractérisation moléculaire toute la collection (54) a été considérée.

1.2. Dispositif expérimental

Le dispositif expérimental adopté est un dispositif en blocs aléatoires complets à trois répartitions (Blocs). L'espace entre les blocs était de 50 cm. A l'intérieur de chaque bloc, chaque génotype a été représenté par une ligne de 10 plants espacés de 40 cm (espace entre les individus du même génotype). Les 46 génotypes étudiés ont été répartis aléatoirement et ils ont été écartés l'un à l'autre par 50 cm (**Annexe 1, 2**). L'essai a été mis en place le 05 janvier 2015.

1.3. Caractéristiques du site expérimental et conditions de l'essai

Coordonnées géographiques

L'essai a été réalisé au niveau de la station expérimentale de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique d'El-Harrach (ENSA) au niveau de l'unité destinée aux cultures expérimentales à une altitude de 48 m à 3° 9' 5" de longitude Est et 36° 43' 8" de latitude Nord.

Caractères édaphiques

Une analyse physico-chimique du sol a été réalisée avant la mise en place de l'essai par Mme Tabti D. La méthode d'échantillonnage adoptée était l'échantillonnage à la diagonale qui consiste à prélever diagonalement 5 carottes du sol (4 de chaque angle et une au milieu) de 20 cm de profondeur à l'aide d'une tarière. Une série d'analyses a été effectuée par la suite sur le mélange des cinq échantillons au niveau du laboratoire d'Agriculture du département de Production Végétale. Les résultats obtenus résumés dans le **Tableau 4**, montrent que la parcelle est caractérisée essentiellement par un sol limono-argileux, non calcaire, riche en matière organique mais très pauvre en phosphore (**Tabti, 2018**).

Conditions climatique

Les relevés climatiques (**Tableau 5**) de la période 2014/2015 montrent que les conditions climatiques ayant accompagnées l'expérimentation étaient relativement favorables

(pluviométrie et température). La gamme de température de la campagne 2014-2015 varie de 9,6°C, pour le mois de Février qui correspond au mois le plus froid, à 27,8°C en juin correspondant au mois le plus chaud.

Une diminution importante de la pluviométrie ayant atteint 0 mm en Avril avec une élévation considérable de la température coïncidant avec les phases sensibles du cycle de développement de la culture de pois chiche, à savoir la floraison et le début formation de gousses.

Tableau 4: Résultats de l'analyse physico-chimique du sol (**Tabti, 2018**)

Caractéristiques	Résultats obtenus	Méthodes d'analyse	Interprétations
Texture		Pipette de Robinson	Texture Limono-argileuse (AFNOR, 1984)
Calcaire total (%)	2	Calcimètre de Bernard	Sol non calcaire (Baize et al., 1995)
pH _{eau}	7,65	pH mètre	Sol légèrement alcalin (Baize et al., 1995)
pH _{KCl}	6,75	pH mètre	Acidité moyenne (AFNOR, 1984)
Carbone total (%)	6,8	Méthode Anne	Sol riche en matière organique (Calvet et Villemin, 1986)
Matière organique (%)	1,169		
Azote total (%)	1,4	Méthode de Kjeldahl	Sol bien pourvue en azote (AFNOR, 1984)
Phosphore (pmm)	0,06	Méthode Olsen	Très faible teneur en phosphore assimilable (Hanotiaux, 1985)

Tableau 5 : Pluviométrie (mm) et températures (°C) moyennes mensuelle de la campagne agricole 2014-2015 (Station météorologique ENSA, 2015).

Mois	Précipitations	T° min. (°C)	T° max. (°C)	T° moyenne
Novembre	66,6	10,9	22,5	15,5
Décembre	133,9	6,4	15,8	11,6
Janvier	98,9	5,1	13,7	10,5
Février	80	4,6	14,5	9,6
Mars	96,3	10,3	19,3	14,8
Avril	0	12,8	22,5	17,7
Mai	28,4	13,2	24,1	18,8
Juin	2,6	18	27,6	27,8
Totaux	506,7	100,03	189,5	139,8

1.4. Entretien et conduite de la culture

Avant la mise en place de l'essai, un test de germination a été réalisé en mettant 10 graines/génotypes dans des boîtes de Pétri comprenant du Cotton imbibé d'eau. En se basant sur le pourcentage des graines germées qui n'était que de 30% en moyenne nous avons décidé de mettre 3 graines/poquet afin d'assurer une levée homogène.

Un démarrage consistant à sauvegarder dans chaque poquet une seule plantule saine et vigoureuse et à enlever les autres a été effectué par la suite (au stade de la levée des plantules) afin d'éviter la compétition, et ceci dans toutes les parcelles (30 plantules sauvegardés/génotypes).

Les graines utilisées ont été traitées au préalable par Apron Star à raison de 2g/10 kg de semences. Ce produit combinant un fongicide et un insecticide permet de protéger la semence des attaques durant les premiers 40 jours qui suivent le semis. Ces matières actives sont les suivantes : Thiaméthoxame : 200 g/kg, Méfénoxam : 200 g/kg, Difénoconazole : 20 g/kg.

Après la mise en place de l'essai et afin de procurer à la culture tous ses besoins en éléments fertilisants majeurs à savoir (N, P, K), un apport en fertilisants a été réalisé le 23 décembre 2015, l'apport été composé d'urée à 46% à raison de 20 U/ha et d'Agriphos « engrais phospho-potassique » (0, 20, 25) à raison de 80 U/ha de phosphore et 100U/ha de potassium.

Un contrôle vigoureux de mauvaises herbes a été effectué. Un herbicide de prélevée « Gesagard », dont la matière est la Prométryne (500g/l), a été appliqué juste après le semis (08/01/2015) à raison de 2,5 l/ha. Plusieurs désherbages manuels ont eu lieu tout au long de l'essai afin de garder la parcelle expérimentale propre.

Pour les traitements phytosanitaires ; un traitement contre les fourmis a été appliqué juste après la levée par l'utilisation de « Pychlorex » dont la matière active est la Chlorpyrifos. La dose d'application est de 1,77 l/ha.

Il est à noter qu'aucune irrigation n'a été effectuée, l'essai a été mené en conditions pluviales.

1.5. Paramètres agro-morphologiques étudiés

Afin d'évaluer la diversité phénotypique des génotypes de pois chiches algériens, en se basant sur les caractères agro-morphologiques, quinze caractères quantitatifs et qualitatifs ont été retenus et récapitulés dans le **Tableau 6**. Les observations des divers caractères étudiés ont été enregistrées sur environ 1380 plants à raison de 30 plants par génotype. Les caractères quantitatifs étudiés sont les caractères liés: (i) à la phénologie (date de la levée et date de la floraison, date de formation de gousse, et date de la maturité), (ii) à la morphologie de la partie végétative (hauteur du plant, hauteur de la première gousse, nombre de branches primaires et secondaires par plant), (iii) au rendement (Nombre total de gousses par plant, poids total de gousses, poids de cent gousses, nombre total de graines par plant, production en grains et poids de cent graines). Pour les notations relatives au port des plants nous avons utilisé l'échelle proposée par l'**IBPGR et al. (1993)** qui comprend cinq types de port à savoir : (1) érigé, (2) semi érigé, (3) semi étalé, (4) étalé et (5) rampant (**Figure 9**). Ce paramètre a été noté au stade remplissage des gousses (**Figure 9**).

Tableau 6 : Abréviation et méthodes d'évaluation des 15 caractères Agro-morphologiques étudiés

	Caractères	Abreviation	Méthodes d'évaluation
Phénologiques	Date de la levée (jr)	Gr	Nombre de jours entre le semis et l'apparition des 1 ^{ères} feuilles
	Date de la floraison (jr)	FL	Nombre de jours entre le semis et l'apparition des 1 ^{ères} fleurs
	Date de formations de gousse (jr)	FPF	Nombre de jours entre le semis et l'apparition des 1 ^{ères} gousses
	Date de maturité (jr)	Mt	Nombre de jours entre le semis et le stade où plus de 90% des gousses ont atteint leur maturité.
Végétatifs	Hauteur du plant (cm)	PH	Hauteur de la base de la plante à l'extrémité de la dernière feuille.
	Hauteur de la première gousse (cm)	DIP	Hauteur de la base de la plante à la première gousse.
	Nombre de branches primaires	NPB	Nombre total de branches primaires (liées directement à la tige principale) dans une plante.
	Nombre de branches secondaire	NSB	Nombre total de branches secondaire qui démarrent des branches primaires dans une plante.
	Port	Gh	Echelle proposée par l' IBPGR et al. (1993)
Liés au rendement	Nombre de gousses par plant	NP	Comptage du nombre total de gousse par plant.
	Poids de gousses par plant (g)	WP	la totalité des gousses par plants est pesée à l'aide d'une balance électronique
	Poids de 100-gousses (g)	100PW	Cent gousses au hasard ont été comptées puis pesées.
	Nombre de graines par plant	NS	Comptage du nombre total de graine par plant.
	Poids de 100-graines	100SW	Cent graines au hasard ont été comptées puis pesées.
	Poids total des graines	SY	la totalité des graines par plant est pesée à l'aide d'une balance électronique

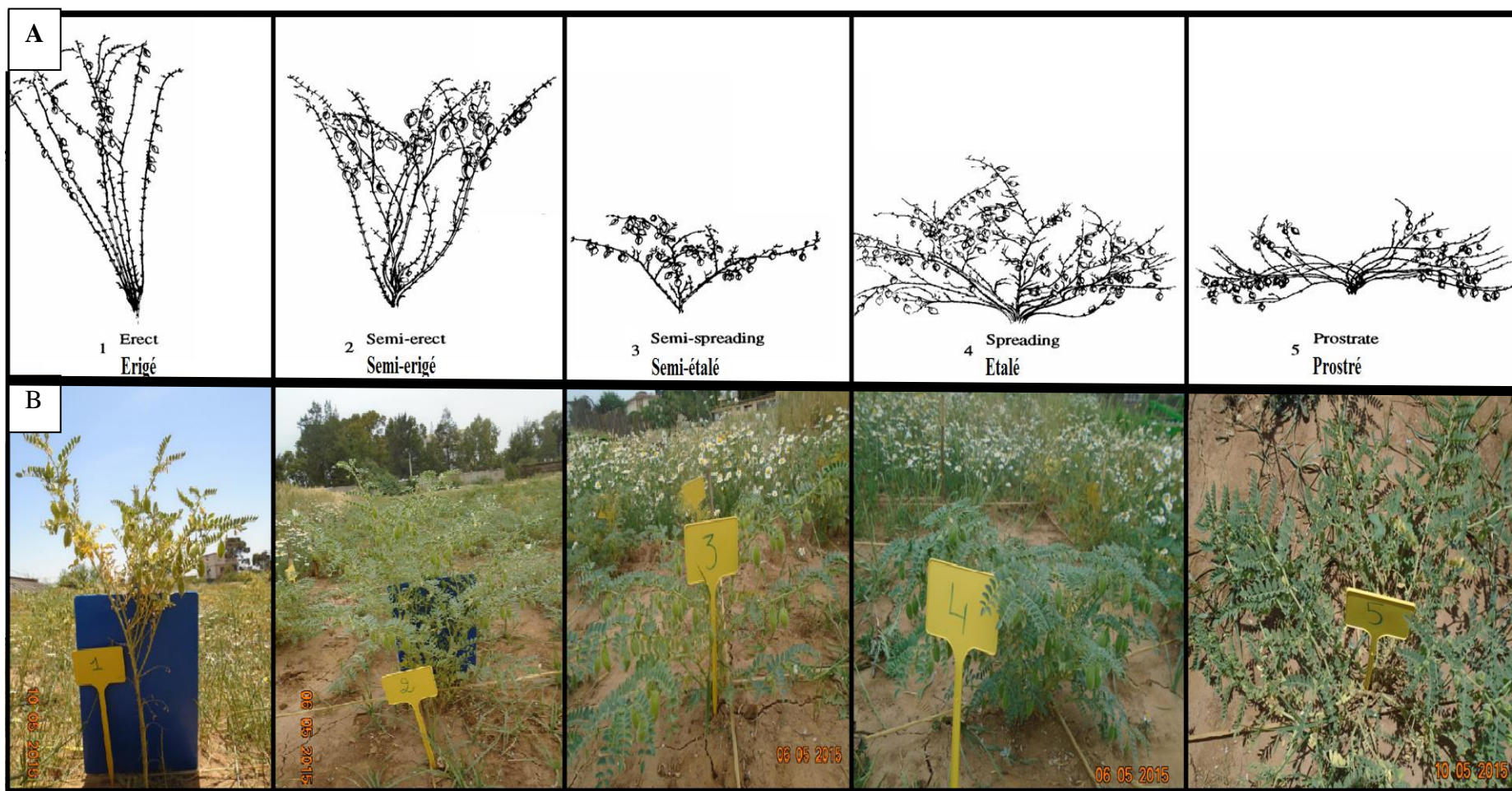


Figure 9: Différents types de port : (A) représentation schématique selon le descripteur de pois chiche de l'IPBGR et al. (1993), (B) photos correspondantes prises du site expérimental par Bellemou (2015).

2. Caractérisation moléculaire

2.1. Extraction de l'ADN génomique

Pendant longtemps, les caractères morphologiques ont été les seuls outils disponibles pour étudier la diversité naturelle des plantes. Cependant, ces derniers sont souvent biaisés par les facteurs environnementaux. En conséquence, l'usage de nouvelles approches d'ordre moléculaire, s'est avéré incontournable pour étudier la diversité des espèces (**Gaad, 2018**).

Cette deuxième partie de thèse, vise à caractériser la diversité génétique des 42 génotypes algériens de pois chiche et de situer leur diversité par rapport à des variétés témoins. Le choix des marqueurs liés aux gènes d'intérêts et de certains génotypes de références (résistance/sensibilité à certaines maladies) ont permis d'établir une sélection préliminaire.

2.2. Extraction de l'ADN génomique

L'ADN génomique a été extrait à partir des 54 génotypes. Les ADN des 8 génotypes de références ont été extraits par le laboratoire de génétique de l'université de cordoba, (Campus Rabanalis, Espagne). Les ADN du reste des génotypes (46) a été extrait dans le cadre de ce travail à raison de 30 échantillons par génotype correspondant à un total de 1380 échantillons.

Plusieurs méthodes d'extractions d'ADN génomique ont été décrites. L'une des méthodes les plus utilisées chez les végétaux est la méthode CTAB par rapport au composant principal du tampon de lyse qui est le bromure de cetyl-triméthyl-ammonium (Cetyl-Trimethyl-Ammonium Bromide).

L'extraction d'ADN génomique a été réalisée à partir de feuilles sèches suivant le protocole CTAB décrit par **Ghérardi et al. (1998)**, ce protocole consiste en trois principales étapes : la lyse des membranes cellulaire, l'extraction d'ADN et sa précipitation.

Des jeunes feuilles (contiennent moins de protéine et de substances organiques par rapport aux feuilles âgées) ont été recueillies du champ de chaque plant germé et placées individuellement dans une petite enveloppe étiquetée puis stockées dans une boîte contenant du gel de silice. Le jour de l'extraction, 100g de feuilles sont mises dans des tubes Eppendorfs de 2 ml contenant trois billes métalliques puis séchées dans une étuve réglée à 65°C. A la

sortie de l'étuve, ces dernières sont réduites en poudre à l'aide de GenoGrinder.

Lyse de la membrane cellulaire : La première étape de l'extraction d'ADN est la rupture de la cellule et de la membrane nucléaire. À cette fin, l'échantillon est tout d'abord traité avec 1000 μ l du le tampon d'extraction contenant de l'EDTA, du Tris/HCl et du CTAB (**Annexe 3.1**). Le mélange (feuilles broyées-tampon) est incubé au bain Marie réglé à une température de 65°C, pendant 20 min.

Extraction : Dans cette phase, les polysaccharides, les composés phénoliques, les protéines et les autres lysats cellulaires dissous dans la solution aqueuse sont séparés du complexe acide nucléique/CTAB. L'élimination des polysaccharides, ainsi que des composés phénoliques est particulièrement importante en raison de leur capacité à inhiber un grand nombre de réactions enzymatiques. Les contaminants du complexe d'acide nucléique ne précipitent pas et peuvent être enlevés par l'extraction hors de la solution aqueuse au moyen de chloroforme d'où l'ajout de 600 μ l de chloroforme au mélange feuilles-Tampon. Ce dernier dénature les protéines et facilite la séparation des phases aqueuses et organiques. A cette étape, une centrifugation à 10 min à Vmax (14000 tours/min) permet l'obtention de deux phases aqueuses séparées par une interphase (Phase organique). La phase aqueuse supérieure est récupérée par la suite délicatement et transférée dans un nouveau tube Eppendorf. Une fois que le complexe d'acide nucléique a été purifié, la dernière étape de la procédure peut être accomplie. Il s'agit de la précipitation.

Précipitation : A ce stade final, l'acide nucléique est libéré du détergent. À cette fin, la solution aqueuse est tout d'abord traitée par l'isopropanol (600 μ l) et centrifuger immédiatement pendant 20 seconde à vitesse maximale ; un culot se dépose sur la paroi du tube Eppendorf. Un deuxième traitement à l'éthanol 70% (**Annexe 3.2**) du culot suivi d'une centrifugation à vitesse maximale durant 10 mn est réalisé afin d'éliminer toutes les imputées et de purifier l'ADN.

Après l'élimination de l'éthanol et le séchage des tubes Eppendorf à l'aire libre (10 à 15min), le culot d'ADN est suspendu dans 50 μ l d'eau distillée stérile et laissé toute la nuit au réfrigérateur. Le lendemain, un traitement visant à éliminer l'ARN est effectué par l'ajout de 5 μ l d'ARNase (2,5mg/ml).

2.3. Qualité et quantification des ADN

Visualisation de l'ADN génomique sur gel d'agarose à 2%

Une bonne estimation de la quantité ainsi que de la qualité de l'ADN peut être obtenue à partir d'électrophorèse sur gel d'agarose à 2%. La préparation du gel consiste à faire dissoudre 2g d'agarose dans 100 ml de TBE (**Annexe 3.3**) à l'aide du micro-onde. Après la dissolution totale d'agarose, une goutte de BET est ajoutée au gel.

Pour ce type de gel, une migration horizontale est réalisée dans une cuve remplie avec du TBE 0,5X (**Annexe 3.3**). Le mélange de dépôt est constitué de 4 µl du mélange ADN et 6µl de Bleu de bromothymol. La migration se fait à 100 vol pendant 1h.

Les ADN révélés à l'éthidium de bromure (BET) sont exposés par la suite à la lumière UV pour leur visualisation. Les concentrations d'ADN inconnues peuvent être estimées par la comparaison de l'intensité des bandes des ADN extraits avec les bandes de l'ADN standards. Cependant, il faut être extrêmement prudent pour mettre le même volume d'ADN et des standards dans les puits.

Quantification et qualité d'ADN par spectrophotomètre Nanodrop

Les mesures de la concentration d'ADN peuvent être obtenues directement par la mesure de l'absorbance avec l'utilisation du NanoDrop 1000 Spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) connecté à un ordinateur comportant un logiciel spécifique.

Après l'étalonnage du Nanodrop par une goutte d'eau on procède à une quantification des échantillons à analyser par le dépôt de 2µl de chaque échantillon dans le puits du Nanodrop. Le rapport d'absorbance à 260 nm sur 280 nm est utilisé pour déterminer la pureté d'ADN; on considère un ADN comme étant pure si le rapport (DO_{260}/DO_{280}) est de 1,8.

Normalisation de la concentration de l'ADN génomique et préparation du mix

Six (6) ADN purs par génotype, ayant un rapport (DO_{260}/DO_{280}) de 1,8 ont été choisis parmi les 30 ADN génomiques extraits, visualisés et quantifiés. Ces derniers ont été normalisés par la suite à une concentration de 20 ng/µl, puis mélangés dans un seul tube (pooling) afin de procéder à leur amplification par PCR.

2.4. Choix des marqueurs moléculaires

Onze (11) marqueurs moléculaires répartis dans les 8 groupes de liaison ont été utilisés pour l'analyse moléculaire : neuf (9) SSR (Simple Sequence Repeat) développés par **Winter *et al.* (1999)** et **Lichtenzveig *et al.* (2005)** ; un (1) SCAR (Sequence Characterized Amplified Region) développé par **Iruela *et al.* (2006)** ; et un (1) marqueur de gène spécifique (CaETR) développé par **Madrid *et al.* (2013)**. Six marqueurs des 11 sont liés à des gènes d'intérêt et les avantages de leur utilisation sont de donner une idée préliminaire sur les génotypes intéressants.

Les séquences des amorces, la répartition de chaque marqueur dans les divers groupes de linkage ainsi que les QTLs/gènes d'intérêt avec leurs références sont mentionnés dans le **Tableau 7**.

2.5. Réaction en chaîne par polymérase (PCR)

Toutes les réactions de PCR ont été réalisées dans un volume de 10 μ L dans un thermocycleur TGradient (Biometra, Göttingen, Allemagne).

Pour chaque marqueur, le mélange à amplifier contenait : 20 ng d'ADN génomique, 0,25 μ M d'amorces forward et 0,25 μ M de reverse, 0,25 mM de $MgCl_2$, 0,2 mM de dNTP (**Annexe 3.4**) et 0,25 U Taq polymérase (GoTaqFlexi; Promega, Madison, WI, USA) dans 10X tampon PCR (50mM de KCl, 10 mM de Tris-HCl, 0,1% de Triton X-100).

Pour les marqueurs H2I20 et SCY17, les concentrations d'amorces, de $MgCl_2$ et de dNTP diffèrent des autres, Les concentrations de H2I20 étaient de : 0,3 mM d'amorces forward et 0,3 mM reverse, 0,3 mM de $MgCl_2$ et 0,2 mM de DNTP ; tandis que les concentrations de SCY17 étaient : 0,2 mM d'amorces forward et 0,2 mM reverse, 0,2 mM de $MgCl_2$ et 0,4 mM de DNTP.

Les marqueurs TA59, TA135, TA180 et TA127 ont été amplifiés avec des amorces fluorescentes de type NED, HEX , FAM récapitulés dans le **Tableau7**.

Tableau 7 : Caractéristiques des 11 marqueurs moléculaire

LG	Marker	Primer sequence (5'-3')		Motif	Fluoro chrom es	Type	TH	Gel	Sources	QTL (Référence (s))
		Forward	Reverse							
LG1	TA1	TGAAATATGGAAT GATTACTGAGTGAC	TATTGAAATAGGTCAG GCTTATAAAAA	(TAA) ₃₂	/	SSR	60°C	Acrylamide	Winter et al., 1999	/
LG2	TA59 ^A	ATCTAAAGAGAAA TCAAAATTGTCGAA	GCAAATGTGAAGCAT GTATAGATAAAG	(TAA) ₂₉	NED	SSR	60°C	Analyse de Fragment		Wilt (Winter et al., 2000 ; Iruela et al., 2007 ; Castro et al., 2010 ; Cobos et al., 2009 ; Halila et al., 2010)
LG3	TA142 ^B	TGTTAACATTCCCT AATATCAATAACTT	TTCCACAATGTTGTAT GTTTTGTAAG	(TTA) ₁₅		SSR	60°C	Acrylamide		Date de floraison (Cobos et al., 2009)
	TA135	TGGTTGGAAATTGA TGTTTT	GTGGTGTGAGCATAAT TCAA	(TAA) ₁₇	HEX	SSR	60°C	Analyse de Fragment	/	
LG4	CaETR4 ^C	CAGGAAGTTCAAT GGCCCTA	R1:TAAGTTGTGACAA AAGACTCAATCG R2:TGTGGCACAGTGG ACCCCATCT	–	/	Gene-specific	62°C	Acrylamide	Madrid et al., 2013	Ascochyta blight (Madrid et al., 2013)
	GAA47 ^B	CACTCCTCATGCCA ACTCCT	AAAATGGAATAGTCG TATGGGG	(GAA) ₁₁	/	SSR	60°C	Acrylamide	Winter et al., 1999	Couleur de fleur (Cobos et al., 2005) anthocyanin pigmentation (Santra et al., 2000)
LG5	SCY 17 ^C	GACGTGGTGAATAG CTAGC	GACGTGGTGAATAG ATACC	–	/	SCAR	50°C	Agarose 2,5%	Iruela et al., 2006	Ascochytablight (Iruela et al., 2006)
LG6	H2I20 ^A	TGTTTTGCTCATCT GTAAATCAA	AGCATGCCTCTGATGA ATAGTAAC	(TTA) ₁₃ CTA (TTA) ₁₉	/	SSR	60°C	Acrylamide	Lichtenzweig et al., 2005	Wilt (Jendoubi et al., 2016)
	TA42	ATATCGAAATAAA TAACAACAGGATG G	TAGTTGATACTTGGAT GATAACCAAAA	(TA) ₁₉ (TAA) ₄₁	/	SSR	60°C	Acrylamide	Winter et al., 1999	Date de floraison (Cobos et al., 2009)
LG7	TA180	CATCGTGAATATTG AAGGGT	CGGTAAATAAGTTTCC CTCC	(TAA) ₃₀	HEX	SSR	60°C	Analyse de Fragment		/
LG8	TA127	AAATTGTAAGACTC TCATTTTTCTTTATT	TCAAATTAACATACATC ATGTCACACAC	(GTT) ₅ (ATT) ₂₃	FAM	SSR	60°C	Analyse de Fragment	/	

LG : group de linkage ; TH : température d'hybridation ; SSR : simple sequence repeat ; SCAR : sequence characterised amplified region ; QTL : quantitive trait loci.

L'amplification de tous les marqueurs utilisés à l'exception de CaETR4 et SCY17 a été réalisée avec un programme commençant par une dénaturation initiale à 95°C pendant 5 min, suivie d'une boucle de 30 cycles définis comme suit : 30s de dénaturation à 95°C, 30s d'hybridation à une température de 60 °C, et 50s d'élongation à 72°C. L'amplification est terminée par une extension finale de 8 min à 72°C.

Le programme PCR de CaETR4 est identique à celui des autres marqueurs sauf que la température d'hybridation est de 62°C au lieu de 60 °C.

En outre, le programme PCR de SCY17 est comme suit : une dénaturation initiale à 95°C pendant 5 min, suivie d'une boucle de 30 cycles correspondante à : 1min de dénaturation à 95°C, 30s d'hybridation à une température à 50 °C, et 40s d'élongation à 72°C. L'amplification se termine par une extension finale de 8 min à 72°C.

2.6. Visualisation des amplifiats

Les produits des PCR de 7 marqueurs parmi les 11 ont été visualisés : (i) sur gel d'agarose à 2,5% révélé avec du bromure d'éthidium (BET) pour SCY17 et (ii) sur gels acrylamide à 8-10% (**Annexe 4**) révélés aussi au BET pour les marqueurs TA1, TA142, CaETR4, GAA47, H2I20 et TA42. Le reste des marqueurs (4), TA59(NED), TA135 (HEX), TA180 (HEX) et TA127 (FAM), ont été séparés en utilisant la migration par capillarité «fragment analysis» (Applied Biosystems 3130 Genetic Analyzer; Thermo Fisher Scientific) basé sur l'électrophorèse capillaire du Service de Genomique à l'université de Cordoba (Espagne). Les différents allèles générés par ces SSR apparaissent comme des pics et les poids moléculaires sont déterminés à l'aide du logiciel "Genotyper 3.7 (Applied Biosystems, Thermo Fisher Scientific)" (**Annexe 5**).

Préparation des gels agarose à 2,5%

La méthode suivie de la préparation du gel agarose dans ce cas est celle décrite par **Iruela et al., (2006)**. Elle consiste à faire dissoudre dans 200 ml de TBE, 5g d'agarose (2,5g d'agarose Seaken et 2,5g de Nu-Sieve agarose) sous l'effet de la chaleur (micro-onde). Dans chaque puits 15µl d'amplifiat-tampon de charge (10µl amplifiât + 5µl tampon) est déposé.

La migration a été faite dans une cuve horizontale (tampon TBE 0,5X) sous 100 vol.

L'observation des bandes générées par la PCR se fait sous UV. La prise des photos ainsi que la détermination des poids moléculaires des différentes bandes amplifiées a été

déterminé en se référant au marqueur de taille GTPbioline et par l'utilisation du logiciel GeneScan 3.1.

Préparation des gels acrylamides :

Pour pouvoir visualisé les produits PCR sur gel acrylamide deux types de gels ont été préparés à savoir le Runnig gel et le stocking gel (**Annexe 4**). Les gels ont été coulé séparément l'un en dessous de l'autre entre deux plaques en verres jusqu'au bord supérieur et laissé polymériser. Le Stacking gel n'est coulé qu'après la gélification du running gel.

Une électrophorèse verticale est réalisée pour ce type de gel, 5µl d'amplifiat auquel 5µl du tampon de charge ont été additionné sont déposé dans les puits de stacking gel replie au préalable par une solution de DNA-stock 1X.

Le support de migration avec les échantillons est porté par la suite à la cuve d'électrophorèse remplie à l'un quart par la solution DNA-stock 1X.

Le Générateur de courant électrique continu doit être réglé à 60volt si on met deux gels et à 30volt si on ne met qu'un seul.

Après migration, les plaques en verres ont été séparées et le gel a été mis délicatement dans une solution contenant du BET. Après 30 minutes, des photos sous UV ont été prises à l'aide du logiciel GeneScan 3.1. Le traitement des images et le calcul de la taille des bandes ont été réalisés par le même logiciel que celui du gel agarose et on se référant au marqueur de taille GTPbioline.

3. Analyses statistiques**3.1. Analyse statistique des données agro-morphologiques**

Les observations des divers caractères étudiés ont été enregistrées sur 30 plants par génotypes. Toutes les données recueillies sur les quinze caractères ont été soumises à une analyse statistique en utilisant le logiciel R (version 3.3.3). Plusieurs packages et fonctions ont été utilisés pour la réalisation des différentes analyses statistique à savoir :

- La fonction AOV (**Chambers et al., 1992**) pour l'analyse de la variance, la moyenne et l'écart type,

- Le package «FactoMineR» (**Lê *et al.*, 2008**) pour l'analyse en composantes principales (ACP),
- La fonction «paire» (**Becker, 1988**) pour les corrélations entre les quinze caractères phénotypiques,
- Le package «Factoshiny» développé par **Vaissie *et al.* (2015)** pour la hiérarchisation des clusters basés sur les composantes principales.

D'autre part, l'héritabilité au sens large (H^2) a été estimée à l'aide du logiciel IBP Breeding Management System Version 3.0.8 (2015). Tandis que, le coefficient de variation (CV) a été calculé par la formule suivante : $CV = (\text{écart type} / \text{moyenne}) * 100$ (**Canchola *et al.*, 2017**).

Afin d'identifier les meilleurs génotypes pour chaque caractère quantitatif étudié, un test de comparaison multiple (LSD test : Least Significant Difference) a été effectué à l'aide du logiciel STATISTICA 10 (2010). Dans le même sens, une estimation des BLUEs (Best linear unbiased estimates of fixed effects) et les BLUPs (Best Linear Unbiased Prediction) a été réalisée par le logiciel IBP Breeding Management System Version 3.0.8 (2015). Best linear unbiased estimates of fixed effects (BLUEs) est utilisé pour l'estimation des effets fixes. En tant que tel, il représente exactement ce qui est arrivé dans notre essai (le génotype est considéré comme fixe). Cependant, il n'est pas le meilleur indicateur de ce qui pourrait arriver si nous répétions les essais. En effet, la meilleure prédiction linéaire non biaisée (Best linear unbiased prediction : BLUP) permet une évaluation simultanée des effets génétiques et du milieu (**Tabti, 2018**).

3.2. Analyse statistique des données moléculaires

Le poids moléculaire de chaque allèle généré par les marqueurs moléculaires a été utilisé pour réaliser l'analyse de la diversité génétique des 54 génotypes de pois chiches à l'aide du logiciel GenAlEx version 6.5 (**Peakall et Smouse, 2006**). Il s'agit de : l'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) ; détermination des paramètres génétiques à savoir : le nombre observé d'allèles (N), le nombre effectif d'allèles (N_e), les allèles privés, l'hétérozygotie observée (H_o), l'hétérozygotie attendue (H_e), l'indice de diversité de Shannon (I), l'indice de fixation de Wright (F_{ST}), le flux génétique (N_m) et le test de Mantel (**Mantel, 1967**). Le calcul du PIC (Polymorphism information content) a été réalisé suivant la formule décrite par **Botstein *et al.* (1980)**.

Le même profil de bandes a été compilé dans une matrice binaire basée sur la présence (1) ou l'absence (0) de chaque allèle. A l'aide du logiciel NTSYS-pc 2.02j (**Exeter Software, Setauket, NY, USA**) (**Rohlf, F.J., 1996**), et en se basant sur l'algorithme de regroupement UPGMA (méthode des groupes de paires non pondérés avec moyenne arithmétique) et l'indice de similarité Jaccard, un dendrogramme visualisant les relations génétiques entre les 54 génotypes a été établi.

3.3. Analyse de la structure génétique

Sur la base des résultats obtenus au niveau des différents loci SSR employés, une approche bayésienne a été utilisée pour déterminer le nombre le plus vraisemblable de clusters (K) génétiquement différents dans l'ensemble des génotypes de pois chiche. Cette approche a été effectuée à l'aide du logiciel STRUCTURE 2,3,4 (**Pritchard *et al.*, 2000**) suivant quatre modèles différents : modèles de mixité ou de non-mixité et fréquences alléliques corrélées ou indépendantes. Pour chaque "run", les analyses de STRUCTURE ont été réalisées avec 100 000 itérations de chaînes de Markov Monte Carlo (MCMC) précédées par une phase d'allumage "Burn-in period" de 25 000 itérations. Les valeurs testées de K varient de 1 à 10 avec 10 répétitions. Une distribution appelée log de vraisemblance "log likelihood" [$L(K)$] est obtenue par la suite. Cette dernière estime le nombre le plus crédible de clusters (K) en se référant à la plus forte valeur de $L(K)$ calculée par STRUCTURE, sauf qu'elle ne constitue pas un mode assez clair et facile qui puisse permettre la détermination du nombre de clusters le plus probable (**Pritchard *et al.*, 2000**). Pour cela, le nombre de clusters les plus vraisemblables (K) dans notre population a été défini par la méthode d'**Evanno *et al.* (2005)** qui consiste à calculer le taux de changement de second ordre de la courbe logarithme du log vraisemblance entre des K successifs (ΔK) pour détecter les clusters les plus vraisemblables, K est identifié en se référant à la plus forte valeur de ΔK (**Evanno *et al.*, 2005**) entre les quatre modèles analysés auparavant. Le logiciel en ligne STRUCTURE HARVESTER (http://tayloro.biologyucla.edu/Struct_harvest) développé par **Earl et Vonholdt (2012)** a été utilisé pour évaluer le taux de variation de ΔK afin de choisir le modèle optimal qui maximise le ΔK sur la base de la méthode d'**Evanno *et al.* (2005)**.

Après l'analyse de la structure de la population par le logiciel STRUCTURE et STRUCTURE HARVESTER ainsi que l'estimation du meilleur K , la structure de notre population a été visualisée par le logiciel en ligne CLUMPP (<http://clumpak.tau.ac.il/>) développé par **Jakobsson et Rosenberg (2007)**.

Chapitre III : Résultats et discussion

1. Résultats

1.1. Caractérisation agro-morphologique

1.1.1. Statistiques descriptives et analyse de variance

Les statistiques descriptives et l'analyse de variance ont indiqué que les géotypes sont différents significativement pour tous les caractères étudiés, révélant ainsi la présence d'une diversité considérable (**Tableaux 8 et 9**).

Les statistiques descriptives (**Tableau 8**) indiquent une grande différence entre les valeurs maximales, minimales et moyennes. Parmi les quinze caractères, le nombre total de graines avait le plus grand écart. Le plus petit nombre de grains (NS) était de 29 tandis que la valeur maximale était de 83 graines par plant, avec une valeur moyenne de 55 graines par plant. Cette hétérogénéité entre et au sein des géotypes pourrait expliquer les valeurs élevées des CV.

Concernant l'héritabilité, cette dernière peut être considérée comme modérées (60-70%) pour la date de germination (Gr), la date de floraison (Fl), la date de formation de la première gousse (FPF), le nombre de branches secondaires (NSB), le nombre total de gousses par plant (NP) et le nombre total de graines par plant (NS) (**Tableau 8**). Une très forte héritabilité a été observée pour la hauteur du plant (HP), la distance des premières gousses du sol (D1P) et le port (héritabilité = 90%). Elle a été également élevée pour les poids de 100 graines (78%) et de 100 gousses (81%).

L'analyse de la variance de tous les caractères morphologiques (**Tableau 9**) a montré des différences très hautement significatives ($P < 0,001$) entre les géotypes à l'exception du temps de maturité (Mt) et le nombre de branches primaires (NPB) où la variance est respectivement, très significative ($P < 0,01$) et significative ($P < 0,05$).

1.1.2. Comparaison des moyennes

Pour chaque caractère agro-morphologique dont la variance est significative, une comparaison de moyenne par géotype basée sur le test de Fisher (nommé aussi LSD test) a été établie. Sur la base de ces moyennes par géotype, des histogrammes ont été élaborés.

Tableau 8 : Statistique descriptive des 15 caractères agro-morphologique évalués pour 46 géotypes de pois chiche

Caractères étudiés	Minimum	Moyenne	Maximum	Héritabilité (%)	Variance	CV (%)
GR (Jours)	22,18	24,23	27,09	0,62	33	23,71
FL(Jours)	90,71	96,62	101,47	0,64	97,8	10,24
FPF(Jours)	99,56	106,04	111,19	0,67	85,41	8,70
MT(Jours)	135,89	139,36	140,73	0,40	67,6	5,90
HP (cm)	30,39	42,53	52,29	0,90	74,2	20,25
D1P (cm)	11,73	16,79	27,41	0,90	26,9	30,31
NPB (branches/plant)	2,23	2,44	2,63	0,39	0,7	34,29
NSB (branches/plant)	10,77	14,83	18,52	0,62	64,6	54,61
WP (g/plant)	16,98	24,05	29,82	0,50	380,2	81,08
100PW (g)	33,25	48,11	65,86	0,81	219,9	30,82
NP (gousse/plant)	27,72	49,19	66,17	0,60	1467,5	77,88
NS (graines/plant)	28,79	54,68	82,88	0,61	1897,6	79,67
SY (g/plant)	10,94	16,77	21,35	0,50	196,8	83,65
100SW (g)	21,24	30,09	41,81	0,78	116,1	35,81
Gh	1,39	2,99	3,96	0,92	0,9	31,73

CV : Coefficient de Variation ; GR, FL, FPF, Mt, HP, D1P, NPB, NSB, NP, 100PW, WP, NS, SY, 100SW, Gh : Voir Tableau 6.

Tableau 9 : Analyse de la variance des 15 caractères phénotypiques étudiés sur les 46 géotypes de pois chiche

Source de variation	Df	Carrée Moyen														
		GR	FL	FPF	Mt	HP	D1P	NPB	NSB	NP	100PW	WP	NS	SY	100SW	Gh
Géotypes	45	81,16 ***	244,6 ***	234,0 ***	102,2 **	492,7 ***	172,71 ***	1,053 *	127 ***	568 ***	944,1 ***	2742 ***	3771 ***	285 ***	435,1 ***	7,805 ***
Blocs	2	14,25	944,9 ***	349,1 *	649,4 ***	818,3 ***	32,17	16,943 ***	4644 ***	22054 ***	0,7	84712 ***	99671 ***	1193 8 ***	312,8 *	5,693 ***
Error	45x2	30,91	89,1	77,4	64,1	48,7	15,69	0,676	51	299	168,7	1115	1460	153	92,3	0,546

Df : Degré de liberté, GR, FL, FPF, Mt, HP, D1P, NPB, NSB, NP, 100PW, WP, NS, SY, 100SW, Gh : Voir Tableau 6.

Caractères phénologiques

L'analyse des histogrammes représentant les caractères phénologique (**Figures 10, 11, 12 et 13**) a permis de montrer que les génotypes qui ont levé en premiers ne correspondent pas aux génotypes les plus précoces (**Annexes 6,7, 8 et 9**).

Pour le caractère de floraison (**Figure 11**), 16 génotypes ont présenté des valeurs moyennes inférieures à celles des variétés témoins les plus précoces (Ghab5 et Flip05-156C). Il s'agit des génotypes suivant : ILC11830, ILC6911, ILC7247, ILC606-1, ILC606-2, ILC607-2, GP10, Khedim 2, Khedim 1, ILC 595, ILC 2614-1, ILC598, IG 6441, ILC 2614-3, ILC 604, ILC7249. En plus de ILC11832, certaines de ces génotypes précoces en floraison (ILC6911, ILC7249, Khedim 1, Khedim 2, ILC 2614-1, ILC598, ILC 2614-3, ILC604) ont enregistré aussi une maturité précoce par rapport au témoin (Flip05-156C). De plus, les génotypes ILC533, ILC7238, IG134526, ILC6193, F10-76, IG134527, ILC3279, ILC11830 ont été récolté avant la variété Flip05-156C. Au total, 17 génotypes ont montré une précocité de maturité par rapport au témoin le plus précoce.

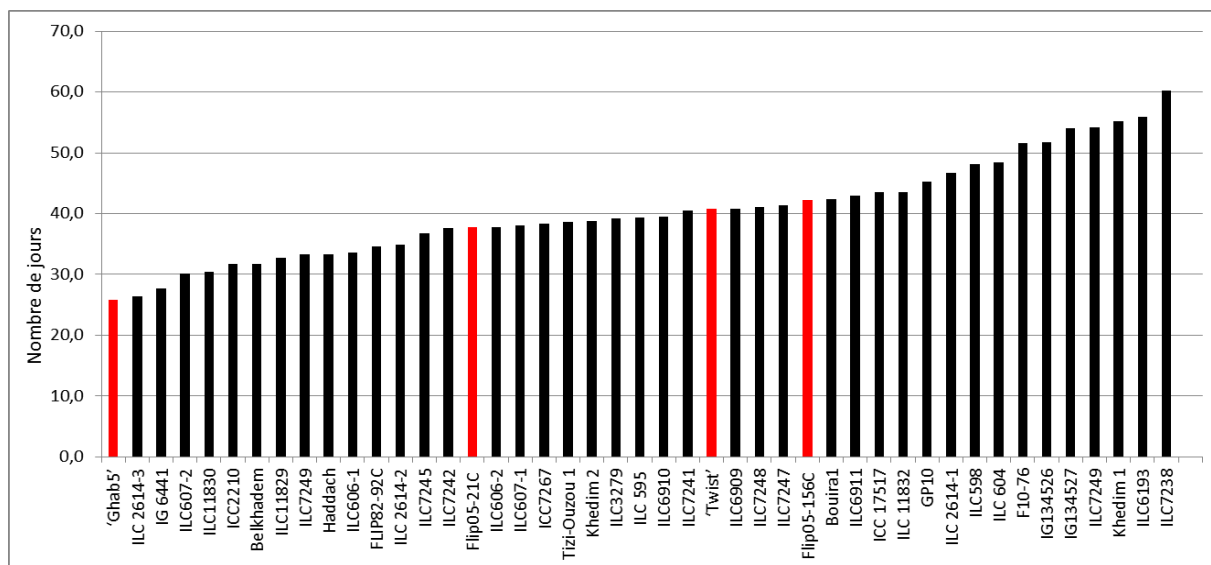


Figure 10 : Histogramme représentant le nombre de jour moyen nécessaire pour la levée des 46 génotypes (les variétés témoins sont en rouge)

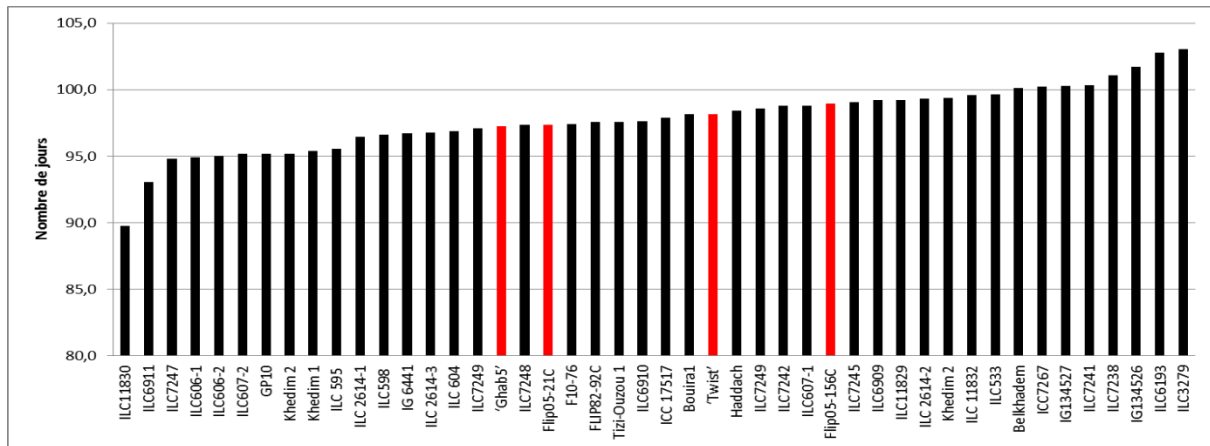


Figure 11 : Histogramme représentant le nombre de jour moyen nécessaire à la floraison des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)

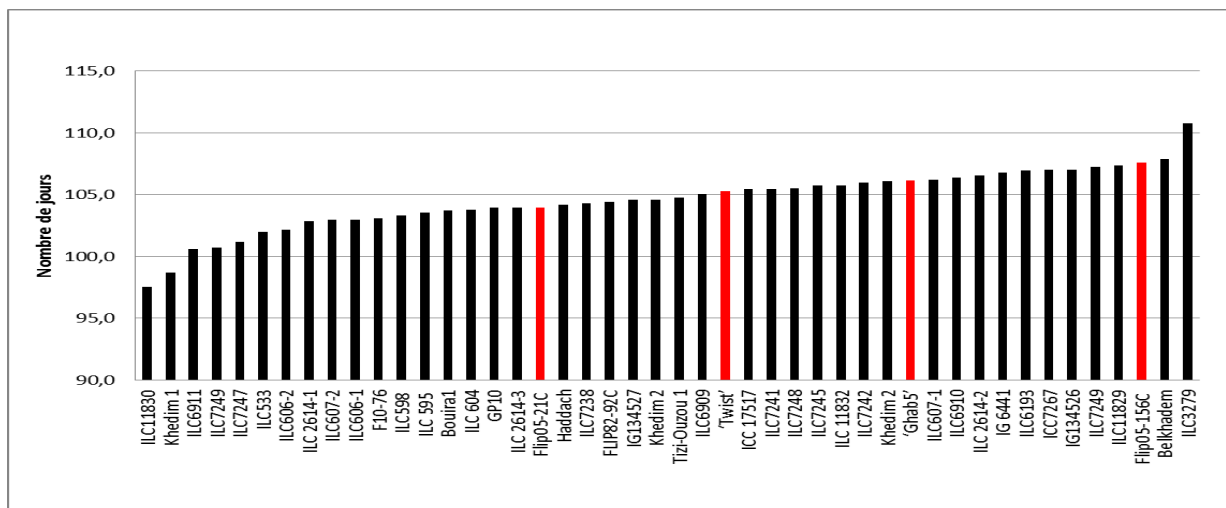


Figure 12: Histogramme représentant le nombre de jour moyen nécessaire à la formation des gousses des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)

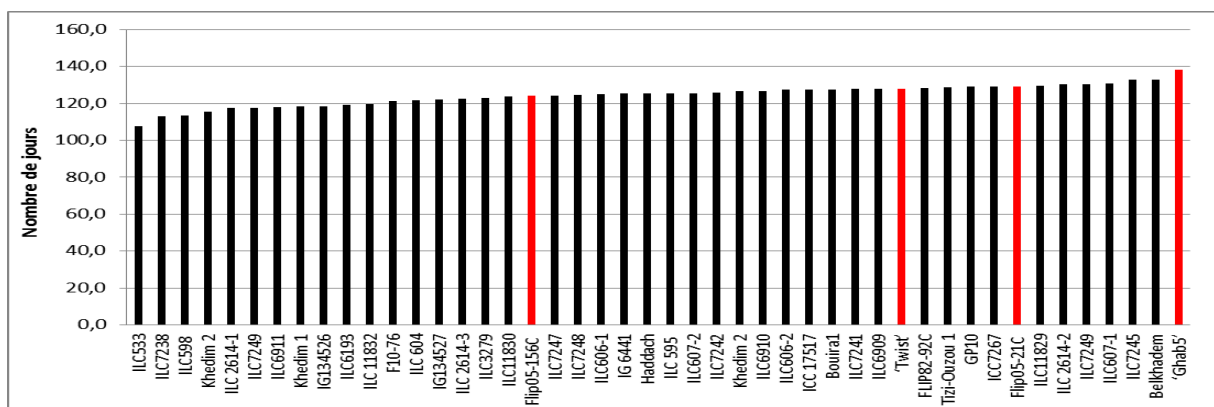


Figure 13: Histogramme représentant la moyenne du nombre jour moyen nécessaire à la maturité des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)

Paramètres Végétatifs:

Parmi les quatre variétés appréciées par les agriculteurs, la variété Flip05-156C est la variété la plus longue. La comparaison des valeurs moyennes a permis l'identification de 10 géotypes les plus long ayant les plus grandes valeurs de la hauteur de la 1^{ère} gousse (**Figures 14 et 15; Annexes 10 et 11**). Par ordre croissant, ces géotypes sont respectivement : ILC533, ILC7238, ILC7249, ILC598, ILC6193, ILC3279, Khedim 1, IG134526, ILC 2614-1, ILC6911.

Ces mêmes géotypes longs apparaissent parmi les géotypes ayant un nombre élevé de ramification primaire et secondaire (**Figures 16 et 17 ; Annexes 12 et 13**) ce qui confirme les résultats des corrélations (**Tableau 10**).

Parmi les géotypes présentant les valeurs moyennes supérieures à celles du témoin Flip 05-156C, le géotype local ILC533, en plus qu'il soit le plus long, il a présenté la plus grande hauteur de la 1ere gousse du sol et le nombre le plus élevé de ramifications primaires et secondaires.

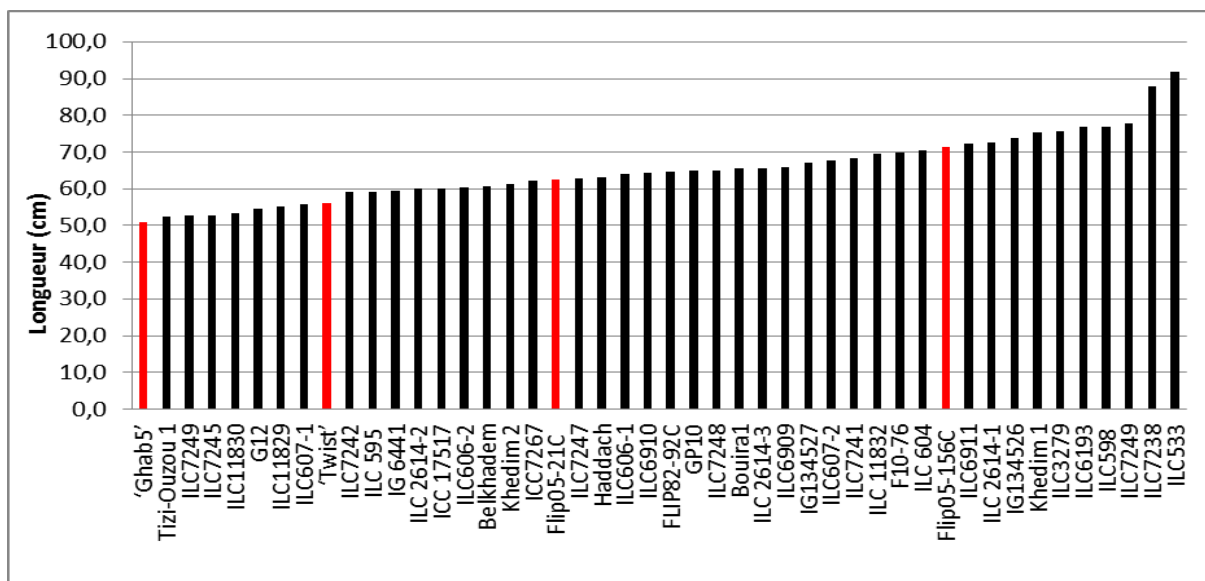


Figure 14: Histogramme représentant la longueur moyenne du plant par géotypes (variétés témoins en rouge)

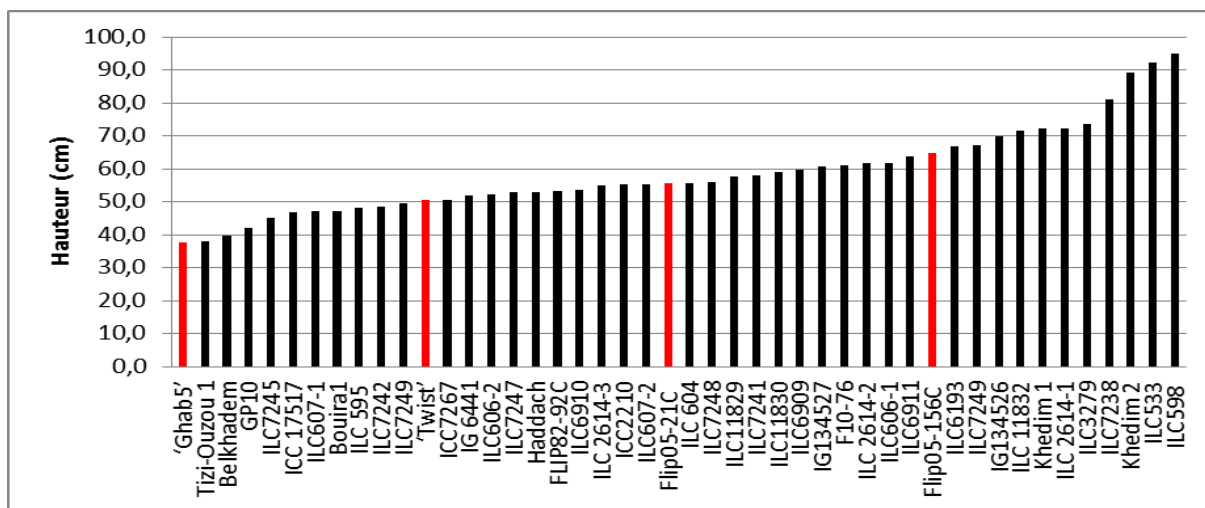


Figure 15: Histogramme représentant la hauteur moyenne de la 1ere gousse du sol (variétés témoins en rouge)

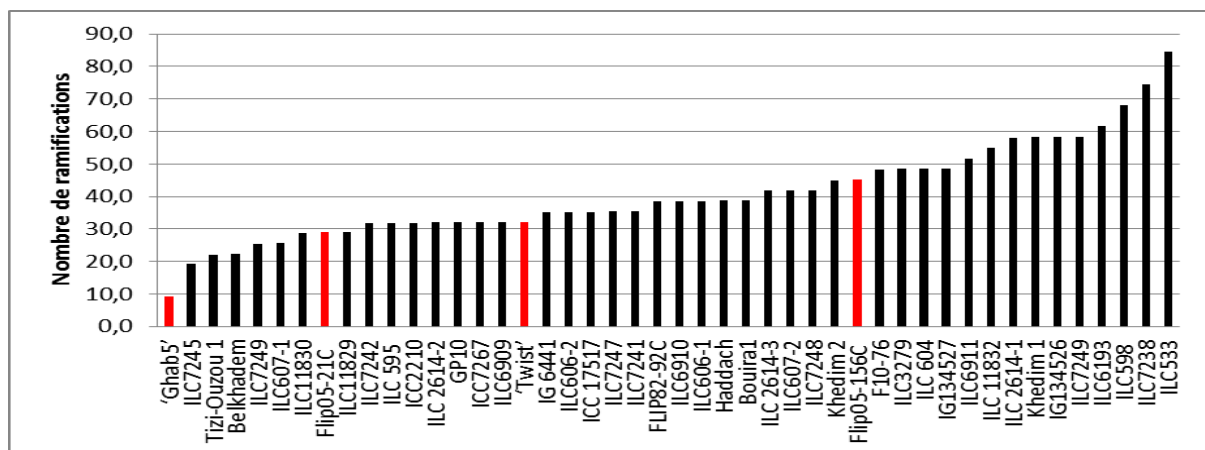


Figure 16: Histogramme représentant le nombre moyen de ramifications primaires (variétés témoins en rouge)

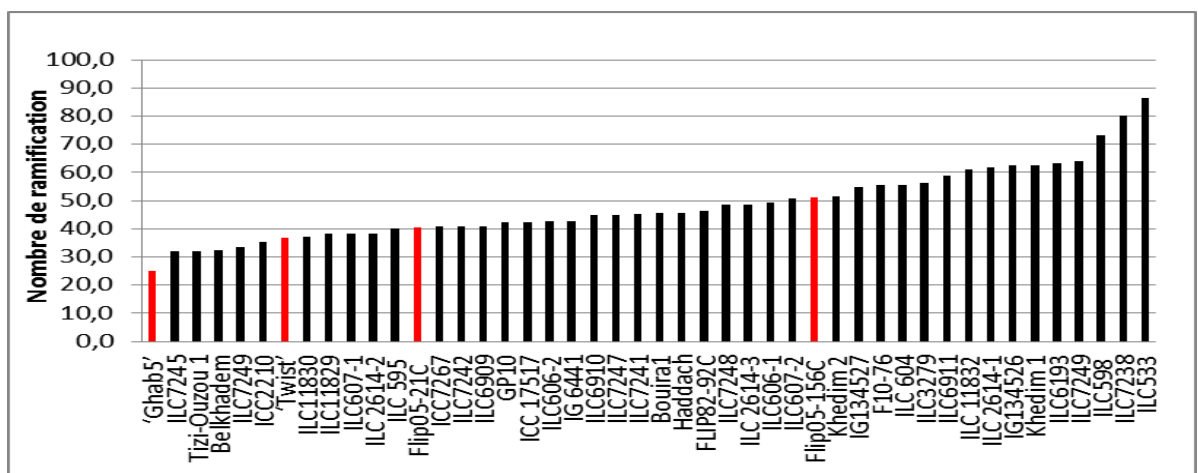


Figure 17: Histogramme représentant le nombre moyen de ramifications secondaires (variétés témoins en rouge)

Caractères liés au rendement

Pour les caractères nombre total de gousses et nombre total de graines par plant, 16 et 14 génotypes locaux, respectivement, ont présenté des valeurs moyennes supérieures à celles du témoin Flip05-21C le plus productif (**Figures 18 et 19 ; Annexes 14 et 15**). Les meilleurs génotypes en terme de productions de gousse (FLIP82-92C, ICC2210, ILC11830, ILC7249, ILC 2614-2, ILC 11832, ILC607-2, Khedim 1, ILC3279, ILC7248, ILC6193, ILC606-1, Khedim 2, ILC533, ILC598, ILC7238) sont aussi les meilleurs génotypes en productions de graine à l'exception de pour ILC 2614-2 et ILC 11832,.

L'Analyse des groupes homogènes générés par LSD test a fait ressortir 11 génotypes (ILC 2614-3, ILC7249, ILC3279, ILC7238, ILC6193, ILC 2614-1, F10-76, Khedim 1, Khedim 2, ILC533, ILC598) avec des valeurs moyennes du poids de 100 gousse élevées par rapport au témoin ILC05-156C (**Figure 20 ; annexe 16**). Ces 11 génotypes ainsi que 7 autres génotypes locaux (ILC11829, ILC6911, IG 6441, ILC 2614-2, ILC 11832, ICC2210) ont enregistré le plus grand poids de 100 graines (**Figure 21 ; annexe 17**)

La comparaison des moyennes du poids total des graines par plant et du poids total de gousse par plant a fait ressortir 26 génotypes supérieurs aux témoins (**Figures 22 et 23 ; Annexes 18 et 19**). Ces génotypes sont les suivants : ILC607-2, ILC 595, FLIP82-92C, IG 6441, ILC11829, ILC 604, IG134527, ILC606-1, ILC7248, ILC6911, ILC11830, F10-76, IG134526, ILC 2614-3, ICC2210, ILC7249, ILC 2614-1, ILC 2614-2, ILC3279, ILC 11832, ILC6193, Khedim 1, ILC7238, Khedim 2, ILC533, ILC598.

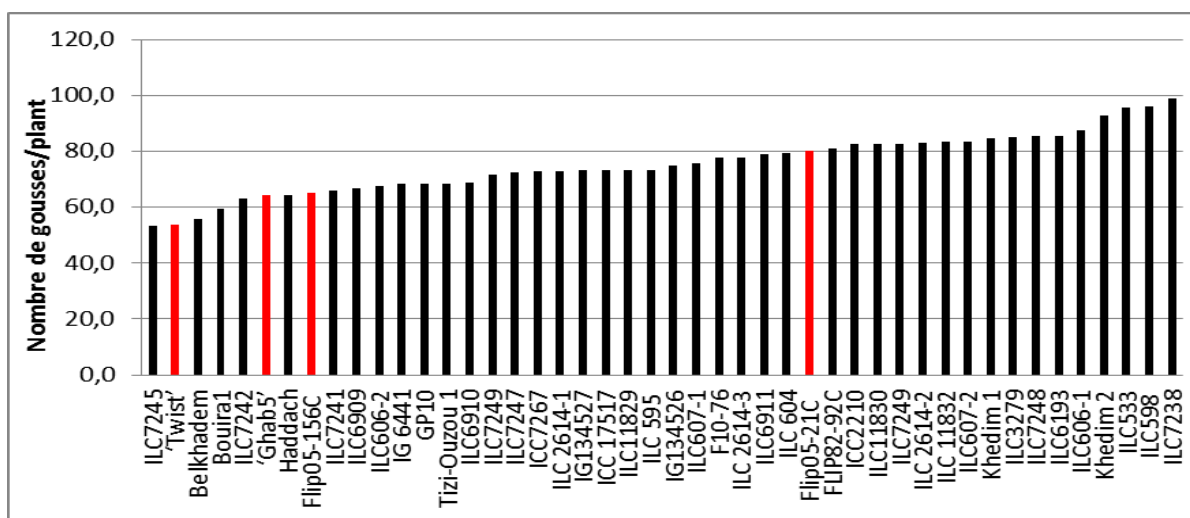


Figure 18: Histogramme représentant le nombre total moyen de gousse par plant des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)

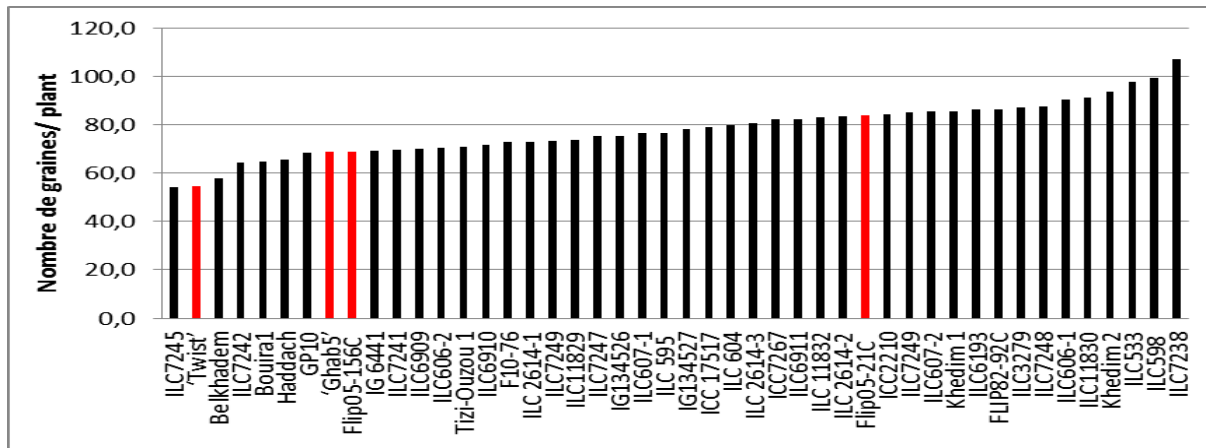


Figure 19: Histogramme représentant le nombre moyen de graines par plants des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)

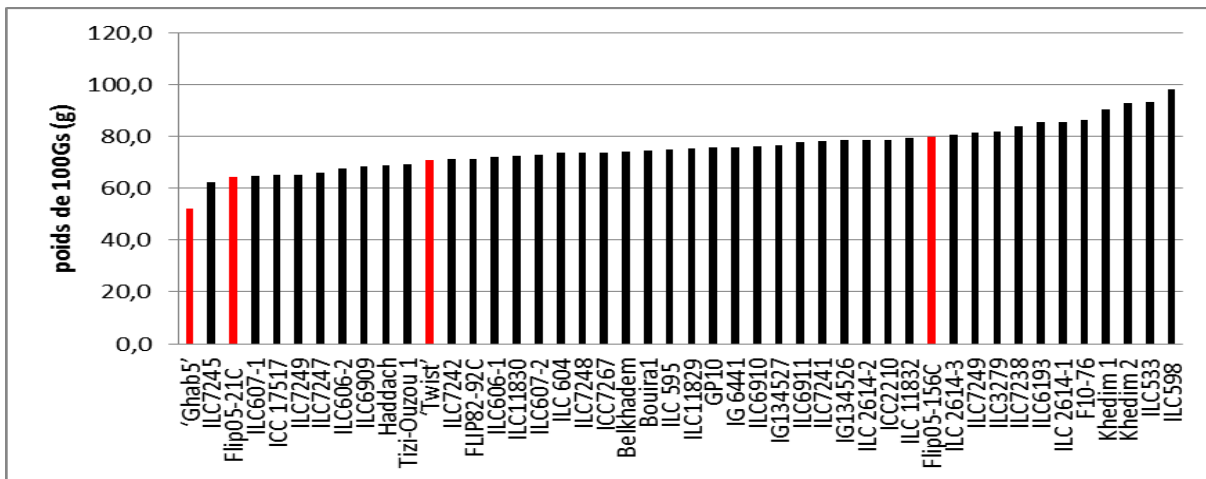


Figure 20: Histogramme représentant le poids moyen de 100 gousses des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)

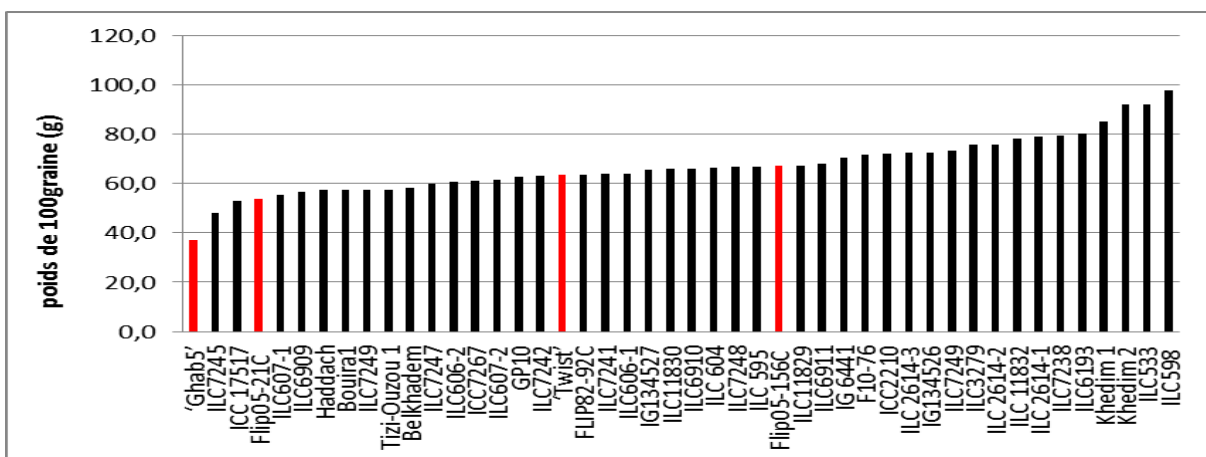


Figure 21: Histogramme représentant le poids moyen de 100 graines des 46 génotypes (variétés témoins en rouge)

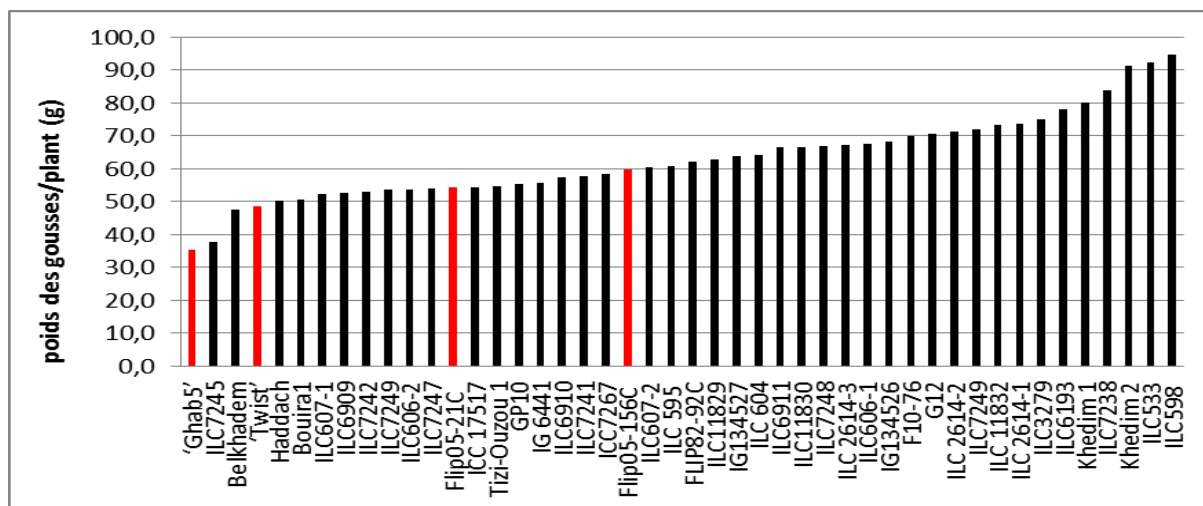


Figure 22: Histogramme représentant le poids total moyen des gousses par plant des 46 géotypes (variétés témoins en rouge)

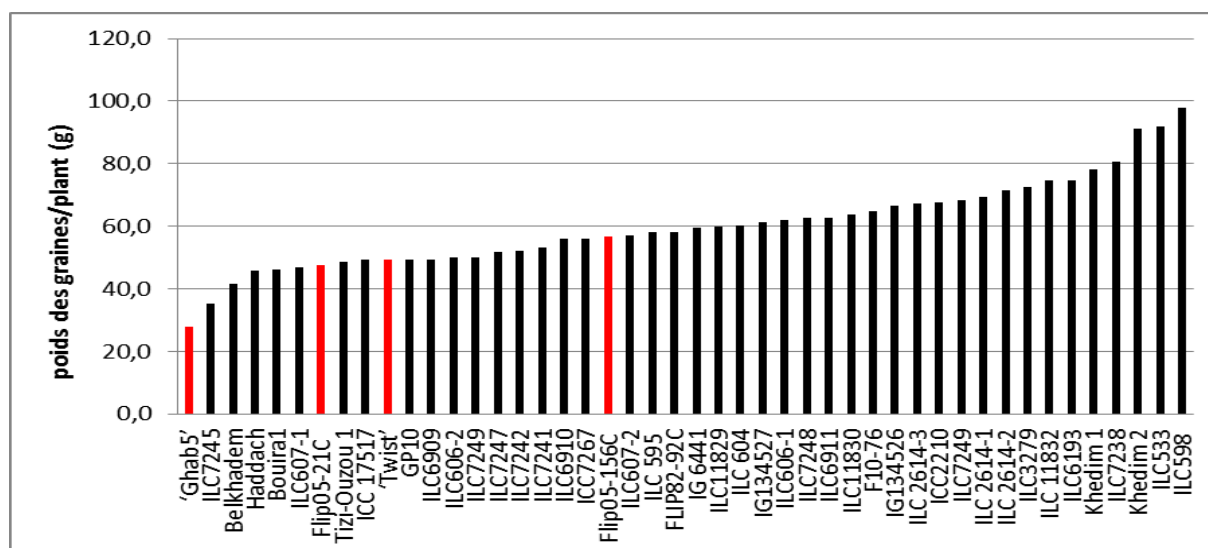


Figure 23: Histogramme représentant le poids total moyen des graines par plant des 46 géotypes (variétés témoins en rouge)

1.1.3. Le meilleur prédicateur linéaire sans biais (BLUPs)

Les BLUPs pour les caractères phénologiques, classe les géotypes par ordre décroissant, ils nous ont donc permis d'identifier les géotypes, les plus tardifs et non pas les plus précoces (Annexes 20, 21, 22 et 23).

Pour les paramètres végétatifs (Annexes 24, 25, 26 et 27), l'analyse des BLUPs a confirmé la supériorité de la variété Flip 05-156C par rapport aux trois autres (FLIP 05-21C, Ghab5 et Twist) à l'exception du nombre de ramification secondaire où la variété 'Ghab5' a présenté une supériorité. Concernant la longueur du plant (PH), le calcul des BLUPs a fait

ressortir 6 géotypes plus longs (ILC3279, ILC7242, ILC6909, Belkhadem, ILC7238, GP10) dont deux seulement ont été révélés par le test de Fisher (LSD).

Par ailleurs, le nombre de géotypes supérieurs pour les paramètres nombre de ramification primaire, hauteur de la 1^{ère} gousse et nombre de ramification secondaire sont respectivement en nombre de 5 (ILC11829, IG134527, ILC7241, Belkhadem, ILC607-1), 3 (ILC6909, ILC3279, ILC7241) et 2 (ILC7238, ILC606-1).

L'analyse des PBUPs des paramètres liés au rendement présentés en annexes 27, 28, 29, 30, 31 et 32, a permis (i) de confirmer la supériorité des quatre géotypes : ILC7238, ILC606-1, ILC607-2 et ILC11830 pour les caractères nombre de gousse par plant et nombre de graines par plant déjà mis en évidence par LSD test, (ii) d'identifier 6 meilleurs géotypes pour les caractères poids de 100 gousses et de 100 graines (F10-76, GP10, Belkhadem, Khedim 1, ILC7241, Bouira1).

Le classement des 20 meilleurs géotypes sur la base de la production en grain est représenté dans le **tableau 10**. Six géotypes locaux (GP10, ILC606-1, F10-76, ILC607-2, ILC6911, ILC7248) sont supérieurs à la variété témoin la plus productive (Flip05-21C). Parmi, ces six géotypes il y a ILC6911 qui est le plus précoce et GP10 qui est le plus long.

1.1.4. Corrélations

Les coefficients de corrélation entre les caractères agro-morphologiques enregistrés sont illustrés dans le **Tableau 11**.

Une corrélation très hautement significative et positive entre tous les caractères phénologiques a été enregistré (FL : la floraison, FPF : la formation de gousse et Mt : la maturité) à l'exception de la germination (GR) qui n'est corrélée positivement et significativement qu'avec la maturité (Mt). De plus, la germination (GR) était corrélée négativement et significativement avec le nombre de branches secondaires (NSB) et le nombre de gousses par plant (NP). Cependant, la floraison (FL), la formation de gousse (FPF) et la maturité (Mt) ont été fortement et positivement corrélées avec la distance de la 1^{ère} gousse du sol (D1P). La maturité a également montré une corrélation positive et hautement significative avec la hauteur de la plante (PH) mais négative et significative avec le port (Gh).

Tableau 10 : Identification des 20 meilleurs génotypes en poids de grains (SY) par la méthode des BLUPs

Genotypes	GR	FL	FPF	Mt	PH	D1P	NPB	NSB	PTGs	100WP	NP	NTGn	SY	100SW
GP10	24.72	94.18	105.3	140.0	49.20	16.92	2.465	16.62	29.82	61.19	52.88	55.56	21.35	41.81
ILC606-1	23.58	94.13	104.3	139.1	43.16	16.72	2.481	18.44	29.80	43.55	66.17	72.05	20.60	27.54
F10-76	25.82	95.96	104.8	139.3	42.65	15.87	2.399	15.67	29.39	65.86	51.14	54.54	20.35	36.60
ILC607-2	22.99	94.80	104.1	140.3	44.95	15.69	2.412	16.23	28.67	48.23	62.33	66.58	20.19	31.10
ILC6911	22.74	91.57	102.2	137.7	44.08	15.54	2.486	17.04	28.43	50.55	58.77	66.11	20.15	30.79
ILC7248	23.36	96.20	107.1	139.8	40.90	16.51	2.418	13.29	27.29	46.62	59.16	63.65	19.70	31.70
Flip05-21C	22.75	96.34	105.2	138.7	48.09	20.50	2.577	17.60	27.81	46.43	62.84	68.76	19.11	30.19
ILC7249	23.51	95.01	102.4	139.2	47.27	16.04	2.443	15.68	27.25	51.69	55.75	62.29	19.06	31.68
'Ghab5'	23.59	96.78	106.3	140.2	47.02	18.34	2.551	18.52	27.01	46.80	58.38	63.76	19.05	30.11
FLIP82-92C	26.19	96.63	105.2	140.3	43.55	16.95	2.322	15.24	26.48	45.54	58.97	67.38	19.01	27.15
ILC6193	25.15	101.10	109.8	140.6	44.71	15.82	2.424	14.32	27.02	53.22	51.01	54.43	18.86	36.20
ILC604	25.23	95.46	105.3	139.5	43.47	15.96	2.464	15.48	26.42	46.60	56.19	58.93	18.59	31.38
ICC7267	23.27	99.01	108.3	140.3	45.06	16.92	2.456	14.15	26.11	54.64	49.86	62.10	18.57	30.20
ILC7238	24.37	99.07	107.5	139.8	48.94	16.06	2.357	17.28	26.69	39.73	65.44	82.88	18.52	22.27
ILC7247	23.58	94.15	102.7	137.9	43.94	15.96	2.475	16.62	26.37	45.83	55.57	60.38	18.41	28.80
ILC2614-2	24.50	98.23	107.2	140.7	42.86	16.65	2.450	13.05	25.33	45.79	53.41	55.94	18.35	31.76
ICC17517	25.35	96.63	107.0	139.2	40.02	15.37	2.424	13.81	25.50	44.79	53.74	63.55	17.90	25.71
ILC607-1	22.99	97.78	107.1	139.5	41.61	16.04	2.585	17.39	25.29	44.49	56.29	58.41	17.65	29.14
ILC2614-3	22.18	95.59	105.5	139.0	41.88	15.08	2.398	14.56	24.50	52.94	50.29	56.57	17.40	29.82
ILC3279	23.98	101.47	111.2	140.4	52.29	25.23	2.461	16.31	25.15	44.71	55.07	61.84	17.38	26.84

Rouge : valeur de BLUPs supérieures a celle du témoin, **Gras** : Témoins

La hauteur de la plante (PH) a présenté une corrélation positive et très hautement significative avec DIP (distance de la 1ère gousse du sol), une corrélation positive et significative avec NSB (nombre de branches secondaires) et NPB (nombre de branche primaires) mais une corrélation négative et très significative avec le port (Gh). La hauteur de la plante a également présenté une corrélation positive, très hautement ou hautement significative avec les composantes de rendement ; elle (HP) a été très hautement et positivement corrélée avec le poids des gousses par plant (WP), poids de 100 gousses (100PW) et la production en graines (SY) ; corrélée hautement, significativement et positivement avec le nombre de gousses par plant (NP), le nombre de graines par plant (NS) et le poids de 100 graines (100SW).

En outre, le nombre de branches secondaires (NSB) a montré également une corrélation positive, très hautement significative, avec toutes les composantes de rendement: poids des gousses par plant (WP), nombre de gousses par plant (NP), production en graines (SY), nombre de graines par plant (NS), à l'exception du poids de 100 gousses (100PW) et du poids de 100 graines (100SW) où aucune corrélation significative n'a été enregistrée. De plus, une corrélation négative et très hautement significative a été enregistrée entre le nombre de ramifications secondaires (NSB) et le port (Gh). Le nombre de branches primaires, par contre, n'a été corrélé qu'avec le nombre de branches secondaires (corrélation positive et significative) et le port où la corrélation est négative.

Le poids des gousses par plant (WP) et la production en graines (SY) étaient corrélés très fortement et positivement avec toutes les autres composantes de rendement. Tandis qu'aucune corrélation significative n'a été obtenue entre le port et les composantes de rendement.

Tableau 11 : Corrélations entre les caractères agro-morphologiques étudiés

	GR	FL	FPF	Mt	PH	D1P	NPB	NSB	WP	100PW	NP	NS	SY	100SW	Gh
GR	1,000	0,160	0,090	0,305*	-0,177	-0,115	-0,075	-0,292 *	-0,288	-0,097	-0,305 *	-0,229	-0,289	-0,130	-0,050
FL		1,000	0,903***	0,567***	0,250	0,427**	0,220	0,059	-0,074	0,004	-0,096	-0,103	-0,073	-0,040	-0,229
FPF			1,000	0,486***	0,127	0,340*	0,154	-0,013	-0,130	-0,075	-0,126	-0,134	-0,120	-0,081	-0,156
Mt				1,000	0,417**	0,378**	0,271	0,058	0,162	0,251	0,035	-0,007	0,183	0,242	-0,318*
PH					1,000	0,743***	0,315*	0,427**	0,596***	0,529***	0,403**	0,382**	0,572***	0,418**	-0,602***
D1P						1,000	0,331*	0,155	0,178	0,398**	-0,021	-0,061	0,168	0,306*	-0,803***
NPB							1,000	0,309*	0,033	0,072	0,008	0,001	0,025	0,042	-0,344*
NSB								1,000	0,478***	-0,099	0,609***	0,612***	0,453***	-0,134	-0,166
WP									1,000	0,511***	0,839***	0,703***	0,990***	0,483***	-0,007
100PW										1,000	0,003	-0,148	0,490***	0,927***	-0,133
NP											1,000	0,945***	0,843***	0,000	0,036
NS												1,000	0,704***	-0,213	0,001
SY													1,000	0,474***	-0,003
100SW														1,000	-0,078
Gh															1,000

*Corrélation significative, ** Corrélation hautement significative, *** Corrélation très hautement significative

GR, FL, FPF, Mt, HP, D1P, NPB, NSB, NP, 100PW, WP, NS, SY, 100SW, Gh : Voir Tableau 6.

1.1.5. Analyse multivariée

Une analyse en composantes principales (ACP) a été réalisée sur l'ensemble des caractères agro-morphologique afin de résumer les informations significatives des données et de mettre en évidence les caractères responsables de la variation globale des données expérimentales.

Les deux premiers axes, ayant les valeurs propres dominantes PC1 et PC2 contribuant, respectivement, à 32.04% et 21.62% de la variation totale, leur inertie cumulative explique 53.67% de la variation totale (**Figure 23**). En se référant au tableau des coordonnées et des contributions de l'ACP (**Tableau 12**) on déduit que toutes les variables sont bien représentées sur ce plan factoriel généré (leurs corrélations avec les axes sont relativement importantes).

Afin de déterminer la source de variabilité représentée par PC1, on oppose les éléments situés à droite contre ceux qui sont situés à gauche. En projetant les variables sur cet axe, et en se référant au **tableau 12**, on peut déduire que les composantes de rendement à savoir : poids des gousses par plant (WP) (0,91), production en grain (SY) (0,90), nombre de gousses par plant (NP) (0,73), nombre de graines par plant (NS) (0,61) ainsi que la hauteur du plant (PH) (0,84) sont corrélé positivement et significativement à l'axe des abscisses (PC1). A cet effet, on peut dire que l'axe 1 traduit une corrélation positive entre la longueur des plants et les paramètres morphologiques liés au rendement.

En ce qui concerne PC2, on oppose les éléments situés en haut contre ceux situés en bas. A partir de cela, on déduit que, PC2 est corrélée positivement avec (i) les caractères phénologiques à savoir : la floraison (FL) (0,75), la formation de gousse (FPF) (0,66) et à la maturité (Mt) (0,59); (ii) et à la hauteur de la 1^{ère} gousse (D1P) (0,67). A l'inverse, l'axe des coordonnées (PC2) a été corrélé négativement et significativement avec le port (Gh) (-0,61). Delà, une corrélation négative entre la phénologie et le port a été déduite. En outre, et en se référant au **tableau 12**, les paramètres : poids de 100 gousses (100PW) (-0,75) et poids de 100 graines (100SW) (-0,78) ont montré une corrélation négative à la 3^{ème} composante principale (PC3) qui contribue par 15.33% de la variation totale.

L'analyse en composantes principale (ACP) des individus (génotypes) projetées sur le même plan factoriel d'ACP des caractères phénotypiques permet de les regrouper. PC1 et PC2 ont été donc utilisés pour obtenir le diagramme de dispersion des 46 génotypes de pois chiche, donnant l'image des différences entre quatre groupes (**Figure 25**).

La juxtaposition du diagramme de dispersion des 46 génotypes et de l'ACP des caractères (**Figure 24 et 25**) a fait ressortir quatre groupes distincts; mais vu le nombre élevé de génotypes étudiés, le positionnement et le repérage de chaque génotypes a l'intérieur de son propre groupe était difficile, d'où l'établissement d'une classification hiérarchique (cluster groupe).

L'analyse de Clustering de la performance phénotypique à la distance euclidienne de 1, a permis une meilleure visualisation des quatre clusters (déjà révélé par l'ACP des individus). Chaque groupe obtenu (Distance euclidienne = 1) a renfermé les génotypes ayant des comportements similaires (**Figure 26**) et dont nous avons : (i) le premier groupe (Cluster1) a regroupé les génotypes avec la plus faible production en grains, (ii) le second cluster a renfermé les génotypes les plus tardifs; les prostrés et avec un poids en grain modéré. Cependant, (iii) le troisième cluster a regroupé les génotypes les plus précoces; les plus érigés et les plus hauts. Néanmoins, (iv) le quatrième groupe, renfermant la majeure partie des génotypes qui se caractérisaient par la production en grain la plus élevée et une longueur de plant moyenne.

Tableau 12: Contribution de chaque caractère agro-morphologique a la variation totale

	PC1	PC1	PC3
Valeurs propres	4.81	3.24	2.30
pourcentage de variation	32.04	21.63	15.33
pourcentage cumulatif de la variation	32.04	53.67	69.00
Caractères agro-morphologiques			
Gr	-0.21	0.27	0.14
FL	0.16	0.75	0.37
FPP	0.06	0.66	0.40
Mt	0.41	0.59	0.13
PH	0.84	0.32	-0.05
D1P	0.51	0.67	-0.10
NPB	0.25	0.34	0.21
NSB	0.52	-0.14	0.53
WP	0.91	-0.34	-0.07
100WP	0.59	0.12	-0.75
NP	0.73	-0.50	0.40
NS	0.61	-0.50	0.55
SY	0.90	-0.34	-0.06
100SW	0.53	0.09	-0.78
Gh	-0.31	-0.61	-0.05

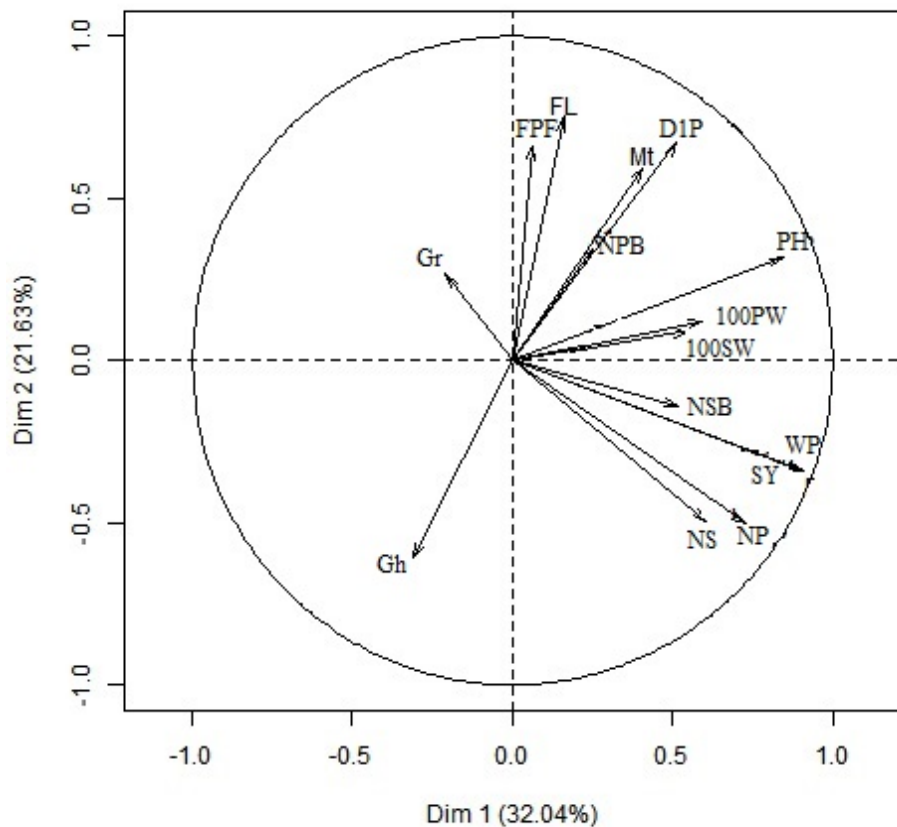


Figure 24 : ACP des quinze (15) caractères agro-morphologiques

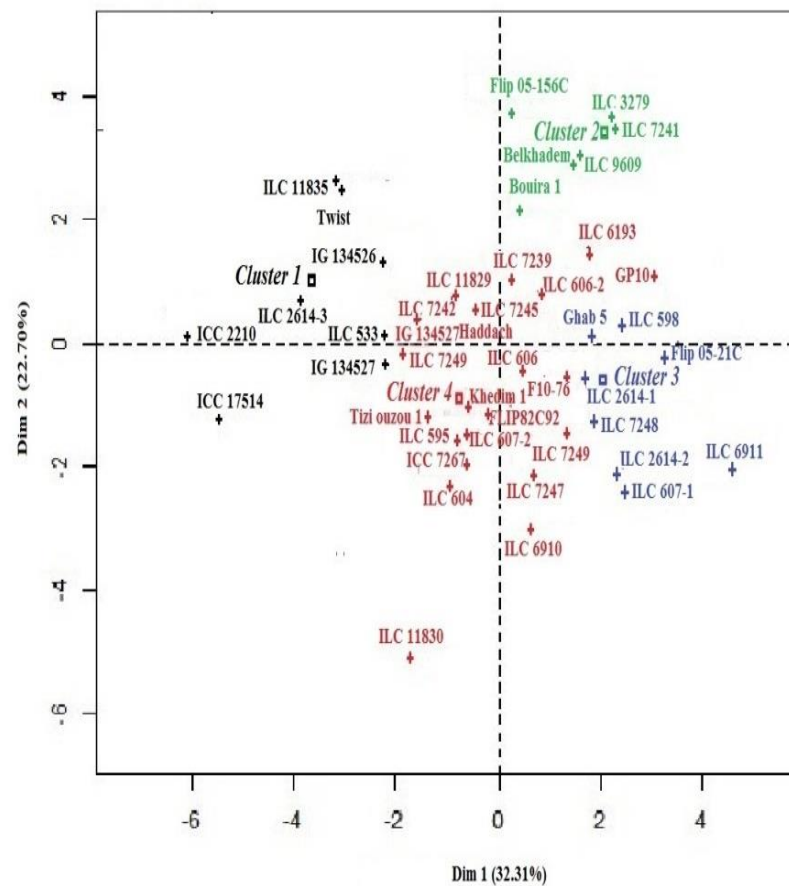


Figure 25 : Diagramme de dispersion des 46 géotypes en se basant sur PC1 et PC2. Les couleurs noir, vert, bleu et rouge représentent respectivement le groupe 1, le groupe 2, le groupe 3 et le groupe 4.

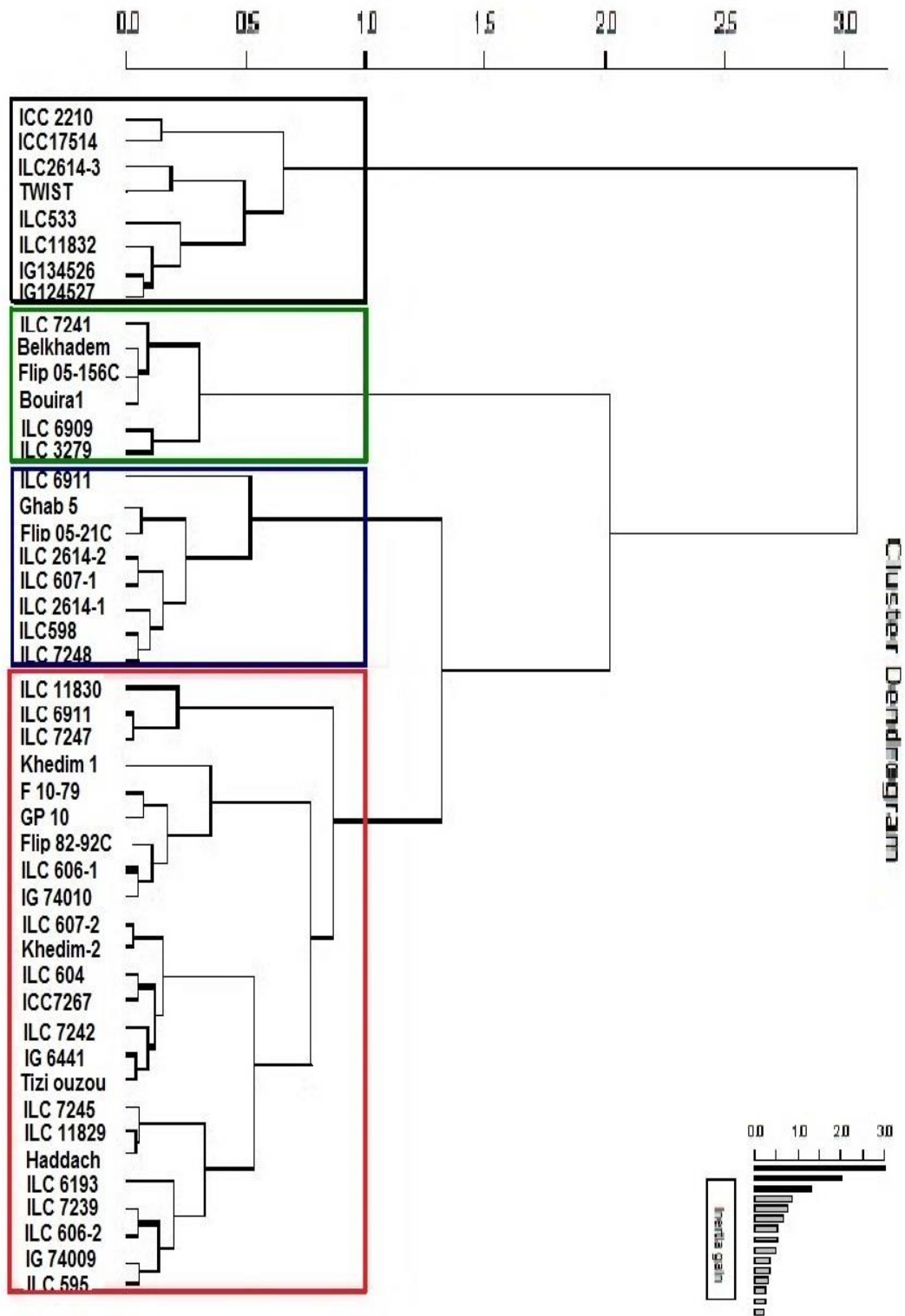


Figure 26: Dendrogramme montrant le groupement hiérarchique des 46 génotypes de pois chiche à la distance euclidienne 1

1.2. Caractérisation moléculaire

1.2.1. Visualisation de l'ADN

L'analyse des profils d'ADN sur le gel agarose à 2% (**Figure 27**) nous a permis de réaliser un tri préliminaire sur la quantité et la qualité des ADN extraites. Une échelle suivant l'intensité des bandes d'ADN a été établie afin d'estimer les concentrations d'ADN par échantillon (1 : Faible concentration d'ADN, 2 : concentration moyenne d'ADN; 3 ADN très concentré). Les échantillons ayant présentés des smires (présence d'ARN) ont été éliminé (notés 0 dans la figure).

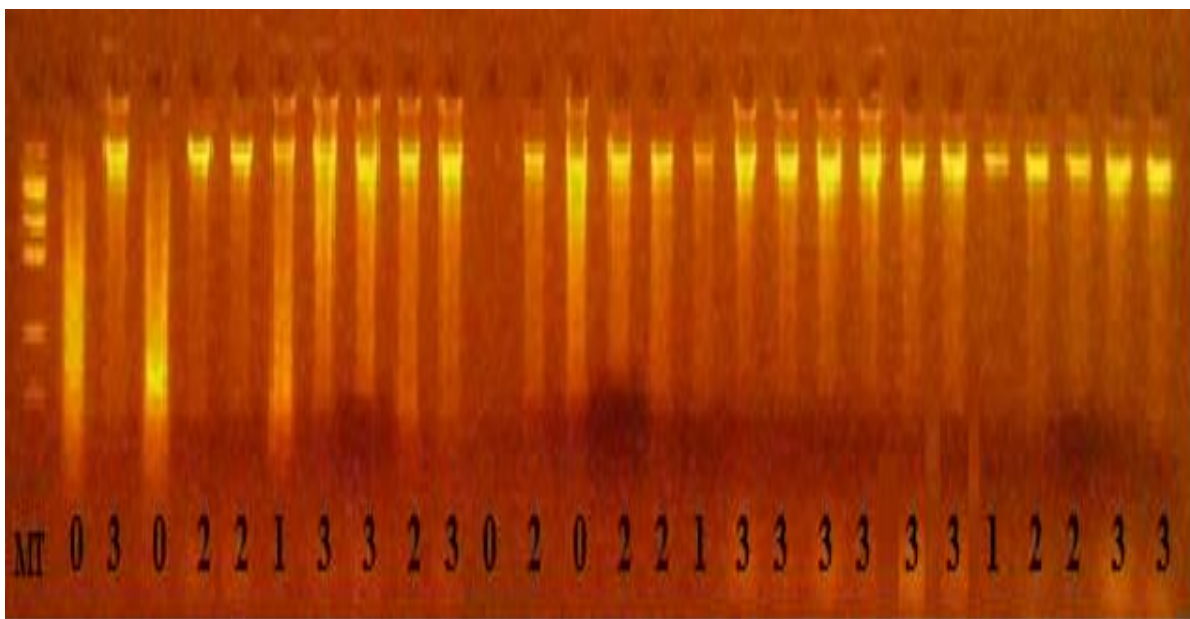


Figure 27 : Visualisation et comparaison qualitative et quantitative d'ADN génomique sur gel agarose à 2% révélé par le BET et observé sous UV (MT : Invitrogen Low DNA Mass Ladder; 0 : échantillon éliminé ; 1, 2 et 3 : les concentrations croissantes d'ADN qui représente respectivement échantillon à faible, moyenne et forte concentration d'ADN)

1.2.2. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) permet d'estimer la répartition de la variance génétique entre et au sein des génotypes. L'AMOVA des 54 génotypes de pois chiche a révélé que la variation est plus importante entre les génotypes (80%) qu'au sein (20%) du même génotype.

1.2.3. Diversité génétique

Les 11 marqueurs moléculaires ont révélé au total 91 allèles (**Tableau 13**) avec un nombre d'allèles par locus allant de 2 (SCY17, CaETR4 et GAA47) jusqu'à 24 (TA127) et une moyenne de 8,27 allèles par locus.

Le nombre moyen d'allèles observés par génotype (N_a) varie de 1,33 à 2,00 avec une moyenne générale de 1,79. Tandis que le nombre moyen d'allèles effectifs (N_e) varie de 0,85 à 1,29 avec une moyenne de 1,03. Tous les loci ont présenté une légère hétérozygotie à l'exception du marqueur TA142 où elle est nulle ($H_o = 0$). H_o variait de 0,02 (TA42) à 0,33 (TA180) avec une moyenne de 0,13.

On considère un allèle comme étant un allèle privé, si ce dernier n'est présent qu'uniquement dans un seul génotype. Vingt-quatre (24) allèles privés ont été détectés dans cette étude. Ils proviennent respectivement des marqueurs TA127, TA180, TA59, TA135 dont chaque marqueur cité a généré, respectivement, 11, 7, 4 et 2 allèles privés.

Le nombre le plus élevé d'allèles privés par génotype est de 3 allèles pour le génotype ILC 9609 ; les génotypes IG 134527 et Cr5-9 ont 2 allèles privés. Tandis que, les génotypes ILC 3279, F10-76, GP10, Khedim 1, ICC 7267, ICC 17517, ILC 2614, Khedim 2, IG 6441, ILC 7238, ILC 7242, ILC 7247, ILC 7248, ILC 11832, 'Nour' et WR315, ont tous un seul allèle privé.

En moyenne sur les 11 loci, PIC (0,87) et I (1,49) ont été considérés comme élevés. La plupart des loci sont très informatifs avec un $PIC > 0,9$. Le marqueur SSR TA127 est le locus le plus informatif avec le PIC le plus élevé (0,99) et le I le plus élevé (2,91). Alors que SCY17 (PIC = 0,7 et I = 0,527), CaETR4 (PIC = 0,57 et I = 0,429) et GAA47 (PIC = 0,63 et I = 0,456), sont les moins informatifs.

Tableau 13 : Résultats de la diversité génétique que révèle chaque marqueur moléculaire

Marqueur	N _o	PR	N _e	I	H _o	H _e	F _{st}	PIC
SCY17	2	0	0,963	0,527	0,037	0,019	0,958	0,70
CaETR4	2	0	1,148	0,429	0,185	0,093	0,705	0,58
GAA47	2	0	1,056	0,456	0,130	0,065	0,831	0,63
TA142	3	0	0,870	0,968	0,000	0,000	1,000	0,89
H2I20	5	0	1,093	1,401	0,130	0,065	0,913	0,93
TA59	13	4	1,167	2,265	0,167	0,083	0,904	0,99
TA135	7	2	1,019	1,492	0,037	0,019	0,975	0,95
TA127	24	11	0,963	2,917	0,167	0,083	0,913	0,99
TA180	22	7	1,296	2,759	0,333	0,167	0,820	0,99
TA42	5	0	0,852	1,605	0,019	0,009	0,989	0,97
TA1	6	0	0,981	1,577	0,315	0,157	0,823	0,96
Total	91	24	1,037	1,491	0,138	0,069	0,894	0,87

N_o : Nombre d'allèle observé, PR : nombre d'allèle privé, N_e : Nombre moyen d'allèles effectifs, I : Index de Shannon, H_o : Hétérozygotie observée, H_e : Hétérozygotie attendue, F_{st} : indice de fixation, PIC : Conteneur d'information polymorphe

1.2.4. Hiérarchisation génétiques

L'analyse en cluster indique la magnitude de la diversité génétique qui est un outil important dans tout programme d'amélioration. L'établissement d'un dendrogramme UPGMA, des 54 génotypes, basé sur la similitude de Jaccard et en utilisant les 11 marqueurs moléculaires, a révélé une similitude génétique entre les génotypes qui varie entre 0,78 à 0,95 (Figure 28).

Au plus bas niveau de similitude, les génotypes ont été divisés en deux groupes principaux (groupe A et groupe B). Le groupe A renferme tous les génotypes à l'exception de deux, Haddach et WR315, qui ont formé un groupe à part (groupe B). Cependant, à un niveau de similitude d'environ 0,80, le groupe A a été subdivisé en deux sous-groupes (sous-groupe A1 et sous-groupe A2). Le premier sous-groupe (A1) n'a regroupé que des génotypes locaux tandis que le deuxième (A2) a rassemblé les 3 génotypes de référence (variétés syriennes) et 3 génotypes algériens. Toutefois, au plus grand niveau de similarité les deux variétés étrangères Twist et X96TH24 s'avèrent être les plus semblables, tandis que tous les autres génotypes testés avaient tendance à être séparés individuellement.

Géographiquement, les différents groupes obtenus contenaient des génotypes d'origine différente d'où aucune corrélation significative entre le pool génétique et la distance géographique n'a été enregistrée. Le test de Mantel avec $r = 0,112$ et $P = 0,01$ a confirmé cette hypothèse.

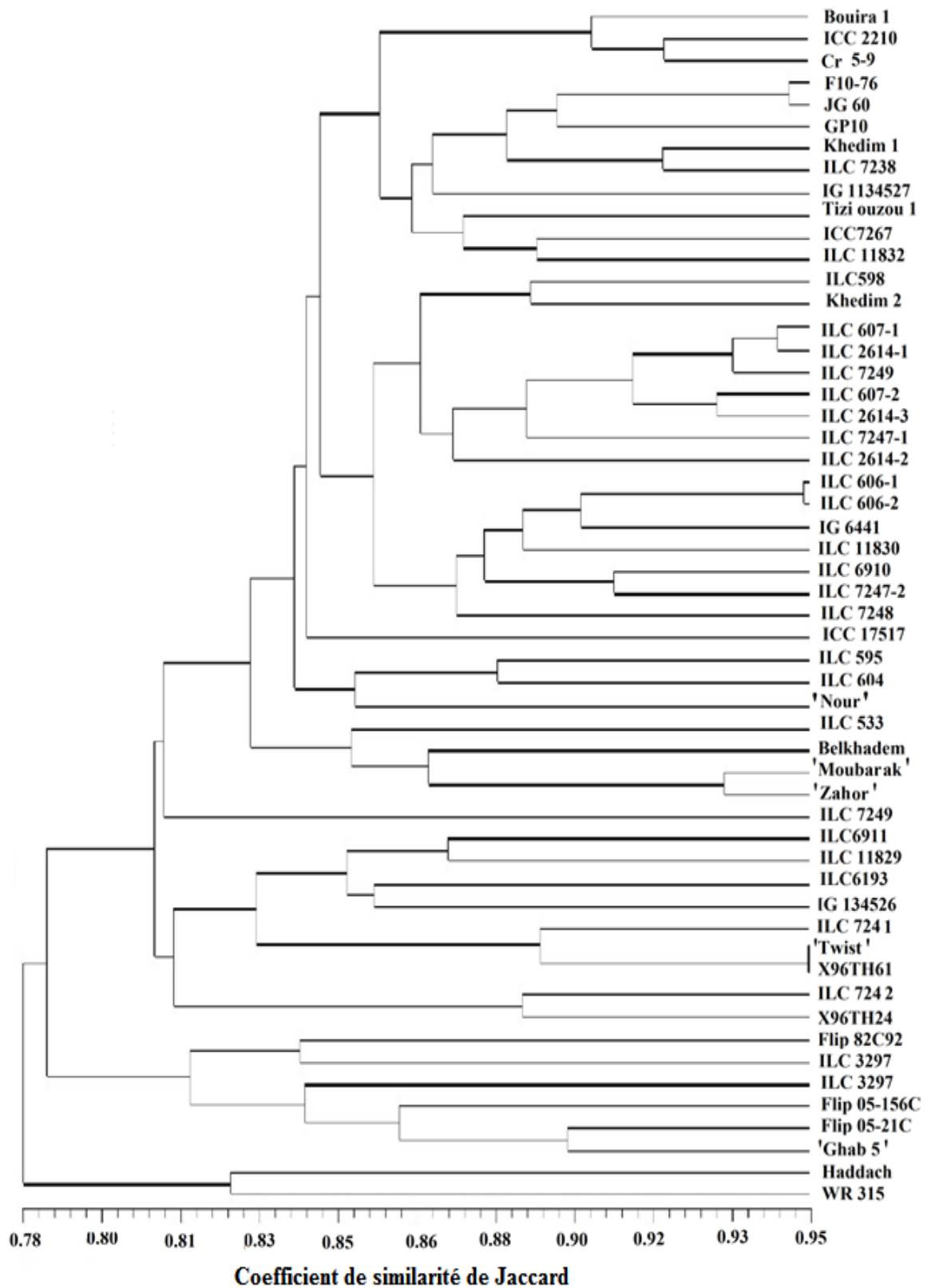


Figure 28 : Dendrogramme UPGMA, montrant le groupement hiérarchique des 54 géotypes de pois chiche, obtenu à partir de l'indice de similarité Jaccard

1.2.5. Structure génétique

La détermination du nombre de clusters présent sur l'ensemble des génotypes étudiés ainsi que les probabilités d'assignation des génotypes à chacun des clusters ont été testées pour les quatre modèles (modèles de mixité ou de non-mixité et fréquences alléliques corrélées ou indépendantes); selon les recommandations de **Pritchard *et al.* (2000)**, le modèle combinant la mixité et les fréquences alléliques indépendantes a été sélectionné comme étant celui donnant les meilleurs résultats (**Annexe 33**). Parmi les quatre modèles testés, ce modèle (non-mixité et les fréquences alléliques indépendantes) a révélé la valeur la plus élevée du log vraisemblance ($\Delta K = 273,19$) à la simulation $K=2$ (**Figure 29**). Le nombre de cluster $K=2$ semble donc capturer la structure génétique optimale (**Figure 30**).

Tous les génotypes ont été attribués sans ambiguïté à un groupe spécifique en fonction de la valeur des coefficients d'appartenance ($\geq 0,75$) à l'exception des génotypes ILC 6909, GP10, Khedim 1 et ILC 6193. Le graphique STRUCTURE pour $K = 2$ est présenté à la **Figure 30**. Le premier groupe (coloré en orange) comprend 22 génotypes d'origines différentes. Le reste des génotypes appartient au deuxième cluster (coloré en bleu), ce sont des génotypes locaux auxquels s'ajoutent les deux génotypes Cr 5-9 et JG 62 appartenant respectivement à *Cicer reticulatum* et *Cicer arietinum* type Desi.

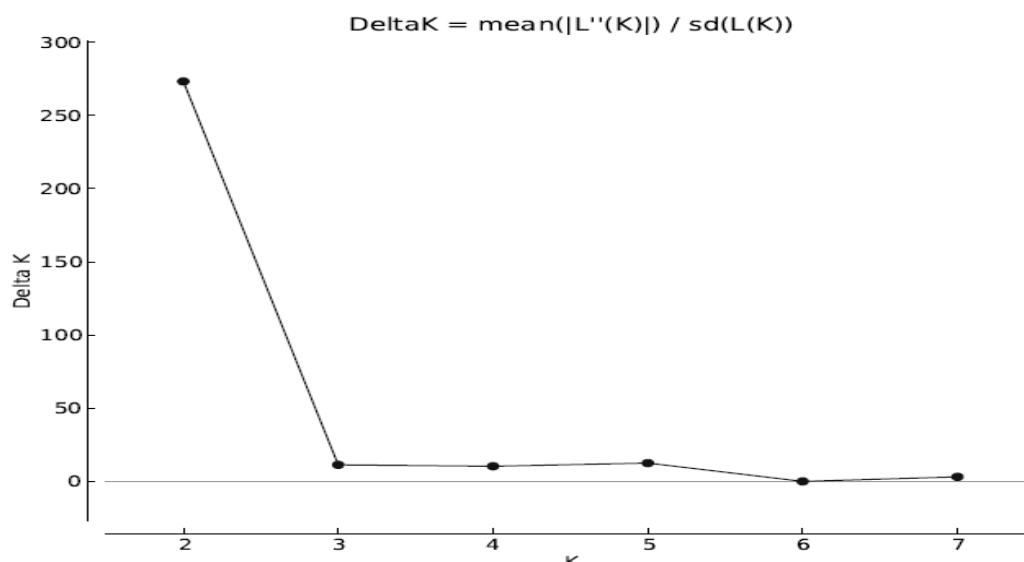


Figure 29 : Estimation du nombre de clusters (K) en se basant sur le calcul de delta K value (DK), suivant la méthode d'Evanno *et al.* (2005).

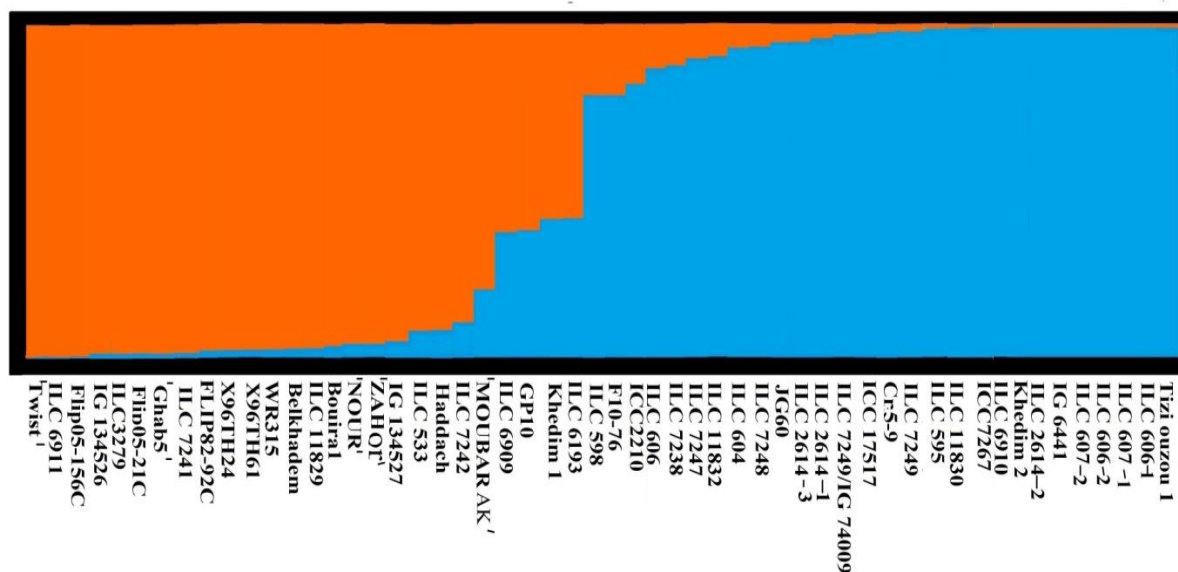


Figure 30 : Structure génétique des 54 géotypes de pois chiches basée sur les données des 11 marqueurs moléculaires et déterminée par le logiciel STRUCTURE avec K = 2. Cluster1 et 2 sont colorés respectivement par le bleu et l'orange

1.2.6. Identification moléculaire de la résistance à l'*Ascochyta blight*

La présence des deux allèles de résistance de SCY17 et CaETR4 (**Figure 31**) permet l'identification des géotypes résistants à l'*Ascochyta blight* (anthracnose). Beaucoup de travaux (**Madrid et al., 2013 ; Bouhadida et al., 2013 ; Gil et al., 2017**) ont confirmé cette corrélation entre la présence de ces allèles et la résistance à l'anthracnose.

En effet, dans notre étude le géotype ILC 3279, préalablement connu pour sa résistance à l'*Ascochyta blight*, avait un profil génétique montrant la présence des allèles de résistance. Par contre, ces allèles sont absents chez les géotypes WR315 et Cr 5-9, connus plus pour leur sensibilités à la maladie en question.

En comparant les profils des 46 géotypes étudiés à ceux des géotypes sensibles et résistants à l'anthracnose et en s'assurant que les allèles dits de résistance présentent les mêmes poids moléculaires que ceux indiqués dans la littérature, 6 géotypes ont été considérés comme des résistants putatifs (**Tableau 14**). Il s'agissait de : FLIP 82C92, ILC 6909, ILC 7241 ainsi que les trois variétés de contrôles : Flip 05-156C, Flip 05-21C et Ghab 5.

Pour les autres marqueurs liés à la résistance à la fusariose (*Fusarium wilt*) (Foc) et à la précocité, il a été difficile de déduire des géotypes putative de résistance/sensibilité ou des géotypes putatives précoces/tardifs en raison de la forte variabilité des microsatellites liés à

ces caractères et du manque de marqueurs discriminants qui pouvaient nous permettre d'établir une conclusion définitive.

Tableau 14 : Presence des alleles de resistance et de sensibilité des marqueurs SCY17 et CaETR4 chez les géotypes témoins et les géotypes putatives résistants à *Ascochyta blight*

Géotypes	Résistance / sensibilité à l'AB	SCY17	CaETR4
<i>Témoins</i>			
ILC3279	Résistant	R	R
WR315	Sensible	S	S
Cr5-9	Sensible	S	S
<i>Géotypes putatives résistants</i>			
FLIP 82C92	Inconnue	R	R
IG 71301/ILC 6909	Inconnue	R	R
IG 74001/ILC 7241	Inconnue	R	R
Flip05-156C (control)	Inconnue	R	R
Flip05-21C (control)	Inconnue	R	R
Ghab5/ FLIP 88-85C (control)	Inconnue	R	R

R et S indiquent, respectivement, la présence de l'allèle de de résistance ou de sensibilité

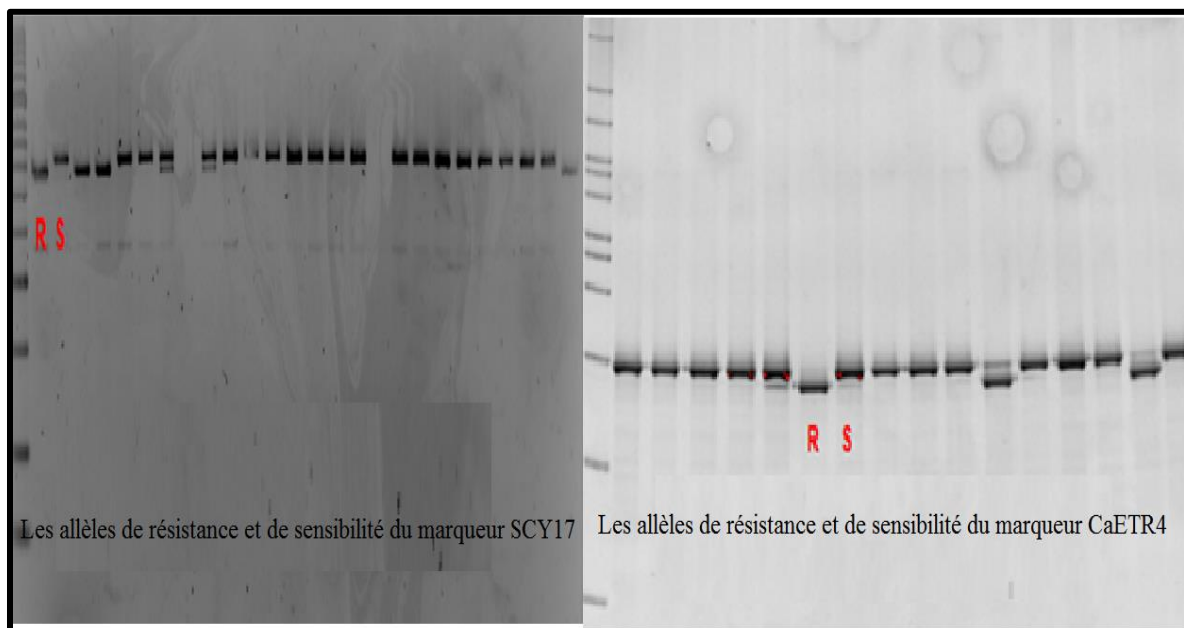


Figure 31 : Les allèles de résistance et de sensibilité à l'antracnose des marqueurs SCY17 et CaETR 4 (R : allèle de résistance, S : allèle de sensibilité)

2. Discussion

2.1. Diversité phénotypique

La caractérisation agro-morphologique est primordiale pour l'identification des génotypes avec des caractères souhaitables afin qu'ils soient utilisés comme cultivars directement ou comme géniteur en sélection/amélioration (**Archak et al., 2016**).

La phénologie végétale est un aspect important de l'adaptation des cultures aux conditions environnementales. Cela consiste en l'acclimatation, d'une manière optimale, du cycle de culture au modèle météorologique saisonnier.

La période de floraison, influencée par la photopériode, la température et les précipitations, est une cible majeure pour l'améliorer de l'adaptation des cultures (**Gaur et al., 2007 ; Das et al., 2015 ; Samineni et al., 2016**). **Archak et al. (2016)** ont indiqué que la durée pour la floraison est de 29 jours pour les germoplasmes précoces et de 145 jours pour les tardifs ; **Upadhyaya (2003)** a trouvé que la floraison des génotypes de l'Asie de l'Est varie entre 33 et 107 jours. On se référant à ces recherche, les génotypes algériens peuvent être considérés comme des génotypes à floraison modérée avec des durées qui varient entre 90 et 102 jours. Nos résultats sont similaires à ceux de **Abdelguerfi-Laouar et al. (2001)** qui ont noté une tardivité et une précocité dans la floraison chez six variétés algériennes de pois chiches et deux variétés introduites ; ils correspondent également aux résultats de **Khamassi et al. (2014)** qui ont travaillé sur le pois chiche tunisien.

La floraison et la maturité sont parmi les caractéristiques critiques qui déterminent l'adaptation des cultivars du pois chiche aux conditions environnementales (**Anbessa et al., 2006 ; Upadhyaya et al., 2015 ; Sharma et Ghosh, 2016**). L'effet des conditions environnementales sur la croissance et le rendement du pois chiche peut être considéré comme faible si l'héritabilité, qui est un indicateur de l'ampleur de l'héritage des caractères, est moyenne à élevée. Les résultats, de cette étude, affirment l'héritabilité de ces caractères et confirment que ce sont de bons caractères pour la sélection. En effet, dans des recherches récentes sur des accessions de pois chiches, cultivées sur plusieurs années, dans plusieurs sites et dans des conditions contrôlées et au champ, des valeurs modérées à élevées (0,45 et 0,87) de l'héritabilité au sens large (H^2) ont été obtenues pour le caractère floraison et de maturité (**Upadhyaya et al., 2015 ; Daba et al., 2016 ; Samineni et al., 2016**). Par ailleurs, **Rehman et al., (2011)** ont rapporté un résultat d'héritabilité similaire à l'ensemble des génotypes pour

la floraison en période de sécheresse ($H^2 = 0,71$) ; cependant, pour **Anbessa et al., (2006)** ($H^2 = 0,65-0,97$), **Das et al., (2015)** ($H^2 = 0,81$), **Upadhyaya et al., (2015)** ($H^2 = 0,80-0,83$), et **Samineni et al., (2016)** ($H^2 = 0,94-0,97$), leur héritabilité, pour le même caractère, est élevée. Une faible héritabilité, au sens large, de 0,38 à 0,54 par **Lichtenzveig et al., (2006)** et de 0,36 a été rapportée par **Cobos et al., (2007)**. Par contre, **Varshney et al., (2014)** présentent une héritabilité de faible a élevée ($H^2 = 0,21-0,96$).

En ce qui concerne le poids de 100 graines, **Tesfamichael et al. (2015)** ont classé, dans leur étude, les types Kabuli comme : (i) à production faible lorsque le poids de 100 graines <25g ; (ii) à production modérée s'il était compris entre 25g et 35g ; et (iii) à production élevée quand il est supérieur à 35 g. En se référant à ces normes, les génotypes étudiés se caractérisent par un rendement modéré a élevé.

Sur la base de la production moyenne par génotypes analysée par LSD test, 26 génotypes locaux, ont enregistré une production moyenne en grain nettement plus supérieurs que les variétés de références, dont la supériorité de six a été confirmée par l'analyse des BLUPs (GP10, ILC606-1, F10-76ILC607-2, ILC6911, ILC7248). De plus, l'analyse des BLUPs a identifié parmi ces six génotypes les plus productifs, le génotype ILC6911 comme étant le plus précoce et le génotype GP10 comme étant le plus long. Les BLUPs sont communément utilisés chez plusieurs espèces telles que la canne à sucre et l'arachide pour augmenter l'efficacité de la sélection, ces derniers sont plus efficaces qu'une simple sélection phénotypique (**Tabti, 2018**). Malgré cela, très peu de travaux ont utilisé les BLUPs pour les programmes d'amélioration des légumineuses alimentaires (**Tabti et al., 2018**).

L'analyse en composantes principales (ACP) est un outil extrêmement puissant de synthèse de l'information (**Salimi et al., 2012**). Les résultats de la présente étude sont très proches à ceux de **Ghafoor et al. (2003)**, **Upadhyaya et al. (2007)**, **Hamayoon et al. (2011)**, **Zaccardelli et al. (2013)** et **Malik et al. (2014)**. En effet, les génotypes à production en grain élevé et hauts se distinguent de ceux qui sont tardifs et à port dressé.

2.2. Corrélations entre les caractères agro-morphologiques

Qureshi et al. (2004) ont recommandé que les caractères ayant une corrélation positive et significative avec le rendement puissent être utilisés dans les programmes d'hybridation du pois chiche pour le développement de variétés combinant tous ces caractères bénéfiques et le haut rendement en graines.

Les résultats ont indiqué que les composantes du rendement sont positivement et significativement corrélées avec la hauteur du plant et le nombre de branches secondaires par plant, mais négativement avec le port. Les corrélations entre les paramètres agromorphologiques diffèrent d'un auteur à l'autre. À l'instar de nos résultats, **Tesfamichael et al. (2015)** et **Padmavathi et al. (2013)** ont rapporté que le rendement en graines était positivement et significativement corrélé avec le nombre de branches secondaires par plant. Cependant, nos résultats ne concordent pas avec ceux de **Ali et al. (2011)**, **Tesfamichael et al. (2015)** et **Yucel et Anlarsal (2010)**, qui ont signalé une corrélation négative et non significative du rendement en grains avec la hauteur du plant. **Tesfamichael et al. (2015)** ont observé une corrélation positive et très significative entre les caractères phénologique et la hauteur du plant, comme indiqué dans nos résultats. Contrairement, ils n'ont trouvé aucune corrélation entre la date de maturité et le nombre de branches primaires et secondaires par plant.

Généralement la précocité est associée au faible rendement; cette précocité permet aux plantes d'utiliser l'humidité du sol disponible et d'échapper aux stress abiotiques qui surviennent tardivement au cycle de croissance dans des conditions de faible pluviométrie (**Tesfamichael et al., 2015**). Dans notre expérience, le mois d'avril a connu de très faible précipitation. La floraison n'est pas corrélée aux rendements ce qui nous laisse penser que la précocité de floraison ne s'est pas exprimée comme régulateur de production.

La floraison précoce est normalement associée à une maturité précoce, préférée pour échapper à la sécheresse terminale, aux températures élevées à la fin de la saison (**Gaur et al., 2007**). En accord avec nos résultats, **Anbessa et al. (2007)**, **Varshney et al. (2014)** et **Das et al. (2015)**, ont noté une corrélation positive et significative de la date de floraison et la maturité chez le pois chiche. La précocité a été toujours recommandée et recherchée, en particulier dans les régions semi-arides (**Kumar et Abbo, 2001 ; Subbarao et al., 1995**) et dans les régions méditerranéennes (**Rubio et al., 2004**). Dans ces environnements, la floraison précoce permet le développement de la culture avant que l'évapotranspiration et le stress thermique deviennent critiques (**Kumar et Abbo, 2001**).

2.3. Diversité génétique

Afin d'évaluer de la diversité génétique qui existe dans les génotypes de pois chiches algériens, onze marqueurs moléculaires ont été utilisés. En effet, l'AMOVA a montré que la

variation est nettement plus accentuée entre les génotypes. Contrairement à nos résultats, de nombreuses études, telles que celles de : **Keneni et al. (2011)**, **Torutaeva et al. (2014)** et **Aggarwal et al. (2018)**, qui ont indiqué que la variation au sein des génotypes est plus élevée qu'entre les génotypes mêmes. Néanmoins, cette variation dépend de la nature du matériel génétique étudié. Ces résultats peuvent indiquer que la pureté des semences n'a pas été maintenue par les agriculteurs d'où l'hétérogénéité des graines (**Torutaeva et al., 2014**).

Par contre, les estimateurs de la diversité génétique révélés dans cette étude corroborent en partie avec des études précédentes. Sur une grande collection de matériel génétique (2 915 génotypes) et avec 48 marqueurs SSR, **Upadhyaya et al. (2008)** ont rapporté un total de 1683 allèles avec une moyenne de 35 allèles par locus et un PIC de 0,85. De plus, **Imtiaz et al. (2008)** ont trouvé sur un total de 48 accessions, correspondant à des variétés locales, des espèces sauvages, des cultivars et des lignées de sélection, et en utilisant 21 marqueurs SSR, 370 allèles a raison de 8 à 40 allèles par locus avec une moyenne de 17,6 et un PIC de 0,82. Bien que nous ayons trouvé presque les mêmes valeurs de PIC, le nombre d'allèles obtenu est faible en comparaison aux travaux cités ci-dessus. L'utilisation d'un nombre élevé d'amorces SSR est sûrement celui qui a favorisé l'obtention de nombre élevé d'allèles. En utilisant presque le même nombre de marqueurs SSR (12), nos résultats sont identiques à ceux de **Udupa et al. (1999)**, analysant 78 génotypes de pois chiche. Ils ont indiqué une valeur PIC de 0,86 et un nombre moyen d'allèles par locus de 14,1. Cependant, **Keneni et al. (2011)** ont mentionné 111 allèles obtenus sur 155 génotypes de pois chiche en utilisant 33 marqueurs SSR. Les résultats de cette étude sont très surprenants vu que les génotypes étudiés proviennent de l'Ethiopie, qui est l'un des centres de la diversité des pois chiches, puisque le nombre moyen d'allèles par locus n'était que de 3,36 et la valeur PIC moyenne était de 0,412.

D'autre part, une faible proportion d'allèles hétérozygotes a été enregistrée. Le faible taux d'hétérozygotie dans les cultures autogames comme le pois chiche est dû au très faible taux de croisement (**Gowda, 1981**) ; mais l'hétérozygotie des allèles peut avoir les mutations comme origine (**Upadhyaya et al., 2008**). Dans l'étude de **Upadhyaya et al. (2008)**, les espèces sauvages de *Cicer* sp. présentent de haut niveau d'hétérozygotie (10,74%), contrairement à l'espèce cultivée (0,49% à 1,14%).

En conclusion, les estimateurs de la diversité génétique varient d'une étude à une autre, ces variations peuvent être expliquées par des différences dans :

- Le matériel végétal utilisé (par exemple, type et nombre de germoplasmes analysés) (**He et al., 2011 ; Torutaeva et al., 2014**) ;
- Le nombre et le types des marqueurs moléculaires utilisés (**Sharma et al., 2010**) ;
- La stratégie d'échantillonnage (**Kong et al., 2010**).

2.4. Structure génétique

Sur la base de marqueurs agro-morphologiques et moléculaires, aucune corrélation n'existe entre le comportement morphologique, le profil génétique et les origines géographiques ; les géotypes appartenant à divers origines ont été regroupé dans un même cluster. En accord avec ces résultats **Ghaffari et al., (2014)** et **Jannatabadi et al., (2013)** ont suggéré que la variation morphologique est déterminée non seulement par les différences environnementales mais aussi par des facteurs génétiques. De même, **Choudhary et al., (2012)** ont rapporté aussi que le modèle de clustering ne suit pas strictement le regroupement des géotypes selon leurs origines géographiques, ils ont expliqué cette incohérence par les échanges de matériel génétique entre les exploitations de différentes régions géographiques. Par ailleurs, **Métais et al., (2000)** ont rapporté que la relation observée à l'aide des marqueurs moléculaires peut fournir des informations sur l'histoire et la biologie des géotypes, mais elle ne reflète pas nécessairement ce qui est observé comme caractères agronomiques. Par conséquent, les marqueurs ADN et les données phénotypiques ne donneront pas nécessairement des résultats étroitement liés (**Vollmann et al., 2005 ; Eivazi et al., 2008**), cette différence résulte de la différente expression génétique des régions génomiques contrôlant les divers caractères (**Jannatabadi et al., 2013**). **Semagn (2002)** a suggéré deux raisons pour la faible corrélation entre les marqueurs ADN et les données morphologiques. L'une des raisons est que les marqueurs ADN couvrent une grande proportion du génome, y compris les régions non codantes, tandis que la seconde est que les marqueurs ADN sont moins soumis à une sélection artificielle par rapport aux marqueurs morphologiques.

Par opposition, en utilisant 33 marqueurs SSR, l'analyse de la structure d'une population Ethiopienne de pois chiche constituée de 155 accessions a révélé 5 clusters qui ont une relation avec les origines géographiques (**Keneni et al., 2011**). **Hajibarat et al., (2014)** ont étudié la structure d'une population composée de 48 géotypes de pois chiche à l'aide de 38 marqueurs SSR. Cette étude a montré la présence de deux populations distinctes, l'une composée de landraces (anciennes variétés locales) et l'autre de variétés cultivées (Locale ou introduite). Cela pourrait être attribué à l'introduction de matériaux exotiques qui auraient pu

élargir la base génétique du pois chiche. Les travaux menés par **Samyuktha et al. (2018)** sur 51 génotypes ont révélé la présence de deux groupes. Le premier groupe était composé de génotypes de différentes régions géographiques alors que le deuxième groupe était composé de génotypes de l'Inde uniquement. Comparant ces études à la nôtre, le nombre de clusters (2) est semblable au nombre de cluster qu'a révélé notre étude de structure des génotypes algériens. Cependant, aucune relation entre le profil génétique et l'origine géographiques n'a été relevée.

Plus récemment, des études ont souligné que le pois chiche cultivé a une base génétique très étroite et donc avoir deux groupes génétiques seulement sur le pois chiche n'est pas étonnant. **Varshney et al. (2014)** ont indiqué qu'au cours des croisements, les caractères phénotypiquement et agronomiquement importants sont sélectionnés pour développer des variétés supérieures avec un meilleur rendement et une meilleure productivité ; en conséquence, la diversité génétique a été perdue par la fixation de ces caractères et par la dépendance accrue des sélectionneurs à un petit ensemble de génotypes supérieurs, créant des goulots d'étranglement successifs. Pour cela, l'hybridation interspécifique, l'induction des mutations et le génie génétique sont les techniques recommandées pour augmenter la diversité du pois chiches cultivé afin de pouvoir relever les défis dans le futur.

2.5. Dépistage de la résistance à l'*Ascochyta blight*

Il est bien connu que la sélection assistée par marqueurs aide les sélectionneurs à augmenter l'efficacité et la précision de la sélection, et à intensifier la recombinaisons des gènes favorables et donc accroître le gain génétique (**Gil et al., 2017**). **Madrid et al., (2013)**, **Bouhadida et al., (2013)** et **Gil et al., (2017)** ont correctement prédit les génotypes résistants et sensibles à l'*Ascochyta blight* en utilisant les deux marqueurs CaETR4 et SCY17. La présence des deux allèles de résistance de SCY17 et CaETR4 chez 3 génotypes locaux (FLIP 82C92, IG 71301 / ILC 6909 et IG 74001 / ILC 7241) et 3 variétés témoins (Flip 05-156, Flip 05-21C et Ghab 5), indique leur résistance putative à l'antracnose. Ces génotypes doivent subir des essais de phénotypage sous des conditions contrôlées d'inoculation de l'agent causal *Didymella rabiei* (Kovatsch.) Arx. (anamorphe : *Ascochyta rabiei* (Pass.) Labr) et c'est seulement les résultats négatifs qui permettent la confirmation définitive de la résistance.

Conclusion et perspectives

En Algérie, la culture de pois chiche l'une des plus importantes légumineuses alimentaires largement consommées par la population souffre de plusieurs contraintes. En plus de la base génétique étroite du pois chiche, la disparition des variétés locales ou paysannes, ont accentué l'érosion génétique et par conséquent diminué la possibilité de pallier les risques des stress par des approches génétiques intra-espèce. Cette situation, nous oblige à entreprendre la constitution de collections, la caractérisation et la conservation de germplasm encore existant pour sauvegarder le patrimoine génétique et préserver la diversité de cette espèce. Ce travail de recherche s'inscrit dans le cadre de la caractérisation d'une collection de pois chiche afin d'établir des données et un matériel génétique de base utiles pour les programmes d'amélioration et/ou de création variétale en Algérie.

Dans la présente étude, une caractérisation agromorphologique et moléculaire a été réalisée sur une collection de pois chiche constituée principalement par des génotypes algériens. La première approche adoptée consistait en une évaluation phénotypique dont quinze caractères agro-morphologiques ont été notés. Les résultats relatifs à cette caractérisation ont révélé l'existence d'une diversité considérable entre les génotypes. Les statistiques descriptives et l'analyse de variance ont indiqué des variations très hautement significatives pour tous les caractères étudiés.

En effet, la comparaison des moyennes par le biais de LSD-test a fait ressortir plusieurs génotypes supérieurs aux quatre variétés de référence. Pour la production en grains vingt-six (26) génotypes avaient présenté une production moyenne en grain supérieure aux témoins. Ces génotypes sont les suivants : ILC607-2, ILC 595, FLIP82-92C, IG 6441, ILC11829, ILC 604, IG134527, ILC606-1, ILC7248, ILC6911, ILC11830, F10-76, IG134526, ILC 2614-3, ICC2210, ILC7249, ILC 2614-1, ILC 2614-2, ILC3279, ILC 11832, ILC6193, Khedim 1, ILC7238, Khedim 2, ILC533, ILC598. Pour la longueur du plant et la hauteur de la 1^{ère} gousse plus, 10 génotypes ont été identifiés (ILC533, ILC7238, ILC7249, ILC598, ILC6193, ILC3279, Khedim 1, IG134526, ILC 2614-1, ILC6911).

L'analyse des BLUPs a confirmé la supériorité de six génotypes algériens (GP10, ILC606-1, F10-76, ILC607-2, ILC6911, ILC7248) pour la production en grain qui présentent des caractéristiques phénologiques et morphologiques intéressantes. Aussi, six génotypes

(ILC3279, ILC7242, ILC6909, Belkhadem, ILC7238, GP10) ont montré une supériorité pour la longueur du plant. Ce caractère est très important pour la mécanisation des récoltes.

L'analyse des corrélations et l'analyse en composante principale (ACP) ont mis en évidence des corrélations positives entre les composantes de rendement, la hauteur du plant et le nombre de ramification secondaire. Des corrélations négatives ont été aussi notés entre le port et (i) la maturité (ii) la longueur du plant, (iii) la distance de la 1^{ère} gousse du sol. En outre, l'ACP associé à l'analyse hiérarchique basée, sur la distance euclidienne, a permis de classer les accessions en quatre clusters dont le premier renferme les génotypes à faible production en grain ; le deuxième regroupe les génotypes tardifs et prostrés, le troisième rassemble les génotypes précoces, long et érigés et le quatrième agglomère les génotypes à production élevée.

L'analyse moléculaire représente dans ce travail de recherche, la deuxième approche adoptée pour la caractérisation du pois chiche local. Elle a été réalisée sur les ADN génomiques extraits à partir des quarante-six génotypes préalablement caractérisés phénotypiquement, auxquels huit autres ADN-génomiques ont été additionnés comme référence à la résistance à l'antracnose et à la fusariose vasculaire. Au total, cinquante-quatre génotypes ont fait l'objet de la caractérisation génotypique. Cette caractérisation a été fondée sur l'utilisation de onze marqueurs moléculaires de type SSR. Dans l'ensemble, ces marqueurs moléculaire utilisé ont été très informatifs (PIC moyen > 0.8) et ont généré un total de quatre-vingt-onze (91) allèles dont vingt-quatre (24) ont été considéré comme étant des allèles privés.

D'autre part, le dendrogramme établi à l'issue de l'analyse statistique de ces marqueurs par la méthode UPGMA et la structuration de l'ensemble des génotypes suivant les recommandation de **Pritchard *et al.* (2000)** et la méthode d'**Evanno *et al.* (2005)**, ont révélé une faible diversité génétique et ont regroupé les génotypes en deux groupes distincts.

En plus de l'évaluation de la diversité génétique au niveau agro-morphologique et moléculaire, un autre objectif a été visé dans ce travail de recherche ; il s'agit d'avoir une idée préliminaire sur la résistance des génotypes locaux à l'antracnose par l'utilisation des deux marqueurs moléculaires SCY17 et CaETR4, qui ensemble, peuvent prédire à 90% la résistance des génotypes à cette maladie (**Bouhadida *et al.*, 2013 ; Gil *et al.*, 2017**). Trois (3) génotypes locaux (FLIP 82C92, IG 71301 / ILC 6909 et IG 74001 / ILC 7241) ont été

sélectionnés comme des génotypes résistants à l'antracnose; ces 3 génotypes peuvent faire l'objet d'un travail de recherche afin de confirmer cette résistance par des essais sous conditions contrôlées.

On conclut, la diversité génétique évaluée dans cette thèse, confirme la faible variabilité génétique du pois chiche cultivé mais indique une large variabilité agronomique. De plus, les résultats obtenus, confirment que les marqueurs SSR représentent un outil puissant pour les études de la diversité génétique du pois chiche et dans les programmes de sélection.

Cette étude peut servir comme base importante pour l'identification, la conservation et la gestion des variétés de pois chiches. Elle offre également des ressources utiles pour les sélectionneurs et améliorateurs pour entreprendre leur programme de sélection de pois chiche afin d'augmenter la production par le choix des génotypes les plus productifs au lieu de ceux introduits et même pour la création variétale en utilisant les génotypes les plus intéressants, à l'Ascochyta blight, comme parents. En outre, Les génotypes locaux de pois chiche montrant une supériorité pour certains caractères agronomiques, méritent d'être utilisés comme géniteur dans les programmes de croisements ou encore comme matériel de base dans la création variétale par mutagenèse et la transformation génétique.

Sans doute, il existe d'autres génotypes locaux intéressants qui n'ont pas fait encore l'objet d'une caractérisation, conservation et amélioration ; d'où il est primordial d'élargir la collection du pois chiche en réalisant des prospections et des collections dans tout le territoire national. Il en est de même pour les savoirs des agriculteurs qui peuvent constituer un premier aperçu, des savoirs locaux, qui méritent d'être approfondi car ces savoirs locaux sont nécessaires pour la valorisation et la conservation durable des ressources génétiques du pois chiche en Algérie. De plus, et afin d'identifier le potentiel génétique dans chaque génotype dans les différents étages bioclimatique de l'Algérie, les essais multi-locaux visant le développement de variétés adaptées aux différents environnements des régions algériennes peuvent être réalisés et recommandés.

L'analyse des bactéries rhizobiennes, peut aussi constituer un volet de recherche intéressant pour le futur. La révélation d'une diversité capables d'établir des symbioses fixatrices d'azote atmosphérique, représente (i) une opportunité pour optimiser la production des légumineuses et (ii) un facteur de développement d'une agriculture respectueuse de l'environnement.

Références bibliographiques

1. Abdelguerfi A. et Laouar M. (2012). Les végétaux cultivés (locaux et introduits) : cas des céréales, légumes secs et fourrages. MATE-ONEDD, Actualisation de la stratégie nationale de préservation et d'utilisation durable de la diversité biologique. Mai 2012. 55 p.
2. Abdelguerfi A., Laouar M., Boukecha D., Bouzid L., Zine F. (1998). Les végétaux cultivés (locaux et introduits). Cas des Céréales, Légumes Secs, Fourrages et Arbres Fruitières. Rapport pour FEMPNUD et la DGE en vue de l'élaboration du projet (ALG 97/G31) sur le "Plan d'Action pour l'Utilisation Durable de la Diversité Biologique:1-147.
3. Abdelguerfi-Laouar M., Bouzid L., Zine F., Hamdi N., H. B., F. Z. (2001). Evaluation de quelques cultivars locaux de pois chiche dans la région de Bejaia. Revue INRAA, 9: 31-42.
4. Abdelguerfi-Laouar M., Zine F., Bouzid L., Laib M., Kadri A. (2000). Caractérisation préliminaire de quelques cultivars locaux de *Cicer arietinum* L. collectés dans la région de Tizi-Ouzou. Revue INRAA 7 : 51-67.
5. AFNOR (Association Française de Normalisation) (1984). Qualité des sols, recueil des normes françaises.
6. Agarwal, M., Shrivastava, N., & Padh, H. (2008). Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. Plant cell reports 27 : 617-631.
7. Aggarwal H., Choudhary S.P., Rana M., Choudhary R. (2018). Assessment or Evaluation of Genetic Diversity among 66 Cultivars of Chickpea (*Cicer arietinum* L.) of Indian origin using SSR Markers. Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci. 7: 523-533.
8. Alajaji S.A., El-Adawy T.A. (2006) Nutritional composition of chickpea (*Cicer arietinum* L.) as affected by microwave cooking and other traditional cooking methods. Journal of Food Composition and Analysis 19 : 806-812.
9. Ali Q., Tahir M.H.N., Sadaqat H.A., Arshad S., Farooq J., Ahsan M., Waseem M., Iqbal A. (2011). Genetic variability and correlation analysis for quantitative traits in chickpea genotypes (*Cicer arietinum* L.). African Journal of Bacteriology Research 3: 6-9.
10. Amri – Tiliouine W. (2019). Induction de la variabilité génétique par radio-mutagenèse (rayons gamma) chez le pois chiche (*Cicer arietinum* L.) et évaluation agronomique et génétique (Low-Cost TILLING) de mutants en M2. Ph. D Thesis, ENSA.
11. Anbessa Y., Taran B., Warkentin T., Tullu A., Vandenberg A. (2009). Genetic analyses and conservation of QTL for *Ascochyta* blight resistance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Theor. Appl. Genet. 119: 757-765.
12. Anbessa Y., Warkentin T., Bueckert R., Vandenberg A. (2007). Short internode, double podding and early flowering effects on maturity and other

- agronomic characters in chickpea. *Field Crops Research* 102: 43-50. DOI: 10.1016/j.fcr.2007.01.004.
13. Anbessa Y., Warkentin T., Vandenberg A., Ball R. (2006). Inheritance of time to flowering in chickpea in a short-season temperate environment. *Journal of Heredity* 97: 55-61.
 14. Anthelme B., Ali S.B., Djadli A., Iordache C. (1978). Contribution à l'étude des protéines des légumes secs cultivés en Algérie. *Annales de l'Institut national agronomique El Harrach* 14-42.
 15. Archak S., Tyagi R.K., Harer P.N., Mahase L.B., Singh N., Dahiya O.P., Nizar M.A., Singh M., Tilekar V., Kumar V., Dutta M., Singh N.P., Bansal K.C. (2016). Characterization of chickpea germplasm conserved in the Indian National Genebank and development of a core set using qualitative and quantitative trait data. *The Crop Journal* 4: 417-424. DOI: 10.1016/j.cj.2016.06.013.
 16. Baize, D., D. King et M. Jamagne. 1995. Référentiel pédologique. INRA - France: 332 p.
 17. Bamouh A., & El Falah S., (2002). Potentialites des cultures oleagineuses hivernales dans les perimetres irrigués. Actes du Premier Symposium de la Societe Marocaine d'Agronomie sur Le Developpement de la Filiere Des Oleagineux au Maroc : 71-83.
 18. Becker J.T. (1988) Working memory and secondary memory deficits in Alzheimer's disease. *Journal of clinical and experimental neuropsychology* 10:739-753.
 19. Bellemou D., Laouar M., Abdelguerfi A. (2016). Genetic erosion of Algerian chickpea. ICARDA. International conference on PULSES for Health, Nutrition and Sustainable Agriculture in Drylands- Marrakech, Morocco 18-20 April 2016.
 20. Bennett, M. K., & Scheller, R. H. (1994). A molecular description of synaptic vesicle membrane trafficking. *Annual review of biochemistry* 63: 63-100.
 21. Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics* 32: 314.
 22. Bouhadida M., Benjannet R., Madrid E., Amri M., Kharrat M. (2013). Efficiency of marker-assisted selection in detection of *Ascochyta* blight resistance in Tunisian chickpea breeding lines. *Phytopathologia Mediterranea* : 202-211.
 23. Calvet, G. et P. Villemin. 1986. Interprétation des analyses de terre. SCPA, Aspach le Bas, France. 5p.
 24. Canchola, J. A., Tang, S., Hemyari, P., Paxinos, E., & Marins, E. (2017). Correct use of percent coefficient of variation (cv) formula for log-transformed data. *MOJ Proteomics Bioinform* 6 : 316-7.
 25. Castro P., MillÁN T., Gil J., MÉRida J., GarcÍA M.L., Rubio J., FernÁDez-Romero M.D. (2011). Identification of chickpea cultivars by microsatellite markers. *The Journal of Agricultural Science* 149 : 451-460. DOI: 10.1017/s0021859610001061.

26. Castro P., Piston F., Madrid E., Millan T., Gil J., Rubio J. (2010). Developments of chickpea near-isogenic lines for Fusarium wilt. *Theor. Appl. Genet.* 121: 1519-26. DOI: 10.1007/s00122-010-1407-5.
27. Chambers J., Freeny A., Heiberger R. (1992). Analysis of variance; designed experiments. *Statistical models in S 5* : 145-193.
28. Choudhary P., Khanna S., Jain P. (2012). Genetic structure and diversity analysis of the primary gene pool of chickpea using SSR markers. *Genetics of molecular Research* 11: 891-905.
29. Choudhary S., Sethy N.K., Shokeen B., Bhatia S. (2009). Development of chickpea EST-SSR markers and analysis of allelic variation across related species. *Theor. Appl. Genet.* 118 : 591-608.
30. Choumane W., Winter P., Weigand F., Kahl G. (2000) Conservation and variability of sequence-tagged microsatellite sites (STMSs) from chickpea (*Cicer arietinum* L.) within the genus *Cicer*. *Theor. Appl. Genet.* 101 : 269-278.
31. Cobos M.J., Fernandez M.J., Rubio J., Kharrat M., Moreno M.T., Gil J., Millan T. (2005). A linkage map of chickpea (*Cicer arietinum* L.) based on populations from Kabuli x Desi crosses: location of genes for resistance to Fusarium wilt race 0. *Theor. Appl. Genet.* 110: 1347-53. DOI: 10.1007/s00122-005-1980-1.
32. Cobos M.J., Rubio J., Fernández-Romero M.D., Garza R., Moreno M.T., Millán T., Gil J. (2007). Genetic analysis of seed size, yield and days to flowering in a chickpea recombinant inbred line population derived from a Kabuli x Desi cross. *Annals of Applied Biology* 151: 33-42. DOI: 10.1111/j.1744-7348.2007.00152.x.
33. Cobos M.J., Winter P., Kharrat M., Cubero J.I., Gil J., Millan T., Rubio J. (2009). Genetic analysis of agronomic traits in a wide cross of chickpea. *Field Crops Research* 111: 130-136. DOI: 10.1016/j.fcr.2008.11.006.
34. Daba K., Deokar A., Banniza S., Warkentin T.D., Tar'an B. (2016). QTL mapping of early flowering and resistance to *Ascochyta* blight in chickpea. *Genome* 59: 413-25. DOI: 10.1139/gen-2016-0036.
35. Das S., Upadhyaya H.D., Srivastava R., Bajaj D., Gowda C., Sharma S., Singh S., Tyagi A.K., Parida S.K. (2015). Genome-wide insertion–deletion (InDel) marker discovery and genotyping for genomics-assisted breeding applications in chickpea. *DNA Research* 22: 377-386.
36. De Candolle A. (1883). *Origine des plantes cultivées* G. Baillièrre et cie.
37. De Vicente, M.C. and Fulton, T. (eds.). (2003). *Using Molecular Marker Technology in Studies on Plant Genetic Diversity Studies: Learning Module*. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Rome, Italy.
38. Dekkiche, S., Benguedouar, A., Sbabou, L., Taha, K., Filali-Maltouf, A., & Béna, G. (2018). Chickpea (*Cicer arietinum*) is nodulated by unexpected wide diversity of Mesorhizobium species in Eastern Algeria. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 64(2), 285-297.
39. Earl D.A. (2012). Structure harvester: a website and program for visualizing structure output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources* 4: 359-361.

40. Eivazi A., Naghavi M., Hajheidari M., Pirseyedi S., Ghaffari M., Mohammadi S., Majidi I., Salekdeh G., Mardi M. (2008). Assessing wheat (*Triticum aestivum* L.) genetic diversity using quality traits, amplified fragment length polymorphisms, simple sequence repeats and proteome analysis. *Annals of Applied Biology* 152: 81-91.
41. Evanno G., Regnaut S., Goudet J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular ecology* 14 : 2611-2620.
42. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Fao. (2019). *Crop statistics*. FAOSTAT. Consulté le 30 mars 2019, à l'adresse <http://www.fao.org/faostat/fr/>
43. Gaad D. (2018). Etude de la diversité génétique de la lentille (*Lens culinaris* Medik.) cultivée en Algérie par l'utilisation de marqueurs morpho-agronomiques et moléculaires (SSR). Ph. D Thesis, ENSA.
44. Galasso I., Pignone D., Frediani M., Maggiani M., Cremonini R. (1996) Chromatin characterization by banding techniques, in situ hybridization, and nuclear DNA content in *Cicer L.*(Leguminosae). *Genome* 39 : 258-265.
45. Gaur P. M., & Slinkard A. E. (1990). Genetic control and linkage relations of additional isozyme markers in chick-pea. *Theoretical and Applied Genetics* 80 : 648-656.
46. Gaur P. M., Jukanti A. K., Samineni S., Gowda C. L. L. (2012). Chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Breeding of Field Crops*. Agrobios (India), Jodhpur ,India. 165-189.
47. Gaur P., Gowda C., Knights E., Warkentin T., Acikgoz N., Yadav S., Kumar J. (2007). Breeding achievements. *Chickpea breeding and management*: 391-416.
48. Gaur PM, Tripathi S, Gowda CLL, Ranga Rao GV, Sharma HC, S P., M a.S. (2010). Chickpea seed production manual. International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru 502 324, Andhra Pradesh, India.
49. Genetic Resources Institute (IPGRI), Rome, Italy
50. Ghaffari P., Talebi R., Keshavarzi F. (2014). Genetic diversity and geographical differentiation of Iranian landrace, cultivars, and exotic chickpea lines as revealed by morphological and microsatellite markers. *Physiol. Mol. Biol. Plants*. 20 : 225-33. DOI: 10.1007/s12298-014-0223-9.
51. Ghafoor A., Gulbaaz F., Afzal M., Ashraf M., Arshad M. (2003). Inter-relationship between SDS-PAGE markers and agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Pak. J. Bot.* 35 : 613-624.
52. Gherardi M., Mangin B., Goffinet B., Bonnet D., Huguet T. (1998). A method to measure genetic distance between allogamous populations of alfalfa (*Medicago sativa*) using RAPD molecular markers. *Theor. Appl. Genet.* 96 : 406-412.
53. Gil J., Castro P., Millan T., Madrid E., Rubio J. (2017). Development of new kabuli large-seeded chickpea materials with resistance to *Ascochyta* blight. *Crop and Pasture Science* 68 : 967-972.
54. Gowda C. (1981). Natural outcrossing in chickpea. *International Chickpea Newsletter*, 5 : 6-6.

CONCLUSION ET RERSPECTIVES

55. Gowda S., Radhika P., Kadoo N., Mhase L., Gupta V. (2009). Molecular mapping of wilt resistance genes in chickpea. *Molecular breeding* 24: 177-183.
56. Grundy S.M. (2006). Metabolic syndrome: connecting and reconciling cardiovascular and diabetes worlds. *Journal of the American College of Cardiology* 47 :1093-1100.
57. Gupta P., Rustgi S. (2004). Molecular markers from the transcribed/expressed region of the genome in higher plants. *Functional & integrative genomics* 4 : 139-162.
58. Hajibarat Z., Saidi A., Hajibarat Z., Talebi R. (2014). Genetic diversity and population structure analysis of landrace and improved chickpea (*Cicer arietinum*) genotypes using morphological and microsatellite markers. *Environmental and Experimental Biology* 12 : 161-166.
59. Halila I., Rubio J., Millán T., Gil J., Kharrat M., Marrakchi M. (2010). Resistance in chickpea (*Cicer arietinum*) to *Fusarium* wilt race '0'. *Plant Breeding*. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2009.01703.x.
60. Halila, I., Cobos, M. J., Rubio, J., Millán, T., Kharrat, M., Marrakchi, M., & Gil, J. (2009). Tagging and mapping a second resistance gene for *Fusarium* wilt race 0 in chickpea. *European journal of plant pathology*, 124(1), 87-92.
61. Hamayoon R., Khan H., Naz L., Munir I., Arif M., Khalil I.A., Khan A.Z. (2011). Performance of chickpea genotypes under two different environmental conditions. *African Journal of Biotechnology* 10: 1534-1544.
62. Hanotiaux, G. (1985). L'analyse du sol. Service de la science du sol, faculté des sciences agronomiques de l'état, Gembloux. 48p.
63. Hawtin G., Singh K. (1984). Prospects and potential of winter sowing of chickpea in the Mediterranean region. *Ascochyta blight and winter sowing of chickpeas* : 7-16.
64. He Q., Li X.W., Liang G.L., Ji K., Guo Q.G., Yuan W.M., Zhou G.Z., Chen K.S., van de Weg W.E., Gao Z.S. (2011). Genetic diversity and identity of Chinese loquat cultivars/accessions (*Eriobotrya japonica*) using apple SSR markers. *Plant Molecular Biology Reporter* 29: 197-208.
65. Hiremath PJ, Kumar A, Penmetsa RV, Farmer A, Schlueter JA, Chamarthi SK, Whaley AM, Carrasquilla-Garcia N, Gaur PM, Upadhyaya HD, Kavi Kishor PB, Shah TM, Cook DR, Varshney RK (2012). Large-scale development of cost-effective SNP marker assays for diversity assessment and genetic mapping in chickpea and comparative mapping in legumes. *Plant Biotechnol J* 10:716-732
66. HOUASLI, C., IDRISSE, O., & NSARELLAH, N. (2020). Chickpea genetic improvement in Morocco: State of the art, progress and prospects. *Moroccan Journal of Agricultural Sciences*, 1(1).
67. Hüttel B., Winter P., Weising K., Choumane W., Weigand F., Kahl G. (1999). Sequence-tagged microsatellite site markers for chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Genome* 42 : 210-217.
68. IBPGR, ICRISAT, ICARDA. (1993). Descriptors of chickpea. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy; International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, India; International Center for Agricultural Research in the Dry Areas, Aleppo, Syria.

69. ICARDA, INRAA, ITGC. (2005). Algeria and ICARDA: Twenty-Five Years of Collaboration, P.O. Box 5466, Aleppo, Syria. pp. 18.
70. IDGC, 1981. Séminaire National des légumes secs en Algérie. Alger-Document.30p.
71. Imtiaz M., Materne M., Hobson K., Van Ginkel M., Malhotra R. (2008). Molecular genetic diversity and linked resistance to Ascochyta blight in Australian chickpea breeding materials and their wild relatives. *Australian Journal of Agricultural Research* 59: 554-560.
72. Iruela M., Castro P., Rubio J., Cubero J.I., Jacinto C., Millán T., Gil J. (2007). Validation of a QTL for resistance to ascochyta blight linked to resistance to Fusarium wilt race 5 in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *European Journal of Plant Pathology* 119: 29-37. DOI: 10.1007/s10658-007-9121-0.
73. Iruela M., Rubio J., Barro F., Cubero J.I., Millan T., Gil J. (2006). Detection of two quantitative trait loci for resistance to Ascochyta blight in an intra-specific cross of chickpea (*Cicer arietinum* L.): development of SCAR markers associated with resistance. *Theor. Appl. Genet.* 112: 278-87. DOI: 10.1007/s00122-005-0126-9.
74. Iruela M., Rubio J., Cubero J., Gil J., Millan T. (2002). Phylogenetic analysis in the genus *Cicer* and cultivated chickpea using RAPD and ISSR markers. *Theor. Appl. Genet.* 104:643-651.
75. ITGC (Institut Technique des Grandes cultures) (2011). La lentille et le pois chiche pour une conduite mécanisée. 28p.
76. Jakobsson et Rosenberg (2007). CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23 (14) : 1801-1806.
77. Jannatabadi A.A., Talebi R., Armin M., Jamalabadi J.G., Baghebani N. (2013). Genetic diversity of Iranian landrace chickpea (*Cicer arietinum* L.) accessions from different geographical origins as revealed by morphological and sequence tagged microsatellite markers. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology* : 225-229.
78. Jendoubi W., Bouhadida M., Millan T., Kharrat M., Gil J., Rubio J., Madrid E. (2016). Identification of the target region including the Foc0 1 /foc0 1 gene and development of near isogenic lines for resistance to Fusarium Wilt race 0 in chickpea. *Euphytica* 210 : 119-133. DOI: 10.1007/s10681-016-1712-4.
79. Jukanti A. K., Gaur P. M., Gowda C. L. L., & Chibbar, R. N. (2012). Nutritional quality and health benefits of chickpea (*Cicer arietinum* L.) : a review. *British Journal of Nutrition* 108: S11-S26.
80. Keneni G., Bekele E., Imtiaz M., Dagne K., Getu E., Assefa F. (2011). Genetic diversity and population structure of Ethiopian chickpea (*Cicer arietinum* L.) germplasm accessions from different geographical origins as revealed by microsatellite markers. *Plant Molecular Biology Reporter* 30: 654-665.
81. Khamassi K., Chaabane R., Khoufi S., Kharrat M., naceur M.B. (2014). Evaluation agro-morphologique de quelques génotypes locaux de pois chiche d'hiver (*Cicer arietinum* L.) en Tunisie. *Journal of New Sciences* 5 : 7-19.
82. Kong Q., Li X., Xiang C., Wang H., Song J., Zhi H. (2010). Genetic diversity of radish (*Raphanus sativus* L.) germplasm resources revealed by AFLP and RAPD

- Markers. *Plant Molecular Biology Reporter* 29 : 217-223. DOI: 10.1007/s11105-010-0228-7.
83. Kudapa, H., Garg, V., Chitikineni, A., & Varshney, R. K. (2018). The RNA-Seq-based high resolution gene expression atlas of chickpea (*Cicer arietinum* L.) reveals dynamic spatio-temporal changes associated with growth and development. *Plant, cell & environment* 41 : 2209-2225.
 84. Kumar J., & Abbo S. (2001). Genetics of flowering time in chickpea and its bearing on productivity in semiarid environments. *Advances in agronomy* 72 : 108-138.
 85. Labdi M. (1990). Chickpea in Algeria. *Chickpea in Algeria* 9 : 137-140.
 86. Labdi M., Robertson L., Singh K., Charrier A. (1996). Genetic diversity and phylogenetic relationships among the annual *Cicer* species as revealed by isozyme polymorphism. *Euphytica* 88 : 181-188.
 87. Ladizinsky G., Adler A. (1976). The origin of chickpea *Cicer arietinum* L.. *Euphytica* 25 : 211-217.
 88. Latati, M., Dokukin, P., Aouiche, A., Rebouh, N. Y., Takouachet, R., Hafnaoui, E., ... & Ounane, S. M. (2019). Species Interactions Improve Above-Ground Biomass and Land Use Efficiency in Intercropped Wheat and Chickpea under Low Soil Inputs. *Agronomy*, 9(11) 765.
 89. Laumont P., Chevassus A. (1956). Note sur l'amélioration du pois chiche en Algérie. *Institut Agricole d'Algérie* 10 : 1-23.
 90. Lê S., Josse J., Husson F. (2008). FactoMineR: an R package for multivariate analysis. *Journal of statistical software*, 25 : 1-18.
 91. Lichtenzveig J., Bonfil D.J., Zhang H.-B., Shtienberg D., Abbo S. (2006). Mapping quantitative trait loci in chickpea associated with time to flowering and resistance to *Didymella rabiei* the causal agent of *Ascochyta* blight. *Theor. Appl. Genet.* 113: 1357-1369.
 92. Lichtenzveig J., Scheuring C., Dodge J., Abbo S., Zhang H.-B. (2005). Construction of BAC and BIBAC libraries and their applications for generation of SSR markers for genome analysis of chickpea, *Cicer arietinum* L. *Theor. Appl. Genet.* 110: 492-510.
 93. Maalouf F., Hu J., O'Sullivan D.M., Zong X., Hamwieh A., Kumar S., Baum M. (2019). Breeding and genomics status in faba bean (*Vicia faba*). *Plant Breeding* 138 : 465-473.
 94. Madrid E., Chen W., Rajesh P.N., Castro P., Millán T., Gil J. (2013). Allele-specific amplification for the detection of *Ascochyta* blight resistance in chickpea. *Euphytica* 189 : 183-190. DOI: 10.1007/s10681-012-0753-6.
 95. Malik S.R., Shabbir G., Zubir M., Iqbal S., Ali A. (2014). Genetic Diversity Analysis of Morpho-Genetic Traits in Desi Chickpea (*Cicer arietinum*). *International Journal of Agriculture and Biology* 16.
 96. Manchanda G., Garg N. (2008). Salinity and its effects on the functional biology of legumes. *Acta Physiologiae Plantarum* 30 : 595-618.
 97. Mantel N. (1967). Ranking procedures for arbitrarily restricted observation. *Biometrics* 65-78.

98. Mebarki L. (2009). Analyse comparative de la diversité génétique et de la structure des populations chez l'orge (*Hordeum vulgare* L.) à l'aide de marqueurs SSR, DART et du pedigree. Mémoire de maîtrise en biologie végétale. Département de phytologie, faculté des sciences de l'agriculture et de l'alimentation université LAVAL, québec.71p.
99. Métais I., Aubry C., Hamon B., Jalouzot R., Peltier D. (2000). Description and analysis of genetic diversity between commercial bean lines (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.* 101 : 1207-1214.
100. Millán T., Madrid E., and Varshney Rajeev K., (2015). Genomic resource in chickpea. *Legume Perspectives* : 12-14.
101. Millan T., Rubio J., Iruela M., Daly K., Cubero J.I., Gil J. (2003). Markers associated with *Ascochyta* blight resistance in chickpea and their potential in marker-assisted selection. *Field Crops Research* 84 : 373-384. DOI: 10.1016/s0378-4290(03)00103-5.
102. Mula M. G., Gonzales F. R., Mula R. P., Gaur, P. M., Gonzales, I. C., Dar, W. D. (2011). Chickpea (*Garbanzos*) : An emerging crop for the rainfed and dryland areas of the Philippines. *Information Bulletin No. 88. International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics.*
103. Nayak S. (2010). Probiotics and immunity: a fish perspective. *Fish & shellfish immunology* 29 : 2-14.
104. Nefzi, F., Trabelsi, I., Amri, M., Triki, E., Kharrat, M., & Abbes, Z. (2016). Response of some chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes to *Orobanche foetida* Poir. parasitism. *Chilean journal of agricultural research*, 76(2), 170-178.
105. Nguyen T., Taylor P., Redden R., Ford R. (2004). Genetic diversity estimates in *Cicer* using AFLP analysis. *Plant Breeding* 123 : 173-179.
106. Ocampo R., Repeta D.J. (1999). Structural determination of purpurin-18 (as methyl ester) from sedimentary organic matter. *Organic Geochemistry* 30 : 189-193.
107. Padmavathi P., Murthy S.S., Rao V.S. (2013). Correlation and path coefficient analysis in Kabuli chickpea (*Cicer arietinum* L.).
108. Pande S., Ramgopal D., Kishore G., Mallikarjuna N., Sharma M., Pathak M., Rao J.N. (2006). Evaluation of wild *Cicer* species for resistance to *Ascochyta* blight and *Botrytis* gray mold in controlled environment at ICRISAT, Patancheru, India. *Journal of SAT Agricultural Research* 2 : 1-3.
109. Peakall R., Smouse P.E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-295.
110. Powell W., Morgante M., Andre C., Hanafey M., Vogel J., Tingey S., Rafalski A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular breeding* 2 : 225-238.
111. Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
112. Qureshi A.S., Shaukat A., Bakhsh A., Arshad M., Ghaffoor A. (2004). An assessment of variability for economically important traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Pak. J. Bot.* 36: 779-785.

113. Rajesh P., Muehlbauer F.J. (2008). Discovery and detection of single nucleotide polymorphism (SNP) in coding and genomic sequences in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Euphytica* 162 : 291-300.
114. Ravi R., Bhattacharya S. (2004). Flow behaviour of chickpea (*Cicer arietinum* L.) flour dispersions: effect of additives. *Journal of food engineering* 65 : 619-624.
115. Reddy M., Singh K. (1984). Evaluation of a world collection of chickpea germ plasm accessions for resistance to *Ascochyta* blight. *Plant Disease* 68 : 900-901.
116. Rehman A., Malhotra R., Bett K., Tar'an B., Bueckert R., Warkentin T. (2011). Mapping QTL associated with traits affecting grain yield in chickpea (*Cicer arietinum* L.) under terminal drought stress. *Crop Science* 51: 450-463.
117. Rohlf, F. J., (1996). NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate system, version 2.02 j. Exeter Software. Setauket, New York.
118. Román-Leshkov Y., Barrett C.J., Liu Z.Y., Dumesic J.A. (2007). Production of dimethylfuran for liquid fuels from biomass-derived carbohydrates. *Nature* 447 : 982-985.
119. Rubio J., Flores F., Moreno M., Cubero J., Gil J. (2004). Effects of the erect/bushy habit, single/double pod and late/early flowering genes on yield and seed size and their stability in chickpea. *Field Crops Research* 90: 255-262.
120. Sabbavarapu M.M., Sharma M., Chamarthi S.K., Swapna N., Rathore A., Thudi M., Gaur P.M., Pande S., Singh S., Kaur L. (2013). Molecular mapping of QTLs for resistance to *Fusarium* wilt (race 1) and *Ascochyta* blight in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Euphytica* 193: 121-133.
121. Salimi S., Lahiji H.S., Abadi G.M., Salimi S., Moradi S. (2012). Genetic diversity in soybean genotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. *World Applied Sciences Journal* 16 : 474-478.
122. Samineni S., Kamatam S., Thudi M., Varshney R.K., Gaur P.M. (2016). Vernalization response in chickpea is controlled by a major QTL. *Euphytica* 207 : 453-461.
123. Samyuktha S.M., Kannan Bapu J.R., Geethanjali S. (2018). Molecular genetic diversity and population structure analysis in Chickpea (*Cicer arietinum* L.) Germplasm using SSR Markers. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences* 7: 639-651. DOI: 10.20546/ijcmas.2018.702.079.
124. Santra D.K., Tekeoglu M., Ratnaparkhe M., Kaiser W.J., Muehlbauer F.J. (2000). Identification and mapping of QTLs conferring resistance to *Ascochyta* blight in chickpea. *Crop Science* 40: 1606-1612.
125. Saxena M.C., Singh K. (1987). *The chickpea Commonwealth Agricultural Bureaux International*.
126. Saxena S. (1984). A study of correlations and estimation of stature from hand length, hand breadth and sole length. *Anthropologischer anzeiger* : 271-276.
127. Semagn k. (2002). Genetic relationships among ten endod types as revealed by a combination of morphological, RAPD and AFLP markers. *Hereditas* 137: 149-156.
128. Sethy N.K., Shokeen B., Edwards K.J., Bhatia S. (2006). Development of microsatellite markers and analysis of intraspecific genetic variability in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 112: 1416-1428.

129. Sharma K.D., Chen W., Muehlbauer F.J. (2005). Genetics of chickpea resistance to five races of *Fusarium* wilt and a concise set of race differentials for *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris*. *Plant Disease* 89: 385-390.
130. Sharma K.D., Winter P., Kahl G., Muehlbauer F.J. (2004). Molecular mapping of *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* race 3 resistance gene in chickpea. *Theor. Appl. Genet.* 108: 1243-1248.
131. Sharma M., Ghosh R. (2016). An update on genetic resistance of chickpea to *Ascochyta* blight. *Agronomy* 6: 18.
132. Sharma S.S., Negi M.S., Sinha P., Kumar K., Tripathi S.B. (2010). Assessment of genetic diversity of biodiesel species *Pongamia pinnata* accessions using AFLP and three Endonuclease-AFLP. *Plant Molecular Biology Reporter* 29: 12-18. DOI: 10.1007/s11105-010-0204-2.
133. Sharma, K. D., & Muehlbauer, F. J. (2007). *Fusarium* wilt of chickpea: physiological specialization, genetics of resistance and resistance gene tagging. *Euphytica*, 157(1-2), 1-14.
134. Shrestha S., Park J.-H., Lee D.-Y., Cho J.-G., Cui E.-j., Chung I.-S., Kwon B.-M., Cho M.-H., Jeong T.-S., Baek N.-I. (2011). A new xanthene from *Desmostachya bipinnata* (L.) stapf inhibits signal transducer and activator of transcription 3 (STAT3) and low-density lipoprotein-oxidation. *Journal of the Korean Society for Applied Biological Chemistry* 54 : 308-311.
135. Singh K., Ocampo B. (1993). Interspecific hybridization in annual *Cicer* species. *Journal of genetics & breeding* 47 : 199-204.
136. Singh K., Reddy M. (1991). Advances in disease-resistance breeding in chickpea, *Advances in Agronomy*. Elsevier : 191-222.
137. Singh K., Reddy M., Nene Y. (1984). International testing of chickpeas for resistance to *Ascochyta* blight. *Plant Disease* 68: 782-784.
138. Singh P. K., Shrivastava N., Sharma B., & Bhagyawant S. S., (2015). Effect of domestic processes on chickpea seeds for antinutritional contents and their divergence. *American Journal of Food Science and Technology* 3 : 111-117.
139. Singh R., Singhal V., Randhawa G.J. (2008). Molecular analysis of chickpea (*Cicer arietinum* L) cultivars using AFLP and STMS markers. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology* 17: 167-171.
140. Subbarao G., Johansen C., Slinkard A., Nageswara Rao R., Saxena N., Chauhan Y., Lawn R. (1995). Strategies for improving drought resistance in grain legumes. *Critical reviews in plant sciences* 14: 469-523.
141. Sudupak M., Akkaya M., Kence A. (2002). Analysis of genetic relationships among perennial and annual *Cicer* species growing in Turkey using RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* 105 : 1220-1228.
142. Summerfield Q. (1979). Use of visual information for phonetic perception. *Phonetica* 36 : 314-331.
143. Tabti D. (2018). Induction de la variabilité génétique par radiomutagenèse (rayons gamma) chez la lentille (*Lens culinaris* Medik.) et sélection de mutants en M2 à intérêt agronomique. Ph. D Thesis, ENSA.

144. Tabti, D., Laouar, M., Rajendran, K., Kumar, S., & Abdelguerfi, A. (2018). Identification of desirable mutants in quantitative traits of lentil at early (M 2) generation. *Journal of Environmental Biology*, 39(2), 137-142.
145. Tesfamichael S.M., Githiri S.M., Nyende A.B., Rao N.V.P.R.G. (2015). Variation for agro-morphological traits among Kabuli chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. *Journal of Agricultural Science* 7. DOI: 10.5539/jas.v7n7p75.
146. Torutaeva E., Asanaliev A., Prieto-Linde M.L., Zborowska A., Ortiz R., Bryngelsson T., Garkava-Gustavsson L. (2014). Evaluation of microsatellite-based genetic diversity, protein and mineral content in chickpea accessions grown in Kyrgyzstan. *Hereditas* 151: 81-90.
147. Tosh G., Singh S., Singh I., Sandhu J., Gaur P., Varshney R. (2012). Mapping of genes for double podding and its association with morphological traits in chickpea. *Crop Improv* 39: 429-430.
148. Udupa S., Robertson L., Weigand F., Baum M., Kahl G. (1999). Allelic variation at (TAA)_n microsatellite loci in a world collection of chickpea (*Cicer arietinum* L.) germplasm. *Molecular and General Genetics* MGG 261: 354-363.
149. Upadhyaya H., Dwivedi S., Gowda C., Singh S. (2007). Identification of diverse germplasm lines for agronomic traits in a chickpea (*Cicer arietinum* L.) core collection for use in crop improvement. *Field Crops Research* 100: 320-326.
150. Upadhyaya H.D. (2003). Geographical patterns of variation for morphological and agronomic characteristics in the chickpea germplasm collection. *Euphytica* 132: 343-352. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1025078703640>.
151. Upadhyaya H.D., Bajaj D., Das S., Saxena M.S., Badoni S., Kumar V., Tripathi S., Gowda C., Sharma S., Tyagi A.K. (2015). A genome-scale integrated approach aids in genetic dissection of complex flowering time trait in chickpea. *Plant molecular biology* 89: 403-420.
152. Upadhyaya H.D., Dwivedi S.L., Baum M., Varshney R.K., Udupa S.M., Gowda C.L., Hoisington D., Singh S. (2008). Genetic structure, diversity, and allelic richness in composite collection and reference set in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *BMC Plant Biology* 8: 106.
153. Upadhyaya H.D., Dwivedi S.L., Sharma S. (2017). Managing and discovering agronomically beneficial traits in chickpea germplasm collections. *The chickpea genome* : 43-52. DOI: 10.1007/978-3-319-66117-9_5. 148.
154. Vaissie P., Monge A., Husson F. (2015). Factoshiny: perform factorial analysis from FactoMineR with a shiny application. R package version 1.
155. Van der Maesen L. (1987). Origin, history and taxonomy of chickpea. *The chickpea*:
156. Van der Maessen G. (1979). Genetic resources at ICRISAT. *Chickpea Newsletter* (1).
157. Varshney R. K., Thudi M., Roorkiwal M., He W., Upadhyaya H. D., Yang, W. & Doddamani D., (2019). Resequencing of 429 chickpea accessions from 45 countries provides insights into genome diversity, domestication and agronomic traits. *Nature genetics* 51 : 857-864.

158. Varshney R.K., Graner A., Sorrells M.E. (2005). Genic microsatellite markers in plants: features and applications. *Trends in Biotechnology* 23 : 48-55.
159. Varshney R.K., Nayak S.N., May G.D., Jackson S.A. (2009). Next-generation sequencing technologies and their implications for crop genetics and breeding. *Trends in biotechnology* 27 : 522-530.
160. Varshney R.K., Song C., Saxena R.K., Azam S., Yu S., Sharpe A.G., Cannon S., Baek J., Rosen B.D., Tar'an B. (2013) Draft genome sequence of chickpea (*Cicer arietinum*) provides a resource for trait improvement. *Nature biotechnology* 31 : 240.
161. Varshney R.K., Thudi M., Nayak S.N., Gaur P.M., Kashiwagi J., Krishnamurthy L., Jaganathan D., Koppolu J., Bohra A., Tripathi S. (2014). Genetic dissection of drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Theor. Appl. Genet.* 127 : 445-462.
162. Vasishtha H., Srivastava R.P. (2013). Effect of soaking and cooking on dietary fibre components of different type of chickpea genotypes. *Journal of food science and technology* 50 : 579-584.
163. Vavilov N. (1926). The origin of cultivated plants. *News in Agronomy* : 76-85.
164. Vollmann J., Grausgruber H., Stift G., Dryzhyruk V., Lelley T. (2005). Genetic diversity in *Camelina* germplasm as revealed by seed quality characteristics and RAPD polymorphism. *Plant Breeding* 124: 446-453.
165. Von Wright, Henrik G. (1951). Deontic logic. *Mind* 60: 1-15.
166. Vural H., Karasu A. (2007). Variability studies in cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) varieties grown in Isparta, Turkey. *Revista Científica UDO Agrícola* 7 : 29-34.
167. Wery, J., Deschamps, M., & Leger-Cresson, N. (1988). Influence of some agroclimatic factors and agronomic practices on nitrogen nutrition of chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Nitrogen fixation by legumes in Mediterranean agriculture* :287-301
168. Winter P., Benko-Iseppon A.-M., Hüttel B., Ratnaparkhe M., Tullu A., Sonnante G., Pfaff T., Tekeoglu M., Santra D., Sant V., (2000). A linkage map of the chickpea (*Cicer arietinum* L.) genome based on recombinant inbred lines from a *C. arietinum* x *C. reticulatum* cross: localization of resistance genes for *Fusarium* wilt races 4 and 5. *Theor. Appl. Genet.* 101 : 1155-1163.
169. Winter P., Pfaff T., Udupa S., Hüttel B., Sharma P., Sahi S., Arreguin-Espinoza R., Weigand F., Muehlbauer F., Kahl G. (1999). Characterization and mapping of sequence-tagged microsatellite sites in the chickpea (*Cicer arietinum* L.) genome. *Molecular and General Genetics* MGG 262: 90-101.
170. Yadav S.S., Chen W. (2007). Chickpea breeding and management CABI.
171. Yucel D.O., Anlarsal A. (2010). Determination of selection criteria with path coefficient analysis in chickpea (*Cicer arietinum* L.) breeding. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 16: 42-48.
172. Zaccardelli M., Sonnante G., Lupo F., Piergiovanni A.R., Laghetti G., Sparvoli F., Lioi L. (2013). Characterization of Italian chickpea (*Cicer arietinum* L.) germplasm by multidisciplinary approach. *Genetic Resources and Crop Evolution* 60: 865-877. DOI: 10.1007/s10722-012-9884-9.

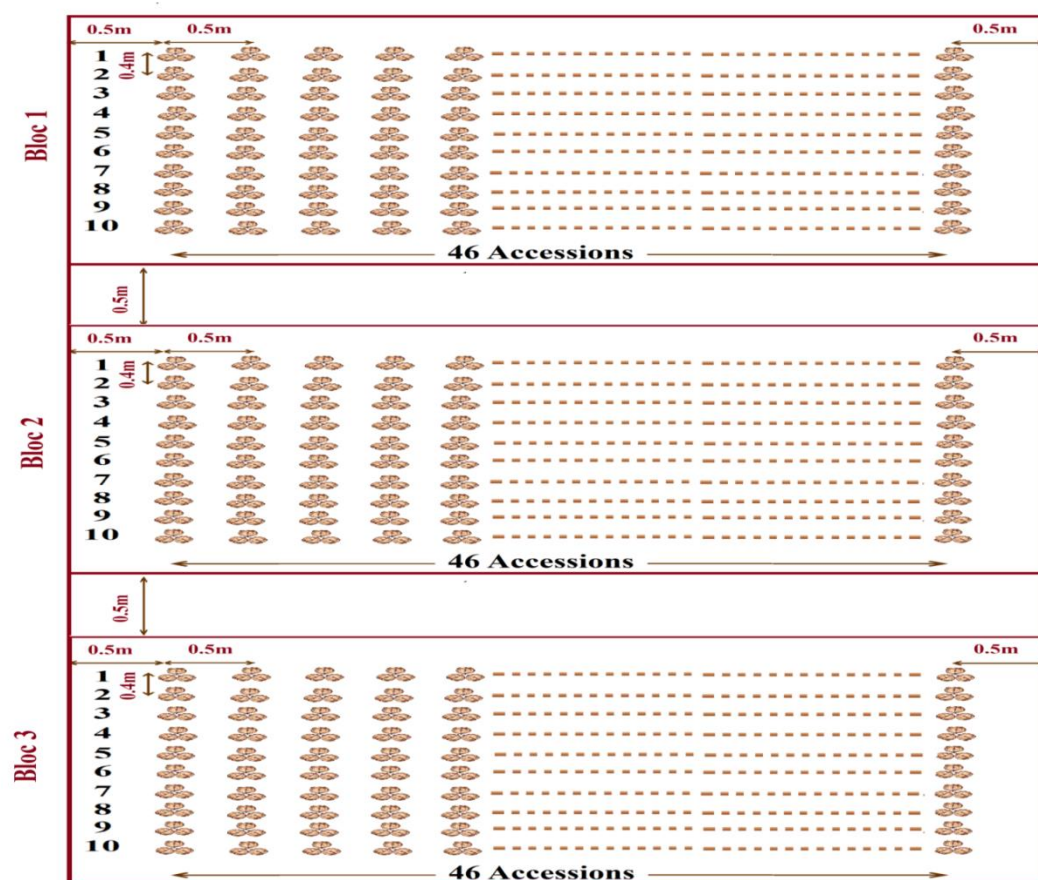
173. Zeghouane O. (2018). État des lieux et devenir des légumineuses alimentaires en Algérie: importance économique et sociale, développement et amélioration de la production et de la productivité. Congrès national sur les ressources phytogénétiques en Algérie. INRAA-Alger, 22,23 et 24 octobre 2018, pp.55-77.
174. Zhang, J., Chen, W., Shang, Y., Guo, C., Peng, S., & Chen, W. (2020). Biogeographic distribution of chickpea rhizobia in the world. In *Molecular Aspects of Plant Beneficial Microbes in Agriculture* (pp. 235-239). Academic Press.
175. Zine F., Laouar M., (1998). Collecte et caractérisation de quelques cultivars de pois chiche de Kabylie. Séminaire National sur les Légumineuses Alimentaires, ITGC-GTZ-INA. Ain Témouchent 10-12 Mai 1998.
176. Zine-Zikara F., Bouzid L., Yekkour A., (2015). Le pois chiche en Algérie: situation, potentialités et perspectives. *Revue INRAA* 27 : 35-47.

ANNEXES

Annexe1 : Photos illustrant l'essai au champ des 46 génotypes



Annexe 2 : Schéma du dispositif expérimental adopté



Annexe 3 : Préparation des solutions utilisées dans l'étude moléculaire**Annexe 3.1 : Extraction d'AND suivant la méthode CTAB décrit par Ghérardi *et al.* (1998),**

Pour la préparation de 100ml du *tampon de l'extraction ADN*, les quantités utilisées sont comme suit :

- 2 g de CTAB.
- 10 ml de Tris-HCL 1M PH8.

Pour 10 ml en pèse 1,21g de Tris, ajuster à PH8 avec HCL.

- 28 ml de NaCl 5M (1M = 58,44 g, 25 mM = 1,461 g).

Pour 28 ml on pèse 8,18g de NaCl ajuster à PH8 avec HCL.

- 4 ml d'EDTA 0.5M PH8 (1mM EDTA, 1M = 292, 24 g, 1mM = 0, 29224 g).

Pour 4 ml on pèse 0,58g d'EDTA ajuster à PH8 avec HCL.

Pour la solution de rinçage à Ethanol 70% obtenue à partir d'Ethanol 96% on mélange :

- 100 ml Ethanol absolu (96%).
- 40,85ml d'eau distillé.

Annexe 3.2 : Préparation des dNTP

- Mélanger 25 µl de chaque dNTP (dATP, dCTP, dGTP, dTTP) dans un tube et compléter avec 900 µl d'eau pour avoir un volume final de 1000 µl.

Annexe 3.3 : Préparation du Tampon TBE (pour Tris, Borate, EDTA).

Pour la préparation de 1000ml de tampon TBE (1x) pH 8.3 peser:

- 10,89 g (89 mM) TRIS.
- 5,56 g (89 mM) Acide borique.
- 0,74 g (2 mM) EDTA.

Le tout est dilué dans 1000 mL d'eau distillée.

Annexe 4 : Préparation du gel acrylamide à 10% (C 2,67%)

1. *Running gel*

Mettre dans un Erlenmeyer (ou fiole de filtration) :

- 17,5ml Acrilamide 40%
- 9,6ml Bis-achrilamide 2%
- 9ml 3M Tris-HCl (pH=8,8)
- 34,9ml Eau distillée

Agiter tout doucement le tous, fermer bien l'Erlen et dégazer à l'aide d'une pompe.

Verser le tout dans un bécher et rajouter:

- 250µl de PSA (10%) (0,1mg dilué dans 1ml ED)
- 36µl de TEMED

A l'aide d'un entonnoir on coule le gel entre les deux verres; et on couvre avec de l'éthanol pour éviter le contact air-gel.

Après gélification, éliminer l'éthanol par absorption à l'aide d'une pompe et bien sécher à l'aide d'un papier.

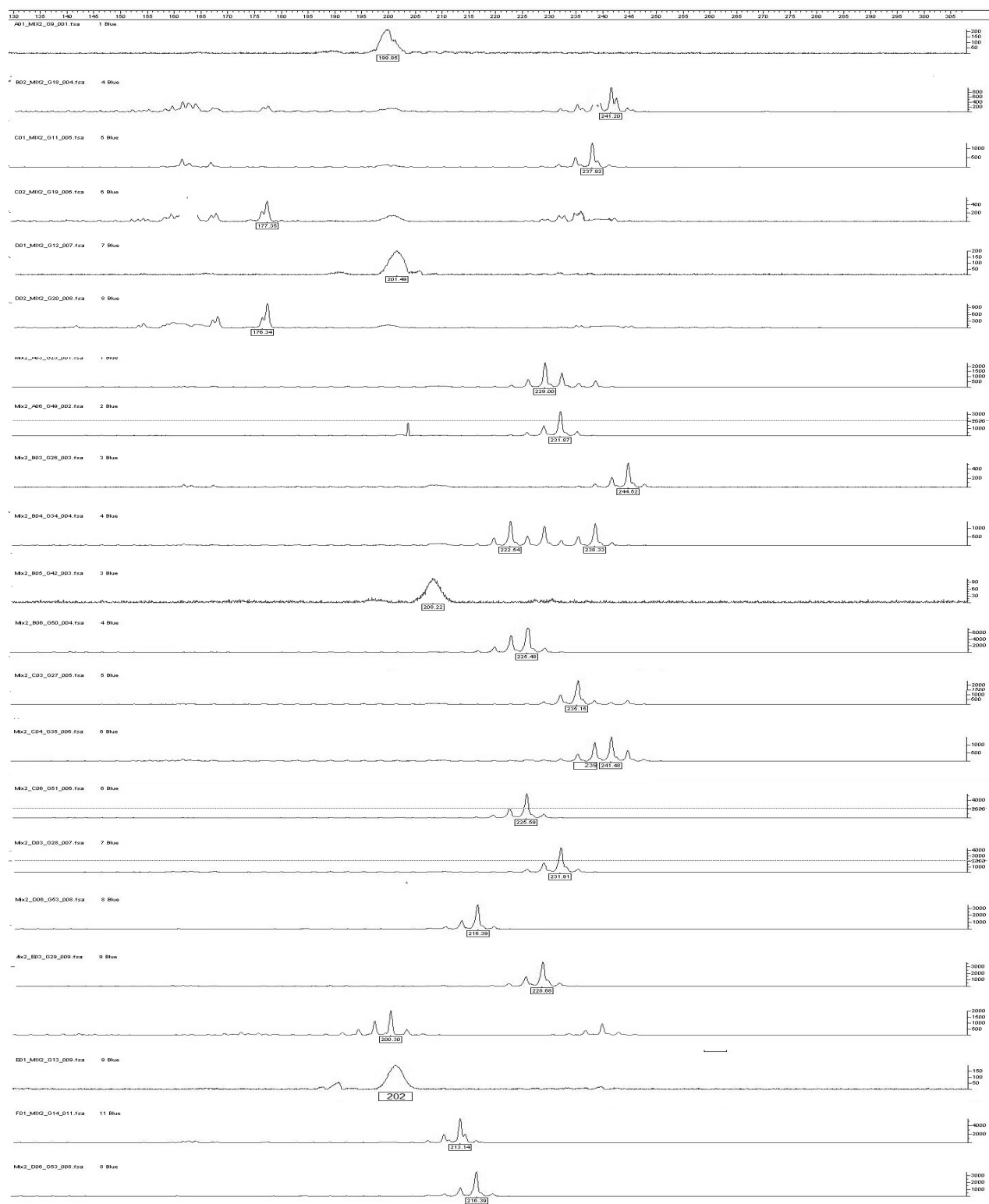
2. *Stacking gel*

Mettre dans un bécher:

- 1,96ml Acrilamide 40%
- 1,07ml Bis-achrilamide 2%
- 5ml 3M Tris-HCl (pH=6,8)
- 11,77ml Eau distillée
- 100µl PSA
- 13µl TEMED

Après une légère agitation, verser ce second gel au-dessus du premier et placer le peigne. Couvrir l'ensemble avec l'aluminium et laisser bien se gélifier (un jour) dans une chambre froide.

Annexe 5 : Exemple de visualisation des allèles par fragment analysis (Chaque pic représente un allele)



Annexe 6: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour Gr (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
'Ghab5'	25,9	****										
ILC 2614-3	26,5	****	****									
IG 6441	27,7	****	****	****								
ILC607-2	30,2	****	****	****	****							
ILC11830	30,5	****	****	****	****							
ICC2210	31,7	****	****	****	****	****						
Belkhadem	31,7	****	****	****	****	****						
ILC11829	32,8	****	****	****	****	****	****					
ILC7249	33,3	****	****	****	****	****	****					
Haddach	33,3	****	****	****	****	****	****					
ILC606-1	33,6	****	****	****	****	****	****					
FLIP82-92C	34,6	****	****	****	****	****	****					
ILC 2614-2	34,8	****	****	****	****	****	****					
ILC7245	36,7	****	****	****	****	****	****	****				
ILC7242	37,6	****	****	****	****	****	****	****	****			
Flip05-21C	37,7	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC606-2	37,7	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC607-1	38,0	****	****	****	****	****	****	****	****			
ICC7267	38,4	****	****	****	****	****	****	****	****	****		
Tizi-Ouzou 1	38,7	****	****	****	****	****	****	****	****	****		
Khedim 2	38,8	****	****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC3279	39,3	****	****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC 595	39,4	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC6910	39,6	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7241	40,4	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
'Twist'	40,8	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC6909	40,8	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC7248	41,1	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC7247	41,3	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
Flip05-156C	42,3		****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
Bouira1	42,4			****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC6911	42,9			****	****	****	****	****	****	****	****	****
ICC 17517	43,5				****	****	****	****	****	****	****	****
ILC 11832	43,6				****	****	****	****	****	****	****	****
GP10	45,3				****	****	****	****	****	****	****	****
ILC 2614-1	46,6					****	****	****	****	****	****	****
ILC598	48,2						****	****	****	****	****	****
ILC 604	48,4						****	****	****	****	****	****
F10-76	51,6							****	****	****	****	****
IG134526	51,7							****	****	****	****	****
IG134527	54,1								****	****	****	****
ILC7249	54,2								****	****	****	****
Khedim 1	55,2									****	****	****
ILC6193	55,9										****	****
ILC7238	60,2											****

Annexe 7: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour FI (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
ILC11830	89,8	****										
ILC6911	93,0	****	****									
ILC7247	94,8		****	****								
ILC606-1	94,9		****	****								
ILC606-2	95,0		****	****	****							
ILC607-2	95,2		****	****	****	****						
GP10	95,2		****	****	****	****						
Khedim 2	95,2		****	****	****	****						
Khedim 1	95,4		****	****	****	****	****					
ILC 595	95,6		****	****	****	****	****					
ILC 2614-1	96,5		****	****	****	****	****	****				
ILC598	96,6		****	****	****	****	****	****				
IG 6441	96,7		****	****	****	****	****	****				
ILC 2614-3	96,8		****	****	****	****	****	****				
ILC 604	96,9		****	****	****	****	****	****	****			
ILC7249	97,1		****	****	****	****	****	****	****			
'Ghab5'	97,2		****	****	****	****	****	****	****			
ILC7248	97,3			****	****	****	****	****	****			
Flip05-21C	97,4			****	****	****	****	****	****			
F10-76	97,4			****	****	****	****	****	****			
FLIP82-92C	97,6			****	****	****	****	****	****	****		
Tizi-Ouzou 1	97,6			****	****	****	****	****	****	****		
ILC6910	97,6			****	****	****	****	****	****	****		
ICC 17517	97,9			****	****	****	****	****	****	****		
Bouira 1	98,2			****	****	****	****	****	****	****		
'Twist'	98,2			****	****	****	****	****	****	****		
Haddach	98,4			****	****	****	****	****	****	****		
ILC7249	98,6			****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7242	98,8			****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC607-1	98,8			****	****	****	****	****	****	****	****	****
Flip05-156C	99,0			****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC7245	99,1			****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC6909	99,2				****	****	****	****	****	****	****	****
ILC11829	99,2				****	****	****	****	****	****	****	****
ILC 2614-2	99,3					****	****	****	****	****	****	****
Khedim 2	99,4					****	****	****	****	****	****	****
ILC 11832	99,6						****	****	****	****	****	****
ILC533	99,6						****	****	****	****	****	****
Belkhadem	100,1							****	****	****	****	****
ICC7267	100,2							****	****	****	****	****
IG134527	100,3							****	****	****	****	****
ILC7241	100,3							****	****	****	****	****
ILC7238	101,1								****	****	****	****
IG134526	101,7									****	****	****
ILC6193	102,8										****	****
ILC3279	103,0											****

Annexe 8: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour FPF (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
ILC11830	97,6	****												
Khedim 1	98,7	****	****											
ILC6911	100,6	****	****	****										
ILC7249	100,7	****	****	****										
ILC7247	101,2	****	****	****	****									
ILC533	102,0		****	****	****	****								
ILC606-2	102,1		****	****	****	****	****							
ILC 2614-1	102,8			****	****	****	****	****						
ILC607-2	103,0			****	****	****	****	****						
ILC606-1	103,0			****	****	****	****	****						
F10-76	103,1			****	****	****	****	****	****					
ILC598	103,3			****	****	****	****	****	****	****				
ILC 595	103,6			****	****	****	****	****	****	****	****			
Bouiral	103,7			****	****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC 604	103,8			****	****	****	****	****	****	****	****	****		
GP10	103,9			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC 2614-3	104,0			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
Flip05-21C	104,0			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
Haddach	104,2			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7238	104,3			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
FLIP82-92C	104,4			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
IG134527	104,6			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
Khedim 2	104,6			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
Tizi-Ouzou 1	104,7				****	****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC6909	105,1				****	****	****	****	****	****	****	****	****	
'Twist'	105,3					****	****	****	****	****	****	****	****	
ICC 17517	105,4					****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7241	105,5					****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7248	105,5					****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7245	105,8					****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC 11832	105,8					****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7242	106,0						****	****	****	****	****	****	****	
Khedim 2	106,1						****	****	****	****	****	****	****	
'Ghab5'	106,1							****	****	****	****	****	****	
ILC607-1	106,2							****	****	****	****	****	****	
ILC6910	106,4							****	****	****	****	****	****	
ILC 2614-2	106,6							****	****	****	****	****	****	
IG 6441	106,8							****	****	****	****	****	****	
ILC6193	107,0								****	****	****	****	****	****
ICC7267	107,0								****	****	****	****	****	****
IG134526	107,0								****	****	****	****	****	****
ILC7249	107,3									****	****	****	****	****
ILC11829	107,3										****	****	****	****
Flip05-156C	107,6											****	****	****
Belkhadem	107,9												****	****
ILC3279	110,8													****

Annexe 9: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour Mt (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
ILC533	107,6	****											
ILC7238	112,9	****	****										
ILC598	113,3	****	****	****									
Khedim 2	115,4	****	****	****	****								
ILC 2614-1	117,4		****	****	****	****							
ILC7249	117,6		****	****	****	****							
ILC6911	118,1		****	****	****	****	****						
Khedim 1	118,4		****	****	****	****	****	****					
IG134526	118,5		****	****	****	****	****	****					
ILC6193	119,2		****	****	****	****	****	****	****				
ILC 11832	119,4		****	****	****	****	****	****	****	****			
F10-76	121,4		****	****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC 604	121,7		****	****	****	****	****	****	****	****	****		
IG134527	122,2		****	****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC 2614-3	122,4		****	****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC3279	122,9			****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC11830	123,6				****	****	****	****	****	****	****	****	
Flip05-156C	124,3				****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7247	124,3				****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC7248	124,5				****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC606-1	125,1				****	****	****	****	****	****	****	****	
IG 6441	125,2					****	****	****	****	****	****	****	
Haddach	125,2					****	****	****	****	****	****	****	
ILC 595	125,3					****	****	****	****	****	****	****	
ILC607-2	125,3					****	****	****	****	****	****	****	
ILC7242	125,7					****	****	****	****	****	****	****	
Khedim 2	126,6					****	****	****	****	****	****	****	
ILC6910	126,7					****	****	****	****	****	****	****	
ILC606-2	127,4						****	****	****	****	****	****	
ICC 17517	127,5						****	****	****	****	****	****	
Bouira1	127,5						****	****	****	****	****	****	
ILC7241	127,7						****	****	****	****	****	****	
ILC6909	128,0							****	****	****	****	****	
'Twist'	128,0							****	****	****	****	****	
FLIP82-92C	128,1							****	****	****	****	****	
Tizi-Ouzou 1	128,5								****	****	****	****	
GP10	128,9									****	****	****	****
ICC7267	129,2										****	****	****
Flip05-21C	129,3										****	****	****
ILC11829	129,7										****	****	****
ILC 2614-2	130,1										****	****	****
ILC7249	130,4										****	****	****
ILC607-1	130,5										****	****	****
ILC7245	132,8											****	****
Belkhadem	132,9											****	****
'Ghab5'	138,3												****

Annexe 10: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour PH (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
'Ghab5'	50,8	*****												
Tizi-Ouzou 1	52,5	*****	*****											
ILC7249	52,6	*****	*****											
ILC7245	52,7	*****	*****	*****										
ILC11830	53,2	*****	*****	*****										
G12	54,4	*****	*****	*****	*****									
ILC11829	55,2	*****	*****	*****	*****	*****								
ILC607-1	55,6	*****	*****	*****	*****	*****	*****							
'Twist'	55,9	*****	*****	*****	*****	*****	*****							
ILC7242	59,1	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
ILC 595	59,2	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
IG 6441	59,4	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
ILC 2614-2	60,1	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ICC 17517	60,2	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC606-2	60,5	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
Belkhadem	60,6	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
Khedim 2	61,4	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ICC7267	62,3	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
Flip05-21C	62,4	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ILC7247	62,9	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
Haddach	63,2	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC606-1	64,2	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC6910	64,3	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
FLIP82-92C	64,5	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
GP10	65,0	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC7248	65,1	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
Bouira1	65,4		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 2614-3	65,4		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC6909	65,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG134527	67,0			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC607-2	67,6				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC7241	68,3				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 11832	69,5					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
F10-76	69,8						*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 604	70,4							*****	*****	*****	*****	*****		
Flip05-156C	71,4							*****	*****	*****	*****	*****		
ILC6911	72,2							*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 2614-1	72,6							*****	*****	*****	*****	*****		
IG134526	73,8								*****	*****	*****	*****	*****	
Khedim 1	75,5									*****	*****	*****	*****	
ILC3279	75,5									*****	*****	*****	*****	
ILC6193	76,8										*****	*****	*****	
ILC598	76,9										*****	*****	*****	
ILC7249	77,9											*****	*****	*****
ILC7238	87,7												*****	*****
ILC533	91,7													*****

Annexe 11: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour DIP (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
'Ghab5'	37,7	*****											
Tizi-Ouzou 1	38,2	*****											
Belkhadem	39,6	*****	*****										
GP10	42,2	*****	*****	*****									
ILC7245	45,0	*****	*****	*****	*****								
ICC 17517	46,7	*****	*****	*****	*****	*****							
ILC607-1	47,2	*****	*****	*****	*****	*****							
Bouira1	47,3	*****	*****	*****	*****	*****							
ILC 595	48,2	*****	*****	*****	*****	*****							
ILC7242	48,6	*****	*****	*****	*****	*****							
ILC7249	49,5	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
'Twist'	50,4	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ICC7267	50,5	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
IG 6441	52,0	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ILC606-2	52,3	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ILC7247	52,8	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
Haddach	52,9	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
FLIP82-92C	53,4	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC6910	53,6	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC 2614-3	55,1	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ICC2210	55,2	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC607-2	55,4	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
Flip05-21C	55,6	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC 604	55,6	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC7248	55,9	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC11829	57,6	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC7241	58,0	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC11830	59,1		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC6909	59,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
IG134527	60,8			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
F10-76	61,2			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 2614-2	61,6			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC606-1	61,7			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC6911	63,9				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
Flip05-156C	64,7				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC6193	66,9					*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC7249	67,0					*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG134526	70,0						*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 11832	71,7							*****	*****	*****	*****	*****	*****
Khedim 1	72,4							*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC 2614-1	72,4							*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC3279	73,6								*****	*****	*****	*****	*****
ILC7238	81,1									*****	*****	*****	*****
Khedim 2	89,3										*****	*****	*****
ILC533	92,2											*****	*****
ILC598	95,0												*****

Annexe 12: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour NPB (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
'Ghab5'	9,2	****										
ILC7245	19,1	****	****									
Tizi-Ouzou 1	22,0	****	****	****								
Belkhadem	22,4	****	****	****								
ILC7249	25,4	****	****	****	****							
ILC607-1	25,7	****	****	****	****							
ILC11830	28,7	****	****	****	****	****						
Flip05-21C	28,9	****	****	****	****	****						
ILC11829	29,0	****	****	****	****	****						
ILC7242	31,7	****	****	****	****	****	****					
ILC 595	31,8	****	****	****	****	****	****					
ICC2210	31,9	****	****	****	****	****	****					
ILC 2614-2	32,0	****	****	****	****	****	****					
GP10	32,0	****	****	****	****	****	****					
ICC7267	32,1	****	****	****	****	****	****					
ILC6909	32,1	****	****	****	****	****	****					
'Twist'	32,2	****	****	****	****	****	****					
IG 6441	35,1		****	****	****	****	****	****				
ILC606-2	35,2		****	****	****	****	****	****				
ICC 17517	35,3		****	****	****	****	****	****				
ILC7247	35,3		****	****	****	****	****	****				
ILC7241	35,6		****	****	****	****	****	****				
FLIP82-92C	38,4		****	****	****	****	****	****	****			
ILC6910	38,4		****	****	****	****	****	****	****			
ILC606-1	38,6		****	****	****	****	****	****	****			
Haddach	38,7		****	****	****	****	****	****	****			
Bouiral	38,7		****	****	****	****	****	****	****			
ILC 2614-3	41,8		****	****	****	****	****	****	****			
ILC607-2	41,8		****	****	****	****	****	****	****			
ILC7248	41,9		****	****	****	****	****	****	****			
Khedim 2	44,9			****	****	****	****	****	****	****		
Flip05-156C	45,2			****	****	****	****	****	****	****		
F10-76	48,4				****	****	****	****	****	****		
ILC3279	48,5				****	****	****	****	****	****		
ILC 604	48,5				****	****	****	****	****	****		
IG134527	48,6				****	****	****	****	****	****		
ILC6911	51,7					****	****	****	****	****	****	
ILC 11832	55,0						****	****	****	****	****	
ILC 2614-1	58,1							****	****	****	****	
Khedim 1	58,2							****	****	****	****	
IG134526	58,3							****	****	****	****	
ILC7249	58,3							****	****	****	****	
ILC6193	61,6								****	****	****	****
ILC598	68,2									****	****	****
ILC7238	74,6										****	****
ILC533	84,6											****

Annexe 13: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour NSB (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
'Ghab5'	25,0	****											
ILC7245	31,9	****	****										
Tizi-Ouzou 1	32,1	****	****										
Belkhadem	32,3	****	****										
ILC7249	33,7	****	****										
ICC2210	35,4	****	****	****									
'Twist'	36,7	****	****	****	****								
ILC11830	37,2	****	****	****	****								
ILC11829	38,1	****	****	****	****	****							
ILC607-1	38,3	****	****	****	****	****							
ILC 2614-2	38,4	****	****	****	****	****							
ILC 595	40,0	****	****	****	****	****							
Flip05-21C	40,5	****	****	****	****	****	****						
ICC7267	40,7	****	****	****	****	****	****						
ILC7242	40,8	****	****	****	****	****	****						
ILC6909	40,8	****	****	****	****	****	****						
GP10	42,2	****	****	****	****	****	****	****					
ICC 17517	42,5	****	****	****	****	****	****	****					
ILC606-2	42,6	****	****	****	****	****	****	****	****				
IG 6441	42,6	****	****	****	****	****	****	****	****				
ILC6910	45,0	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC7247	45,1	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC7241	45,4	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
Bouira1	45,5	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
Haddach	45,6	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
FLIP82-92C	46,4		****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC7248	48,5		****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC 2614-3	48,7		****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC606-1	49,3		****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC607-2	50,9		****	****	****	****	****	****	****	****			
Flip05-156C	51,1		****	****	****	****	****	****	****	****			
Khedim 2	51,5		****	****	****	****	****	****	****	****			
IG134527	54,9			****	****	****	****	****	****	****	****		
F10-76	55,6			****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC 604	55,6			****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC3279	56,3				****	****	****	****	****	****	****		
ILC6911	58,8					****	****	****	****	****	****		
ILC 11832	60,9						****	****	****	****	****	****	
ILC 2614-1	61,7							****	****	****	****	****	****
IG134526	62,6							****	****	****	****	****	****
Khedim 1	62,6							****	****	****	****	****	****
ILC6193	63,4								****	****	****	****	****
ILC7249	63,9									****	****	****	****
ILC598	73,1										****	****	****
ILC7238	80,0											****	****
ILC533	86,4												****

Annexe 14: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour NP (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
ILC7245	53,3	****													
'Twist'	53,9	****	****												
Belkhadem	55,9	****	****	****											
Bouira1	59,5	****	****	****	****										
ILC7242	63,2	****	****	****	****	****									
'Ghab5'	64,3	****	****	****	****	****	****								
Haddach	64,5	****	****	****	****	****	****								
Flip05-156C	65,1	****	****	****	****	****	****	****							
ILC7241	65,8	****	****	****	****	****	****	****							
ILC6909	66,8	****	****	****	****	****	****	****	****						
ILC606-2	67,6	****	****	****	****	****	****	****	****	****					
IG 6441	68,3	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****				
GP10	68,3	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****				
Tizi-Ouzou 1	68,6	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****				
ILC6910	68,8	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****				
ILC7249	71,8		****	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC7247	72,7			****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ICC7267	72,8			****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC 2614-1	73,1			****	****	****	****	****	****	****	****	****			
IG134527	73,2			****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ICC 17517	73,2			****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC11829	73,3			****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC 595	73,4			****	****	****	****	****	****	****	****	****			
IG134526	74,7				****	****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC607-1	75,9				****	****	****	****	****	****	****	****	****		
F10-76	77,6				****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC 2614-3	77,8				****	****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC6911	79,0					****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC 604	79,6					****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
Flip05-21C	80,1					****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
FLIP82-92C	81,1					****	****	****	****	****	****	****	****	****	****
ICC2210	82,5						****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC11830	82,6						****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC7249	82,6						****	****	****	****	****	****	****	****	****
ILC 2614-2	83,2							****	****	****	****	****	****	****	****
ILC 11832	83,3							****	****	****	****	****	****	****	****
ILC607-2	83,5							****	****	****	****	****	****	****	****
Khedim 1	84,6								****	****	****	****	****	****	****
ILC3279	84,9								****	****	****	****	****	****	****
ILC7248	85,4									****	****	****	****	****	****
ILC6193	85,6									****	****	****	****	****	****
ILC606-1	87,6										****	****	****	****	****
Khedim 2	92,9											****	****	****	****
ILC533	95,6												****	****	****
ILC598	96,1													****	****
ILC7238	99,0														****

Annexe 15: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour NS (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
ILC7245	54,2	*****											
'Twist'	54,5	*****											
Belkhadem	58,0	*****	*****										
ILC7242	64,2	*****	*****	*****									
Bouira1	64,5	*****	*****	*****	*****								
Haddach	65,5	*****	*****	*****	*****	*****							
GP10	68,3	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
'Ghab5'	68,9	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
Flip05-156C	68,9	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
IG 6441	69,3	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC7241	69,5	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC6909	70,0	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC606-2	70,4	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
Tizi-Ouzou 1	70,8	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC6910	71,5	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
F10-76	72,7	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC 2614-1	72,8	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC7249	73,2	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC11829	73,7		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC7247	75,3		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG134526	75,4		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC607-1	76,5		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 595	76,5		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG134527	78,0			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ICC 17517	79,0			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 604	79,9			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 2614-3	80,6			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ICC7267	82,2			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC6911	82,3			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC 11832	83,0			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC 2614-2	83,3				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
Flip05-21C	84,0					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ICC2210	84,2					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC7249	85,2						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC607-2	85,3						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
Khedim 1	85,6						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC6193	86,2						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
FLIP82-92C	86,2						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC3279	87,2						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC7248	87,3							*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC606-1	90,2								*****	*****	*****	*****	*****
ILC11830	91,0									*****	*****	*****	*****
Khedim 2	93,6										*****	*****	*****
ILC533	97,8											*****	*****
ILC598	99,1												*****
ILC7238	107,0												

Annexe 16: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour 100WP (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
'Ghab5'	52,1	*****														
ILC7245	62,3	*****	*****													
Flip05-21C	64,5	*****	*****	*****												
ILC607-1	64,9	*****	*****	*****	*****											
ICC 17517	65,1	*****	*****	*****	*****	*****										
ILC7249	65,3	*****	*****	*****	*****	*****	*****									
ILC7247	65,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****								
ILC606-2	67,4		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****							
ILC6909	68,5		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
Haddach	68,7		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
Tizi-Ouzou 1	69,3		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
'Twist'	70,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC7242	71,1		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
FLIP82-92C	71,2		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC606-1	71,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC11830	72,5		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ILC607-2	72,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC 604	73,7		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC7248	73,7		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ICC7267	73,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
Belkhadem	73,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
Bouiral	74,5		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 595	74,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC11829	75,2		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
GP10	75,7		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG 6441	75,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC6910	76,0		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG134527	76,5			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC6911	77,7			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC7241	78,1			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
IG134526	78,4				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 2614-2	78,7					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ICC2210	78,8						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 11832	79,2							*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
Flip05-156C	79,9								*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC 2614-3	80,6								*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC7249	81,6									*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC3279	81,9									*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC7238	83,9										*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC6193	85,5											*****	*****	*****	*****	*****
ILC 2614-1	85,7											*****	*****	*****	*****	*****
F10-76	86,2												*****	*****	*****	*****
Khedim 1	90,5													*****	*****	*****
Khedim 2	92,9														*****	*****
ILC533	93,2														*****	*****
ILC598	98,0															*****

Annexe 17: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour 100SW (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
'Ghab5'	37,2	*****												
ILC7245	47,9	*****	*****											
ICC 17517	52,9	*****	*****	*****										
Flip05-21C	53,8	*****	*****	*****	*****									
ILC607-1	55,5		*****	*****	*****	*****								
ILC6909	56,8		*****	*****	*****	*****	*****							
Haddach	57,2		*****	*****	*****	*****	*****							
Bouiral	57,4		*****	*****	*****	*****	*****							
ILC7249	57,5		*****	*****	*****	*****	*****							
Tizi-Ouzou 1	57,6		*****	*****	*****	*****	*****							
Belkhadem	58,0		*****	*****	*****	*****	*****							
ILC7247	59,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****						
ILC606-2	60,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ICC7267	61,0		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC607-2	61,6		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
GP10	62,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC7242	63,0		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
'Twist'	63,6		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
FLIP82-92C	63,7		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC7241	63,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC606-1	63,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
IG134527	65,5			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC11830	65,8			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC6910	65,8			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC 604	66,3			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC7248	66,6			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC 595	66,8			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
Flip05-156C	67,1			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC11829	67,3			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC6911	68,1			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG 6441	70,5				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
F10-76	71,7					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ICC2210	72,1					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 2614-3	72,4					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG134526	72,5					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC7249	73,4						*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC3279	75,8							*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 2614-2	75,8							*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 11832	78,2								*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 2614-1	78,9									*****	*****	*****	*****	
ILC7238	79,2										*****	*****	*****	
ILC6193	80,1										*****	*****	*****	
Khedim 1	84,9											*****	*****	*****
Khedim 2	92,0												*****	*****
ILC533	92,1												*****	*****
ILC598	97,9													*****

Annexe 18: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour PW (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
'Ghab5'	35,3	****														
ILC7245	37,6	****	****													
Belkhadem	47,4	****	****	****												
'Twist'	48,4	****	****	****	****											
Haddach	50,1	****	****	****	****	****										
Bouira1	50,4	****	****	****	****	****										
ILC607-1	52,4	****	****	****	****	****	****									
ILC6909	52,7	****	****	****	****	****	****									
ILC7242	52,9	****	****	****	****	****	****									
ILC7249	53,5	****	****	****	****	****	****	****								
ILC606-2	53,7	****	****	****	****	****	****	****								
ILC7247	54,1	****	****	****	****	****	****	****	****							
Flip05-21C	54,2	****	****	****	****	****	****	****	****							
ICC 17517	54,3	****	****	****	****	****	****	****	****							
Tizi-Ouzou 1	54,8	****	****	****	****	****	****	****	****							
GP10	55,4		****	****	****	****	****	****	****	****						
IG 6441	55,5		****	****	****	****	****	****	****	****						
ILC6910	57,4		****	****	****	****	****	****	****	****						
ILC7241	57,5		****	****	****	****	****	****	****	****						
ICC7267	58,2			****	****	****	****	****	****	****	****					
Flip05-156C	59,7			****	****	****	****	****	****	****	****					
ILC607-2	60,4			****	****	****	****	****	****	****	****	****				
ILC 595	60,7			****	****	****	****	****	****	****	****	****				
FLIP82-92C	62,2			****	****	****	****	****	****	****	****	****				
ILC11829	62,9			****	****	****	****	****	****	****	****	****				
IG134527	63,6			****	****	****	****	****	****	****	****	****				
ILC 604	64,3			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC6911	66,6			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC11830	66,7			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC7248	66,8			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC 2614-3	67,2			****	****	****	****	****	****	****	****	****	****			
ILC606-1	67,6				****	****	****	****	****	****	****	****	****			
IG134526	68,0				****	****	****	****	****	****	****	****	****			
F10-76	69,8					****	****	****	****	****	****	****	****			
G12	70,7						****	****	****	****	****	****	****			
ILC 2614-2	71,3						****	****	****	****	****	****	****			
ILC7249	71,9						****	****	****	****	****	****	****	****		
ILC 11832	73,2							****	****	****	****	****	****	****	****	
ILC 2614-1	73,8								****	****	****	****	****	****	****	
ILC3279	75,0									****	****	****	****	****	****	****
ILC6193	78,1										****	****	****	****	****	****
Khedim 1	80,0											****	****	****	****	****
ILC7238	83,8												****	****	****	****
Khedim 2	91,3													****	****	****
ILC533	92,1														****	****
ILC598	94,6															****

Annexe 19: Groupes homogènes générés par le test de comparaison multiples LSD pour SY (Variété témoin)

Codes	Moy.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
'Ghab5'	27,9	*****												
ILC7245	35,4	*****	*****											
Belkhadem	41,6	*****	*****	*****										
Haddach	46,0	*****	*****	*****	*****									
Bouiral	46,1	*****	*****	*****	*****									
ILC607-1	46,8	*****	*****	*****	*****	*****								
Flip05-21C	47,7	*****	*****	*****	*****	*****	*****							
Tizi-Ouzou 1	48,5	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****						
ICC 17517	49,2		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
'Twist'	49,2		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
GP10	49,3		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC6909	49,4		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC606-2	49,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC7249	50,0		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****					
ILC7247	51,8		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ILC7242	52,2		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ILC7241	53,1		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****				
ILC6910	55,9		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ICC7267	56,1		*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
Flip05-156C	56,7			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC607-2	56,9			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****			
ILC 595	58,0			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
FLIP82-92C	58,1			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
IG 6441	59,6			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC11829	59,8			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****		
ILC 604	60,2			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
IG134527	61,4			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC606-1	62,1			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC7248	62,5			*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC6911	62,9				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC11830	63,8				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
F10-76	64,7				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
IG134526	66,5				*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 2614-3	67,4					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ICC2210	67,5					*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC7249	68,4						*****	*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 2614-1	69,4							*****	*****	*****	*****	*****	*****	
ILC 2614-2	71,6								*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC3279	72,5								*****	*****	*****	*****	*****	*****
ILC 11832	74,7									*****	*****	*****	*****	*****
ILC6193	74,8									*****	*****	*****	*****	*****
Khedim 1	78,2										*****	*****	*****	*****
ILC7238	80,8											*****	*****	*****
Khedim 2	91,2												*****	*****
ILC533	91,8												*****	*****
ILC598	97,7													*****

Annexe 20 : Identification des vingh géotypes les plus tardifs pour GR par la méthode des BLUPs

géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
'Twist'	28.72	1.111	27.09
Khedim 1	28.63	1.275	26.74
ILC533	27.86	2.100	25.42
FLIP82-92C	27.22	1.069	26.19
IG134526	27.00	1.243	25.85
F10-76	26.95	1.243	25.82
IG134527	26.89	1.275	25.75
Khedim 2	26.32	1.111	25.56
ILC 11832	26.09	1.159	25.38
ICC 17517	26.04	1.159	25.35
ILC 604	25.90	1.213	25.23
ILC6193	25.89	1.310	25.15
ILC598	25.52	1.213	25.00
ILC7241	25.29	1.134	24.89
GP10	25.05	1.185	24.72
ILC7242	24.88	1.111	24.64
ILC 2614-2	24.65	1.090	24.50
Bouira1	24.61	1.159	24.46
ILC7238	24.50	1.389	24.37
Flip05-156C	24.39	1.159	24.33

Gras : variété témoin

Annexe 21: Identification des vingt géotypes les plus tardifs pour FI par la méthode des BLUPs

Géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC6193	104.04	2.402	101.10
ILC3279	103.86	2.130	101.47
IG134526	101.89	2.405	99.81
ILC7238	101.30	2.773	99.07
ILC7241	100.51	2.209	99.14
ICC7267	100.31	2.208	99.01
Belkhadem	100.07	2.001	99.05
IG134527	99.33	2.464	98.23
ILC 11832	99.09	2.252	98.20
ILC 2614-2	98.96	2.061	98.23
ILC7245	98.92	2.095	98.18
ILC11829	98.92	2.061	98.20
Khedim 2	98.67	2.297	97.91
ILC6909	98.54	2.207	97.87
ILC607-1	98.35	2.130	97.78
ILC7242	98.32	2.094	97.77
Flip05-156C	98.08	2.207	97.58
ILC7249	97.95	2.094	97.53
'Twist'	97.50	2.167	97.20
Haddach	97.49	2.252	97.17

Gras : variété témoin

Annexe 22: Identification des vingt géotypes les plus tardifs pour FG par la méthode des BLUPs

géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC3279	113.4	1.866	111.2
ILC7249	112.2	2.256	109.8
IG134526	111.4	2.195	109.4
Flip05-156C	110.8	2.032	109.2
ICC7267	109.4	1.943	108.3
Khedim 2	108.7	2.031	107.8
ILC7238	108.6	2.493	107.5
ILC7249	108.5	1.830	107.8
Belkhadem	108.4	1.737	107.8
IG 6441	108.4	1.866	107.7
ILC11829	108.3	1.797	107.7
ILC6910	108.1	1.903	107.5
ILC 11832	107.8	1.986	107.2
ILC 2614-2	107.6	1.830	107.2
ILC7248	107.6	1.985	107.1
ILC607-1	107.6	1.866	107.1
IG134527	107.6	2.258	107.0
ICC 17517	107.4	1.985	107.0
ILC7241	107.3	1.944	106.9
ILC7242	107.3	1.865	106.9

Gras : variété témoin

Annexe 23: Identification des vingt géotypes les plus tardifs pour Mt par la méthode des
BLUPs

Genotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC6193	143.1	2.363	140.6
ILC 2614-2	142.5	1.926	140.7
ILC3279	142.1	2.161	140.4
ILC6910	141.8	2.008	140.4
Flip05-156C	141.8	2.105	140.3
ILC607-2	141.6	2.053	140.3
ICC7267	141.6	1.927	140.3
ILC533	141.5	3.677	139.7
FLIP82-92C	141.4	1.965	140.3
ILC7241	141.4	1.966	140.2
Khedim 1	141.3	2.364	140.0
ILC7238	141.2	2.792	139.8
IG134526	141.0	2.368	139.9
'Ghab5'	140.9	1.715	140.2
GP10	140.8	1.926	140.0
ILC 11832	140.8	2.292	139.8
Belkhadem	140.7	1.823	140.0
Bouira1	140.7	1.965	139.9
ILC606-2	140.7	1.964	139.9
IG134527	140.6	2.160	139.8

Gras : variété témoin

Annexe 24: Identification des vingt meilleurs géotypes pour PH par la méthode des BLUPs

Géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC3279	53.42	1.997	52.29
ILC7242	51.55	1.838	50.80
ILC6909	50.85	1.805	50.18
Belkhadem	50.65	1.723	50.07
ILC7238	50.40	2.655	48.94
GP10	49.79	1.805	49.20
Flip05-156C	49.12	1.952	48.47
Flip05-21C	48.56	1.775	48.09
ILC7249	47.95	2.166	47.27
Bouira1	47.63	1.837	47.21
'Twist'	47.31	1.636	47.02
ICC7267	45.27	1.806	45.06
ILC607-2	45.19	1.909	44.95
ILC6193	45.01	2.165	44.71
ILC533	44.53	3.273	44.01
ILC6911	44.29	2.053	44.08
ILC7247	44.07	1.837	43.94
FLIP82-92C	43.65	1.872	43.55
ILC 604	43.57	1.996	43.47
ILC606-1	43.23	1.873	43.16

Gras : variété témoin

Annexe 25: Identification des vingt meilleurs géotypes pour D1P par la méthode des BLUPs

Genotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC6909	28.32	0.9745	27.41
ILC3279	26.36	1.2052	25.23
ILC7241	25.23	0.9750	24.56
Flip05-156C	23.14	1.0712	22.54
Belkhadem	20.93	0.8416	20.68
Flip05-21C	20.82	0.9742	20.50
Bouira1	20.42	0.9005	20.18
'Ghab5'	18.44	0.8417	18.34
ILC7242	18.21	0.9230	18.11
ILC6910	17.38	0.9745	17.34
ILC7245	17.01	0.9003	17.00
FLIP82-92C	16.97	0.9742	16.95
GP10	16.93	0.8797	16.92
ICC7267	16.93	0.9480	16.92
'Twist'	16.78	0.9483	16.78
ILC606-1	16.72	1.0711	16.72
ILC 2614-2	16.64	1.0709	16.65
IG134526	16.52	1.2065	16.54
ILC7248	16.48	1.0042	16.51
Haddach	16.20	0.9763	16.25

Gras : variété témoin

Annexe 26: Identification des vingt meilleurs génotypes pour NPB par la méthode des
BLUPs

Génotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC11829	2.870	0.2238	2.631
IG134527	2.790	0.2483	2.569
ILC7241	2.789	0.2307	2.589
Belkhadem	2.770	0.2179	2.594
ILC607-1	2.755	0.2208	2.585
Flip05-21C	2.748	0.2237	2.577
ILC7245	2.720	0.2154	2.575
ILC533	2.714	0.2344	2.553
Haddach	2.661	0.2346	2.531
'Ghab5'	2.659	0.2085	2.551
ILC533	2.651	0.3936	2.476
'Twist'	2.644	0.2270	2.530
Flip05-156C	2.641	0.2433	2.518
ILC6909	2.580	0.2270	2.502
ILC6911	2.568	0.2546	2.486
ILC606-1	2.538	0.2345	2.481
ILC7247	2.520	0.2305	2.475
ILC 604	2.498	0.2481	2.464
GP10	2.494	0.2271	2.465
ILC3279	2.491	0.2483	2.461

Gras : variété témoin

Annexe 27: Identification des vingt meilleurs géotypes pour NSB par la méthode des
BLUPs

Géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC7238	20.50	3.461	17.28
ILC606-1	20.49	2.880	18.44
'Ghab5'	19.93	2.726	18.52
Flip05-21C	18.95	2.815	17.60
ILC6911	18.66	3.005	17.04
ILC607-1	18.56	2.797	17.39
ILC7247	17.58	2.855	16.62
GP10	17.53	2.834	16.62
ILC7245	17.44	2.765	16.67
ILC3279	17.29	2.965	16.31
ILC607-2	17.04	2.904	16.23
ILC7241	16.63	2.856	16.02
ILC7249	16.39	3.086	15.68
F10-76	16.23	2.965	15.67
ILC598	15.93	3.270	15.38
ILC 604	15.92	2.964	15.48
ILC11829	15.49	2.815	15.27
FLIP82-92C	15.48	2.879	15.24
Belkhadem	15.43	2.780	15.24
IG134527	15.38	2.965	15.15

Gras : variété témoin

Annexe 28 : Identification des vingt meilleurs géotypes pou NP par la méthode des BLUPs

Géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC7238	83.51	16.28	65.44
ILC606-1	76.48	14.11	66.17
ILC607-2	69.28	13.80	62.33
Flip05-21C	68.99	13.44	62.84
ILC6911	65.29	14.33	58.77
ILC7248	65.04	14.12	59.16
FLIP82-92C	64.52	13.95	58.97
'Ghab5'	61.50	12.89	58.38
ILC7249	60.87	14.77	55.75
ILC3279	60.61	15.39	55.07
ILC 604	60.48	14.11	56.19
ILC11830	59.49	14.51	55.25
ILC607-1	59.39	13.44	56.29
ILC7247	58.67	13.55	55.57
ILC 2614-2	56.58	14.76	53.41
ICC 17517	55.86	13.55	53.74
GP10	54.62	13.44	52.88
ICC2210	54.53	14.77	52.25
ILC7249	54.13	13.67	52.45
ILC6193	52.60	15.38	51.01

Gras : variété témoin

**Annexe 29 : Identification des vingt meilleurs géotypes pou NTGn par la méthode des
BLUPs**

Géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC7238	112.60	18.22	82.88
ILC606-1	81.92	15.69	72.05
ILC11830	79.01	16.16	69.39
Flip05-21C	74.72	14.89	68.76
FLIP82-92C	74.13	15.49	67.38
ILC6911	73.28	15.94	66.11
ILC607-2	72.50	15.32	66.58
ILC7248	68.63	15.69	63.65
ILC3279	68.07	17.18	61.84
ILC7249	67.80	16.45	62.29
ICC 17517	67.30	14.89	63.55
'Ghab5'	66.64	14.24	63.76
ICC7267	65.52	15.16	62.10
ILC7247	62.97	15.02	60.38
ILC 604	61.39	15.69	58.93
ILC607-1	59.92	14.89	58.41
ICC2210	58.67	16.45	57.02
ILC 2614-3	57.87	16.17	56.57
ILC 2614-2	56.83	16.44	55.94
ILC7249	56.63	15.16	55.98

Gras : variété témoin

**Annexe 30: Identification des vingt meilleurs géotypes pou 100WP par la méthode des
BLUPs**

Géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
F10-76	69.36	3.466	65.86
GP10	62.99	2.900	61.19
Belkhadem	62.29	2.830	60.64
Khedim 1	61.79	4.585	58.28
ILC7241	60.60	3.145	58.86
Bouira1	59.19	2.975	57.78
Flip05-156C	58.88	3.348	57.21
ILC6910	56.83	3.145	55.61
ICC7267	55.64	3.056	54.64
ILC7249	54.62	4.101	53.22
ILC 2614-3	53.97	3.596	52.94
ILC7245	52.68	2.647	52.21
ILC7249	52.51	3.743	51.69
ILC7242	51.13	3.056	50.73
ILC6911	51.04	3.466	50.55
'Twist'	50.67	3.056	50.33
IG 6441	50.55	3.348	50.17
Haddach	49.93	2.975	49.70
ILC 2614-1	49.90	4.322	49.48
ILC 595	48.74	3.348	48.65

Gras : variété témoin

Annexe 31: Identification des vingt meilleurs géotypes pou 100WP par la méthode des
BLUPs

Géotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
GP10	43.85	2.222	41.81
Khedim 1	40.45	3.450	37.30
Belkhadem	39.76	2.172	38.38
ILC6193	38.33	3.091	36.20
F10-76	38.21	2.629	36.60
IG 6441	35.45	2.635	34.39
ILC7241	35.16	2.400	34.31
ILC6910	34.96	2.468	34.09
'Twist'	34.78	2.400	33.99
ILC7245	34.47	2.041	33.92
ILC 2614-1	34.36	3.095	33.26
Flip05-156C	33.42	2.550	32.79
ILC 595	32.45	2.546	32.01
ILC 2614-2	32.29	2.951	31.76
Bouira1	32.18	2.275	31.85
ILC7249	32.16	2.833	31.68
ILC7248	32.07	2.546	31.70
Haddach	31.92	2.278	31.64
ILC 604	31.68	2.544	31.38
ILC607-2	31.31	2.398	31.10

Gras : variété témoin

Annexe 32: Identification des vingt meilleurs génotypes pou PTGs par la méthode des
BLUPs

Génotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
ILC606-1	35.34	7.149	29.80
F10-76	34.88	7.248	29.39
GP10	34.00	6.793	29.82
ILC6911	33.17	7.263	28.43
ILC607-2	32.28	6.914	28.67
ILC6193	31.24	7.816	27.02
ILC7249	31.20	7.494	27.25
ILC7238	31.18	8.290	26.69
Flip05-21C	30.48	6.792	27.81
ILC7248	30.26	7.151	27.29
ILC 604	28.74	7.149	26.42
FLIP82-92C	28.68	7.061	26.48
'Ghab5'	28.61	6.499	27.01
ILC7247	28.18	6.849	26.37
ICC7267	27.66	6.914	26.11
ILC3279	26.89	7.821	25.15
ILC 2614-2	26.85	7.488	25.33
ICC 17517	26.56	6.849	25.50
Belkhadem	26.12	6.740	25.23
ILC607-1	26.10	6.793	25.29

Gras : variété témoin

Annexe 33 : Identification des vingt meilleurs génotypes pou SY par la méthode des BLUPs

Génotypes	Predicted means (BLUEs)	Prediction standard errors (BLUEs)	Predicted means (BLUPs)
GP10	24.48	4.993	21.35
ILC606-1	24.09	5.241	20.60
F10-76	23.83	5.310	20.35
ILC6911	23.60	5.321	20.15
ILC607-2	22.89	5.126	20.19
ILC7249	22.26	5.243	19.70
ILC7249	21.76	5.482	19.06
ILC6193	21.68	5.707	18.86
ILC7238	21.31	6.039	18.52
FLIP82-92C	20.93	5.179	19.01
Flip05-156C	20.68	4.992	19.11
ILC 2614-2	20.28	5.583	18.35
ILC 604	20.28	5.241	18.59
'Ghab5'	20.22	4.789	19.05
ICC7267	19.92	5.127	18.57
ILC7245	19.68	5.076	18.41
ICC 17517	18.68	5.032	17.90
ILC3279	18.31	5.711	17.38
ILC607-1	18.19	4.993	17.65
ILC 2614-3	18.19	5.481	17.40

Gras : variété témoin

Annexe 34: Les Variations de second ordre du log vraisemblance (ΔK) dérivées de l'analyse de la structure avec les modèles analysés.

Modèles analysés	Nombre de cluster K	La valeur de ΔK la plus élevée
mixité et fréquences alléliques corrélées	5	5,56
mixité et fréquences alléliques indépendantes	2	273,19
non-mixité et fréquences alléliques corrélées	6	10,10
non-mixité et fréquences alléliques indépendantes	4	17,90

Annexe 35 : Productions scientifiques

1. Article

Bellemou D., Millan, T., Gil, J., Abdelguerfi, A., & Laouar, M. (2020). Genetic diversity and population structure of Algerian chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes using agro-morphological traits and molecular markers linked and not-linked to interest gene/QTL. *Crop & Pasture science* 71 : 155-170.

2. Communications

- i. **BELLEMOU D., LAOUAR M., AND ABDELGUERFI A.** (2018). Caractérisation agro-morphologique et moléculaire de quelques génotypes du pois chiche algérien. 2018. INRA/RSDT Congrès national sur les ressources phytogénétiques en Algérie: évaluation, valorisation et conservation- INRAA-Alger, Algérie 22 – 23 Octobre 2018.
- ii. **BELLEMOU D., LAOUAR M., AND ABDELGUERFI A.** (2018). Evaluation de la diversité génétique de quelques génotypes de pois-chiche en Algérie. 2018. ENSA/INRAA-Algérie Séminaire international "Agriculture 4.0: Le génie rural au service de l'environnement"-ENSA-Alger, Algérie 1-3 Octobre 2018.
- iii. **BELLEMOU D., LAOUAR M., AND ABDELGUERFI A.** (2018). L'érosion génétique du pois chiche en Algérie. 2018. AGRAUNAUTES/Université de Constantine Congrès international : les Rencontres de l'Agriculture et de la Biologie (RAB)-Constantine, Algérie 5-7 Mai 2018.
- iv. **BELLEMOU D., LAOUAR M., AND ABDELGUERFI A.** (2018). Situation de la culture de pois chiche en Algérie. 2018. Université ABDELHAMID BEN BADIS de Mostaganem Les VIII^{ème} Journées Nationales des sciences de la nature et de la vie- Mostaganem, Algérie 9-10 Mai 2018.
- v. **BELLEMOU D., LAOUAR M., AND ABDELGUERFI A.** (2016). Genetic erosion of Algerian chickpea. 2016. ICARDA International conference on PULSES for Health, Nutrition and Sustainable Agriculture in Drylands- Marrakech, Morocco 18-20 April 2016.

