

République Algérienne Démocratique et Populaire

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

Ministère de l'Enseignement Supérieure et de la Recherche Scientifique

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ecole Nationale Supérieure Agronomique (ENSA)-El Harrach-Alger

المدرسة الوطنية العليا للفلاحة



*En vue de l'Obtention du Diplôme de Doctorat 3ème cycle dans la filière sciences
agronomiques*

Département: Productions Végétales

Spécialité : Amélioration des Productions Végétales Et Agriculture Durable

Thème

**CARACTERISATION MORPHO-BIOMETRIQUE, BIOCHIMIQUE ET
MOLECULAIRE DES ECOTYPES LOCAUX DE NIEBE (*VIGNA UNGUICULATA
SUBSP UNGUICULATA (L.) WALP.*) DE LA RÉGION DE TAMANRASSET."**

Présenté et soutenue publiquement par: M^{elle} BASSEDDIK Aida

Devant un Jury composé de :

Mr. Pr. MEKLIICHE A.	Professeur, ENSA, Alger	Président
Mme. Dr. TELLAH S.	Maitre de Conférences Classe A, ENSA, Alger	Directrice de thèse
Mme. Pr. LAOUAR M	Professeur, ENSA, Alger	Examinatrice
Mme. Dr. ATTOU F.	Maitre de Conférences Classe A, USTHB	Examinatrice
Mr. Pr. LAZALI M.	Professeur, UDBKM	Examineur

Année Universitaire : 2021- 2022

Remerciements

Je remercie Dieu tout puissant de m'avoir donné foi en ce travail.

Je tiens à remercier ma directrice de thèse Dr. TELLAH Sihem d'avoir accepté de diriger cette thèse. Je lui suis reconnaissante pour le temps qu'elle m'a accordé. Je tiens à lui exprimer ma profonde gratitude pour son support, sa confiance, sa patience et ses encouragements permanents.

Je tiens à remercier le Pr. M. MEKLIICHE A. d'avoir bien voulu présider cette soutenance. Je voudrais remercier les membres du jury Pr. LAOUAR M, Dr. ATTOU F, Pr. LAZALI M. pour m'avoir fait l'honneur d'évaluer mon travail.

Merci à l'équipe du Centre de Recherche en biotechnologie de Constantine (CRBT) et plus particulièrement à Mme Dr. BOUDCHICHA Ryma, Dr.GAAD Djouher, Dr. KERROUM Fatima, Mr SMAALLI Amine, Dr. BENSOUICI Chawki.

J'adresse tous mes remerciements à toute l'équipe du laboratoire de Biologie Moléculaire et plus particulièrement au Mme Seloua, Mme zoubida et Mr. Ali Boumagoura.

Je remercie la famille Keddi pour leur e aide précieuse dans la réalisation de essais expérimentaux sur terrains.

Je remercie ingeneieurs Mme Merabet Imane, Melle MADAH Zohra, Mme Ouarzgane Djamila, Mme KACEMI Afaf, Mme LAROUSHI keltoum, Melle MERDIA Bestami, Melle ALLILI Fatima et Mr BELLALI Khaled pour leur aide précieuse dans la réalisation de cette étude.

Mes remerciements vont également aux ingeneieurs qui ont contribué également à cette recherche, Mr. GHEZAL Karm Allah Nabih et M^{elle} MESSAHLI Nesrine.

Je remercie ma famille et mes amies pour le support moral et les encouragements qu'ils m'ont fournis pendant la durée de ma thèse

Mes pensées vont aussi à l'ensemble des enseignants du département Productions Végétales à l'ENSA- El Harrach

Pour finir, j'adresse mes remerciements à tous ceux qui m'ont aidé et soutenu pour réaliser ce travail.

Dédicace

A la mémoire de mon défunt papa et mon défunt frère Moubarak que Dieu leur accorde sa
pleine miséricorde

A ma très chère mère qui m'a tout appris dans la vie

A mes frères Mohamed, Abdelkader, Laid, Abdallah

A mes très chères sœurs Fatima, Zohra, Moulouda, Meriem, Mabrouka

A toute ma famille et mes amies

Résumé.

Vigna unguiculata (Tenzent en Tamahaq) ou communément appelé « le niébé », est une légumineuse très importante en Algérie. C'est une espèce répondeuse en région aride du sud de l'Algérie (Hoggar, Tamanrasset), qui est un environnement hostile caractérisé par des températures élevées, la rareté de l'eau et la salinité de l'eau et du sol. L'étude présentée dans ce document a été réalisée dans deux sites différents Tamanrasset et Alger. Dans ces régions, les agriculteurs cultivent depuis des générations des accessions de niébé qui sont probablement adaptées à ces environnements singuliers et qui peuvent avoir des caractéristiques morphologiques, génétique, nutritionnelles et fonctionnelles particulières. Ces accessions locales méritent d'être connues et exploitées dans les programmes de sélection et d'amélioration d'où la nécessité de leurs caractérisation et conservation. Dans cet objectif, des études profondes ont été réalisées portant en premier lieu sur une étude ethnobotanique sur les savoir-faires liés à cette plante permettant de prospecter 10 communes de la wilaya de Tamanrasset et de collecter 18 accessions de niébé. En deuxième lieu, les aspects biochimiques et les propriétés fonctionnelles ont été étudiées, en se basant sur la mesure des métabolites primaires et secondaires et de l'activité antioxydante de graines collectées. Un troisième aspect abordé, à savoir la caractérisation morpho-biométrique et agronomique à travers l'étude de leur comportement sur la base des caractères quantitatifs et qualitatifs. Et en dernier lieu, la diversité moléculaire a aussi été évaluée par l'utilisation de 13 marqueurs microsatellites (*SSR*). Les résultats de la partie biochimique rapportent que les graines de niébé de la région du Hoggar ont démontré une variabilité biochimique élevée et des caractéristiques fonctionnelles acceptables; ce qui fait d'elles une bonne source de nutriments. Par ailleurs, il a été noté que les deux accessions NEA7 et NEA13 sont plus riches en protéines possédant une haute valeur nutritive. Cependant, il y a un effet très hautement significatif pour les deux sites pour l'ensemble des caractères étudiés avec un coefficient de variation très élevé. Sur le plan morphologique, les accessions sont caractérisées par un nombre de gousses/plant, un nombre de graines/gousses, un poids de 100 g et un rendement élevé. D'autre part, l'analyse moléculaire a montré une grande variabilité génétique de la collection de niébé. Le nombre d'allèles par locus varie de 6 (VM9) à 11 (VM31, VM68, VM70), l'indice polymorphique (PIC) varie entre 0,716 à 0,872 avec une moyenne de 0,794. La fréquence de l'allèle le plus courant à chaque locus varie de 10% (VM02) à 61% (VM31, VM68). Sur la base des coefficients de similarité génétique, l'analyse du dendrogramme a révélé une grande diversité parmi les génotypes et a séparé les accessions en trois groupes. Le dendrogramme construit, à l'issue de l'analyse statistique de ces marqueurs par la méthode UPGMA, a montré un degré élevé de diversité génétique et un réarrangement significatif des accessions. L'analyse du dendrogramme a révélé une grande diversité parmi les génotypes et a séparé les accessions en quatre groupes.

Mots clés : *Vigna unguiculata*, accession, ethnobotanique, morphologie, biochimie, propriétés fonctionnelles, activités antioxydantes, marqueurs *SSR*, diversité, Hoggar, Algérie

الملخص

اللوبياء، المعروفة بتنزانت بتماشق وهي نوع من أنواع البقوليات الجد هامة في الجزائر متواجدة في منطقة القاحلة من الجنوب (سقار). وهذه البيئة الأخيرة تتميز بارتفاع درجات الحرارة وندرة المياه وملوحة المياه والتربة. حيث ان المزارعون يزرعون أصنافا محلية منها منذ أجيال مكيفة مع هاته البيئة الخاصة، والتي اكتسبتها خصائص مورفولوجيا، تغذوية ووظيفية مميزة. وهذه الأصناف تستحق أن تعرف وتستهغل في برامج التكاث والتحصين التي يستفاد منها. وتحقيقا لهذه الغاية، أجريت دراسات متزامنة بشأن الجوانب الأثنونباتية والمعارف المتصلة بهاته الأصناف، مما أتاح إمكانية جمع 18 صنف محلي وذلك عبر بلديات مختلفة في منطقة السقار. وكما ركزت الدراسة على الجوانب الكيميائية الحيوية والخواص الوظيفية، وعن مقاييس الأيض الأولى وكذا الثانوي كما تم اختبار تقييم النشاط المضاد للأكسدة للمستخلص الميثانولي بطريقة تقيخ الجذر العر DPPH Cuprac ABtS. وقد أجريت الدراسة المورفولوجية في المنطقة القاحلة العظمى (تمنراست) وجرت التقييم استنادا على 17 سمة كمية و 10 سمات نوعية، في موقعين مختلفين (مبارك وورطج). كما تم تقييم الجانب الجزيئي باستخدام مؤشرات SSR وتفيد النتائج المستخلصة من الجزء الكيميائي الحيوي بأن بذور المحلية المغروسة في منطقة السقار تظهر تفاوتات كيميائية حيوية. كئبرا وتتميز بارتفاع في عدد البذور/النباتات، وعدد من البذور/البذرة، ووزن 100 غرام من البذور والغلة العالية. كما أظهرت نتائج التقييم الجيني التباين الكبير بين مختلف الأصناف المحلية المدروسة. وتراوح عدد الأليلات في كل موقع من 6 (VM9) إلى 11 (VM6, VM70, VM31) وتراوح قيمة معامل التعددية الشظية 0,716 إلى 0,872 بمتوسط 0,749 التردد الأليلي الأكثر شيوعاً في كل موقع يختلف من 10% (VM2) إلى 61% (VM31, VM68)، واستنادا إلى معاملات التشابه الجيني، كشف تحليل الطرز المدروسة في شجرة القرابة الوراثي التي أنشئت اعتمادا على 13 زوجا من بادئات SSR عن وجود تنوع كبير بين النماذج الجينية وقد توزعت في لربع محاقيد مختلفة .

الكلمات المفتاحية: اللوبياء، الأصناف المحلية، الأثنونباتية، التقييم المورفولوجيا، التقييم الكيميائي، الخصائص الوظيفية، مؤشرات SSR، النشاط المضاد للأكسدة، التنوع، سقار، الجزائر.

Abstract

The cowpea, *Vigna unguiculata* (Tenzent en Tamahaq), is a popular legume in Algeria. It is a response species in the arid region of southern Algeria (Hoggar, Tamanrasset). The latter is a hostile environment characterized by high temperatures, scarcity of water and salinity of water and soil. In these regions, farmers have been cultivating local varieties of cowpea for generations, which are probably adapted to these particular environments and may have specific morphological, nutritional and functional characteristics. These cowbirds deserve to be known and exploited in breeding and improvement programmes, hence the need to characterize and conserve these local accessions. To this end, simultaneous studies were carried out on ethnobotanical aspects of the knowledge related to this plant, which enabled 10 communes to be prospected and 18 accessions of cowpea to be collected. As well as on biochemical aspects and functional properties, on measurements of primary and secondary metabolites and antioxidant activity of collected seeds were performed. Moreover a morpho-biometric and agronomic characterization through the study of their behaviour on the basis of the quantitative and qualitative traits. The study was carried out in the super arid region (Tamanrasset), in two different sites Telentechouikh and Abalessa. At the same time, the molecular aspect was evaluated using the 13 microsatellite markers (SSRs). Results from the biochemical portion indicate that cowpea seeds in the Hoggar region exhibit high biochemical variability and acceptable functional characteristics; however, they may be a good source of nutrients. However the two accessions NEA7 and NEA13 are richer in protein and they have high nutritional value. However, there is a very highly significant effect for both sites for the 27 traits studied with a very high coefficient of variation. Accessions are characterized by a number of pods/plants, a number of seeds/pods, a weight of 100g and a high yield. However A great genetic variability characterizes the cowpea collection. The number of alleles per locus ranged from 6 (VM9) to 11 (VM31, VM68, VM70) and the PIC index ranged from 0, 716 to 0,872 with an average of 0,794. The frequency of the most common allele at each locus varies from 9, 1% (VM31, VM68, VM70) to 16, 7% to 0, 167 (VM9, VM36) on the basis of the coefficients of genetic similarity, dendrogram analysis revealed a great diversity among genotypes and separated accessions into two groups, the built-up dendrogram, following the statistical analysis of these markers by the UPGMA method, has shown a high degree of genetic diversity and significant rearrangement of accessions. Based on similarity coefficients, Dendrogram analysis revealed a wide diversity among genotypes and separated accessions into four groups.

Keywords: *Vigna unguiculata*, ethnobotanical, morphology, chemical characterization, functional properties, antioxidant activities, SSR markers, diversity, Hoggar, Algeria.

TABLE DES MATIERES

REMERCIEMENTS.....	I
DEDICACE.....	II
LISTE DES ABREVIATIONS.....	III
LISTE DES TABLEAUX.....	IV
LISTE DES FIGURES.....	V
INTRODUCTION GENERALE	1
CHAPITRE I : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE	8
1 Généralités sur vigna unguiculata	8
1.1 Présentation de la plante.....	8
1.2 Description botanique.....	8
1.3 Phénologie.....	10
1.4 Taxonomie.....	11
1.5 Synonymes et appellations.....	12
1.6 Noms vernaculaires.....	13
1.7 Origine et distribution.....	13
1.8 Superficie et production.....	14
2 Composition phytochimique	15
3 Composition en éléments minéraux.....	19
4 Importances et utilisations.....	19
4.1 Importance agronomique.....	19
4.2 Importance Nutritionnelle.....	21
4.3 Importance économique.....	22
4.4 Importances thérapeutiques.....	22
4.4.1 Action anticancéreuse.....	23
4.4.2 Effet anti-inflammatoire.....	24
4.4.3 Effets antidiabétiques.....	24
5.1 Conservation ressources génétiques in-situ de niébé.....	26
5.2 Prospecte, collecte et conservation des ressources génétiques ex situ de niébé.....	26
5.3 Evaluation de la diversité génétique par différents marqueurs.....	28
5.3.1 Les marqueurs morphologiques.....	29
5.3.2 Les marqueurs biochimiques.....	30
5.3.3 Marqueurs moléculaires.....	31
6 Les marqueurs moléculaires appliqués au genre Vigna	31
6.1 Les marqueurs RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisme).....	31

6.2	<i>Les microsatellites SSR</i>	32
6.3	<i>Les marqueurs AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisme)</i>	32
6.4	<i>Les marqueurs RAPD</i>	33
6.5	<i>Polymorphisme nucléotidique unique (SNP)</i>	38
6.6	<i>Les marqueurs ISSR</i>	38
7	Synthèse sur les travaux de caractérisation génétique et morphologique du niébé en Algérie	39
CHAPITRE II: Prospection et collecte et enquête ethnobotanique des écotypes locaux du niébé cultivés dans la région de Tamanrasset		41
1	Introduction	41
2	Matériel et méthodes	41
2.1	<i>Présentation de la zone d'étude</i>	41
2.2	<i>Prospection et collecte des écotypes locaux du niébé</i>	42
2.3	<i>Matériel végétal</i>	43
2.4	<i>Enquête ethnobotanique</i>	44
2.5	<i>Caractérisation morpho-biométrique des graines de niébé collectées</i>	44
2.6	<i>Analyse statistique</i>	45
3	Résultats	46
3.1	<i>Enquête ethnobotanique</i>	46
3.2	<i>Caractérisation morpho-biométrique des graines collectées</i>	54
3.2.1	<i>Analyses Descriptive</i>	54
3.2.2	<i>Matrice de corrélation (Pearson (n))</i>	54
3.2.3	<i>Analyses de Composants Principal (ACP)</i>	55
3.2.4	<i>Classification Ascendante Hiérarchique (CAH)</i>	56
3.2.5	<i>Analyses des Correspondances Multiples (ACM)</i>	57
4	Discussions	58
5	Conclusion	61
CHAPITRE III : Caractérisation morpho-biométrique et agronomique des accessions de niébé cultivées au Hoggar		62
1	Introduction	62
2	Matériel et méthodes	62
2.1	<i>Matériel végétal</i>	62
2.2	<i>Présentation des zone d'études</i>	62
2.2.1	<i>Région du Sud</i>	63
2.2.2	<i>Région du Nord</i>	63
2.3	<i>Les conditions climato-édaphiques des régions d'études</i>	63
2.3.1	<i>Région du sud (Tamanrasset)</i>	63
2.3.2	<i>Région de Nord (Alger)</i>	65
2.3.3	<i>Dispositifs expérimentaux et déroulement des essais</i>	67
2.3.4	<i>Paramètres étudiés</i>	69

2.4	<i>Analyses statistiques</i>	73
3	Résultats	73
3.1	<i>Résultats des expérimentations réalisées au niveau de la région sud (Tamanrasset)</i>	73
3.1.1	Variabilité phénotypique dans chaque sites	73
-	Diamètre de la tige à 46 et 77 jours.....	75
-	Hauteur du plant mesuré 46 et 77 jours.....	76
-	Nombre de jour de la date de semis à la floraison (NJF).....	78
-	Nouaison (NJN)	78
-	Nombre de jour à la maturité (NJM).....	79
-	Nombre des gousses par plant (NGP)	80
-	Longueur des gousses (LG).....	82
-	Largeur des gousses (LaG).....	83
-	Longueur des graines (LGr)	84
-	Largeur de graines (LaGr).....	85
-	Nombre d'ovules par gousse (NOG)	86
-	Nombre de graines par gousses (NGG)	87
-	Poids de cent graines (PCG)	88
-	Rendement (RDT) q/ha	89
3.1.2	Variabilité phénotypique dans les deux sites	90
-	Diamètre de la tige à 46 et 77 jours.....	90
-	Hauteur du plant mesuré 46 et 77 jours.....	91
-	Nombre de jour à la maturité (NJM).....	92
-	Nombre des gousses par plant (NGP) et Poids des gousses par plants (PGP)	93
-	Longueur des gousses (LG) et Largeur des gousses (LaG).....	93
-	Longueur des graines (LGr) et Largeur de graines (LaGr).....	94
-	Nombre d'ovules par gousse (NOG) et Nombre de graines par gousses (NGG).....	95
-	Poids de cent graines (PCG) et rendement RDT (q/ha).....	95
3.2	<i>Caractères qualitatifs</i>	96
3.3	<i>Analyse multi variée des données</i>	97
3.3.1	Analyses en Composantes Principales (ACP).....	97
3.3.2	Classification ascendant hiérarchique (CAH).....	98
3.3.3	Analyse en Correspondance Multiple (ACM)	100
3.4	<i>Résultats d'expérimentations réalisées au niveau du Nord (Alger, El Harrach)</i>	102
3.4.1	Caractères notées.....	102
-	Nombre de jours à la levée (LEV)	102
-	Hauteur moyenne de la tige principale (HP).....	103
-	Diamètre de la tige le 46 ^{ème} jour après semis (DM46).....	104
-	Nombre de ramifications (NRAM).....	104
-	Surface foliaire de la foliole centrale (SF)	105
-	Teneur en chlorophylle (chl _r).....	105
-	Teneur en eau dans la feuille (H ₂ O).....	106
-	La température du couvert végétale (T)	106
-	Teneur d'azote dans la feuille (TN)	107
-	Longueur de la foliole terminale (LF)	108
-	Largeur de la foliole terminale (IF).....	108
-	Nombre de jours à l'apparition des fleurs (NJF)	109
-	Nombre de jours à la nouaison (gos)	110
-	Nombre de jours à La maturité en vert (mtv)	110
-	Nombre de jours à la maturité complète (MCP).....	111
-	Longueur du pédoncule (LP)	111
-	Nombre de gousses par plant (NGP).....	112
-	Poids des gousses par plant (PGP)	113
-	Nombre des ovules par gousse (NMBR OV).....	113
-	Nombre de grains par gousse (NBRM GR)	114

-	Nombre des ovules avortés (NMBR AV)	115
-	Longueur de la gousse (LG)	116
-	Largeur de la gousse (IG).....	116
-	Longueur de la graine (LGR).....	117
-	Largeur de la graine (LaGr).....	117
-	Poids de 100 grains (PCG)	118
-	Rendement en grains (q/ha)	119
3.4.2	Analyses multi variées	119
3.4.3	Analyse en composante principale (ACP).....	119
3.4.4	Matrice de corrélation	122
3.4.5	Analyse Hiérarchique Ascendante AHC.....	122
3.5	<i>Héritabilité des caractères</i>	125
4	Discussion	126
5	CONCLUSION	137
CHAPITRE IV: CARACTERISATION BIOCHIMIQUES ET FONCTIONNELLES DES GRAINES DE NIEBE.....		140
1	Introduction	140
2	Matériel et Méthodes	140
2.1	<i>Matériel végétale</i>	140
2.2	<i>Analyses biochimique</i>	140
2.2.1	Détermination de la teneur en protéines	140
2.2.2	Détermination de la teneur en eau.....	141
2.2.3	Détermination de la teneur en matière grasse	141
2.2.4	Détermination de la teneur en cendres	142
2.2.5	Détermination de la teneur en glucides.....	142
2.2.6	Recherche de la teneur totale en composés phénoliques	142
2.2.7	Recherche de la teneur totale en flavonoïdes (TFC)	143
2.2.8	Détermination du malondialdéhyde (MDA).....	143
2.2.9	Capacité de récupération des radicaux libres DPPH	143
2.2.10	Capacité de récupération antioxydant réductrice cuprique (CUPRAC)	144
2.2.11	ABTS Activité.....	144
2.3	<i>Propriétés fonctionnelles de la farine</i>	144
2.3.1	Capacité d'absorption d'eau et d'huile	144
2.3.2	Indice de gonflement	145
2.4	<i>Analyses des données</i>	145
3	Résultats	145
3.1	<i>Composition biochimique</i>	145
3.2	<i>Propriétés fonctionnelles de la farine</i>	147
3.2.1	Capacité absorption d'eau et d'huile (OAC)	147
3.2.2	Indice de gonflement	147
3.3	<i>Analyse des composantes principales</i>	147
3.3.1	Propriétés biochimiques	148
3.3.2	Propriétés fonctionnelles	149
3.4	<i>Classification hiérarchique ascendante (CHA)</i>	150
4	Discussion	154
5	CONCLUSION	159

CHAPITRE V : Analyse de la diversité génétique de dix huit accessions de niébés par des marqueurs moléculaires SSR (Simple Sequence Repeat)	161
1 Introduction	161
2 Matériel et Méthodes	161
2.1 <i>Matériel végétal.....</i>	161
2.2 <i>Extraction de l'ADN par CTAB et purification de l'ADN extrait</i>	161
2.3 <i>Choix des marqueurs SSR.....</i>	162
2.4 <i>Amplification (PCR) et détection des polymorphismes</i>	163
2.5 <i>Test des amorces et optimisation des températures d'hybridation.....</i>	163
2.6 <i>Révélation des bandes amplifiées sur gel polyacrylamide (PAGE).....</i>	164
2.7 <i>Analyse des données.....</i>	164
3 RESULTATS	166
3.1 <i>Polymorphisme des SSR et indices de variabilité génétique</i>	166
3.2 <i>Structuration de la diversité génétique.....</i>	168
3.3 <i>Analyse AMOVA.....</i>	169
3.4 <i>Distance génétique</i>	170
3.5 <i>Population Structure</i>	170
4 Discussions.....	173
5 Conclusion	180
CONCLUSION GENERALE.....	182
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	187
Annexes	205

LISTE DES ABREVIATIONS

µg : Microgramme.

µl : Microlitre.

ADN : Acide Désoxyribonucléique.

AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism.

APS : Persulfate d'ammonium.

BET : Bromure d'éthidium.

C °: Degré Celsius.

CAH : Classification Ascendante Hiérarchique.

CM : Analyse des Correspondances Multiples.

CTAB: Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide.

CV : Coefficient de variabilité.

dNTP : Désoxyribonucléotide.

DO : Densité optique.

EcoRI : Escherichia coli RI.

EDTA : Ethyl Diamine Tétracétyle.

ENSA : Ecole Nationale Supérieure Agronomique.

EST-SSRs: Expressed Sequence

FAO: Food and Agriculture Organization.

HINDIII Haemophilus influenzae DNA type III.

IPGRI : Institut International des Ressources Phytogénétiques.

Kb: Kilo bases.

Mb: Mégabases.

Mm : Millimètre.

mM : Millimolaire.

mV : Millivolt.

ng : Nanogramme.

PAGE : Polyacrylamide Gel Electrophoresis

pb : paires de bases.

PCR : Polymerase Chain Reaction.

pmol : Pico mole.

PNUD : Programme des Nations Unies pour le Développement.

QTL : Quantitative Trait Loci.

RAPD: Random Amplified Polymorphic DNA.

RFLP Polymorphisme de longueur des fragments de restriction.

RILs: Recombinant Inbred Lines.

rpm: Rotation par minute.

SAM : Sélection Assistée par Marqueurs.

Sec: Seconds.

SNPs: Single Nucleotide Polymorphisms.

SSR: Simple Sequence Repeats.

TAE : Tris, Acétate, EDTA.

Tag- Simple Sequence Repeats.

Taq : De *Thermus aquaticus* (bactérie qui vit dans les sources chaudes).

TBE : Tris - Borate- EDTA.

TE : Tris – EDTA.

TEMED: Tetramethylethylenediamine.

UPGMA: Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean.

UPOV : Union internationale pour la Protection des Obtentions végétales.

V : Volt.

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1: Composition chimique des graines et feuilles du niébé.....	17
Tableau 2: Compositions en éléments minéraux des grains de niébé en (mg/100g).....	19
Tableau 3: Origine géographique des accessions du niébé étudiées du Hoggar.	42
Tableau 4: site de collecte des dix huit accessions de niébé au Hoggar (Tamanrasset).	42
Tableau 5: Principaux caractères morphologiques des graines de niébé collectées.	45
Tableau 6: Répartition des agriculteurs interrogés selon le sexe et l'âge en pourcentage et par région.....	46
Tableau 7: La taille moyenne des graines (diamètre, épaisseur, poids de 100 graines), et La taille moyenne des gosses (PD, PT), NEP, NSP.	54
Tableau 8: les coefficients de corrélation de Pearson entre les caractères quantitatifs.	55
Tableau 9: Les caractéristiques physico-chimiques du sol.....	65
Tableau 10: Les caractéristiques physico-chimiques du sol d'El Harrach.	67
Tableau 11 : Caractéristiques des dispositif expérimental mise en place dans les deux zones d'études (Alger et Tamanrasset).	68
Tableau 12: Différents opérations culturelles effectuées dans les trois campagnes d'études.....	68
Tableau 13: Caractéristiques quantitatifs et qualitatifs mesurées sur les accessions de niébé étudiés aux différents stades.....	69
Tableau 14: Coefficient de variabilité (CV%), moyenne, valeurs extrêmes (minimum et maximum), et signification statistique pour les caractères quantitatifs pour chaque sites	74
Tableau 15: Composition chimique des graines de niébé de Hoggar (Tamanrasset, Algérie).	146
Tableau 16: composition chimique de différents grains de niébés collectés dans la région de Tamanrasset. ...	146
Tableau 18: Matrice de Corrélation entre les paramètres étudiées chez les accessions Hoggar (Tamanrasset, Alger).	152
Tableau 19 : Capacités antioxydants des différents extraits de niébés par les différentes méthodes (DPPH, ABTS, CUPRAC).....	153
Tableau 20: Teneur totale en phénoliques, en flavonoïdes totaux.....	154
Tableau 21: Liste des marqueurs SSR utilisées.....	162
Tableau 22: Composition du mélange réactionnel pour PCR/SSR selon (Badiane et al., 2012) modifié.	163
Tableau 23: Nom du locus, taille de la gamme de fragments amplifiés et paramètres génétiques dans la collection de niébé analysée en Hoogar.	167
Tableau 24: Indices génétiques de la population pour les 12 loci microsatellites	167
Tableau 25. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA) pour 18 accessions du niébé de trois populations évaluées et Valeurs des indices de fixation Fst, Fis, Fit.	170
Tableau 26: Distance Génétique Nei'sGst pour toutes les paires de population	170
Tableau 27 : Valeurs de Fst de la population par paires.....	170

LISTE DES FIGURES

Figure 1: Photographies des différents organes du niébé	9
Figure 2: Différentes couleurs des fleurs de Néibé	9
Figure 3: Différents types de port de néibé. (Dagba et Remy, 1990).	10
Figure 4: Localisation des zones de culture de niébé en Algérie (Chaabena, 1991).	14
Figure 5: Production de niébé par continent durant l'année 2019 (FAOSTAT, 2021).	15
Figure 6: Production des graines sèches de niébé par pays en 2019 (FAOSTAT, 2021).	15
Figure 7: Carte du Hoggar montrant l'emplacement des accessions de niébés collectées	43
Figure 8: Fréquence d'origine des semences selon les individus interrogés	47
Figure 9: Fréquence de période de semis selon les individus interrogés en fin de cycle végétatif.....	47
Figure 10: Fréquence de l'époque de la floraison	48
Figure 11: Fréquence des maladies et ennemis de niébé.....	48
Figure 12: Fréquence d'origines des exploitants.....	48
Figure 13: Fréquence de mode d'irrigation.....	49
Figure 14: Fréquence de mode d'application d'irrigation	49
Figure 15: Fréquence d'irrigation	50
Figure 16: Fréquence des nodules sur les racines de niébé.	50
Figure 17: Fréquence des spéculations cultivées avec le niébé.....	51
Figure 18: Fréquence de la pratique de la fertilisation	51
Figure 19: Fréquence des individus pratiquants l'élevage	52
Figure 20: Fréquence d'origine d'eau	52
Figure 21: Fréquence de parties utilisées de la plante	52
Figure 22: Fréquence de moyens de lutte en stockage contre les insectes	53
Figure 23: Fréquence d'utilisations des produits phytosanitaires	53
Figure 24: Fréquence de destinations des graines	54
Figure 25: Analyse en composantes principales (ACP) pour les variables (a) et les observations (b) selon l'axe F1 et F2.....	56
Figure 26: Dendrogram for 18 accessions of cowpea using Ward method selon des critère morphologique.	57
Figure 27: a) Analyse Multiple de correspondance des variables morphologiques de niébé collectées en Hoogar (Algérie) ; b) Analyse Multiple de correspondance des variables et observation morphologiques de niébé collectées en Hoogar (Algérie).	58
Figure 28: Variation des Températures mensuelles moyennes à Tamanrasset (2018/2019),	64
Figure 29 : Variation des précipitations mensuelles moyennes dans la région de Tamanrasset (2018/2019)	64
Figure 30 : Diagramme ombrothermique de la campagne de la culture du niébé 2020/2021.	66
Figure 31: Variation des températures au niveau de la région d'El Harrach en 2020/ 2021	66
Figure 32: Le cumul des précipitations dans la région d'El Harrach 2021 (Infoclimat.fr, 28/09/2021).	66
Figure 33: Variation du diamètre des tiges (mm) à 46 jours pour les 18 accessions de niébé.	75
Figure 34: Variation du diamètre des tiges (mm) à 77jour pour les 18 accessions de niébé.	76
Figure 35 : Variation de la hauteur des plants (cm) après 77jours de semis pour 18 accessions de niébé.	77
Figure 36 : Variation de la hauteur des plants (cm) après 46 jours de semis pour 18 accessions de niébé. ...	77
Figure 37: Variation de la date de floraison pour les 18 accessions de niébé.	78
Figure 38: Variation de la date de Nouaison (NJN) pour les 18 accessions de niébé	79
Figure 39: Variation de la date de maturité pour les 18 accessions de niébé.	80
Figure 40: Variation de la date de Nombre des gousses par plants pour les 18 accessions de niébé.	81
Figure 41: Variation de la date de poids des gousses par plants pour les 18 accessions de niébé.	82
Figure 42: Variation de la longueur des gousses pour les 18 accessions de niébé.	83
Figure 43: Variation de la largeur des gousses pour les 18 accessions de niébé.	84
Figure 44: Variation de la longueur des graines pour les 18 accessions de niébé.	85
Figure 45: Variation de la largeur des graines pour les 18 accessions de niébé.	86
Figure 46: Variation de Nombre d'ovules pour les 18 accessions de niébé.	87
Figure 47: Variation de Nombre de graines par gousse pour les 18 accessions de niébé.	88
Figure 48: Variation du poids de 100 graines pour les 18 accessions de niébé.	89
Figure 49: Variation de rendement (q/ha) pour les 18 accessions de niébé.	90
Figure 50: Variation de diamètre de tiges après 46 et 77 jours du semis chez les 18 accessions pour les deux campagnes 2018/2019 et 2019/2020.	91
Figure 51: Variation de la hauteur de tiges après 46 et 77 jours du semis chez les 18 accessions pour les deux sites.....	91
Figure 52: Variation de Nombre de jour à la floraison (NJF), Nouaison NJN, Nombre de jour à la maturité (NJM) chez les 18 accessions pour les deux sites.	92

Figure 53: Variation de Nombre des gousses par plant (NGP) et Poids des gousses par plants (PGP) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.	93
Figure 54: Variation de Longueur des gousses (LG) et largeur des gousses (LaG) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.	94
Figure 55: Variation de Longueur des graines (LGr) et largeur des graines (LaGr) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.	94
Figure 56 : Variation de nombres d'ovules (NOG) et graines par gousses (NGG) pour les 18 accessions de niébé pour les deux sites.	95
Figure 57: Variation de poids de cent graines (PCG) et rendement (RDT) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.	96
Figure 58: Analyse des composantes principales ACP selon les modalités des variables quantitatives.	98
Figure 59: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des 18 accessions de niébé étudiées selon les caractères qualitatifs pour les deux sites.	99
Figure 60: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des dix huit accessions de niébé étudiées selon les caractères quantitatifs.	100
Figure 61: Analyse des Correspondances Multiples des variables qualitatifs des 18 accessions de niébé collectées en Hoogar.	102
Figure 62: Projection de caractères qualitatifs des 18 accessions de niébé sur les deux premiers axes de l'ACM.	102
Figure 63: Variation du nombre de jours à la levée pour les 15 accessions du niébé étudiées	102
Figure 64 : Variation de la Hauteur de la plante à 46 jours (HP 46) pour les 15 accessions du niébé étudiées.	103
Figure 65: Variation de la HP77 en fonction des populations du niébé étudiées.	103
Figure 66: Variation de diamètre de tige (DI46) en fonction des accessions du niébé étudiées	104
Figure 67: Variation de nombre de ramifications en fonction des populations du niébé étudiée	105
Figure 68: Variation de la surface foliaire en fonction des populations du niébé étudiées.	105
Figure 69: Variation de teneur en chlorophylle en fonction des populations du niébé étudiées.	106
Figure 70: Variation en eau dans la feuille en fonction des populations du niébé étudiées.	106
Figure 71: Variation de la Température du couvert végétal en fonction des populations du niébé étudiées.	107
Figure 72: Variation de la teneur d'azote dans la feuille en fonction des populations du niébé étudiées.	107
Figure 73: Variation de la longueur de la foliole terminale en fonction des populations du niébé étudiées.	108
Figure 74: Variation de la largeur de la foliole terminale en fonction des populations du niébé étudiées	109
Figure 75: Variation de jours à l'apparition des fleurs en fonction des populations du niébé étudiées.	109
Figure 76: Variation de jours à l'apparition des gousses en fonction des populations du niébé étudiées.	110
Figure 77: Variation de jours à la maturité en vert des gousses en fonction des populations du niébé étudiées.	111
Figure 78: Variation de nombres jours à la maturité complète des gousses en fonction des populations du niébé étudiées.	111
Figure 79: Variation de Longueur du pédoncule des fleurs en fonction des populations du niébé étudiées	112
Figure 80: Variation du nombre de gousses par plant en fonction des populations du niébé étudiées.	112
Figure 81 : Variation de Poids des gousses en fonction des populations du niébé étudiées.	113
Figure 82: Variation du nombre d'ovules par gousse en fonction des populations du niébé étudiées.	114
Figure 83: Variation du nombre de graines par gousse en fonction des populations du niébé étudiées.	115
Figure 84: Variation du nombre d'ovules avortés en fonction des accessions du niébé étudiées.	115
Figure 85: Variation de la longueur de la gousse en fonction des populations du niébé étudiées.	116
Figure 86: Variation de largeur de la gousse en fonction des populations du niébé étudiées.	117
Figure 87: Variation de la longueur de la graine en fonction des populations du niébé étudiées.	117
Figure 88: Variation de la largeur de la graine en fonction des populations du niébé étudiées.	118
Figure 89: Variation de poids de 100 graines en fonction des populations du niébé étudiées.	118
Figure 90: Variation du rendement en fonction des populations du niébé étudiées.	119
Figure 91: Cercle de corrélation des 28 paramètres étudiés et les axes F1 et F2 de l'ACP.	120
Figure 92: La distribution des populations du niébé étudiées selon leurs coordonnées sur les axes F1 et F2 de l'ACP.	120
Figure 93: Dendrogramme de l'analyse de la classification hiérarchique ascendante des traits qualitatifs.	123
Figure 94: Analyse des principaux composants selon les modalités des variables biochimiques.	148
Figure 95 : Représentation des résultats de l'Analyse en Composantes Principales réalisée sur les accessions de niébé (conception factorielle F1 -F2).	149
Figure 96: Analyse des principaux composants selon les modalités des variables fonctionnelles.	150
Figure 97: Représentation des résultats de l'Analyse des Composantes Principales réalisée sur les accessions de cowpea de variables fonctionnelles (conception factorielle F1 -F2).	150
Figure 98: Dendrogramme de classification hiérarchique ascendante (CAH) des accessions de niébé de la région d' Hoogar selon les caractères biochimiques étudiées.	151

Figure 99 : Révélation sur gel d'agarose (1%) de l'ADN génomique. Qualité de L'AND le marqueur Lambda DNA/EcoRI+HindIII commereference de gauche au droite.	162
Figure 100: Révélation des amplifias d'ADN obtenus sur quinze plants de niébé avec l'amorce VM31 sur gel polyacrylamide 6 %, M : marqueur de taille 100 pb DNA Ladder.....	164
Figure 101 : Dendrogramme UPGM montrant les relations entre les accessions d'Hoogar de niébé, en utilisant 12 marqueurs SSR basé sur la distance de Jaccard.....	168
Figure 102: The principal components analysis (PCA) of 13 SSR marker data of the 18 Algerian cowpea accessions.	169
Figure 103: Le taux de second ordre de changement en fonction du K (ΔK), à travers 10 runs, pour une variation du K entre 1 à 10.	172
Figure 104 : structuration de la population pour différents K. Chaque individu est représenté par une ligne verticale constituée par des segments coloré qui représentent la fraction d'adhésion dans chaque cluster.	173
Figure 105 : Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accession de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM02	237
Figure 106: Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accessions de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM31	237
Figure 107: Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accession de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM35	238
Figure 108: Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accession de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM71	238

Publication liée à la thèse

Basseddik, A., Tellah, S., Bellil, I., Lachlah, H. (2021). Biochemical variability and functional properties of cowpea landraces grown in Hoggar: the Algerian arid region. Journal of Food Measurement and Characterization. Doi: 10.1007/s11694-021-00919-5.

Basseddik, A., Tellah, S., (2021). Ethnobotanical investigation and Morphobiometric characterization of different cowpea seeds (*vigna unguiculata subsp. unguiculata (L.) walp.*) in the Hoggar region (Algerian Sahara): acquisition and future investment project for food security in Algeria. Algerian. Journal of biosciences, vol.02 (2), 93-110, 2021.

Communications liées à la thèse

Basseddik A, Tellah, S.2018. Enquête, prospection et savoir-faire de quelques écotypes locaux du niébé (*Vigna unguiculata subsp unguiculata (L.) walp.*) Cultivés dans la région du Hoggar (Tamanrasset). 1er séminaire national en production agricole et agro environnement (1ère SNPA). Faculté des sciences de la nature et de la vie, Université El Oued. Alger.

Basseddik A, Tellah, S.2019. Variabilité biochimique de quatorze écotypes locaux du niébé (*vigna unguiculata subsp. unguiculata (l.) walp.*) de la région du Hoggar (Tamanrasset) au Séminaire National sur la "Sécurité alimentaire et développement durable. SSADD'19, USTHB, Alger

Basseddik A. Ben aissa A, Tellah S, 2019. Effet de l'inoculation des bactéries solubilisatrice de phosphate chez le niébé (*Vigna unguiculata subsp unguiculata (L.) Walp*) en condition de stress salin région arides Hoggar (Tamanrasset) au Séminaire National sur les biotechnologies en Algérie : Quelles biotechnologies pour un développement durables, Constantine, Alger.

Benaissa Asmaa, Basseddik A, Chegga A, Djebbar, 2020. Bacillus rhizobacteria associated to Phoenix dactylifera of hyper-arid and saline area in Algeria, promote two cowpea plants growth. Edirne, Turkey.

Basseddik A. Tellah, S. 2021. Ethnobotanical investigation and Morphobiometric characterization of different cowpea seeds (*Vigna unguiculata subsp. unguiculata (L.) walp.*) in the Hoggar region (Algerian Sahara): acquisition and future investment project for food security in Algeria. Premier Atelier sur l'Evaluation et Gestion des Ressources Environnementales 14 Juillet 2021, Alger, Algérie.

INTRODUCTION GENERALE

INTRODUCTION GENERALE

Les légumineuses alimentaires sont la meilleure source nutritionnelle après les céréales en raison de leur importance pour les humains et les animaux (Singh et Pratap, 2016). De plus, elles ont de nombreuses propriétés fonctionnelles et nutritionnelles qui assurent la sécurité alimentaire, elles fixent l'azote atmosphérique, améliorent la fertilité des sols et contribuent à la productivité globale du système agricole. Ces plantes peuvent probablement réduire le réchauffement planétaire, car l'apport d'engrais azotés chimiques est responsable de la moitié de toutes les émissions de gaz à effet de serre provenant de l'agriculture (Magrini et al., 2016; Vanlauwe et al., 2019).

Le niébé [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] est une légumineuse importante, largement cultivée en Afrique subsaharienne (ASS) et au niveau des différentes régions tropicales et subtropicales, semi-arides et subhumides du monde, en Asie, au Brésil, en Inde, en Amérique centrale et du Sud, et dans certaines parties de l'Europe du Sud et des États-Unis (Achinewhu et Akah, 2003; Ashogbon et Akintayo, 2013; Lopes et al., 2003; Ogunkanmi et al., 2008; Sebetha et al., 2015; Sharawy et El-Fiky, 2003; Singhet et al., 1997; Stancheva et al., 2017), en Afrique de l'Ouest et en Afrique subsaharienne, en Amérique latine et dans certaines parties de l'Asie du Sud-Est (Boukar et al., 2011; B. Singh et al., 2003) pour l'alimentation humaine et animale, ses graines contiennent des niveaux élevés de protéines, d'énergie, de micronutriments et de macronutriments (Horn et Shimelis, 2020). D'autre part, les graines de niébé sont une source précieuse de protéines, de fibres et de glucides, de minéraux, de polyphénols, de flavonoïdes et d'antioxydants (Li et al., 2017; Torres et al., 2019). Cette teneur élevée en protéines couvre nutritionnellement les alimentations à base de céréales et de tubercules à faible teneur en protéines (Singh et al., 2002).

D'un point de vue économique, la majeure partie de la production et de la consommation de niébé se situe en Afrique subsaharienne (SSA) en particulier l'Afrique occidentale et centrale. Le Nigeria produit la plus grande quantité de céréales de niébé par an, soit environ 2,14 millions de tonnes métriques.(FAOSTAT, 2017). Les autres principaux producteurs sont la République du Niger et le Burkina Faso avec une moyenne de 1,59 et 0,57 million de tonnes métriques, respectivement. Le Brésil est un autre grand pays producteur de niébés avec une production annuelle de plus de 491000 tonnes sur une superficie d'environ 1,5 million d'hectares (Boukar et al., 2019; Singh et al., 2002).

Sur le plan écologique, le niébé, est l'une des principales légumineuses alimentaires et fourragères en Afrique. Très adaptée au climat semi-aride et aride, sa culture est répartie dans toutes les zones tropicales, subtropicales et dans le bassin méditerranéen. Elle est présente dans divers systèmes de production, parmi les plus marginaux, allant des zones irriguées, pluviales aux zones marginales avec un sol pauvre et un climat aride, comme c'est le cas du Sahara Algérien (Echikh, 2000; Pasquet, 1998).

D'un point de vue physiologique, cette plante présente une bonne adaptabilité aux conditions pédoclimatiques pauvres, le niébé est considéré comme l'une des légumineuses les plus tolérantes à la sécheresse. En effet, l'étude des différentes tendances génotypiques, physiologiques, biochimiques et moléculaires des plantes soumises au stress dû à la sécheresse fournit des informations utiles pour la gestion des ressources génétiques du niébé et pour la conception de stratégies nationales et internationales de sélection du génotype le plus approprié au stress de la sécheresse (Carvalho *et al.*, 2019).

L'Algérie est un pays caractérisé par la diversité de ses régions sur le plan climatique, géographique et pédologique qui offre une large variabilité génétique en termes de populations. Ces dernières impliquent des écotypes, qui ont été introduits depuis longtemps dans les différentes régions du pays, elles constituent un réservoir de gènes intéressants pour les travaux d'amélioration génétique des plantes. Les paysans pour des raisons socioculturelles poursuivent à conserver cette variabilité en semant les anciennes variétés, le savoir-faire lié à ces ressources génétique est transmis d'une génération à l'autre, il permet de ressembler des informations très importantes sur la variation et les caractéristiques des variétés traditionnelles, qui 'ils sera de plus en plus menacé sous l'influence du mode de vie actuel et sous l'introduction massive de nouvelles variétés plus performantes, et le plus fréquemment importées (Gaad, 2018).

Les accessions du niébé dans les milieux sahariens en Algérie semblent être introduites depuis l'Afrique du Nord-Est et sont actuellement considérées comme une zone présumée de domestication des formes cultivées de *Vigna unguiculata*, Le stock génétique initial aurait été préservé en raison de l'isolement extrême des oasis (Echikh, 2000). En effet, (Ghalmi 2011; Ghalmi *et al.*, 2010) ont montré que les différentes formes d'accessions de niébé sont traditionnellement cultivées dans des conditions écologiques distinctes d'où une très grande diversité génétique. Elles sont cultivées principalement dans trois zones différentes : le nord (Kabylie, El Kala), le sud-ouest, les oasis du Sahara (El Goléa, Adrar, et Béchar), et le sud-est du pays (Djanet et Tamanrasset). Elles sont divisées en trois classes

représentant les groupes de cultures Unguiculata, Biflora et Melanophtalmus (Ghalmi 2011; Ghalmi et al., 2010). Connues en Algérie sous le nom de tedelegh ou loubia, elles sont utilisées en alimentation humaine sous forme de gradient dans certains plats traditionnelle (soupe, de Tewasse). Par ailleurs, consommées sous forme de graines sèches ou de gousses vertes, les feuilles et les tiges sont souvent utilisées en alimentation animale (Ghalmi et al., 2010). La présence de formes cultivées du niébé en Algérie a été marquée pour la première fois par plusieurs auteurs, En effet (Chevalier., 1932) Indiquait des formes sahariennes sous le nom de *Vigna catjang* (L.) Walp., ou Lubia ou Adelghan. Ces formes cultivées sont aussi citées par (Trabut, 1935) dans son catalogue des noms indigènes des plantes sous le nom berbère de Tadelaght. Anou. En effet la première étude biosystématique des formes cultivées et le premier travail de collecte d'échantillons de graines des cultivars traditionnels du niébé a eu lieu en 1996 par une équipe de chercheurs du Centre de Recherche Scientifique et Technique des Régions Arides (CRSTRA, Algérie), dans deux régions différentes en Algérie : les oasis du Touat (sud-ouest) et les montagnes de la Kabylie dans le nord de l'Algérie (Echikh et al., 1997) , par la suite (Echikh, 2000) a présenté une étude iso-enzymatique des formes cultivées de *Vigna unguiculata* collectées dans les montagnes de Kabylie au nord et les oasis du Touat au sud. Enfin, (Ghalmi 2011; Ghalmi et al., 2010) ont signalées que le niébé est parmi les espèces qui présentent une grande diversité génétique en Algérie. Ces accessions sont adaptées aux différentes conditions climatiques et à des pratiques culturelles très variées et sont donc transmises de façon ininterrompue de génération en génération dans des jardins domestiques, constitue un espace essentiel pour la conservation de cette ressource, les formes sahariennes peuvent jouer un rôle important dans le développement de l'agriculture particulièrement dans le Sahara algérien. Enfin, la culture du niébé est répartie dans trois zones distinctes, en Algérie : le nord (Kabylie, El Kala), le sud-ouest, les oasis du Sahara (El Goléa, Adrar et Béchar) et le sud-est du pays (Djanet, Tamanrasset) et trois groupes de cultures ont été localisés en Algérie, Biflora qui était dominant au Sahara, Melanophtalmus au nord et Unguiculata. Une grande richesse phylogénétique et une biodiversité végétale et animale très importante, associées à des traditions culturelles variées ont été accumulées dans ces régions (Ghalmi, 2011).

Les études réalisées sur la culture du niébé en Algérie restent malheureusement limitées, par conséquent, la connaissance de cette culture traditionnelle à travers des prospections et les collectes semblent indispensables pour l'établissement de collections, ainsi que l'étude des savoirs populaires liés , La préservation et la valorisation de cette espèce est urgente avant leur complète disparition, ainsi qu'une études approfondie de sa diversité et de ses

caractéristiques par les différents marqueurs morphologiques , biochimiques et moléculaires. Pour son utilisation dans des programmes de création variétale.

Compte à la faible disponibilité des données sur la culture du niébé en Algérie et surtout dans les régions du sud, il est essentiel de collecter et caractériser les accessions existantes. C'est dans cette perspective que cette étude est entreprise pour :(i) évaluer la composition chimique et certaines propriétés fonctionnelles de la farine de niébé provenant de différentes localités de la zone aride de la région du Hoggar (Tamanrasset),(ii) évaluer la variabilité, (iii) sélectionner les meilleures accessions et fournir des informations de base. Le but de cette étude est de développer l'application de cette légumineuse dans les formulations alimentaires et d'évaluer la qualité et la tolérance des accessions cultivées .Dans le cadre de la contribution à l'amélioration et à la gestion de cette ressource génétique, une caractérisation adéquate des différentes accessions de niébé, provenant de différentes régions d'Hoggar a été établie au cours de ces travaux dont les principaux etudes du cette thèse sont:

1. La prospection et la collecte des accessions locales de niébé cultivées en région aride le Hoggar et la réalisation d'une enquête sur les savoirs-faires traditionnels liés à cette culture afin d'étudier une collection vivante de niébé et d'initier une base de données sur cette culture par l'introduits des accessions de niébé cultivées au Hoggar, Algérie ;
2. L'évaluation de la diversité des accessions collectées, dans deux sites Hoggar (Tamanrasset) et au centre (Alger), sur le plan morpho-biométrique et agronomique
3. L'étude des caractéristiques biochimique et fonctionnelle des graines, on se basant sur des méthodes chimiométriques ;
4. La recherche des activités biologiques, les teneurs en composées phénoliques, l'activité antioxydante chez ces graines de niébé, et les possibilités d'exploiter leur potentiel pour la prévention contre les maladies ;
5. L'étude de la diversité génétique par une caractérisation moléculaire par les microsatellites (SSR).

Le travail que nous présentons se divise en cinq chapitres dont chacun des chapitres nous présentons le matériel végétal et les outils d'analyse employés ainsi que les résultats obtenus et leurs discussions :

- **Le premier chapitre** est consacré à la synthèse bibliographique via laquelle sera présentée l'espèce *Vigna unguiculata* sur le plan botanique, agronomique, son origine et sa distribution, ces utilisations, sa composition photochimique, sa composition minérale, la culture du niébé en Algérie et un recueil sur sa diversité génétique.

- **Le second chapitre** est consacré à l'enquête ethnobotaniques réalisée aux prés des paysans qui pratiquent la culture du niébé et sur leurs savoirs-faires traditionnels.
- **Le troisième chapitre** est consacré à la caractérisation biochimique des graines des accessions du niébé cultivées à Tamanrasset.
- **Le quatrième chapitre** s'intéresse à l'aspect morpho-biométrique des accessions de niébé collectées. Cet aspect comporte notamment l'installation des essais sur le terrain durant trois années consécutives, deux essais au niveau du Hoggar et un essai au niveau de la plaine de la Mitidja (Alger-El Harrach) et ce pour évaluer leurs comportement agro-morphologique via des traits quantitatifs et qualitatifs.
- **Le cinquième chapitre** porte sur l'étude de la diversité génétique des accessions collectées à travers les différentes régions du Hoggar. Il comporte une caractérisation moléculaire de ces accessions par des marqueurs moléculaires microsatellites (SSR).

Enfin, **une conclusion générale** qui représente la dernière partie de ce manuscrit. Elle reprendra les principaux résultats obtenus dans les différents chapitres étudiés et propose des perspectives comme suite.

CHAPITRE I : SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I : SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

1 Généralités sur *vigna unguiculata*

1.1 Présentation de la plante

Le niébé (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) est une culture indigène en Afrique *Vigna unguiculata subsp. unguiculata* (L.) Walp appelé communément niébé et tedelgh ou Tezente en tamachaq, Cette espèce appartient à la famille botanique des fabacées, accession rencontré dans la région arides d'Hoggar, en particulier chez les paysans des petites villages ou la culture ont été conservé depuis longtemps. Cette essence est surtout cultivée pour l'autoconsommation et reste limitée aux exploitations familiales chez les paysans de petits villages. D'autre part, le niébé est considéré comme une légumineuse importante de la saison chaude cultivé principalement par les paysans pauvres des tropiques semi-arides pour la consommation humaine et l'alimentation animal (Badiane et al., 2014 ; Tarawali et al., 2002), grâce à son richesses en protéines, en glucides et en minéraux (Boukar et al., 2011) et en des polyphénols, Flavonoïdes et d'antioxydants (Li et al., 2017).

Par ailleurs, les feuilles de *Vigna* constitue une source importante de protéines, riche en eau, lipides, sucres réducteurs, sucres totaux, matière sèche (MS), la vitamine C, Caroténoïdes et de Chlorophylles totales (Tchiégang et Kitikil, 2004). De plus, les graines bouillies ou brutes des *vigna* pourraient constituer une source importante de protéines alimentaires, de fibres et d'énergie pour les animaux monogastriques et les humains, mais il est nécessaire d'ajouter certains acides aminés restrictifs aux régimes alimentaires selon leurs valeurs de digestibilité iléale apparente (Torres et al., 2019). En effet, cette haute teneur en protéines leur permet de les considérer comme des substituts des aliments de base de céréales et de tubercules à faible teneur en protéines et donc un produit fiable qui peut générer des revenus pour les agriculteurs et les commerçants (Singh, 2002).

1.2 Description botanique

Vigna unguiculata est une plante herbacée annuelle autogame, grimpante, rampante ou plus ou moins érigée, de la famille des fabacées (Romain et Raemaekers, 2001). C'est une espèce diploïde ($2n = 2x = 22$) qui serait originaire d'Afrique (Coulibaly et al., 2002 ; Kuruma et al., 2008 ; Timko et al., 2007), et qui possède un système racinaire pivotant et bien développé et profond, avec plusieurs ramifications secondaires localisées en superficie (Vanderborgh et Baudoin, 2001). Les fruits sont des gousses allongées de 7,5 à 20 cm longueur et d'épaisseur 0,3 à 0,8 cm, Les graines sont de formes différentes rhomboïde, réniforme au arrondie (3 à 8

mm de diamètre, 5 à 10,1 mm d'épaisseur). Une très large gamme de coloration du tégument des graines (crème, beige- olive, brunes, rouge, noire, blanche, rouges, blanche tachetées) caractérise les nombreux accessions d'Hoggar. Le nombre de graines par gousses variées de 4 à 21. Les fleurs sont jaunes, violettes ou blanches. Les différents organes de niébe sont Photographies dans la Figure 01.

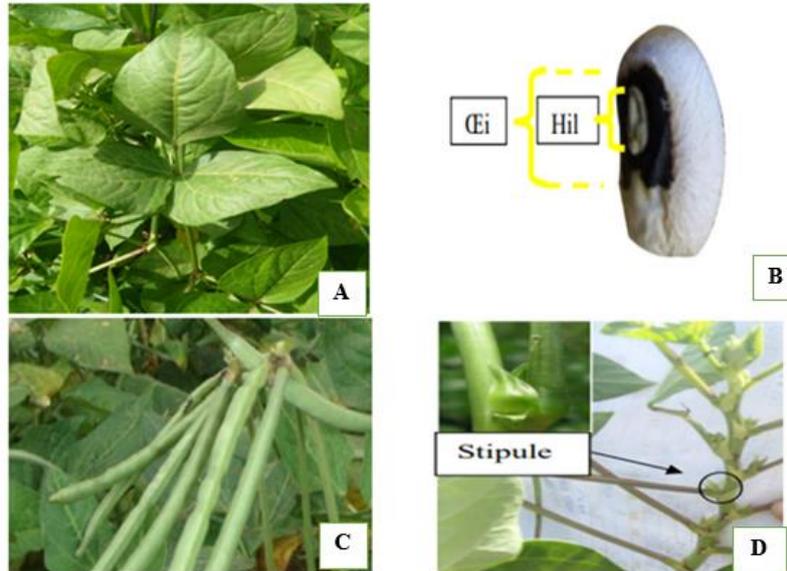


Figure 1: Photographies des différents organes du niébé (A : Feuilles, B: graine, C: gousses, D : tige, stipule et pigmentation anthocyanique).

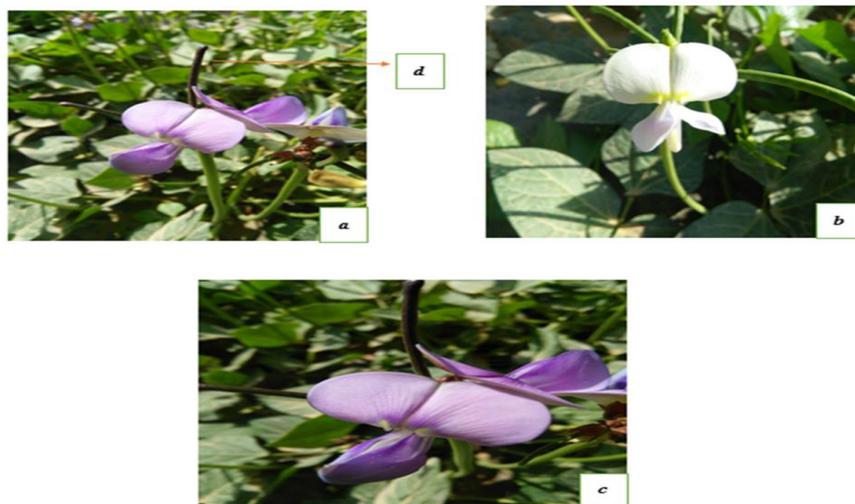


Figure 2: Différentes couleurs des fleurs de Néibé, a) fleur mauve rose, b) fleur blanche c) fleur violet, d) Pigmentation anthocyanique sur l'extrémité des gousses.

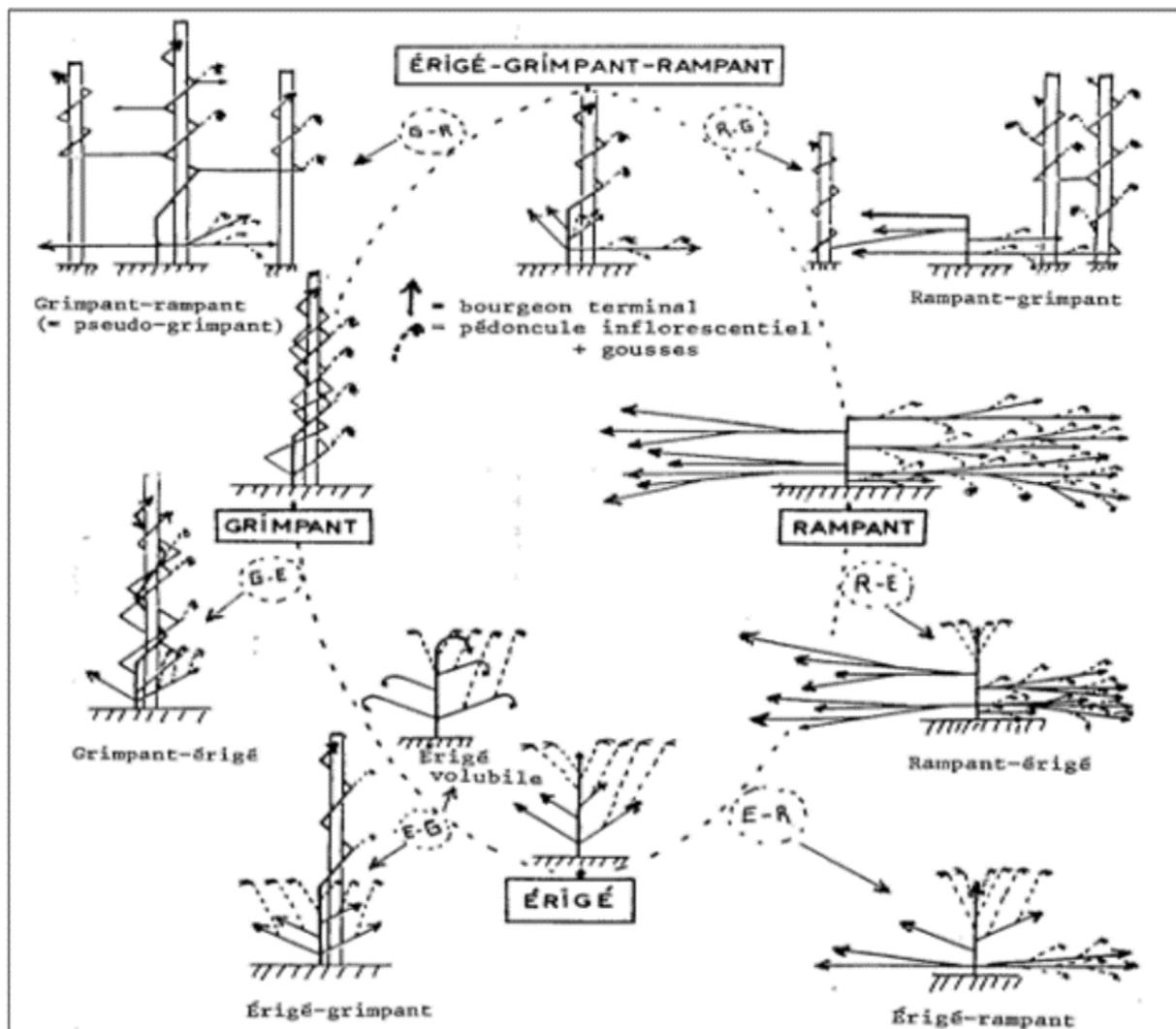


Figure 3: Différents types de port de nébé. (Dagba et Remy, 1990).

1.3 Phénologie

Le cycle végétatif du nébé peut s'étaler de 60 à 150 jours pour les variétés précoces et 150 jours pour les variétés tardives, sa germination est épigée (Timko et al., 2007). Au début, la croissance est lente au début de cycle jusqu'à la fixation de l'azote par la plante (Chaturvedi, et al., 1980). La croissance racinaire se procède pendant les 70 premiers jours. Durant sa végétation, la plante renouvelle ses feuilles régulièrement et en parallèle avec la chute des feuilles âgées (Jacquinot, 1967). La floraison du nébé est liée à la température et de la photopériode (Ishiyaku et al., 2005). Les bourgeons floraux se développent et achèvent leur développement en une à deux semaines au fur et à mesure que l'élongation du pédoncule se produit (Ehlers et Hall, 1997). Les fleurs s'ouvrent en fin de nuit et se ferment en fin de matinée (Timko et Singh, 2008). Concernant sa reproduction, la plante le nébé est considéré

comme une plante autogame (Fery, 1985), avec un taux d'allogamie qui ne dépasse pas 5 % (Timko et al., 2007), grâce à la structure de sa fleur cléistogame ainsi l'émission simultanée de pollen et la réceptivité du stigmate (Ehlers et Hall, 1997). Cette espèce a un taux de nouaison qui est de 70 à 100% et a un nombre de grains de pollen par anthère qui est de 200 à 700 (Pasquet, 1996). La pollinisation qui est principalement entomophile se produit tôt le matin le même jour où la fleur s'ouvre, cette dernière ne s'ouvre qu'une fois et reste ouverte pendant plusieurs heures, la déhiscence de l'anthère a été déjà produite plusieurs heures avant l'ouverture de la fleur ainsi que les stigmates ont été déjà réceptifs environ 12 heures avant la déhiscence de l'anthère (Ladeinde et Bliss, 1977 ; Ehlers et Hall, 1997). La maturité des gousses quand elles se dessèchent et leur couleur devient jaune à brune. Les grains de niébé ont une maturité physiologique assez rapide et pour qu'ils aient une bonne vigueur, un taux de germination élevé et moins de dommages, la récolte doit se faire 14 à 18 jours après la floraison (Nogueira, 2014).

1.4 Taxonomie

Le niébé est classé selon la quatrième version de la classification phylogénétique ; Angiosperms Phylogeny Group ou APG IV (2016)

Règne: Plantae

Embranchement: Spermatophyta

Division: Angiospermes

Sous division: Eudicotyledones

Classe: Magnoliopsida

Sous classe: Rosidae

Ordre: Fabales

Famille: Fabaceae

Sous Famille: Faboideae

Tribu: Phaseoleae

Genre: *Vigna*

Espèce: *Vigna unguiculata* (L.) Walp

Le genre *Vigna* comporte 100 espèces qui se divisent en six sous-genres (*Sigmoidotropis*, *Plectotropis*, *Haydonia*, *Ceratotropis*, *Lasiospron* et *Vigna*), Ce dernier lui-même se subdivise en six sections : *Vigna*, *Comosae*, *Macrodonatae*, *Reticulatae*, *Liebrechtsia*, et *Catiang*, cette dernière comprend l'espèce célèbre *Vigna unguiculata* (L.) Walp. (Maréchal et al., 1978 ; Pasquet, 1993 ; Maxted et al., 2004). Selon les dernières modifications taxonomiques, le niébé renferme 10 sous-espèces sauvages pérennes et souvent allogames et une seule sous-espèce annuelle 'subsp. *unguiculata*' qui elle-même renferme une seule variété spontanée ' var. *spontanea*' et des formes cultivées ' var. *unguiculata*' (Maxted et

al., 2004 ; Pasquet, 1999). La sous-espèce cultivée *unguiculata* a été divisée fondant sur des critères liés aux graines et aux gousses en cinq cultigrupes (cv. gr.) : *Unguiculata*, *Biflora*, *Melanophthalmus*, *Sesquipedalis* et *Textilis* (Pasquet, 1998 ; Pasquet, 1998; Pasquet et Baudoin, 1997).

- **cv.gr. Sesquipedalis** : cultivars aux longues gousses charnues et graines réniformes, cultigrupes essentiellement est asiatique. Ils ont des longues gousses charnues (plus de 30 cm), ridées à maturité et leurs graines sont réniformes (9-10 mm) avec un nombre d'ovule dépassant 17 (Pasquet et *al.*, 1997 ; Pasquet, 1998 westphal, 1974).

- **cv.gr. Unguiculata** : cultivars photo indépendants à nombre d'ovules élevé, leur floraison est retardée même dans des conditions favorables, leurs gousses sont pendantes (12-30 cm) et ont un nombre d'ovule élevé (plus de 16), leurs graines sont rhomboïdes (6-12 mm) essentiellement rencontré en Asie et en Afrique australe, c'est le cultigrupe des zones équatoriales (Pasquet et *al.*, 1997 ; Pasquet, 1998; westphal, 1974) .

- **cv.gr. Biflora** : cultivars photosensibles, capables de fleurir rapidement dès les premiers nœuds quand les conditions sont favorables, à nombre d'ovules faible, leurs gousses sont érigées (moins de 12 cm) et ont un faible nombre d'ovules (moins que 17), leurs graines sont rhomboïdes (5-6 mm) et présentent une testa et des téguments épaisses, leurs fleurs et leurs graines sont le plus souvent colorées, c'est le cultigrupe ancestral, rencontré partout en Afrique (Pasquet et *al.*, 1997 ; Pasquet, 1998 ; westphal, 1974).

- **cv. gr. Melanophthalmus** : cultivars photosensibles capables de fleurir rapidement à partir des premiers nœuds, à nombre d'ovule faible et tégument des graines fin, leurs gousses ne sont pas charnues (moins que 30 cm) et ont un faible nombre d'ovule (moins que 17); les graines ne sont pas espacées dans la gousse et ont des fins téguments, leur testa est mince et souvent plissé ; leurs fleurs et leurs graines sont partiellement blanches. Cultigrupe essentiellement rencontré en ouest africain, le bassin méditerranéen et aux Etats-Unis (Pasquet et *al.*, 1997 ; Pasquet 1998).

-**cv.gr. Textilis** : cultivars photosensibles à longs pédoncules floraux. Ces formes cultivées sont considérées comme autogames. L'autogamie est associée chez le niébé à différents caractères : orientation et absence de protection du stigmate, déhiscence précoce des anthères et forme de la carène (Pasquet et *al.* 1997 ; Pasquet, 1998 ; Padulosi, 1993).

1.5 Synonymes et appellations

Vigna unguiculata (L.) Walp. nommé la -dolique de Chine- dans les anciens textes français et ' niébé' en Afrique, est la principale légumineuse alimentaire d'Afrique tropicale,

cultivée dans toutes les zones intertropicales et même au-delà (bassin méditerranéen, Iran, Chine, sud des États-Unis...) (Pasquet, 1993) . Plusieurs appellations sont attribuées au niébé dans le monde : caupi en berisil ,niébé , wake, et ewa dans la major partie d'Afrique de l'ouest , "southernpeas," "blackeyed peas" aux États-Unis ces appellations indiquent les différents classes traditionnelles de semences (Timko et *al.*, 2007). Cowpea (*Vigna unguiculata* L.) belongs to Fabaceae family and has several commonly used names such as southern pea, crowder pea, and black-eyed pea (Kim et *al.*, 2018).

En Algérie, le niébé à plusieurs communément appellations: teddelghte dans le sud, lubia kabyle, ou lubia arebi dans la région d'El Kala (Ghalmi et *al.*, 2005).

1.6 Noms vernaculaires

En Arabe : loubia

En Tamahaq : Tenzent ou Tadelaght

En Français: dolique de Chine

En anglais : Cowpea

1.7 Origine et distribution

Le niébé *Vigna unguiculata* (L.) Walp, est originaire d'Afrique (Padulosi et Ng, 1997; Steele, 1976). Cependant, l'Afrique de l'est et du centre regroupe la majeure diversité des formes de niébé cultivées (Ng et Padulosi, 1991). La domestication a été faite par les agriculteurs de cette région (Pasquet et Gepts, 2004). En effet, le centre de diversité primaire est l'Afrique de l'est et du sud, et l'Afrique de l'ouest, central comme centre de diversité secondaire et l'Asie comme un troisième centre de diversité (Baudoin et Maréchal, 1985). La progéniture probable de niébé cultivé est le niébé sauvage *Vigna unguiculata ssp. Unguiculat var. spontanea* (Badiane et *al.*, 2014 ; Pasquet, 1999). Ainsi il est probable que la culture a été introduite pour la première fois dans la région d'Inde durant la Néolithique ; l'Inde semble être un centre secondaire de diversité génétique (Pant et *al.*, 1982). Par ailleurs, "Yardlong beans," est un groupe de cultivar unique (Sesquipedialis) de niébé qui produit de très longues gousses largement consommées en Asie comme haricot vert frais ou haricot "cassant", apparemment a évolué en Asie et est rare en Afrique. Le niébé a été cultivé dans le sud de l'Europe au moins depuis le VIIIe siècle avant J.-C. et peut-être depuis la préhistoire (Tosti et Negri, 2002). Le niébé a été introduit au Ouest de l'Inde au 16ème siècle par les espagnols et a été exporté aux États-Unis vers 1700 ou il a été introduit en Amérique du Sud (Purseglove, 1968).

En Algérie le niébé se localise dans trois zones distinctes (Fig.4) : le nord (Kabylie, El Kala), le sud-ouest, les oasis du Sahara (El Goléa, Adrar et Béchar) et au sud-est du pays (Djanet, Tamanrasset) (Chaabena, 1991, Ghalmi et al. 2005 ; Ghalmi, 2011).



Figure 4: Localisation des zones de culture de niébé en Algérie (Chaabena, 1991).

1.8 Superficie et production

Actuellement, le niébé est cultivé dans pas moins de 45 pays à travers le monde surtout dans l'Afrique subsaharienne (Boukar et al., 2015). Les dix principaux pays producteurs de niébé au monde sont tous d'origine africaine dont: Nigeria (3 576 361 tonnes), Niger (2 386 735 tonnes), Burkina Faso (652 454 tonnes), Ethiopie (374 332 tonnes), Kenya (246 870 tonnes), Mali (215 436 tonnes), Cameroun (215 016 tonnes), Ghana (202 735 tonnes), Sénégal (184 137 tonnes) et Soudan (161 000 tonnes). Les superficies mondiale emblavées de niébé pour l'année 2019 est de 14 447 336 ha, avec une production des graines estimée à 8,9 millions de tonnes (Fig.3) (FAOSTAT, 2021). Plus de 96% de cette production est assurée par l'Afrique, suivie par l'Asie (2,2%), puis l'Amérique (0,7%) et en fin l'Europe (0,3 %) (Fig. 4). Cette estimation peuvent être plus élevées en raison que la FAO n'impliquent pas les

données de superficie et de production certains autres pays tels que le Brésil, Inde et de certains autres (Singh et *al.*, 2002). De plus, la production de grains de niébé reste probablement sous-estimée en Amérique centrale et en Afrique de l'Est et du Sud, malgré qu'elle des grands quantités importantes de haricots communs (*Phaseolus vulgaris*) et les deux ne sont souvent pas distingués lors de la collecte des statistiques de production (Timko et Singh, 2008).

En Algérie, la culture du niébé est pratiquée sur des petites surfaces et généralement, la production est destinée essentiellement pour l'autoconsommation, dont l'excès est vendu sur les marchés locaux.

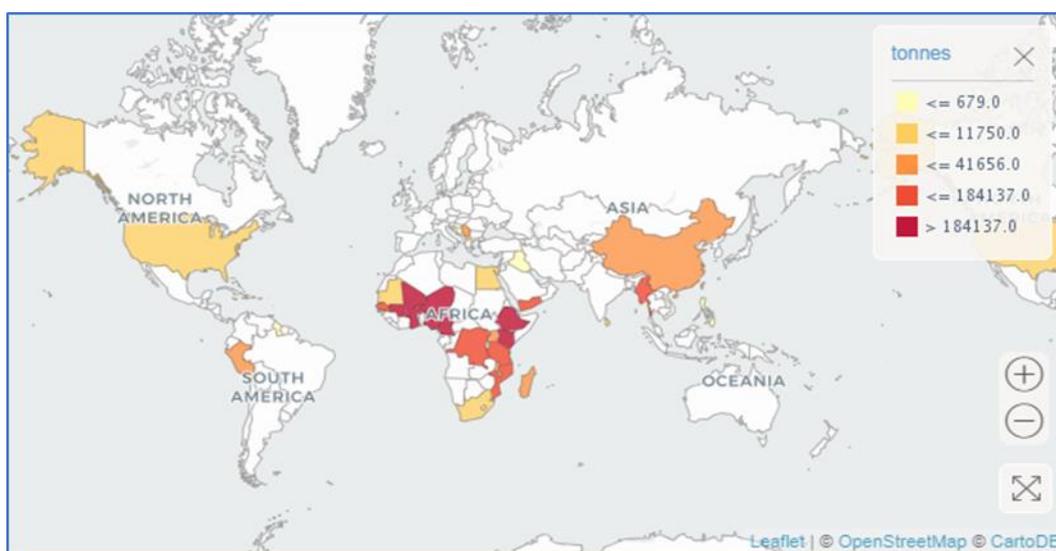


Figure 5: Production de niébé par continent durant l'année 2019 (FAOSTAT, 2021).

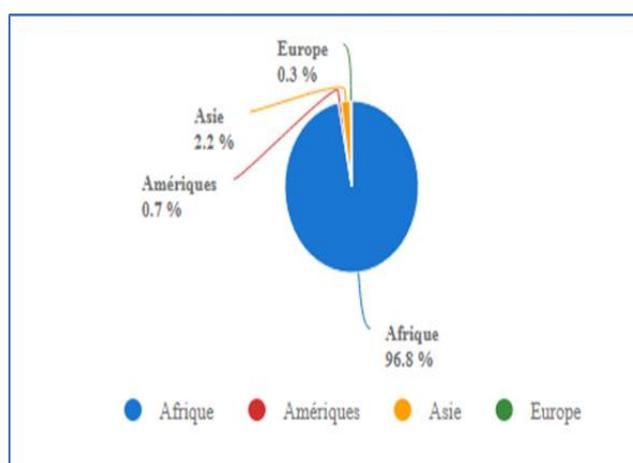


Figure 6: Production des graines sèches de niébé par pays en 2019 (FAOSTAT, 2021).

2 Composition phytochimique

Les études phytochimique sur l'espèce *vigna unguiculata* ont révélé la présence de divers composants chimiques. Ils sont riches en flavonoïdes, composées phénoliques, composés anti-nutritionnelle, acide pythique, lignine et tannins (Morrisonet *al.*, 1995 ;

Powell, 1995 ; Nassourou et *al.*, 2016). De plus, Teka et *al.* (2020) ont identifiés dix composés phénoliques dans les extraits méthanolique soluble des graines de niébé cultivée en Ethiopie: Catechin, Ferulic acid, Gallic acid, Luteolin, Naringenin, p-Coumaric acid, Rosmarinic acid, Salicylic acid, Sinapic acid, Vanillic acid et trois composés dans l'extrait phénolique : Rosmarinic acid, Salicylic acid et Luteolin. De plus, les variétés de grains de niébé présentaient un contenu phénolique total et des capacités antioxydants plus élevés que les variétés de grains améliorées (Zia-Ul-Haq et *al.*, 2013).Cependant les extraits riches en phénols des graines de niébé peuvent diminuer la prolifération de certaines maladies cellulaires et renforcer l'effet du 5-fluorouracile dans les lignées cellulaires du cancer colorectal humain (Nassourou et *al.*, 2016 ; Teixeira-Guedes et *al.*, 2019). De plus, les graines bouillie ou brute des vigna pourrait être une source importante de protéines alimentaires, de fibres et d'énergie pour les animaux monogastriques et les humains (Achinewhu et Akah, 2003; Adebooye et Singh, 2008; Torres et *al.*, 2019; Yalçın, 2007) , en raison de sa forte teneur de leur graines en protéines , glucides, minéraux , et en des polyphénols , Flavonoïdes et d'antioxydants (Li et *al.*, 2017; Nassourou et *al.*, 2016).

Les variétés de niébé sont riches en composées phénoliques et tannins, cependant leurs quantités ont indépendantes de sa couleur (Adeyemi et Olorunsanya, 2012). En effet (Nassourou et *al.*, 2016) ont mentionné l'importance d'une sélection appropriée des parents de niébé dans un programmes dans l'amélioration du potentiel antioxydant des graines. D'autre part,(Tchiégang et Kitikil, 2004) ont identifié que les feuilles de vigna sont des sources de protéines , de Teneurs en eau , lipides, sucres relecteurs , Sucres totaux, matière sèche (MS), la vitamine C , Caroténoïdes et de Chlorophylles totales (Tableau 1), Ces divers composés phytochimique remarquable explique les rôles très importants de cette plante dans la nutrition et la luttes contre les maladies.

Les graines de niébé sont des aliments énergétiques, riches en protéines et en glucides. Par contre, elles sont pauvres en cendres, en matières grasses et ont une faible humidité pouvant faciliter leur conservation sur une période relativement longue, Les cultivars peuvent être utilisés en alimentation pour combler les déficits en apport protéique des populations en proie aux maladies protéineo- énergétiques dans les pays en voie de développement. Les graines de ces cultivars peuvent du fait de leur teneur élevée en protéines, être recommandées dans le domaine des farines composées en vue de la fabrication de produits de boulangerie, de biscuiterie et de pâtisserie (Koko et Massé, 2016).

Concernent la composition de vitamines E, des valeurs élevées en tocophérols (α , γ et δ) et en tocotriénols (γ et δ) ont été observées chez des accessions de niébé en Mozambique avec supériorité en δ -tocophérol (Baptista *et al.*, 2017).

Tableau 1: Composition chimique des graines et feuilles du niébé.

Composants nutritifs	Graines	Feuilles
Eau%	7.35- 9.29 (Naiker <i>et al.</i> , 2019) ; 10,5 (Nielsen <i>et al.</i> , 1997)	90, (Tchiégang et Kitikil, 2004) ; 10,6(Nielsen <i>et al.</i> , 1997)
Protéines %	25% (Jemo <i>et al.</i> , 2017) 21.87 (Achinewhu et Akah, 2003) 24.30–26.33% (Naiker <i>et al.</i> , 2019) 22,8 (Nielsen <i>et al.</i> , 1997)	26,48 (Tchiégang et Kitikil, 2004) ; 22,6 (Nielsen <i>et al.</i> , 1997)
Lipides%	3.71 (Achinewhu et Akah, 2003) 1,5 ((Nielsen <i>et al.</i> , 1997)	2,54 (Tchiégang et Kitikil, 2004) ; 3,25 (Nielsen <i>et al.</i> , 1997)
Amidon%	44,1(Achinewhu et Akah, 2003) ; 50.99–51.33% (Naiker <i>et al.</i> , 2019)	49,31 (Tchiégang et Kitikil, 2004)
Sucressolubles		43,59 (Tchiégang et Kitikil, 2004)
Fibres	1.02 (Achinewhu et Akah, 2003) (9.36–12.86% (Naiker <i>et al.</i> , 2019)	-
Matière sèche	2.71 (Naiker <i>et al.</i> , 2019)	26,48 (Tchiégang et Kitikil, 2004)
vitamine C	-	4,92 (Tchiégang et Kitikil, 2004)
Matière grasse	1.12- 1.94 (Naiker <i>et al.</i> , 2019)	-
Caroténoïdes	-	0,08 (Tchiégang et Kitikil, 2004)
B-carotène (mg)	0,02 (Nielsen <i>et al.</i> , 1997)	27 (Nielsen <i>et al.</i> , 1997)
Chlorophylles total	-	174,49 (Tchiégang et Kitikil, 2004)
vitamin E	23.4 ± 1.0 mg/100 g (Baptista <i>et al.</i> , 2017).	-

Le niébé grâce à sa richesse en protéines, en sucres et sa faible teneur en cendre, eau et fibres, assure une alimentation nutritive équilibrée et peut résoudre la crise de malnutrition (Boukar *et al.*, 2011; Kirigia *et al.*, 2018 ; Okonya et Maass, 2014).

Les protéines de niébé sont composées principalement de globulines (51%) et 45% albumines, et une faible proportion de glutélines 3% et prolamines 1% (Freitas *et al.*, 2004). Le principal glucide des graines de légumineuses est l'amidon, qui représente de 22 à 45 % de la matière sèche (Hoover *et al.*, 2010, Hoover et Ratnayake, 2002).

L'amidon est composé de molécules de glucose arrangé en deux structures qui sont l'amylose et amylopectine. Ces derniers sont enfermés dans un grain d'amidon au niveau de l'endosperme en association avec les protéines des réserves (Huang *et al.*, 2007) ; la teneur

en amylose varié de 35,7 % à 38,5 % de formes elliptiques à sphériques, avec un diamètre médian variait de 17,0 μm à 48,6 μm (Kim *et al.*, 2018) et de 25,8 % avec un diamètre moyen en volume des granules, déterminé à l'état sec de 15,5 μm (Huang *et al.*, 2007). De plus Les amidons présentent un poids moléculaire très élevées et une longue chaîne amylopectine. Les grappes étoiles d'amidon sont présentaient une teneur totale en amidon total élevée (Kim *et al.*, 2018) , grâce à leur teneur élevée en amylose, de leur rétrogradation rapide et de leur résistance à l'amincissement par cisaillement ils deviennent intéressant de plus en plus à l'utilisation ce potentielle d'amidons de légumineuses dans l'industrie alimentaire pour les aliments transformés (Hoover *et al.*, 2010, Huang *et al.*, 2007, Ma *et al.*, 2017 ; Park *et al.*, 2012).On suppose que la distribution de la longueur de chaîne de l'amylopectine a une grande influence sur les propriétés d'amidon. Les propriétés physicochimiques et les profils de chaîne unitaires tels que la Température gélatinisation élevée , légère différence dans la structure cristalline et viscosité maximale plus élevée de l'amidon de niébé est partiellement assurée par sa plus grande quantité de longues chaînes dans les molécules d'amylopectine par rapport à celles des amidons des autres légumineuses comme le pois chiches et de pois jaunes (Adebooye *et Singh*, 2008 ; Huang *et al.*, 2007).

La majorité des fibres alimentaires chez le niébé sont des fibres insolubles 10,65%MS et les fibres soluble ne représente qu'une faibles proportion 0,99 % MS de fibres totales. Cependant cette espèce représente des teneurs faibles en fibres (11,65% MS) en comparaison avec d'autres légumineuses telles que lentilles, pois chiches, petit pois, fèves les lipides (Carnovale *et al.*, 1990). On outre, l'analyse des acides gras par CPG a montré une composition diversifiée en terme des acides gras : acides palmitiques, palmiitique acides stéarique et oléiques, acides arachidiques, acide behinique, linolique, linolinique (Baptista *et al.*, 2017, Mebdoua 2011).

L'examen de la composition globale des acides gras des implusions montrent que de neibé est riche en acide acides gras saturés, monoinsaturés et acides gras polyinsaturés, avec dominants acides linoléique, α -linoléique et palmitique (Baptista *et coll.*, 2017).

De plus , des études récente (Teka *et al.*, 2020) ont révélé que les Chromatogrammes CLHP représentatifs des composés contenus dans l'extrait soluble de niébé sont : acide p-coumarique, catéchine, acide vanillique, acide sinapique, acide férulique, acide salicylique, acide rosmarinique, acide rosmarinique.

Les Teneurs en acides aminés dans l'ensemble, la leucine, la phénylalanine et la lysine se sont avérées être les principaux acides aminés essentiels chez le néibé. On outre, l'acide glutamique et l'acide aspartique étaient les deux acides aminés non essentiels les plus

abondants. Au contraire, la méthionine, le tryptophane et la cystéine étaient les acides les moins abondants. En générale, le niébérenferment une teneur en méthionine, en acide glutamique, en arginine et en proline nettement supérieure à celle des haricots communs et de l'arachide bambara. De plus, Les acides gras dominants chez est le niébé étaient les acides linoléique, α -linoléique et palmitique, La teneur en acides gras insaturés (AGI) est 62 % de la teneur totale en acide gras (AG) (Antova et *al.*, 2014; Baptista et *al.*, 2017; Caprioli et *al.*, 2016).

3 Composition en éléments minéraux

Le niébé est une légumineuse riche en éléments minéraux dont le plus abondant est le potassium suivi par le phosphore et le magnésium (Tableau 2) (Jemo et *al.*, 2017; Naiker et *al.*, 2019). Les différences notée en concentrations en éléments minéraux Fe, Zn, Ca, Mg, K et P dans les graines de niébé est attribuées à la diversité génétique, et peut permettre de les utiliser comme des parents dans les programmes de sélection à fin de créer des nouvelles variétés riches en nutriments (White et Brodley, 2009). Cependant, les variétés améliorées de niébés seraient des sources potentielles de gènes, Ces lignées peuvent être sélectionnées et utilisées pour le croisement afin de générer des populations de ségrégation à partir desquelles des sélections peuvent être effectuées pour variétés de niébés récemment développées et riches en nutriments (Boukar et *al.*, 2011).

Tableau 2: Compositions en éléments minéraux des grains de niébé en (mg/100g).

Espèce	Potassium	Magnésiumm	Manganese	Sodium	Phosphorous	Calcium
Niébé	580.67- 899.00	453.83- 495.03	1.09- 1.53	405.30- 474.00	498.67- 575.00	71.20- 86.90

(Naiker et *al.*, 2019).

4 Importances et utilisations

4.1 Importance agronomique

Le niébé est un composant précieux des systèmes d'exploitation agricole dans de nombreuses régions en raison de sa capacité à restaurer la fertilité des sols dans les systèmes de culture en rotation (Tarawali et *al.*, 2002). C'est une importante légumineuse en Afrique, très appréciée par ces grains et fanes, qui est commercialisée sur les marchés du fourrage, les fanes pourrait être une bonne source de revenu pour les agricultures (Samireddypalle et *al.*,

2017). Les variétés de niébé à maturation précoce peuvent offrir une récolte rapide au bout de 55 jours par rapport aux autres cultures (Timko et al., 2007).

Comme beaucoup de légumineuses, le niébé a la capacité de fixer l'azote atmosphérique par la symbiose rhizobium (Ehlers et Hall, 1996) et est facilement cultivé dans des sols peu fertiles (Elowad et Hall, 1987). Certains rapports font référence à la capacité de culture du niébé dans les régions sans irrigation et sans précipitations irrégulières, considéré comme l'une des légumineuses les plus tolérantes à la sécheresse (Agbicodo et al., 2009). En raison de sa forte capacité de fixation de l'azote, il est considéré comme un composant important des systèmes de production agricole surtout dans les régions où la fertilité des sols est un facteur limitant (Martins et al., 2003). De ce fait, il a la capacité de survivre dans des conditions arides et semi-arides avec un climat tropical, un sol peu fertile et peu enrichir la fertilité du sol par sa fixation de l'azote (Boukar et al., 2019 ; Paliwal, al., 2020) et par conséquent peut s'avérer utilisée comme engrais vert (Madamba et al., 2006).

Grâce à la fixation de l'azote le niébé peut enrichir la fertilité du sol par un apportant de 70 à 350 kg d'azote par ha (Jemo et al., 2017). Les études précédentes ont montré que l'utilisation de niébé comme précédent cultural dans une rotation améliore les niveaux d'azote des sols à environ 40-80 kg N par ha et il permet de protéger les réserves naturelles du sol notamment en azote et en phosphore (Quin et al., 1997), sa fixation de l'azote a été considérablement réduite dans les sols à faibles concentrations de P et à approvisionnement limité (Jemo et al., 2017). Le niébé s'associe à une grande diversité de bactéries rhizobiales à haute valeur écologique, améliorant la fertilité biologique des sols et la production végétale (Muindi et al., 2021). L'évaluation de l'efficacité symbiotique et la diversité génétique de la rhizobium indigène isolée à partir de nodules radiculaires de génotypes de niébés, ces isolats ressemblent aux bactéries de genre *Rhizobium*, *Paraburkholderia* et aux endophytes non rhizobiales (*Enterobacter*, *Stenotrophomonas* et *Pseudomonas*). Le niébé indigène a démontré une grande efficacité symbiotique, nodulant deux isolats *Beta-Rhizobia* (*Paraburkholderia phenoliruptrix* BR3459a et *Rhizobium mésosinicum* de souche CCBAU 25010) , ces derniers montrent une efficacité symbiotique et nodulation élevée. Ces deux isolats peuvent être utilisés pour le développement de faible coût des inocula microbiens indigènes après les avoir soumis à d'autres essais sur le terrain afin d'établir leur compétitivité et leur stabilité génétique sous différentes conditions environnementales (Muindi et al., 2021).

Par ailleurs, le niébé est considéré comme l'une des cultures de légumineuses les plus tolérantes à la sécheresse et aux fortes concentrations de températures, en raison de sa capacité de pousser dans des régions sans irrigation et sans précipitations irrégulières

(Agbicodo et *al.*, 2009; Carvalho et *al.*, 2019; Carvalho et *al.*, 2017; Hall, 2004 ; Prasanthi, et *al.*,2012).Il est capable de pousser sous la sécheresse, la chaleur et autres stress abiotiques.(Timko et *al.*, 2007). Cependant l'adaptation à la sécheresse chez cette espèce a été liée à la minimisation des pertes d'eau par la commande de l'ouverture des stomates et par son système racinaire qui peut explorer le sol en profondeur (Carvalho et *al.*, 1998). Le niébé est principalement cultivé dans savanes sèches au Sahel en bordure du désert du Sahara avec précipitations annuelles d'environ 300 mm ou moins (Boukar et *al.*,2019). Espèce très tolérantes au salinité et peut se développe dans les région à climat sec et chaud (Ghalmi et *al.*, 2005), il peut se développer sous des températures dépassant 40°C (Ehlers, 1997), Moyennement sensible à la salinité (Maas et Hoffman, 1977) mais présentant une plus grande tolérance au sel au cours du dernier stade de sa croissance il est capable de pousser dans des conditions déficitaire où la salinité de l'eau et des sols est un facteur limitant(Nabi ,2009, Maas et Poss 1989). La tolérance du niébé à la salinité est plus grande que celle du maïs, mais moins importante que celle du blé, de l'orge, de la betterave à sucre et du coton (Hall et Frate, 1996).l'augmentation de l'approvisionnement en fourrage en saison sèche peut être assuré par L'intégration du niébé dans le système de plantation des exploitations mixtes (Zoundi et *al.*, 2007). Dans une association, notamment celle de niébé-maïs, le niébé augment l'absorption de phosphore en augmentant sa biodisponibilité par le changement de pH de la rhizosphère dans les sols alcalins ce qui améliore la biomasse végétale et le rendement en grain du maïs (Latati et *al.*, 2014). Il contribue également à la diminution de l'érosion et la température du sol (Zueofa et *al.*, 1992) l'augmentation de l'interception lumineuse par l'effet de l'ombrage et la réduction de l'évaporation de l'eau ainsi l'amélioration de la conservation de l'humidité du sol. (Ghanbari et *al.*, 2010).

4.2 Importance Nutritionnelle

Le niébé est cultivé principalement pour ces graines très riches en protéines végétales sur sa base de poids (Boukar et *al.*, 2019). En outre, ces graines sont la partie la plus économiquement précieuse des plantes du niébé et sont bien connues en raison de leurs propriétés nutritionnelles (Boukar et *al.*, 2019; Zia-Ul-Haqet *al.*, 2013). Leur graine contenant entre 15.13 % et 33.75% de protéines, peuvent remplacer les protéines d'origine animale. Il est donc considéré comme un aliment énergétique grâce à sa richesse en carbohydrates 53.17-76.91% en jouant joue un rôle important dans l'alimentation des humains et dans la lutte contre la malnutrition (Basseddik et *al.*, 2021, Boukar et *al.*, 2019; Hamid, 2016; Koko, et *al.*, 2016). En plus de sa richesse ne carbohydrates, il constitue une véritable source des

éléments minéraux (Boukar et al., 2011a; Jemo et al., 2017; Naiker et al., 2019). De plus, Le de niébé est une source importante de foin d'origine animale. Tous ces avantages agronomiques, nutritionnels et sanitaires, permettent au niébé de jouer un rôle croissant dans les applications alimentaires modernes (Awika et Duodu, 2017). En Algérie, les graines sèches sont utilisées comme ingrédients alimentaire dans la préparation des quelques plats traditionnels (Tewasse, couscous, mardoude) et ceci dans plusieurs régions à savoir El Kala, la kabylie et le sud (Ghalmi, 2011). En outre, il est consommé sous diverses formes, comme un aliment, bouilli ou cuit avec des légumes ou de la viande, et comme pâtes de farine (juk) ou gels amidon (muk) (Kim et al., 2018; Park et al., 2012) .

4.3 Importance économique

Les feuilles sèches, tiges et parois de gousses pourrait être une bonne source de revenu pour les agriculteurs dans les zones de savane sèche. C'est donc une marchandise négociable sur les marchés du fourrage, les fanes pourrait être une bonne source de revenu pour les agricultures (Samireddypalle et al., 2017), Durant la saison sèche, dans certaines régions d'Afrique de l'ouest et du Centre, la valeur monétaire des fans de niébé stockées devient très élevée (Quin et al., 1997). En Algérie les graines de niébé sont produites pour la consommation domestique, et les surplus sont vendus sur les marchés locaux (Ghalmi 2011; Ghalmi et al., 2005). Cependant, le prix d'un kilogramme de niébé dans le Hoggar allant de 900 à 1000 DA et la culture constitue une ressource rare qui peut offrir une source monétaire non négligeable aux populations rurales.

4.4 Importances thérapeutiques

les feuilles et les graines s'utilisent en cataplasme pour traiter les enflures et les infections de la peau, les feuilles sont aussi mâchées pour traiter les maladies dentaires, les graines carbonisées réduites en poudre sont appliquées sur les piqûres d'insectes, la racine sert d'antidote contre la morsure de serpent et pour traiter l'épilepsie, des douleurs dans la poitrine, la constipation et la dysménorrhée (Madamba et al., 2006). Le niébé est très utile pour la santé, il contient des peptides bioactifs bénéfiques, et sont dotés d'effet anti-inflammatoire important, anticancéreux, des avantages liés à la fonction immunitaire et à la santé intestinale, le diabète et les maladies cardiovasculaires (Awika et Duodu, 2017; Salawu, et al., 2014 ; Lima et al., 2016). Par conséquent, Il est possible de sélectionner le niébé pour des applications alimentaires qui ciblent des bienfaits spécifiques pour la santé, en se basant sur la connaissance de la composition du polyphénol, en particulier le flavan-3-ols hautement glycosylés, et la prédominance inhabituelle des glycosides de quercétine. De plus, il est

possible d'établir des interactions synergiques entre les peptides bioactifs et certains facteurs antinutritionnels comme les inhibiteurs de la protéase avec les polyphénols du niébé afin d'améliorer leurs effets positifs sur la prévention des maladies (Awika et Duodu, 2017). En outre, la présence des vitamines de groupe B dans sa composition chimique, particulièrement l'acide folique, permet la prévention des malformations chez les nouveau-nés (Cisse et Hall, 2003). D'autres usages thérapeutiques ont été signalés, effet tonique, apéritif, stimulant et aphrodisiaque ainsi qu'il aide à une bonne gestion du poids (FAO, 2016).

On outre, HBT (2016) ont rapporté quelques remèdes traditionnels à base du niébé tel que :

- Les feuilles sont mâchées pour traiter les problèmes dentaires.
- Les feuilles et les graines sont utilisées comme un pansement afin de traiter les gonflements, les infections de la peau et les brûlures.
- La poudre des graines est utilisée pour traiter les piqûres d'insectes.
- L'infusion de graines traite l'aménorrhée.
- La bouillie à base de niébé peut éliminer les vers de l'estomac.
- La racine agit comme un antidote contre les morsures de serpent et elle peut être utilisée pour guérir les douleurs thoraciques, l'épilepsie et la dysménorrhée.
- La plante est utilisée pour fabriquer des émétiques qui traitent la fièvre et guérissent la schistosomiase urinaire.

4.4.1 Action anticancéreuse

Des études récentes ont démontré les propriétés anticancéreuses du niébé à travers d'essais *in vitro* et *in vivo* à l'aide de paramètres tels que l'inhibition des dommages oxydatifs à l'ADN, les effets antiprolifératifs contre les cellules cancéreuses et l'induction d'enzymes de désintoxication de phase II (Awika et Duodu, 2017).

Des études ont confirmé le potentiel anticarcinogène des inhibiteurs de la protéase Bow man-Birk et identifient le BTCI comme un outil prometteur pour le développement de médicaments destinés au traitement du cancer du sein (Joanitti et *al.*, 2010).

De plus, les extraits riches en phénols des son graines peuvent diminuer la prolifération de certaines maladies cellulaires et renforcer l'effet du 5-fluorouracile dans les lignées cellulaires du cancer colorectal humain (Nassourou et *al.*, 2016 ; Teixeira-Guedes et *al.*, 2019).

Le niébé et son simulé digestion gastro-intestinale *in vitro* et inhibent les dommages oxydatifs de l'ADN (Nderit et *al.*, 2013; Ouedraogo et *al.*, 2010 ; Salawu et *al.*, 2014). De plus, il a été démontré que l'extrait phénolique libre de graines entières inhibe 65% de la

prolifération des cellules cancéreuses dépendantes des hormones mammaires (MCF-7). Cependant, des recherches réalisées sur la graine du niébé ont montré que l'activité antiproliférative des cellules cancéreuses est plus élevée que la couche de semence et le cotylédon en eux-mêmes, qui est probablement dû en grande partie à l'effet synergique des polyphénols concentrés dans la couche de la graine et un peu de bioactif non-polyphénol composés trouvés principalement dans le cotylédon, dérivés protéiques probables. Par exemple, un inhibiteur de protéase purifié, le cotylédon du niébé (variété à œil noir) inhibe la croissance des cellules cancéreuses du MCF-7 induite par l'apoptose et l'arrêt du cycle cellulaire, et a été proposée comme médicament anticarcinogène potentiel (Joanitti et al., 2010). Les propriétés anticancéreuses du niébé ont également été attribuées à des composés antifongiques isolés à partir de leurs graines inhibant la croissance du champignon *Mycosphaerella arachidicola* (Tian et al., 2013).

Une étude récente a évalué le potentiel inhibiteur des fractions protéiques de certaines espèces de légumineuses y compris le niébé par rapport à la matrice d'activité de la métalloprotéine (MMP-9) dans les cellules cancéreuses du côlon (HT29) qui est liée à la croissance du cancer et aux méta-infections et, par conséquent, leur inhibition est un indicateur des effets anticancéreux potentiels.

4.4.2 Effet anti-inflammatoire

L'extrait de niébé a des propriétés anti-inflammatoires, qui varient d'une espèce à l'autre et sont liées aux compositions phénoliques, par leur capacité à inhiber l'expression de gènes pro-inflammatoires (Hachibamba et al., 2013). Ces activités anti-inflammatoires sont dues à la teneur en phénol et au profil flavonoïde des myofibroblastes coliques non malins (CCD18Co) attaqués par l'endotoxine lipopolysaccharidique (LPS). De même, les extraits de niébé jouent un rôle protecteur sur les espèces réactives cellulaires de l'oxygène dans les cellules stimulées par le LPS, ils peuvent également réguler les cytokines pro-inflammatoires (IL-8, TNF- α , VCAM-1) (Ojwang et al., 2015). Certaines variétés peuvent être sélectionnées pour maximiser les avantages de ces maladies grâce à ces propriétés anti-inflammatoires des composés biologiquement actifs du niébé tels que les flavonoïdes et polyphénols et sont bénéfiques pour le cancer, le diabète et les maladies cardiovasculaires (Awika et Duodu, 2017).

4.4.3 Effets antidiabétiques

Les extraits phénoliques du niébé ont des effets anti-diabétiques, grâce à une action inhibitrice contre α -glucosidase et α -amylase pour gérer l'absorption de glucose et l'augmentation des niveaux induits par le glucose des espèces d'oxygène réactif

mitochondrial (ROS) liée à l'hyperglycémie et à l'hypertension pour réduire ces pathologies chroniques (Obboh et Agu, 2010 ; Sreerama et *al.*, 2012).

Le niébé cuis présente un indice glycémique faible de 29 à 41, il a été attribuée à la présence de fibres susceptibles de diminuer le glucose postprandiale en augmentant la viscosité du digest et en réduisant le temps de vidange gastrique (Obboh et Agu, 2010), les peptides générés par la germination et l'hydrolyse enzymatique du niébé sont capables d'inhiber la dipeptidyle peptidase IV, qui dégrade les incrétines, qui sont des hormones responsables de la régulation des taux de glucose postprandiale en stimulant la sécrétion d'insuline (De Souza et *al.*, 2014 ; Obboh et Agu, 2010).

L'activité antioxydante est principalement présente dans les composés phénoliques libres et ceux-ci étaient plus bioactifs. La croissance des cellules cancéreuses *in vitro* a été inhibée (Gutiérrez-Urbe et *al.*, 2011). Les résultats actuels ont rapporté une grande variabilité génétique pour le flavonoïde contenu et potentiel antioxydant dans les graines de niébé. Cette variabilité pourrait être exploitée dans la sélection pour le développement de variétés à haute valeur nutritive basée sur leur contenu phénolique et leur activité antioxydant (Nassourou et *al.*, 2016; Teka et *al.*, 2020). En effet, le niébé contiennent des niveaux élevés de polyphénols par rapport aux autres légumineuses, ils sont riches en dérivés des acides phénoliques et les glycosides de flavonol, en anthocyanes, des flavan-3-ols, Le flava-3-ols (tanins), la catéchine-7-O-glucoside. L'information sur le type d'action génétique régissant l'hérédité de la teneur en flavonoïdes et en antioxydants de la graine de niébé est une condition préalable au démarrage d'un programme de sélection efficace pour le développement de variétés améliorées. En effet, les effets des gènes additifs et non additifs ont été significatifs dans le contrôle génétique des teneurs en flavonoïdes et en antioxydants, mais la variance de dominance était supérieure à la variance additive. Les allèles récessifs ont eu des effets positifs sur le DPPH et le ABTS les activités de balayage (antioxydants, alors que les allèles dominants ont eu des effets positifs sur la teneur en flavonoïdes et l'activité de réduction du fer ferrique (Nassourou et *al.*, 2016).

De plus, les composés phénoliques de niébé peuvent avoir des effets bénéfiques sur la santé. Les digestions enzymatiques des niébés cuis inhibaient les dommages à l'ADN induits par les radicaux libres (Nderitu et *al.*, 2013). De ce fait, les niébés offrent une certaine protection contre les dommages oxydatifs à l'ADN suggère que les phénoliques du niébé conservent une certaine concentration de radicaux propriétés après avoir subi la digestion gastro-intestinale et pourrait réduire ainsi le risque de problèmes de santé liés au stress oxydatif (Nderitu et *al.*, 2013). Egalement, les extraits de grains entiers des céréales et des

légumineuses peuvent être considérés comme des contributeurs potentiels importants à la santé humaine en raison de leur composition phénolique. Ces derniers inhibent l'oxydation des lipoprotéines de faible densité et étaient protégés contre les dommages oxydatifs à l'ADN (Salawu et *al.*, 2014).

5 Diversité génétique chez le niébé

La diversité génétique d'une population est la mesure génétique dans laquelle le matériel héréditaire diffère au sein d'un groupe de plantes (Hintum et JL, 1995). Elle s'intéresse à l'estimation de la diversité génétique d'une populations ou d'une espèces d'une part, et d'autre part à l'identification des facteurs qui concourent au maintien ou à l'évaluation de cette diversité de même qu'à l'estimation de leurs effets. Il est mesuré pour tout caractères à plusieurs échelles des différents phénotypes observables (Fréquences phénotypiques), à l'échelles des différents génotypes responsables des phénotypes observables (Fréquence d'une populations ou génotypiques), différents allèles des gènes impliqués dans ces génotypes (Fréquences alléliques) (Erre Jean-Louis, 2017). La diversité génétique des légumineuses offre l'occasion de profiter de ses caractéristiques. Il est possible d'atteindre cet objectif grâce à l'utilisation d'outils génomiques et à la sélection assistée par la génomique pour accélérer les gains génétiques en combinaison avec une stratégie de sélection à cycle rapide visant à développer des cultivars résistants au climat pour l'Afrique subsaharienne (Paliwal et *al.*, 2020).

5.1 Conservation ressources génétiques *in-situ* de niébé

Chez le niébé, la diversité génétique est généralement maintenue par les agriculteurs dans leurs exploitations (Dumet et Fatokun, 2010) et c'est le cas en Algérie où les variétés traditionnelles sont maintenues d'une manière indirecte par les paysans et transmises d'une génération à une autre (Ghalmi, 2011) En Algérie, les collections des semences des variétés locales de niébé sont conservées soit à l'Institut Techniques des Cultures Maraichères et Industrielles (ITCMI) ou à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique (ENSA) (Ghalmi, 2011) car malheureusement ce pays n'est pas doté jusqu'à maintenant d'une banque de gènes.

5.2 Prospective, collecte et conservation des ressources génétiques *ex situ* de niébé

Parmi les objectifs de la conservation des collections de germoplasm, sont la préservation et la caractérisation de la diversité génétique des espèces en vue de leurs utilisations et valorisation à court, moyen et long termes. De nombreux organismes internationaux, nationaux et privés, ont créé des banques de gènes qui peuvent compter

plusieurs dizaines de milliers d'accessions. De nos jours, on peut citer quatre principales banques de gènes qui gèrent les ressources génétiques de niébé :

Le Centre de Ressources Génétiques (GRC) de l'Institut International d'Agriculture Tropicale (IITA) possède la plus grande collection de niébé avec plus de 15 003 accessions et 2500 accessions d'espèces sauvages de *Vigna* collectées dans environ 89 pays à travers le monde, une légumineuse clé de la savane et des régions sahéliennes d'Afrique de l'Ouest. Une collection centrale de 2062 accessions couvrant la plus grande partie de la diversité existant dans l'ensemble de la collection de l'IITA a été définie en utilisant 28 descripteurs agronomiques et botaniques pour le regroupement des accessions qui couvrent une large gamme de variation phénotypique parmi la collection. Une mini-collection de 370 a également été développée, ainsi qu'un autre ensemble d'environ 200 entrées dérivées d'une stratégie d'identification ciblée du germoplasme (FIGS) qui permet la sélection d'un sous-ensemble de germoplasme basé sur les traits pour la tolérance à la chaleur et à la sécheresse. Ce sous-ensemble sera testé par des sélectionneurs en Afrique sub-saharienne et ailleurs (Paliwal et *al.*, 2020) .

Une population multiparentale de croisements de générations avancées (MAGIC) de 305 lignées de niébé a été développée (Huynh et *al.*, 2018), Les populations MAGIC sont issues de huit parents fondateurs génétiquement diversifiés et porteurs de nombreux caractères de résistance aux stress abiotiques et biotiques, de qualité des graines et agronomiques pertinents pour l'amélioration du niébé aux États-Unis et en Afrique subsaharienne. Les populations MAGIC sont un type émergent de ressource génétique pour disséquer la structure génétique des traits et améliorer les populations de sélection. Un certain nombre d'avancées dans le domaine de la génomique du niébé ont été réalisées, y compris le développement de cartes de liaison génétique, une carte de liaison génétique consensuelle améliorée, la population MAGIC et l'identification de loci de traits quantitatifs associés à des traits désirables tels que la résistance à la Striga, à la *Macrophomina*, à la flétrissure de *Fusarium*, à la brûlure bactérienne, aux nématodes à galles, aux pucerons, aux thrips foliaires et aux stress de chaleur et de sécheresse (Huynh et *al.*, 2018).

Plusieurs programmes de sélection de niébé ont été lancés avec les ressources génétiques disponibles à l'IITA pour mettre en œuvre la sélection moléculaire, en particulier pour les populations de sélection récurrente assistée par marqueur (MARS) et de rétrocroisement assisté par marqueur (MABC), afin d'accélérer l'amélioration des variétés de niébé dans (Boukar et *al.*, 2016).

Récemment, le génome de référence du niébé a été publié par (Lonardi et *al.*, 2019), Ce dernier permettra d'améliorer notre compréhension de l'histoire de la domestication du niébé, de la manière de relier les informations génomiques entre le gène et le caractère et d'accélérer l'amélioration des cultures. La combinaison d'outils bio-informatiques avancés et de profils génomiques accessibles (ADN ou ARN) a considérablement amélioré notre compréhension du génome des cultures et de l'association marqueur/gène/trait. Le mini-ensemble de base et la population FIGS de niébé au GRC, IITA, ont été génotypés à l'aide de DArTseq-GBS (génotype par séquençage) à haut débit, de SNP (polymorphisme de nucléotide unique) et de marqueurs *in silico* (présence/absence) afin d'obtenir des informations détaillées sur la diversité génétique à l'échelle du génome, la structure de la population et la découverte de QTL/gènes avec une analyse d'association marqueur-trait pour la recherche sur la sélection assistée par la génomique (GAB). De même, un ensemble de 305 lignées (génération F8) de la population MAGIC de niébé a également été génotypé avec 51128 SNP par (Muñoz-Amatriaín et *al.*, 2017) est utilisé pour l'analyse d'association marqueur-trait pour différents caractères agronomiques et morphologiques tels que la sensibilité à la photopériode, la floraison, la maturité, la taille des graines et le rendement.

Plus de vingt-quatre variétés de niébé de l'IITA ont été homologuées entre 2008 et 2017 dans 13 pays différents pour améliorer le rendement en Afrique subsaharienne. Il est nécessaire de se concentrer sur le génotypage de la core-collection de niébé ainsi que de l'ensemble de la collection conservée de niébé au GRC-IITA afin d'explorer la diversité génétique inexploitée qui peut être un facteur clé pour la sélection future afin de développer des cultivars résistants au climat (Paliwal et *al.*, 2020).

Les programmes de sélection du Niébé ont étudié de façon intensive la génétique qualitative et quantitative de la culture pour améliorer son amélioration. Les projets sur les légumineuses tropicales ont contribué au développement de la génomique du niébé ressources. Les SNP Progrès récents dans l'élaboration d'une carte génétique consensuelle contenant 37 372 SNP mappés à 3 280 bacs renforceront le de découverte des caractéristiques du niébé. De plus, plusieurs marqueurs informatifs associés à des loci de caractères quantitatifs (QTL) liés aux attributs souhaitables du niébé ont été générés. Les activités d'amélioration génétique du niébé visent à développer une utilisation efficace du phosphore, tolérant à la sécheresse, les lignées résistantes au mildiou et aux virus grâce à l'exploitation des ressources génétiques disponibles et au déploiement d'outils de sélection modernes qui amélioreront le gain génétique lorsqu'elles sont cultivées par des agriculteurs d'Afrique subsaharienne (Boukar et *al.*, 2019).

5.3 Evaluation de la diversité génétique par différents marqueurs

Plusieurs systèmes de marqueurs d'ADN sont maintenant communs dans les études de diversité des plantes. Trois types de marqueurs sont généralement utilisés pour l'estimation de la variabilité génétique, à savoir les marqueurs morphologiques et agronomiques, les marqueurs biochimiques et les marqueurs moléculaires.

5.3.1 Les marqueurs morphologiques

Les caractères morphologiques sont les premiers à être observés. Ils correspondent généralement aux caractères qualitatifs (couleur des grains, couleur de la tige et des fleurs, etc...) et quantitatifs (date de floraison, hauteur de la plante, poids de 100 grains, etc...) qui peuvent être évalués visuellement et par des mesures. Cependant, beaucoup de facteurs limitent l'utilisation des marqueurs morphologiques à savoir pour leur dépendance importante à l'environnement et leur demande de moyens importants pour leur réalisation (temps, coût). Par ailleurs, ces marqueurs ne doivent pas être négligés malgré leurs limites, car ce sont encore les critères utilisés pour décrire et identifier les taxons, lignées et variétés. La publication de nombreux descripteurs de caractérisation par « International Plant Genetic Resources Institute » (IPGRI) et « Union pour la protection des obtentions végétales » (UPOV) pour les espèces végétales, témoigne de l'importance des marqueurs morphologiques. Le descripteur de niébé publiés en 1983 par « International Board for Plant Genetic Resources » IBPGR est utilisés dans la caractérisation morphologique quantitative et qualitative de niébé.

Traditionnellement, la classification des divers sous-genres, espèces et sous-espèces repose principalement sur les attributs morphologiques. Toutefois, ces caractères peuvent ne pas être significativement distincts et nécessitent habituellement des plants en croissance jusqu'à maturité avant d'être identifiés. De plus, les caractères morphologiques peuvent être instables en raison d'influences environnementales. Au fil des ans, les méthodes de détection et d'évaluation de la diversité génétique se sont étendues de l'analyse de traits morphologiques discrets aux traits biochimiques et moléculaires (subbiah et *al.* 2003)

Selvi et *al.*, (2003) a étudié la variation génétique entre 52 accessions d'espèces *Vigna*, dont 15 accessions de *V. unguiculata*, *Vigna* a été étudié à l'aide de caractères morphologiques (25 caractères qualitatifs et 14 caractères quantitatifs), Les grappes basées sur des traits morphologiques ont regroupé les différents sous-genres de *Vigna* en un seul groupe mais n'ont pas reflété la relation génétique réelle entre les différentes espèces. Nagalakshmi et *al.*, (2010) ont proposé une diversité génétique parmi les soixante-six génotypes niébé (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) à travers douze caractères quantitatifs. L'analyse D2 de Mahalanobis a établi la présence d'une grande diversité génétique parmi ces génotypes par la formation de 23 grappes. Les résultats indiquaient que le rendement céréalière par plant contribuait au

maximum à la divergence totale, suivi du poids de 100 graines et des jours de floraison à 50 %. Le nombre de branches par plante a le moins contribué à la divergence totale, suivi de la longueur du pétiole. Le schéma de regroupement des variétés indiquait clairement qu'il n'y avait pas de parallélisme entre les diversités génétiques et géographiques. Sur la base de la performance moyenne et de la divergence génétique, les géotypes Vellayani local, NBC 7, Lola, CP 18, CP 150, ACM 05-07 peuvent être utilisés pour le croisement et la sélection ultérieure.

Ces marqueurs peuvent être influencés à divers degrés par des facteurs végétaux-endogènes et environnementaux et, par conséquent, ne sont pas des outils fiables pour l'évaluation de la diversité génétique. Bien que les marqueurs morphologiques soient techniquement simples, ils ont plusieurs limites. Les traits morphologiques discrets, qui montrent une haute héritabilité, sont en nombre limité, chacun étant régi par quelques gènes et, par conséquent, ne couvrent qu'une petite partie du génome. Les caractères quantitatifs sont influencés par des facteurs environnementaux, ce qui implique que ces caractères présentent une variation continue. Il en résulte une faible héritabilité et un géotype élevé par interaction avec l'environnement, ce qui rend difficile la détermination précise de la variation génétique.

5.3.2 Les marqueurs biochimiques

Avant que les marqueurs moléculaires deviennent disponibles, les marqueurs biochimiques avaient été les marqueurs de choix dans l'étude de la diversité chez le niébé. L'électrophorèse de protéines et d'iso-enzymes a été employée pour estimer la variabilité chez le niébé. En effet, les marqueurs biochimiques peuvent apporter des solutions rapides au problème d'identification des chromosomes (Bernard et *al.*, 1977).

Des études sur la diversité génétique du niébé ont été réalisées en utilisant les marqueurs biochimiques comme les isoenzymes et les allo enzymes ont démontré chez les formes cultivées de niébé un niveau de polymorphisme variant entre 4 et 42%, avec en moyenne 1,04 à 1,61 allèles par locus et un indice de diversité génétique très faible, de 0,018 à 0,061 (Panella et Gepts, 1992; Pasquet, 1996, 2000; Vaillancourt et *al.*, 1993). Les principaux inconvénients de ces techniques soient la quantité limitée de polymorphisme détecté parmi les géotypes très proches, Les études isoenzymatiques les plus récentes conduites sur le niébé ont porté sur l'évaluation de la diversité génétique intra et inter spécifique des formes cultivées et des formes sauvages (Panella et Gepts, 1992; Pasquet, 1996, 2000, 1993; Reis et Frederico, 2000; Vaillancourt et *al.*, 1993).

5.3.3 Marqueurs moléculaires

Les marqueurs moléculaires ou marqueurs d'ADN sont développés pour surmonter les limites des données morphologiques, bien que cela ne signifie pas que l'une des techniques biochimiques ou moléculaires ou les deux remplacent le marqueur morphologique. Les marqueurs moléculaires ont un grand potentiel dans le contrôle de la qualité dans le programme de sélection. Actuellement, le terme marqueur moléculaire pointe invariablement vers des marqueurs à base d'ADN à l'aide d'une variété des techniques d'analyse de la variation au niveau de l'ADN. Il y a deux classes de ces marqueurs, à savoir : 1) ceux basés sur l'hybridation l'ADN-ADN et 2) hybridation entre un clone d'ADN marqué (sonde) et génomique totale. Des marqueurs moléculaires offrant des résultats plus valides ont été utilisés dans nos études afin d'améliorer l'approche physiologique. Des études antérieures utilisant des alloenzymes, des RAPD et des microsatellites indiquent un faible niveau de variation du niébé (Diouf et Hilu, 2005 ; Fatokum, 2001 ; Pasquet ,2000 ; Tosti et Negri, 2002). Cependant, un niveau élevé de polymorphisme a été observé dans les lentilles, le soja et le niébé à l'aide de la technique AFLP (Coulibaly et *al.*, 2002 ; Maughan et *al.*, 1996).

En outre, un niveau élevé de polymorphisme a été observé dans *Phaseolus* utilisant RAPD (Bai et *al.*, 1998).

6 Les marqueurs moléculaires appliqués au genre *Vigna*

6.1 Les marqueurs RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisme)

La technique RFLP développée, est basée sur la digestion de l'ADN génomique total avec une enzyme de restriction. Les fragments obtenus sont alors sondés avec des fragments spécifiques d'ADN par les techniques de southern blotting et d'hybridation. C'est une technique qui nécessite l'utilisation des sondes radioactives. Une variante de cette technique la PCR-RFLP, est de plus en plus exploitée. Comme son nom l'indique, cette méthode combine les caractéristiques de la PCR et de la RFLP. Son principe est d'effectuer l'amplification de l'ADN avec des amorces en PCR avant de réaliser la digestion des enzymes (Botstein, White, Skolnick, & Davis, 1980).

Les marqueurs à base d'hybridation d'ADN-ADN, aussi appelés polymorphismes de longueur de fragment de restriction (RFLPs), reposent sur l'hybridation d'une sonde labellisée clonée à un ou plusieurs fragments de restriction de l'ADN génomique. Ces fragments peuvent varier en longueur en raison de différences dans l'emplacement et l'altération des séquences cibles pour la restriction endonucléase utilisée pour couper l'ADN. Ces fragments peuvent être spatialement séparés les uns des autres par électrophorèse sur gel..

Le test de polymorphisme de longueur de fragment de restriction ou RFLP a permis de détecter les polymorphismes d'ADN par la restriction des digestions d'endonucléase, couplé avec le transfert d'ADN les hybridations et sont, en général, chronophages et à forte intensité de main-d'œuvre (Tingey et *al.*, 1994).

6.2 Les microsatellites SSR

Ces types de marqueurs sont caractérisés par un haut niveau de polymorphisme capable de rendre parfaitement compte de la variabilité génétique. Ils permettent d'étudier le degré de parenté entre des variétés par criblage des lignées de niébé ayant généralement des parents identiques mais présentant des différences morphologiques (Kouakou et *al.*, 2007, Li et *al.*, 2001). Le polymorphe est constitué par des micro séquences répétées, de taille variable, insérées dans des séquences uniques qui sont-elles bien conservées. (Gaillardand et Tinsley, 2007).

Les marqueurs microsatellites spécifiques pour le niébé ont été développés par plusieurs auteurs: (Asare et *al.*, 2010 ; Badiane et *al.*, 2012 ; Ogunkanmi et *al.*, 2008). Les premières recherches sur les SSR du niébé sont menées par (Li et *al.*, 2001), 27 amorces SSR ont été développées à fin d'évaluer la diversité génétique de 245 variétés de niébés soudanais ainsi que de 22 variétés mondiales obtenues de l'IITA, au Nigeria. Des études comparatives sur des plantes ont montré que les marqueurs SSR, qui sont des marqueurs uni locus avec des allèles multiples, fournissent un moyen efficace de faire la distinction entre les génotypes (Powell et *al.*, 1996).

6.3 Les marqueurs AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisme)

Cette technique combine les techniques RFLP et PCR où il y'aura d'abord une restriction de l'ADN et ligature d'adaptateurs oligonucléotidiques puis une amplification sélective de l'ensemble des fragments de restriction (Vos et *al.*, 1995). Selon Coulibaly et al. (2002), ces marqueurs ont révélé que les formes sauvages de niébé sont plus diversifiées que les formes domestiquées (une héritabilité de 0,175 contre 0,108 respectivement).

Les marqueurs (AFLP) ont été utilisés pour évaluer les relations génétiques dans le niébé et à évaluer l'organisation de sa diversité génétique, les AFLP donnent une résolution plus élevée que du pool de gènes domestiqués que les isoenzymes dans sa capacité à découvrir la variation le niébé domestiqué et sauvage, et devrait être un outil puissant une fois que du matériel sauvage supplémentaire sera disponible (Coulibaly et *al.*, 2002). Par ailleurs,

Ouedraogo et *al.*, (2001) ont utilisées les analyses de ségrégation groupées par AFLP pour identifier les marqueurs moléculaires liés à la résistance du niébé au parasite *Striga gesnerioides*.

On outre, Gillaspie et *al.*, (2005) ont utilisé l'AFLP pour évaluer la diversité génétique entre *Vigna unguiculata* et sous-espèces. Trois combinaisons d'apprêt AFLP et 10 SSR ont identifié avec succès des accessions étroitement liées et la présence d'hétérogénéité dans certaines accessions. Ces marqueurs ont réussi à séparer différentes espèces de *Vigna* avec niveau de variation intra sous-espèces aussi grand que variation interspécifique avec les deux méthodes marqueurs. Kouakou et coll., (2009) ont utilisé la longueur des fragments amplifiés polymorphique (AFLP) en combinaison avec répétition de séquence simple (SSR) pour identifier les marqueurs qui peuvent être liés au gène *Rav3* conférant une résistance à *A. vogelii* dans le cultivar de niébé IT81D-994.

La caractérisation moléculaire d'une part par l'amplification PCR avec des amorces SSR et d'autre part par la technique AFLP sur un nombre restreint de cultivars montre l'importance de ces techniques pour la caractérisation des écotypes. Cependant La technique AFLP a permis une analyse beaucoup plus fine (Ouedraogo et *al.*, 2010).

6.4 Les marqueurs RAPD

La technique RAPD est l'une des méthodes les plus commandées pour identifier le polymorphisme génétique d'organismes vivants (Santoni et *al.*, 2000).

Les RAPDs sont générés par l'application de la polymérase réaction en chaîne (PCR) aux échantillons d'ADN génomique, en utilisant oligonucléotides construits aléatoirement comme amorces. Depuis la technique est relativement facile à appliquer à un large éventail de taxons végétaux et animaux, et le nombre de loci qui peuvent être examinés est essentiellement illimité, RAPDs sont considérés comme présentant plusieurs avantages par rapport aux RFLP et à l'ADN empreintes digitales. Lorsque les amorces sont de taille intermédiaire (de l'ordre de 10 paires de base), amplificateur multiple des fragments (provenant de différents lieux) sont habituellement présents pour chaque ensemble d'amorces dans chaque génome. Les fragments peuvent être séparés par taille sur un gel d'agarose standard et visualisée par la coloration de bromure d'éthidium (Lynch et Milligan, 1994).

Les RAPDs sont des marqueurs dominants (ADN polymorphe amplifié aléatoire) c'est la technique fondée sur la réaction en chaîne de la polymérase (PCR) est l'une des techniques moléculaires les plus couramment utilisées pour développer des marqueurs d'ADN. Utilisant amorces oligonucléotidiques synthétiques courts (10 bases longues) simples, courtes et

arbitraires, et ne nécessitent pas de connaissance préalable d'une séquence d'ADN, des séquences aléatoires comme amorces pour amplifier les quantités de nanogrammes d'ADN génomique total sous faibles températures de recuit par PCR. Cependant, l'avantage de cette technique sont le faible coût, l'efficacité dans la mise au point d'un grand nombre de marqueurs d'ADN en peu de temps et l'équipement sophistiqué ainsi que la reproductibilité du RAPD profil (Bardakci, 2001; Williams et al., 1990). Les produits d'amplification sont généralement séparés sur des gels d'agarose et teints au bromure d'éthidium (Welsh et McClelland, 1990). La diversité génétique de dix cultivars de niébé indien a été révélée à l'aide de marqueurs RAPD, ils montrent la possibilité d'évaluer la diversité avec plus d'ensembles de RAPD marqueurs et aussi en utilisant d'autres marqueurs moléculaires à base d'ADN (Lynch et Milligan, 1994; Malviya et al., 2012; Prasanthi et al., 2012).

Les RAPDs permettent aussi d'estimer plusieurs paramètres génétiques de la population (fréquences des gènes et des génotypes, hétérozygosité au sein de la population et entre les populations, degré de consanguinité et population subdivision, et le degré de relation individuelle) ainsi que des expressions pour leur variance d'échantillonnage. Bien que les estimateurs sans biais ne semblent pas possibles avec des RAPDs, plusieurs étapes sont suggérées qui assureront que le biais dans les estimations des paramètres est négligeable. Pour éviter le biais dans l'estimation des paramètres, les allèles de marqueur pour la plupart de ces loci doivent être de fréquence relativement faible. En raison de la nécessité d'élaguer des loci à basse fréquence nul allèles, plus de loci doivent également être échantillonnés avec des RAPDs qu'avec des et certains problèmes de biais ne peuvent être complètement éliminés (Lynch et Milligan, 1994). D'autre part, les RAPD ont révélé une diversité génétique élevée entre accessions provenant d'Afrique, d'Amérique et d'Asie (Ba et al., 2004; Mignouna et al., 1998; Morgante et al., 1994), au sein d'accessions issues de variétés traditionnelles cultivées au Malawi (Nkongolo, 2003). De plus (Tosti et Negri, 2002) ont appliqué les techniques RAPD, pour étudier leur efficacité à détecter le niveau de diversité génétique parmi les accessions de niébé. Mais, cette méthode d'amplification détecte un niveau de polymorphisme faible (Menéndez et al., 1997).

Ekanyake et al., (2002) ont proposé une relation génétique entre *Vigna* spp sauvage et cultivé en utilisant Random Amplified Les ADN polymorphes (RAPDs) ainsi que les marqueurs morphologiques. Après un dépistage avec 10 amorces aléatoires, cinq ont été trouvées pour produire des profils d'amplification PCR clairs. Sur le total 134 bandes générées avec les cinq amorces choisies au hasard, 104 étaient polymorphes. Le Dendrogramme a montré la plus grande distance génétique entre les accessions (Sharawy et El-Fiky, 2003) ont établi

une relation génétique entre six géotypes du niébé (*Vigna unguiculata* L.) basés sur les caractères de rendement et les marqueurs RAPD. Pour l'analyse RAPD-PCR, dix des amorces arbitraires ont été utilisées dont vingt et un marqueurs spécifiques au géotype (9 positifs et 12 négatifs) ont été détectés et peuvent être utilisés comme marqueurs pour la caractérisation génétique des six géotypes. Le résultat a montré la présence de différences significatives dans la morphologie et traits de qualité parmi les géotypes. (Fall, Diouf, Fall, Badiane, & Gueye, 2003) ont utilisé deux approches expérimentales. D'abord : la caractérisation physiologique basée sur la fixation de l'azote a été utilisée pour accéder aux lignées de reproduction du niébé. Inoculation les souches de *Bradyrhizobium* (NGR 234 et ISRA 312) ont montré une différence dans le potentiel de fixation de l'azote entre le niébé variétés. La deuxième approche a employé la caractérisation génétique polymorphisme d'ADN pour dépister les variétés de niébé. Le résultat suggère que la technologie RAPD peut être utilisée pour réorganiser la germplasm national afin d'éliminer les duplicatas putatifs Et d'identifier des variétés d'élite.

Badiane et *al.*, (2004) ont examinés les variétés de niébés selon leur tolérance au stress hydrique était basée sur l'évaluation de la matière sèche des pousses et la surface foliaire sous des traitements bien arrosés et de sécheresse sur le terrain. Ces études physiologiques ont été complétées en analysant la diversité génétique de ces variétés l'ADN polymorphique amplifié (ADN RAPD). L'analyse RAPD a montré que les échantillons étaient génétiquement divers.

Diouf et Hilu (2005) Ont étudié la diversité génétique à l'échelle locale variétés et lignées de niébés du Sénégal en utilisant des ADN polymorphe amplifié (RAPD) et microsatellite (SSR) techniques. Les données de la RADP et de la SSR étaient analysés séparément et en combinaison pour évaluer la relation parmi les lignées génétiques.

Pandey et *al.*, (2004) ont proposé la prise d'empreintes génétiques par RAPD et la diversité génétique dans treize mutants niébé (*Vigna unguiculata* (L.)Walp). La grande diversité génétique observée parmi les mutants affirme la potentialité du rayonnement dans l'induction de la variabilité en niébé.

Ba et *al.*, (2004), Le niébé domestiqué a été caractérisé pour la variabilité génétique séparément en utilisant l'analyse RAPD. Les amorces ont généré 202 bandes RAPD. Parmi les cent huit bandes étaient polymorphes par rapport à 181 parmi les accessions de niébés sauvages donc plus diversifiées.

Karuppanapandian et *al.*, (2006) ont évalué la diversité génétique et les relations génétiques entre 24 niébés des races locales de diverses régions géographiques du Tamil Nadu, Inde, en

utilisant des marqueurs d'ADN polymorphe amplifié aléatoire (RAPD). Au total de 155 fragments amplifiés ont été générés avec une moyenne de 7,8 fragments utilisant 20 amorces aléatoires. De ces fragments, 117 étaient polymorphes avec une moyenne de 5,9 fragments par amorce pour Le pourcentage de polymorphisme variait entre 25 et 100 %. Les résultats ont montré que les terres de diverses localités du Tamil Nadu, en Inde, ont formé un ont été analysés pour déterminer la diversité génétique de 13 géotypes divers de niébé cultivés dans différentes régions de l'Inde. Au total, six amorces aléatoires ont été utilisées dans l'étude. L'amplification des géotypes génomiques de l'ADN du niébé indien avec ces amorces RAPD a produit 39 fragments qui ont pu être notés, dont 34 étaient polymorphes. Le nombre de fragments amplifiés avec amorces aléatoires variait de 1 (OPA 06) à 10 (OPA 1). Le pourcentage de polymorphisme variait de 71,42 % (OPA 12) à un maximum de 100 % (OPA 6, OPA 13 et OPA 19), avec une moyenne de 88,5 %. Les indices de similarité de Jaccard basés sur les profils RAPD ont été soumis à l'analyse par grappes UPGMA et aux géotypes regroupés en deux grands groupes (Nagalakshmi et al. 2017).

La diversité génétique dans les cultivars dans 32 cultivars de *Vigna radiata* par l'ADN polymorphique amplifié au hasard (RAPD), L'étendue du polymorphisme était modérée à faible. La base génétique étroite des cultivars (Lakhanpaul et al., 2000). Le principal avantage de la technique RAPD est qu'elle n'a pas besoin d'informations de séquence pour commencer. Le polymorphisme parmi les géotypes peut être détecté en utilisant des amorces aléatoires. La variation du modèle de bandes des produits d'amplification se produit en raison de la variation de la séquence d'ADN flanquée par les amorces. Dans cette optique, la présente étude a été entreprise pour évaluer le profil et l'existence de la variabilité génétique et des liens entre les cultivars pour l'amélioration génétique du niébé à l'aide de marqueurs RAPD et Comme la technique RAPD est basée sur l'amplification, Seules des quantités de nanogrammes d'ADN sont nécessaires (Patil et al., 2013; Williams et al., 1990).

Plusieurs applications du test RAPD ont été développées au cours des 2 dernières années. Chacune de ces techniques exploite l'efficacité de la détection des polymorphismes basés sur le séquençage de l'ADN dans le test RAPD. La technologie RAPD a rapidement gagné en popularité et en application parce qu'elle a fourni un outil d'analyse génétique dans des systèmes biologiques qui n'avaient pas bénéficié auparavant de l'utilisation de marqueurs moléculaires. Les RADPs permet la distinction entre différentes variétés dans une collection de plasma germinal et que la capacité de distinguer entre variétés étroitement liées était simplement une fonction du nombre de bandes RAPD observées et fournit une technologie efficace pour découvrir ces caractères polymorphes. L'avantage majeur de ce test est qu'il

n'est pas nécessaire pour l'information de séquence d'ADN. Le protocole est également relativement rapide et facile à fluorescence au lieu de radioactivité (Williams et *al.*, 1990).

Les progrès récents dans l'application de la réaction en chaîne de la polymérase permettent de marquer les individus à un grand nombre de loci. Cependant, le RADP est l'une de ces techniques qui a attiré un intérêt généralisé. L'analyse de la structure de la population avec les données RAPD est entravée par le manque des données génotypique complet l'information résultant de la dominance, puisque cela améliore la variance d'échantillonnage associé à un loci unique et induit un biais dans l'estimation des paramètres. Nous présentons estimateurs pour plusieurs paramètres génétiques de la population (fréquences des gènes et des génotypes, hétérozygosités au sein de la population et entre les populations, degré de consanguinité et population subdivision, et le degré de relation individuelle) ainsi que des expressions pour leurs variances d'échantillonnage. Bien que les estimateurs sans biais ne semblent pas être possibles avec des RAPDs, plusieurs étapes sont suggérées qui assureront que le biais dans les estimations des paramètres est négligeable. Pour atteindre le même degré de pouvoir statistique, sur l'ordre de 2 à 10 fois plus d'individus doivent être échantillonnés par locus lorsque dominant les marqueurs sont utilisés, par rapport aux marqueurs codominants (RFLP, isozyme). De plus, pour éviter le biais dans l'estimation des paramètres, les allèles de marqueur pour la plupart de ces loci doivent être fréquence relativement faible. En raison de la nécessité d'élaguer des loci à basse fréquence nul allèles, plus de loci doivent également être échantillonnés avec des RAPDs qu'avec des et certains problèmes de biais ne peuvent être complètement éliminés (Lynch et Milligan, 1994).

Les données RAPD ont confirmé l'hypothèse de domestication unique, l'écart entre le niébé sauvage et le niébé domestiqué, et les phénomènes d'introgession niébé domestiqué (Ba et *al.*, 2004).

La cartographie génétique utilisant des marqueurs RAPD présente plusieurs avantages par rapport à d'autres méthodes : (i) un ensemble universel d'amorces peut être utilisé pour l'analyse génomique chez une grande variété d'espèces (ii) aucun travail préliminaire, tel que l'isolement de sondes d'ADN clonées la préparation de filtres pour les hybridations, ou séquençage nucléotidique, est nécessaire (iii) chaque marqueur RAPD est l'équivalent d'une séquence Tagged Site , ce qui peut grandement simplifier le transfert d'information dans les programmes de recherche collaborative. L'avantage le plus significatif de cette méthode est peut-être que la détermination du génotype peut être automatisée. Les cartes génétiques composées de marqueurs RAPD peuvent être obtenues plus efficacement, et avec une plus

grande densité de marqueurs, que par RFLP ou des méthodes ciblées basées sur PCRbased (Williams et *al.*, 1990).

L'analyse peut être utilisée pour caractériser les modèles de variation de l'ADN au sein des espèces et parmi les taxons étroitement apparentés. Dans les cultures de légumineuses à grains seulement, les marqueurs RAPD ont été largement utilisés pour l'identification des relations génétiques entre les cultivars (Vilarinhos et *al.* 1994 ; Beebe et *al.* 1995 ; Malviya et *al.*, 2012 ; Tosti et Negri, 2002 ; Williams et *al.*, 1990 ; Mignouna et *al.*, 1998 ; Ba et *al.*, 2004).

Les niébé utilisant les RAPDs (Akundabweni 1995; Menendez et *al.*, 1997; Mignouna et *al.*, 1998; Tosti et Negri , 2002) et aucun d'entre eux n'a étudié l'organisation de la diversité génétique sous des formes sauvages et domestiquées. Les objectifs de la présente recherche étaient les suivants : déterminer si des marqueurs RAPD pouvaient être utilisés pour estimer la diversité génétique des espèces sauvages et des espèces indigènes du niébé, étudier les relations génétiques entre les espèces sauvages et les espèces indigènes de cette espèce, et pour déterminer si les principaux groupes de cultivars peuvent être distingués à l'aide des données de marqueurs RAPD (Ba et *al.*, 2004).

6.5 Polymorphisme nucléotidique unique (SNP)

Le génotype par séquençage a été utilisé pour découvrir un polymorphisme nucléotidique unique (SNP) chez le niébé et les allèles SNP identifiés ont été utilisés pour estimer le niveau de diversité génétique, la structure de la population et les relations phylogénétiques. L'objectif de cette étude était de détecter la structure du pool génétique du niébé et de déterminer sa relation entre différentes régions et différents pays. Selon les analyses phylogénétiques entre chaque individu, région et pays, nous pouvons retracer l'accession à partir des deux régions d'origine candidates (Ouest et Est de l'Afrique) pour prédire l'histoire de la migration et de la domestication pendant la dispersion et le développement du niébé (Xiong et *al.*, 2016).

6.6 Les marqueurs ISSR

Séquence inter-simple répétition polymorphe L'ADN (ISSR) a été évaluée pour son applicabilité, Les marqueurs ISSR étaient faciles à utiliser, fiables une fois optimisés, informatifs avec une électrophorèse agarose-gel, très polymorphe même pour les variations intraspécifiques, et reflétée réelle génétique les relations entre individus, en les indiquant être des marqueurs très utiles pour caractériser plante (Nagaoka et Ogihara,1997).

7 Synthèse sur les travaux de caractérisation génétique et morphologique du niébé en Algérie

Peu des travaux ont été établis sur la culture de niébé en Algérie. Cependant, Les premiers auteurs qui ont entrepris Etude biosystématique de niébé cultivée en Algérie, ils montrent que les variétés de niébé appartiennent à l'espèce *Unguiculata* et au cultigroupe *Biflora* (Echikh et al., 1997). Puis, l'étude isoensymatique de quelques populations du niébé, ils ont révélés que Les formes Sahariennes appartiennent au cultigroupe *Biflora* et les formes Kabyles au cultigroupe *Melanophthalmus* (Echikh, 2000). En fin, des études de caractérisations morpho-agronomique de niébé cultivée provenant des régions différents de l'Algérie tels que : la Kabylie, El Kala, Adrar, Bechar, Tizi-Ouzou et Djanet ont été lancés, (Ghalmi et al., 2005 ; Ghalmi et al., 2010) reporte l'existence d'une grande variabilité morphologique . En outre, la variabilité génétique et les relations entre vingt variétés de niébés de différentes zones agro-écologiques de l'Algérie, sur la base de marqueurs morphologiques et génétiques (RAPD et ISSR) ont été établie, ces techniques de marqueurs moléculaires sont comparées les unes aux autres et aux traits morphologiques pour comprendre le degré de. (Ghalmi et al., 2010 ; 2011).

*CHAPITRE II: Prospection, collecte ET enquête
ethnobotanique sur des écotypes locaux du niébé
cultivés dans la région de Tamanrasset.*

CHAPITRE II: Prospection et collecte et enquête ethnobotanique des écotypes locaux du niébé cultivés dans la région de Tamanrasset

1 Introduction

Les études portant sur les légumineuses alimentaires en Algérie demeurent encore faibles, et particulièrement sur la culture de niébé. Cependant, peu d'études ont été lancées dans ce sens. Dans ce contexte, il devient opportun d'effectuer et de poursuivre les Projets de prospection et de collecte des écotypes locaux de niébé cultivés en Algérie, et de réaliser des enquêtes sur les savoir-faire traditionnels à fin de préserver cette essence. Dans ce chapitre nous avons focalisé sur l'identification de différentes aires de distribution de la culture de niébé en Hoggar, par la suite nous avons distribué nos questionnaires aux agriculteurs, prospecté les accessions existantes, nous attribuant un code à chacune, et les caractériser morphologiquement et biométriquement.

2 Matériel et méthodes

2.1 Présentation de la zone d'étude

Tamanrasset est localisée dans le Sud du Sahara algérien, dans la chaîne montagneuse longue du Hoggar à 1 400 mètres d'altitude. Elle possède un climat désertique chaud avec des étés très chauds et hivers courts et modérément chauds. L'altitude élevée modère les températures maximales moyennes rencontrées tout au long de l'année et est responsable de précipitations légèrement plus abondantes qu'aux environs à basse altitude. Néanmoins, le climat y est considéré comme extrêmement chaud et sec pour une telle altitude. Le climat y est hyper-aride et extrêmement sec toute l'année. En été, la chaleur, bien que très modérée, est très forte et prend un caractère persistant : les températures moyennes maximales tournent autour de 35 °C en juillet (le mois le plus chaud) mais peuvent dépasser les 40 °C entre juin et septembre. Les températures sont très agréables et élevées en hiver mais seulement la journée car dans les étendues désertiques, il n'y a rien pour retenir la chaleur et les températures minimales moyennes avoisinent 5 °C. La température moyenne journalière annuelle avoisine 22 °C à Tamanrasset. L'humidité relative y est exceptionnellement faible toute l'année avec une moyenne annuelle d'environ 23 %. À cause de la très forte irradiation solaire et donc de l'intense échauffement produit, des températures maximales supérieures à 70 °C ont été enregistrées sur le sol de Tamanrasset en plein été à plusieurs reprises (station de météorologie de Tamanrasset, 2022).

2.2 Prospection et collecte des écotypes locaux du niébé

Afin de collecter la variabilité existante dans l'Hoggar, plusieurs missions de prospection et de collecte ont été organisées à travers les différentes régions caractérisées par une grande diversité agro- climatiques, un total de onze villages enquêtés choisis au hasard et 18 accessions représentatives de la région du Hoggar, ont été collectées de manière aléatoire pour réaliser cette étude. Les sites de collectes des différents écotypes sont représentés dans le tableau 3 et 4 .Le système de localisation (MPS) est utilisé pour recueillir l'origine des sites prospectés.

Tableau 3: Origine géographique des accessions du niébé étudiées du Hoggar.

Origine (région)	Nbr d' accessions	Site de collecte	Geographic zone	Bioclimatic floor
In Salah	1	In salah	North d'Hoggar	Saharienne
	1	Sahla Tahtania		
	1	Inghar		
Tamanrasset	2	Tit	Centre d'Hoggar	Saharienne
	1	Amsel		
	2	Outoul		
	3	Igléne		
	1	Abalessa		
	2	In Amguel		
	1	Téfogine		
In Guezzam	1	In Guezzam	Sud d' Hoggar	Saharienne
	1	Igléne		
	1	Daghmouli		

Tableau 3: site de collece des dix huit accessions de niébé au Hoggar (Tamanrasset).

Accessions	Site de collecte	Longitude	Latitude
NEH1	Igléne	4°5	22°53
NEH2	Abalessa	5°24	23°21
NEH3	In Salah	02°30	27°14
NEH4	Tin Amsagh	5°09	22°84
NEH5	Inghar	2°4	27°11
NEH6	Igléne	4°89	22°88
NEH7	In Guezzam	5°48	19°44
NEH8	Daghmoli	5°13	22°94
NEH9	In Salah	2°26	27°11
NEH10	Igléne	4°89	22°88
NEH11	Aoutol	5°34	22 °85
NEH12	Amsel	5°38	22°27
NEH13	Tit	5°14	22°58
NEH14	Tit	5°20	22°96
NEH15	Aoutol	5°21	22°52
NEH16	Téfogine	5°37	22°43
NEH17, NEH18	In Amguel	5°14	23°69

2.3 Matériel végétal

Les graines de niébé sont collectées par l'orientation des personnels de Direction des Services Agricole de la wilaya de Tamanrasset (DSA) et les agricultures de chaque villages enquêtés. Un total de 11 sites ont été prospecté et 18 accessions ont été collectées (tableau 3 ; tableau 4). Le programme ARC-GIS nous a permis de visualiser la distribution spatiale des 18 accessions de niébé collectées. Chaque point de la Figure 7 représente, l'endroit où le matériel a été échantillonné.

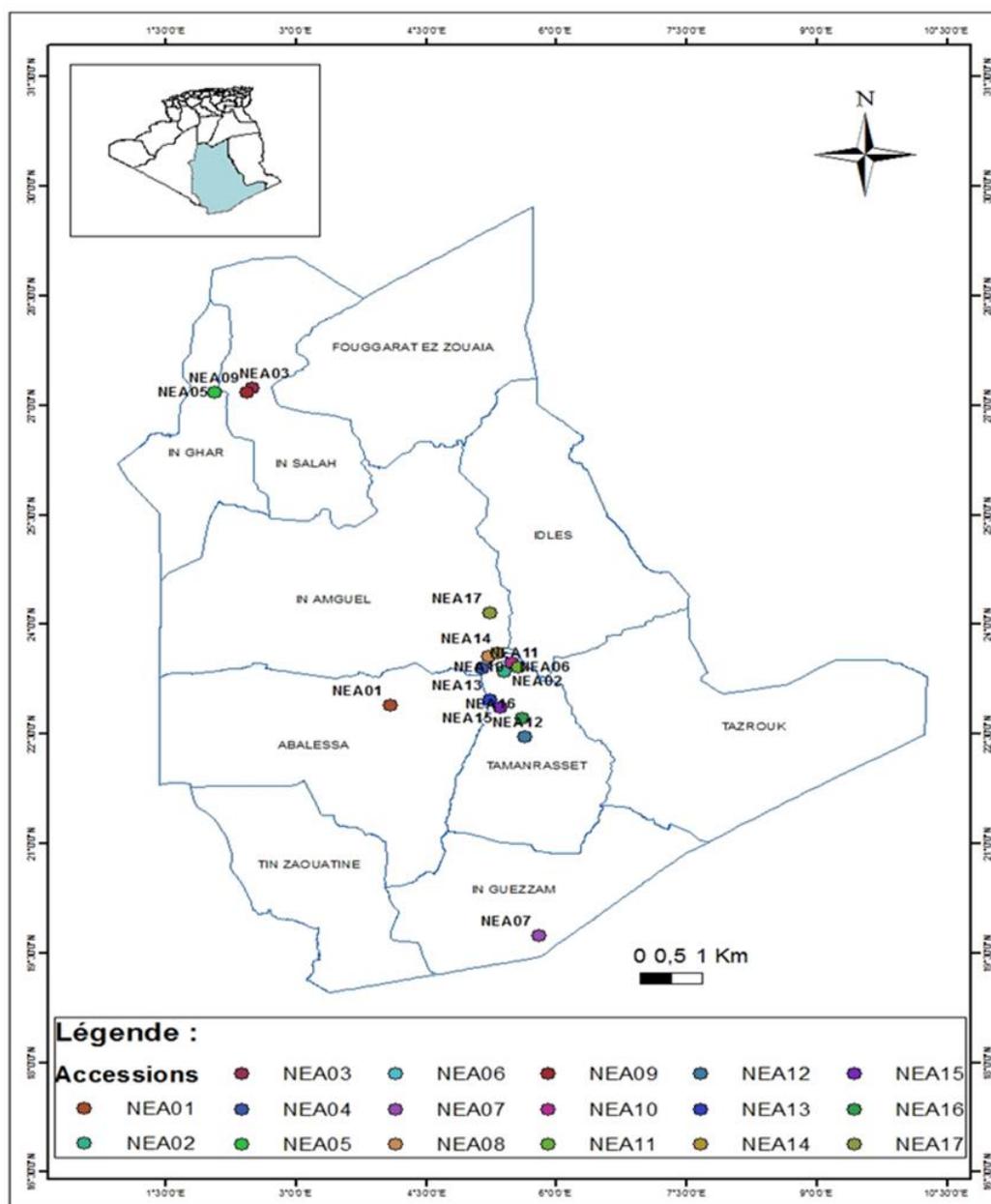


Figure 7: Carte du Hoggar montrant l'emplacement des accessions de niébés collectées (Basseddik et al., 2021).

2.4 Enquête ethnobotanique

Une enquête a été réalisée auprès des agriculteurs représentatifs de culture traditionnelle et leur savoirs et savoir-faire du niébé au Hoggar.

Les données ont été assemblées en 2018 pendant la saison de récolte de niébé (Juin et Décembre). Dans l'Hoggar dont cinquante (50) agriculteurs ont été interrogés. Les agriculteurs ont été choisis au hasard, dont les informations ethnobotaniques et agronomiques ont été recueillies à l'aide d'un questionnaire semi-structurées. Les variables utilisées dans les entrevues comprenaient des informations concernant l'agriculture (âge, sexe, Origine, formation agricole ou professionnelle) et son exploitation agricole (localisation géographique, l'âge de l'exploitation, surface de culture, cultures associés au niébé, main d'œuvre, matériel agricole d'élevage), la semence (nom vernaculaire, sources, cout, parties utilisées de la plante, destination de la récolte, Provenance géographique, plantation et récolte), et plats principale à base de niébé. Est-ce que vous pensez que cette plante va disparaître, période de la plantation (travail du sol, époque de floraison), Présences des nodules sur les racines, Disponibilité d'eau et son origine, qualité de l'eau, mode d'application et fréquence d'irrigation, la pratique de fertilisation, maladies et ennemis durant la culture, utilisation des produits phytosanitaires, maladies et ennemis de stockage et méthode de luttés, types de traitements appliquées, les accidents climatiques, la période de récolte, le conditionnement, les moyens mobilisés dans le conditionnement. Le rendement, les contraintes existantes et solutions proposées par les paysans. Une partie concernant la gestion économique de la plante (le coût de la production, le financement de l'exploitation, commercialisation, modalité de vente du produit).

2.5 Caractérisation morpho-biométrique des graines de niébé collectées

Afin de caractériser les graines de différentes accessions collectées, nous avons retenu plusieurs caractères agro morphologiques et Pour faciliter cette caractérisation, nous avons attribué certains codes selon (IBPGR, 1983) aux différents caractères qualitatifs et quantitatifs étudiés (Tableau 5).

Tableau 4: Principaux caractères morphologiques des graines de niébé collectées.

Caractères	Code	Méthodes de mesure
Longueur cm	LGr	Mesuré à l'aide d'un pied à coulisse
Poids 100 graines (g)	PCG	Pesage de 100 graines
Largueur (cm)	LGr	Mesuré à l'aide d'un pied à coulisse
Classe	CL	Classe 1 : 25,66g, Classe 2 : 7,92-9,21 g, Classe 3 : 9,21-10,68 g, Classe 4 : 10,68-17,55 g, Classe 5 : 17,55-25,66 g, Classe 6 : >25,66g
Couleur	CGr	1 blanche, 2 crème, 3 beige- brune, 4 brune, 5 brune-ocre, 6 brune- olive), 7 holstein noire et blanche, 8 holstein noire, 9 rouge, 10 tacheté beige
Couleur de l'œil	COE	absente, 1 brune, 2 brune large, 3 noire
Texture	TGr	1 lisse, 2 lisse à rugueux, 3 rugueux à ridé, 4 ridé
Forme	FGr	1 Réniforme, 2 Ovoïde, 3 Arrondie, 4 globulaire, 5 Rhomboïde

Les caractères quantitatifs ont été déterminés, Pour la taille moyenne des gousses sur dix gousses au hasard dans chacune des accessions collectées diamètre (PD), épaisseur (PT) ont été mesuré à l'aide d'un pied à coulisse numérique avec une précision de 0,01 mm Nombre d'ovules par gousses (NEP), nombre de graines par gousses(NSP).Pour la taille moyenne des graines a été déterminées sur 50 graines choisissés au hasard dans chacune des accessions collectées diamètre (SD), épaisseur (ST) ont été mesuré à l'aide d'un pied à coulisse numérique avec une précision de 0,01 mm. Le poids de 100 graines (WHS) a été déterminé à l'aide d'une balance électronique avec une précision de 0,001 g. Pour les mêmes graines, caractères qualitatifs : La forme du grain (FS), la couleur de la graine (SC), Texteur (ST), la couleur d'œil (SEC) ont été examinés par une méthode visuelle.

2.6 Analyse statistique

Les données obtenues ont été soumises à une analyse statistique des différences, Pour tous les personnages, des statistiques descriptives ont été calculées, ainsi que le coefficient de corrélation de Pearson. Une analyse en composantes principales (ACP) sur les valeurs moyennes standardisées a également été effectuée pour étudier la relation entre les caractères quantitatifs, suivie d'une analyse en grappes avec la procédure CLUSTER utilisant la méthode hiérarchique de la variance minimale de Ward. Les caractères qualitatifs ont été analysés par l'analyse multiple de la correspondance (ACM). Les analyses statistiques ont été réalisées avec le programme statistique XLSTAT 2016.02.

3 Resultats

3.1 Enquête ethnobotanique

Les caractéristiques ethnobotaniques et agronomiques des 18 accessions ont été renseignées. Au total, 50 agriculteurs ont été interrogés individuellement. Les données démographiques sont résumées dans le tableau 6. L'âge des exploitants pratiquant la culture du niébé dans les différentes régions enquêtées est en générale très avancé (tableau 6) En effet, la majorité des individus questionnés (68,36 %) sont âgés de plus de 65ans alors que 20,44% ont un âge compris entre 45 et 65 ans. Les jeunes agriculteurs, âgés ans, ne représentent que 11,60 % du total. Dans les dix régions sites étudiées, les Femmes représentent la majorité des individus questionnés (70,02 %) elles sont impliqué dans l'opération de récolte.

Tableau 5: Répartition des agriculteurs interrogés selon le sexe et l'âge en pourcentage et par région.

Communes	Sexe		Age		
	Male	Femelle	>45	45-65	>65
Abalessa	17,64	82,36	11,76	11,76	76,48
In Guezzam	00	100	00	00	100
In salah	00	100	00	00	100
InAmguel	00	100	00	00	100
Tit	25	75	12,5	50	37,5
Daghmouli	00	100	66,66	33,33	00
Tinamsagh	50	50	00	25	75
Igléne	57,14	42,86	00	42,85	57,15
Slesken	75	25	00	00	100
Outoul	75	25	25	37,5	37,5
Moyenne	29,97	70,02	11,60	20,04	68,36

Dans les communes étudiées, l'origine de semence est le Niger avec 80% et 20% des enquêtés ne connue pas l'origine de leurs semences (Fig. 08).

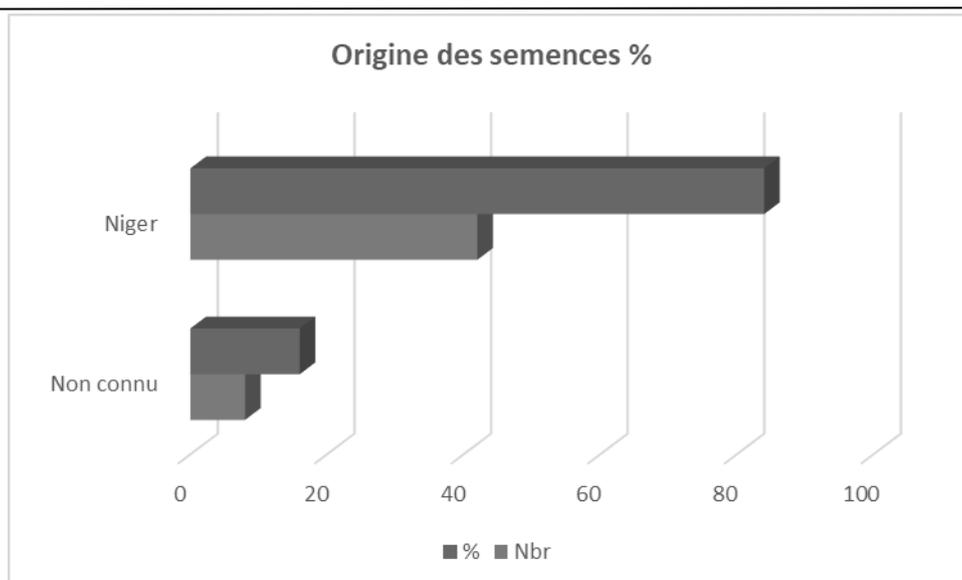


Figure 8: Fréquence d'origine des semences selon les individus interrogés

Dans le Hoggar, 46% des individus interrogés sèment le niébé entre Avril – Mai tandis que 28% en Mars et 26% sèment en Juin (Fig.9).

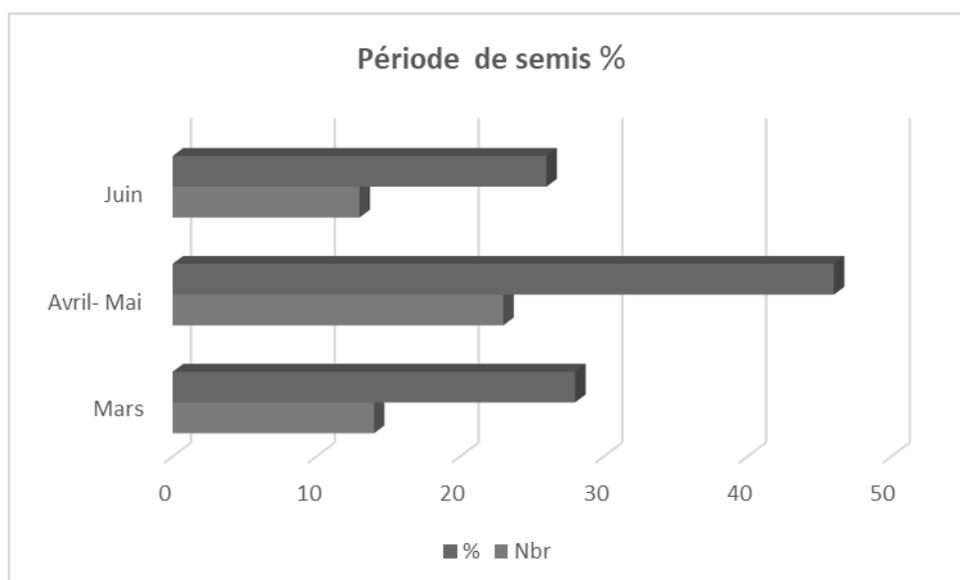


Figure 9: Fréquence de période de semis selon les individus interrogés en fin de cycle végétatif.

La floraison semble être plus tardive, 76 % des individus questionnés ont signalé que la floraison du niébé est en mois à deux mois après le semis et 18% seulement plus de deux mois, tandis que 6 % des enquêtée sont signalé une floraison après un mois des semis (Fig.10).

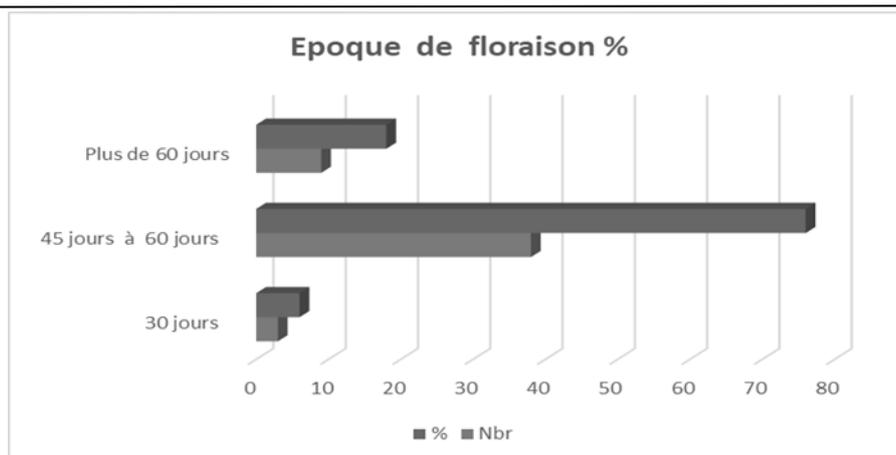


Figure 10: Fréquence de l'époque de la floraison

Concernant les maladies et ennemis causant le plus de dégât chez le niébé dans l'Hoggar, les attaques des insectes sont les plus signalées par 32% des agricultures interrogées tandis que la majorité n'ont pas signalé aucunes maladies (68%) (Fig.11).

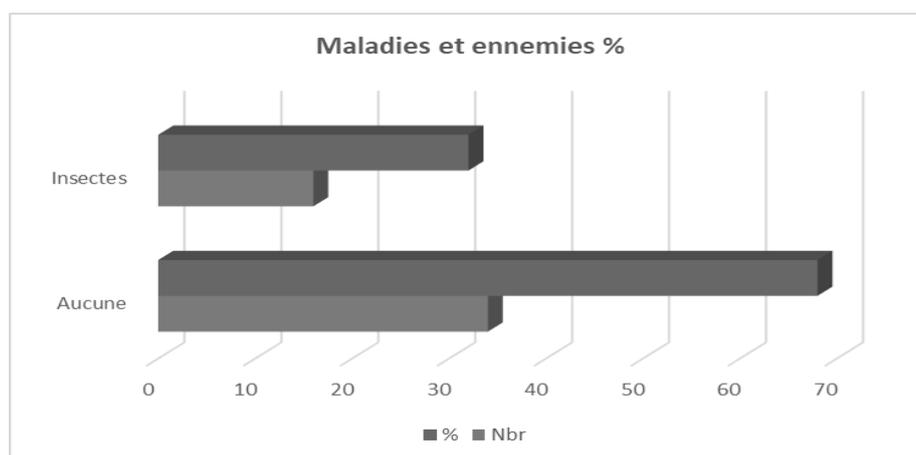


Figure 11: Fréquence des maladies et ennemis de niébé

Concernant l'origine, 80% des agricultures sont d'origine d'Hoggar et seulement 20 % sont d'origine des autres wilayas de d'Algérie. (Fig.12).

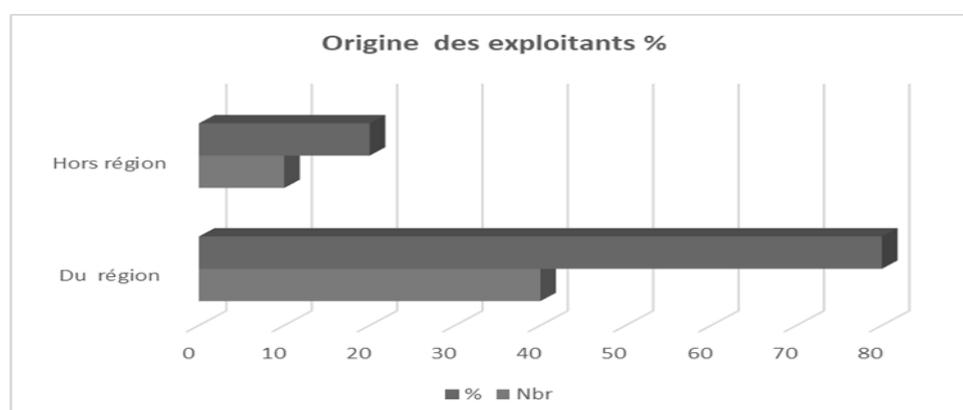


Figure 12: Fréquence d'origines des exploitants.

La méthode d'irrigation la plus utilisée dans l'Hoggar est l'irrigation à la raie avec une fréquence de 78 % (Fig. 13). L'irrigation par goutte à goutte est pratiquée avec une fréquence de 22 %.

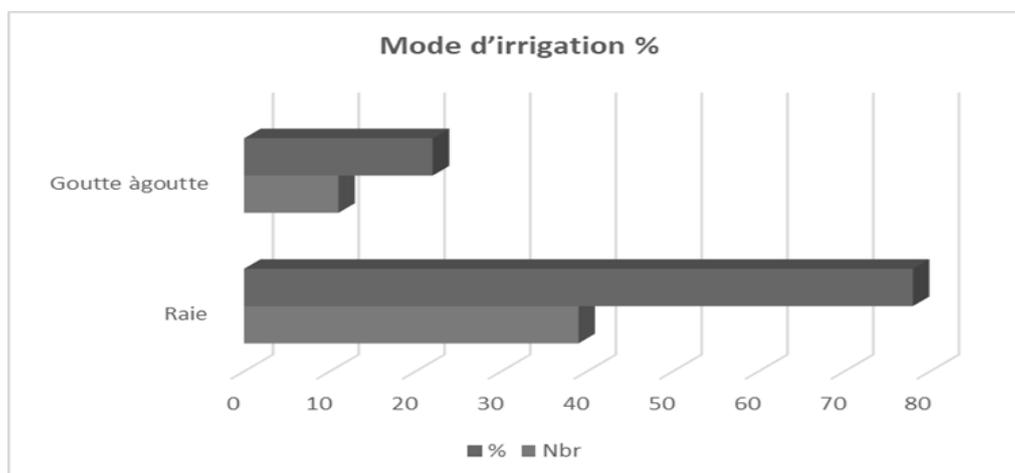


Figure 13: Fréquence de mode d'irrigation

Dans l'Hoggar, le motopompage est le seul mode d'application d'irrigation utilisée par les agricultures d'Hoogar (Fig. 14)

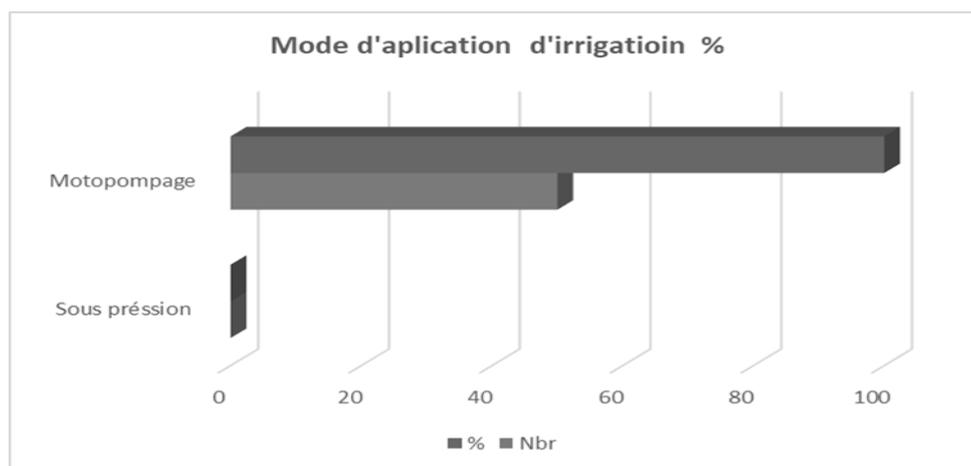


Figure 14: Fréquence de mode d'application d'irrigation

Au niveau d'Hoggar, la fréquence d'irrigation de niébé est variée entre deux à trois fois par semaine avec 80% et 20% respectivement. (Fig.15).

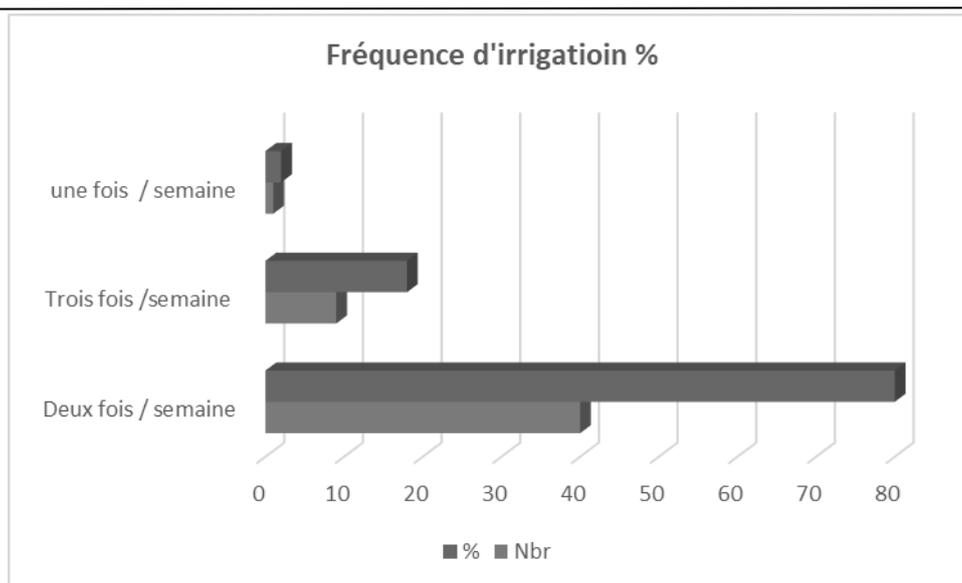


Figure 15: Fréquence d'irrigation

Pour la majorité des enquêtés d'Hoggar, les nodules sont absentes chez le niébé avec 80% d'individus et 20% seulement ont signalé la présence des nodules dans leurs plantes (Fig.16).

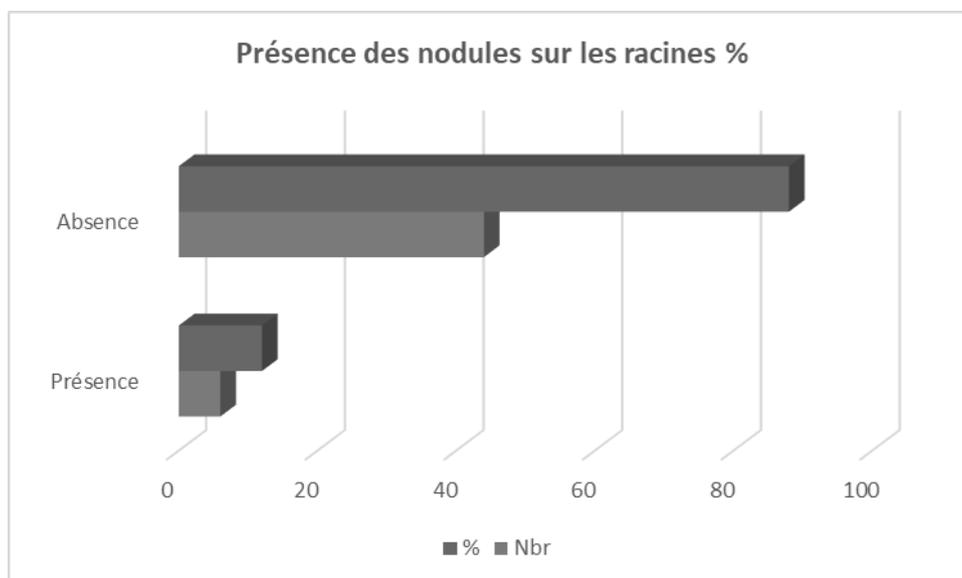


Figure 16: Fréquence des nodules sur les racines de niébé.

Le palmier dattier et la Vigne sont les deux spéculations les plus cultivées dans la région d'Hoggar et ensuite viennent les céréales (blé dur et tendre, orge et sorgho), la luzerne, l'oignon, pastèques la menthe et autres (niébé, persil) (Fig. 17).

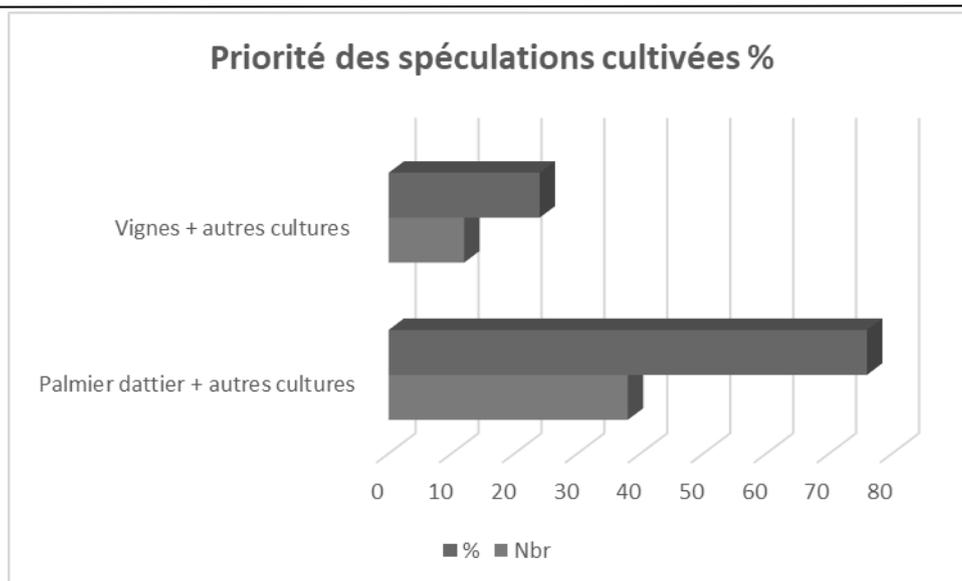


Figure 17: Fréquence des spéculations cultivées avec le niébé.

En général, la fertilisation est pratiquées par les totalités des individus questionnés et les fertilisations organiques est la plus utilisée par les agriculteurs d'Hoggar, ils ont recours au fumier des ovins comme engrais de fond (Fig.18).

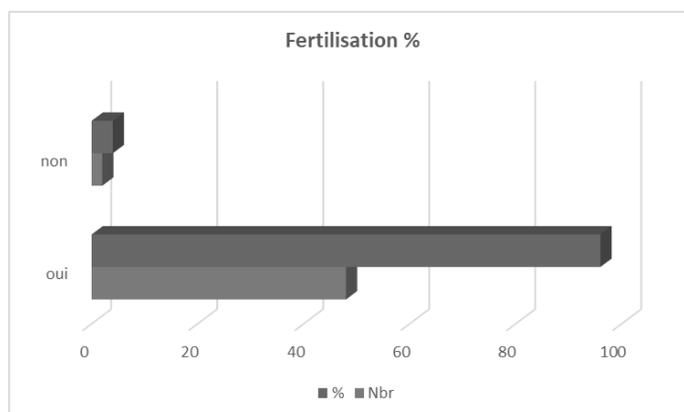


Figure 18: Fréquence de la pratique de la fertilisation

La pratique de l'élevage est marquée chez les totalités des paysans d'Hoggar avec un pourcentage de 100% (Fig.19).

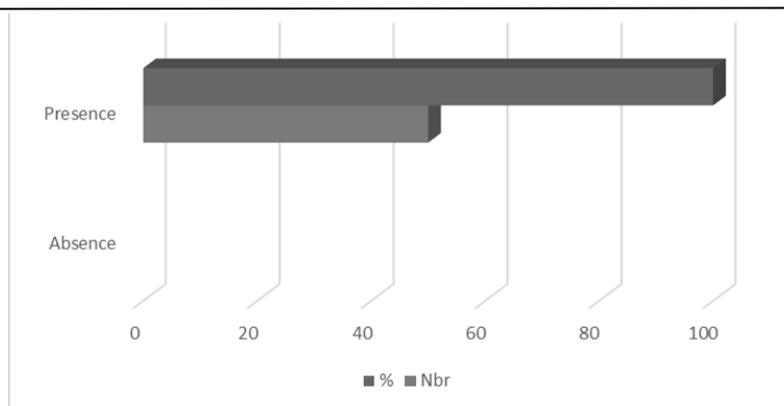


Figure 19: Fréquence des individus pratiquants l'élevage

L'eau utilisée dans l'irrigation est 100% originaire des retenues naturelles (Fig. 20).

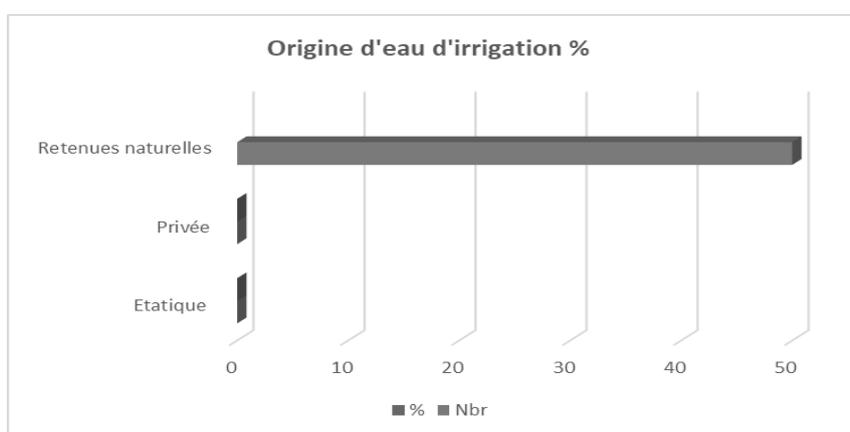


Figure 20: Fréquence d'origine d'eau

La majorité des paysans utilisent les graines plus les gousses vert pour préparer des plats traditionnelles avec 80%, tandis que 20 en une tendance d'utilises la graine les gousses et les fanes aussi (Fig.21).

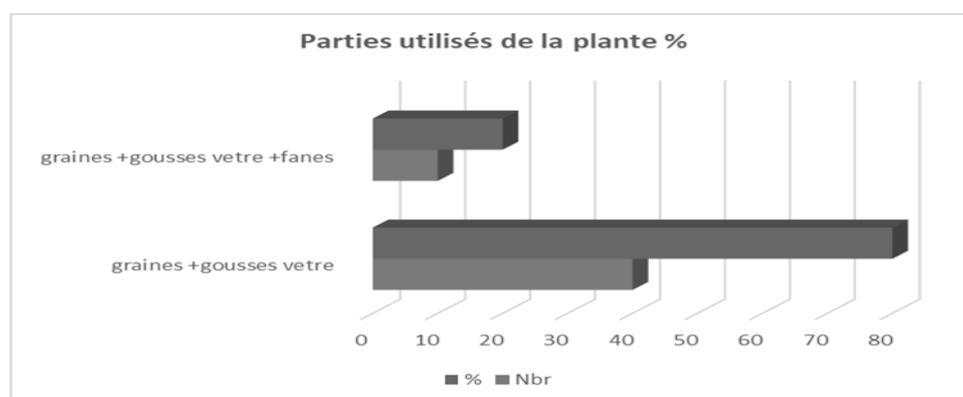


Figure 21: Fréquence de parties utilisées de la plante

La seule méthode utilise pour conserver les graines durant le stockage est le froid avec un pourcentage de 5%, tandis que le reste des paysans n'utilisent aucune moyen de lutte (Fig.22).

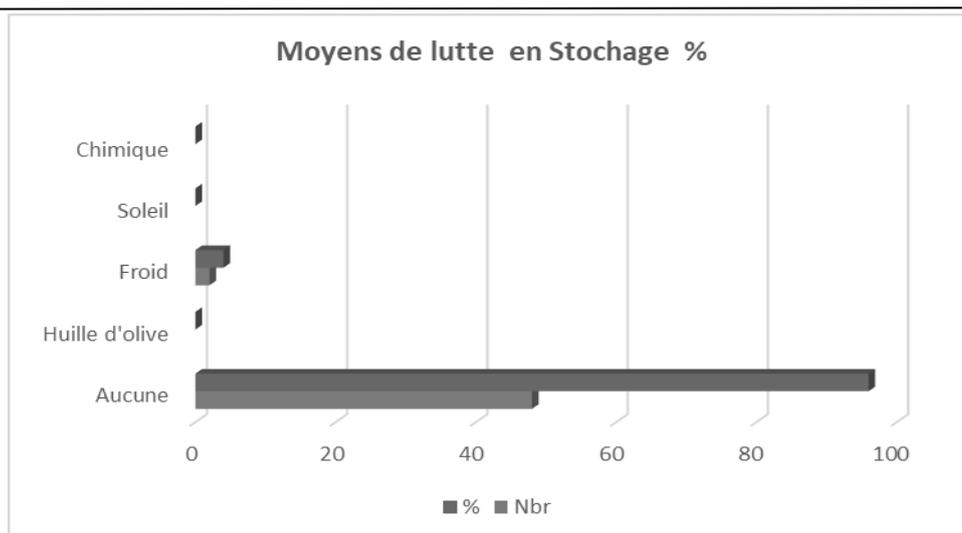


Figure 22: Fréquence de moyens de lutte en stockage contre les insectes

La majorité des agricultures d'Hoogar n'utilisent que les engrais organique et ils n'utilisent aucune traitement phytosanitaire pour lutter contre les maladies phytopathologiques touchent leur plantes de niébé (Fig. 23).

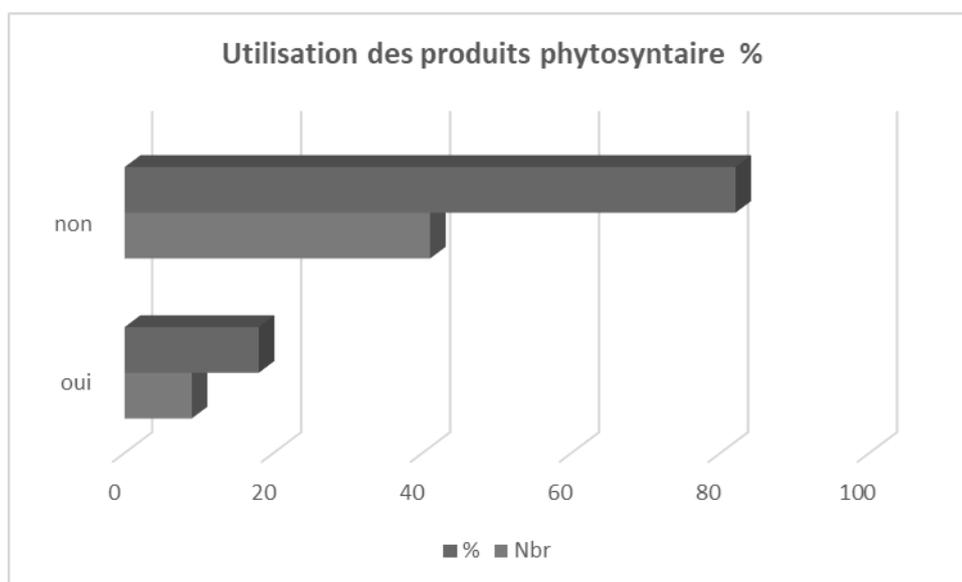


Figure 23: Fréquence d'utilisations des produits phytosanitaires

Notre enquête a indiqué que 76 % des personnes interrogées consomment entièrement leur production et 24 % commercialisent une partie et consomment l'autre (Figure 24).

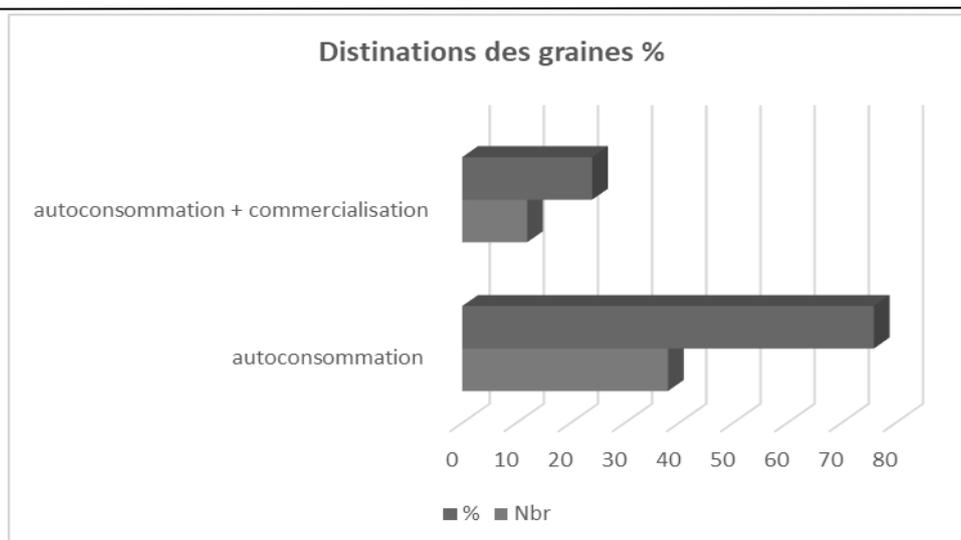


Figure 24: Fréquence de destinations des graines

3.2 Caractérisation morpho-biométrique des graines collectées

3.2.1 Analyses Descriptive

Le tableau 7 donne la taille des gousses (PD, PT, NEP, NSP) et le poids des graines de niébé (WHS, SD et ST). Le diamètre des graines varie de 0,3 cm à 0,8 cm avec une moyenne de $0,55 \pm 0,09$ et l'épaisseur des graines de 0,5 cm à 1,01 cm avec une moyenne de $2,48 \pm 0,34$. En ce qui concerne le poids de 100 graines, il varie de 6,56 g à 18,35g avec une moyenne de $9,57 \pm 0,03$. Le diamètre et l'épaisseur moyens des gousses de niébé étaient de 7,5 à 20 et de 0,3-0,8 cm respectivement.

Tableau 6: La taille moyenne des graines (diamètre, épaisseur, poids de 100 graines), et La taille moyenne des gousses (PD, PT), NEP, NSP.

Variables	Min	Max	Mean	Ecartype
PD(cm)	7,50	20,00	10,63	0,86
PT(cm)	0,30	0,80	0,42	0,04
NEP	5,00	21,00	10,75	1,21
NSP	4,00	21,00	10,18	1,27
SD(cm)	0,30	0,80	0,55	0,09
ST(cm)	0,50	1,01	0,61	0,04
WHS(g)	6,56	18,35	9,57	0,03

PD : diamètre de graines ; PT : épaisseur de graines ; NEP : Nombre d'ovules par gousses ; NSP : Nombre de graines par gousses ; SD : diamètre de graines ; ST : épaisseur de graines.

3.2.2 Matrice de corrélation (Pearson (n))

Le tableau 8 indique les coefficients de corrélation de Pearson entre les caractères quantitatifs,

Le diameter de gousses(PD) était positivement et très hautement significativement corrélées avec NEP, PT, NES, Significativement SD et WHS. Idem aussi, le PT était positivement et significativement corrélé avec PD.NEP, NSP, SD, WHS. NEP et NSP qui sont très hautement significatifs corrélé avec STH et TD. Alors que, WHS était pos significativement corrélé avec ST et SD.

Tableau 7: les coefficients de corrélation de Pearson entre les caractères quantitatifs.

Variables	PD	PT	NEP	NSP	SD	ST	WHS
PD	1	0,884	0,875	0,847	0,530	0,039	0,613
PT	0,884	1	0,663	0,594	0,696	0,350	0,745
NEP	0,875	0,663	1	0,966	0,157	-0,293	0,209
NSP	0,847	0,594	0,966	1	0,114	-0,378	0,146
SD	0,530	0,696	0,157	0,114	1	0,702	0,870
ST	0,039	0,350	-0,293	-0,378	0,702	1	0,705
WHS	0,613	0,745	0,209	0,146	0,870	0,705	1

3.2.3 Analyses de Composants Principal (ACP)

Seuls les deux premiers axes de l'analyse en composantes principales (Fig. 25), qui ont expliqué près de 93,26 % de la variabilité exprimée, Leurs valeurs propres étaient supérieures à 1. L'axe 1 a absorbé 58,61 % de la variation. Cet axe a associé les caractères longueur et largeur de la gousse, nombre d'ovules par gousse, nombre de grains gousses, longueur de grains et poids de cent graines qui ont contribué à 97,77 % de la variation. Ils sont corrélés positivement sur cetaxe.L'axe 2, qui a expliqué 34,65 % de la variation, définit le variables nombre d'ovules par gousse , nombre de grains gousses , longueur et largeur de grains et poids de cent graines qui ont contribué à %96,99 de la variation totale. Cet axe F2 a été négativement corrélé à NEP, NSPest positivement corrélé à WHS, PD, PS.

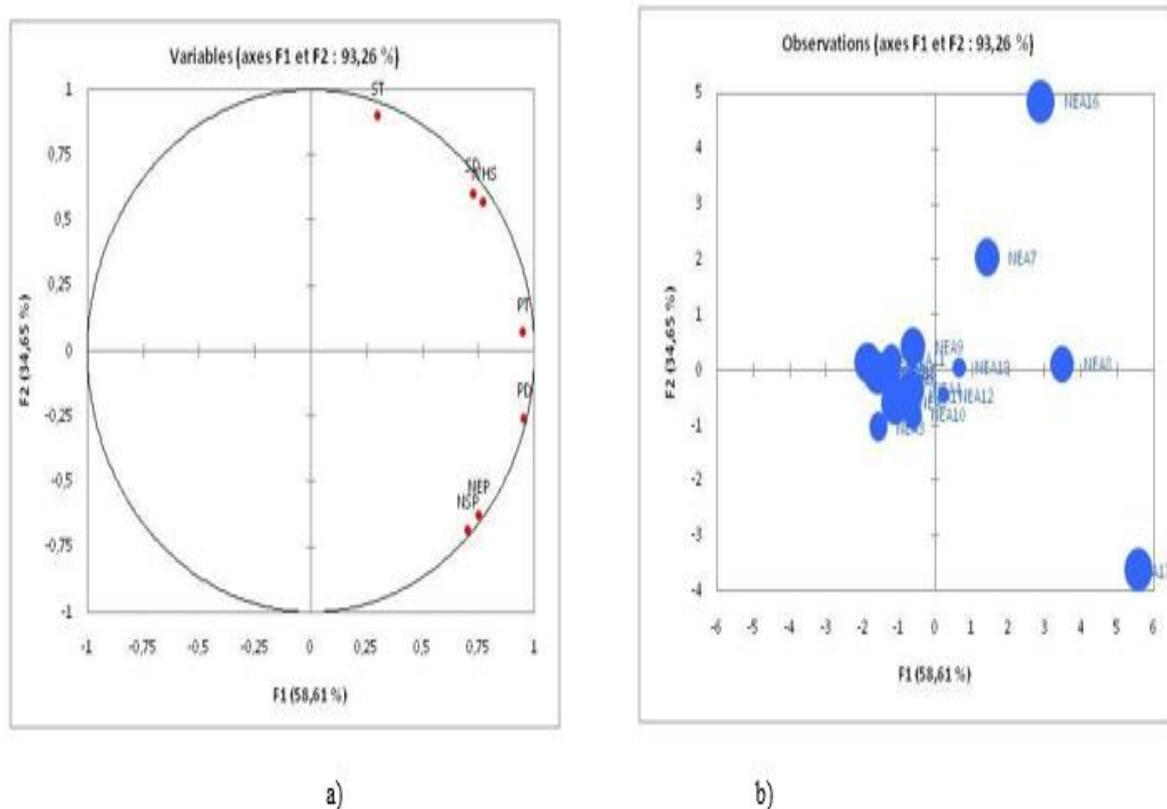


Figure 25: Analyse en composantes principales (ACP) pour les variables (a) et les observations (b) selon l'axe F1 et F2.

3.2.4 Classification Ascendante Hiérarchique (CAH)

Pour étudier et catégoriser les accessions étudiées, la méthode Ward a été utilisée dans l'analyse des grappes (Indice de di similarité= basé sur les traits évalués dans trois classes (Fig.26).

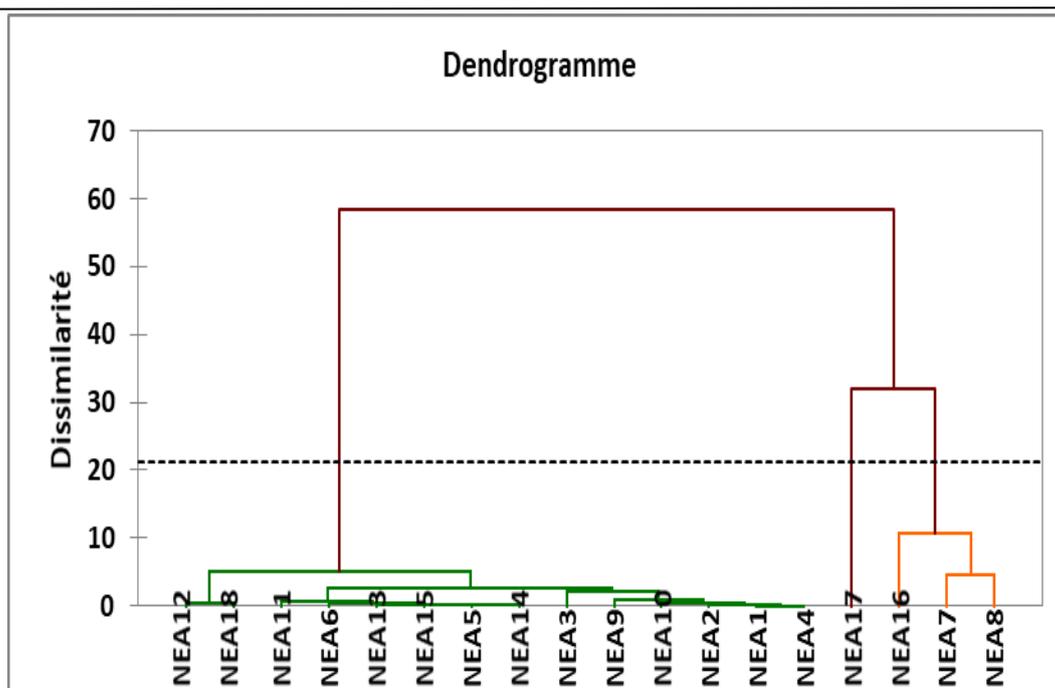


Figure 26: Dendrogram for 18 accessions of cowpea using Ward method selon des critaire morphologique.

-La première classe comporte 13accessions: NEA1, NEA2, NEA3, NEA4, NEA5, NEA6, NEA09, NEA10, NEA11, NEA12, NEA13, NEA14, NEA15et NEA18.Ces accessions présentent courte longueur et largeur de gousses et un faible poids de 100g.

-La deuxième classe comporte Trois accessions : NEA16, NEA07, NEA8 présentent un poids de 100g (WHS) et la longueur et largueur du grain le plus élevées (SD).

-La troisième classe comporte une seule accession NEA17, présente les meilleurs caractères : longueur et largeur de gousses, nombre d'ovule par gousses et le nombre grains par gousses le plus élevées.

3.2.5 Analyses des Correspondances Multiples (ACM)

L'application de l'analyse des correspondances multiples a montré que l'inertie totale expliquée est égale à 4,75 (pourcentage d'inertie : 19,40% est due au premier axe et 15,31 % est due au deuxième axe). Une visualisation des résultats est présentée dans la figure 25. Comme on peut le voir, les profils de la forme des grains (RF) : la forme arrondie est très différents et en particulier caractériser par un couleur blanche , couleur d'œil noire et large (NEA6), la forme réniforme semble caractériser la les graines à texture lisse à rugueux , couleur blanche tacheté , crème, beige olive, rouge et beige et couleur d'œil brune verte ou brune . En revanche, Les graines de forme Rhomboïde sont caractérisées par un couleur blanche et beige et couleur d'œil brune large, verte ou noire (Fig .27).

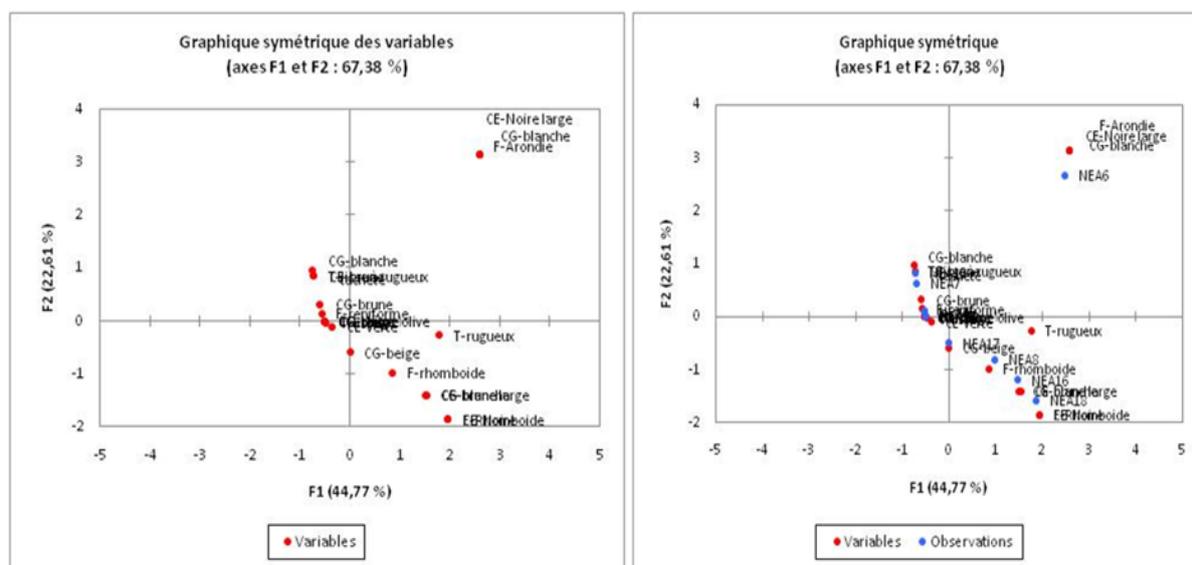


Figure 27: a) Analyse Multiple de correspondance des variables morphologiques de niébé collectées en Hoogar (Algérie) ; b) Analyse Multiple de correspondance des variables et observation morphologiques de niébé collectées en Hoogar (Algérie).

4 Discussions

Ce travail avait pour objectif de valoriser la culture de niébé d’Hoggar auprès des tradi-praticiens et d’exploiter leurs savoirs et savoir-faire. Les missions de collecte organisée au cours de l’année 2018 nous permettent de collecter 18 accessions de niébé. Ce constat montre le maintien d’une culture traditionnelle de niébé chez les agricultures d’Hoggar .En revanche (Ghalmi, 2011) a signalé la présence de culture de niébé dans l’Hoggar et la nécessité de les collectées.

L’analyse du questionnaire remis aux agriculteurs interrogés, a montré que la majorité des agriculteurs qui pratiquent la culture de niébé étaient des femmes, elles sont plus actives que les hommes dans la culture traditionnelle de néibé .ceci est confirmé par les resultats conclus dans les trois régions prospectées en Algérie (Nord, Kabylie. Centre).

L’analyse de l’âge de La majorité des agriculteurs se situait entre 45 et 65 ans, dans tous les sites d’étude et les jeunes générations semblent réticents à cette culture et souligné que l’information culturelle est preserver chez la génération plus âgée d’agriculteurs disparaît avec une forme importante de patrimoine. Cette tendance montre qu’il y a relativement une certaine conservation du la culture.

Les agriculteurs d’Hoggar cultivent le niébé sur des petites échelles toute le long de Abadou, généralement pour leur propre usage et seuls quelques-uns d’entre eux vendent leurs

produits. Cela explique la rareté de ce produit en marché locaux d'où la nécessité de le collecter et conserver ce matériel génétique. De ce fait, le niébé est cultivé dans les jardins familiaux de la région de Hoggar qui représente l'un des plus intéressants sites de conservation des ressources de cette espèce dans notre pays.

Les résultats de l'enquête menée dans notre étude, ont montré que les populations de la région sont des écotypes locaux. Toutefois, des populations introduites dans la région ont été signalées. Ces populations sont pour la plupart originaires du Niger et obtenus lors des échanges commerciaux entre les populations Touaregs du Niger et celles d'Hoggar. Selon (Echikh, 2000), les formes sahariennes auraient été introduites à partir du Nord-Est africain, considéré actuellement comme une zone présumée de domestication des formes cultivées de *Vigna unguiculata*. Le stock génétique initial aurait été préservé à cause de l'extrême isolement des oasis.

Notre enquête a indiqué que 76 % des personnes interrogées consomment entièrement leur production et 24 % et commercialisent une partie et consomment l'autre.

La majorité des paysans dans l'Hoggar connaissent les bienfaits du niébé et son importance pour la santé et il utilise la plante comme composante pour le traitement contre anémie et la malnutrition, raison de quelle le prix d'un Kg de semence locale de niébé est entre 900 et 1000 DA, il devient un ressource rare et très importante source de revenue.

La culture de cette espèce est considérée comme une culture vivrière dans la région étudiée et dans d'autres régions où d'autres enquêtes ont été réalisées à Djanet, Tidikelt et la Kabylie. (Ghalmi, 2011)

D'après les personnes questionnées (90%), cette culture va probablement disparaître avec les générations futures, ceci pourrait conduire à la perte de cet héritage. Cela a été aussi signalé par (Ghalmi, 2011) et ceci dans les trois régions prospectés en Algérie de Djanet, Tidikelt et la Kabylie. ce risque de Perte des essences génétique de niébé d'Hoggar Les agricultures ont signalé qu'ils avaient semé des semences dans le passé qui ne sont plus disponibles actuellement et la fréquence de culture de niébé est devient très faible et très restreinte dans l'Hoogar parrapport au passé. En revanche. la conservation des accessions traditionnelles algériennes est nécessaire de toute urgence avant qu'elles ne soient perdues (Ghalmi et *al.*, 2010).

Selon les intervieweurs, la faible pluviométrie, le manque d'eau, problème d'électricité, les ravageurs et les maladies au cours de stockage, ainsi que le manque de main d'ouvre pour la récolte ont été les principales contraintes qui limitent la culture de la niébé

dans la région étudiée. Par conséquent, les agriculteurs se tournent vers des cultures plus productive et plus économique comme les cultures maraichères, pastèque, les fourrages.

Dans le l'Hoogar, le niébé est essentiellement cultivé pour des fins alimentaires. Les paysans utilisent les graines de niébés principalement pour la préparation d'un plat traditionnel *Tewasse* ou consommée comme un légume dans des plats traditionnelle à base des légumes mélangée à d'autres légumes comme la lentille (*merdoude* , *kesra*) salades . Le reste de la plantes sont utilisées dans l'alimentation des bétails (bovins et ovins). Les fanes fourrage et parfois il mélange les fanes avec des graines après broyage et constitue un excellente fourrage pour animaux en Hoogar.

Le semis dans la région d'Hoogar s'effectue généralement la fin du mois de Mars jusqu'au début de mois de juin et la récolte s'étale jusqu'à mois de novembre.

Le semis est fait le long de la *Seguia*(*Abadou*) ou dans la petite surface appelée *Guemmoun*, le semis en poquet aléatoire est les plus pratiquées dans les régions d'Hoogar, alors qu'en Kabylie le semis en ligne est le plus utilisé. (Ghalmi 2011). En effet, selon (Echikh, 2000) les populations du niébé peuvent être semis en ligne tout le long de « la *seguia* » ou en parcelles dans des *djeddaouel* « *Guemmoun* ».

L'attaque phytopathogènes semble être faible voire nulle chez le niébé cultivées en Hoogar ceci peut être expliqué par l'aridité de climat, le milieu ne favorise pas le développement des maladies. Par contre des attaques d'insectes sont signalé et par le fait que les agricultures sème leur graines et ils n'achètent pas les semences qui peuvent être des sources de contamination.

Dans la région d'Hoogar, l'utilisation du froid, s'avère être la méthode de protection des graines de niébé la plus courante, ce qui diffère de résultats obtenu à *Djanet* et *Tidikelt* qu'il utilisent le piment , tandis que l'utilisation de l'huile d'olive est la méthode la plus utilisée contre les attaques de bruches en Kabylie. (Ghalmi 2011; Ghalmi et *al.*, 2010)

La principale raison du choix de la culture du niébé dans la région d'Hoogar se base principalement à l'autosatisfaction des besoins alimentaires des paysans dont une faible partie est commercialisée, ce qui coïncide avec les résultats obtenus dans les régions prospectées prédominamment en kabylie, d'El Kala, Ghardaïa, Djanet et Tidikelt de l'Algérie (Ghalmi ,2011).

Le cycle de niébé en Hoogar peut s'étale de mars jusqu'au mois de novembre ce qui permet de réaliser plusieurs récoltes (3 cueillettes) de juin à novembre et le rendement sont assez élevés. En effet le niébé constitue une culture rentable pour les paysans d'Hoogar et à moindre cout de production.

Les nodules sont absente ; c'est la réponse donnée par la plus parts des agriculteurs interrogées et ceci peut être expliqué par la période de récolte qui se réalise dans la plus part de temps après plus de 120j de semis, les nodules disparaîtraient ou par l'absence des microorganismes symbiotiques de genre *Rhizobium* dans la rhizosphère de la région d'Hoogar, qui sont à l'origine de la formation des nodules

Les résultats enregistrés concernant la Caractérisation morpho biométriques des graines collectées sont proches de ceux enregistrés concernant les variétés de la provenance de sud algérienne Adrar, Djanet tidikelt (Ghalmi 2011). Par contre, nos résultats sont très inférieure aux résultats obtenu chez des variétés de niébé de Nigeria (Olapade et al., 2002) , ces différences est due probablement à l'adaptation aux conditions arides spécifiques d'Hoogar qui se traduit par un abaissement dans la taille et poids des gousses et graines.

5 Conclusion

Les résultats des enquêtes ont montré l'importance du niébé dans l'alimentation de la population de Hoogar. Cette enquête ethnobotanique a permis de définir la zone de concentration du niébé dans la région de Hoogar, car la culture est limitée aux communes éloignées du centre du chef de la wilaya (Tamanrasset). D'autre part, ces missions ont permis de recueillir cette ressource végétale locale de Hoogar associée aux traditions culturelles liées au savoir-faire de la culture du niébé. En effet, cette région possède une richesse génétique très variée et importante qui n'a pas encore été étudiée. Les connaissances et le savoir-faire des agriculteurs ont permis de préserver les accessions locales et de les maintenir pendant plusieurs siècles dans des conditions arides et très difficiles, ce patrimoine végétal recueilli constitue une richesse qui doit être exploitée et étudiée sur les différents niveaux morphologiques et moléculaires. Compte tenu du risque signalé de perte de semences locales de niébés par les producteurs de Hoggar, il est nécessaire de mettre en place une banque de gènes in situ pour préserver et améliorer ces ressources génétiques, qui deviennent rares et pour encourager et sensibiliser les agriculteurs de continuer à cultiver cette plante. De plus, Les résultats de cette étude ont révélé la présence de variations morphologique en termes de caractères quantitatifs et qualitatifs certainement déduire une variation génétique importante au sein de collecton de niébé de Hoogar.

***CHAPITRE III : Caractérisation morpho-biométrique et
agronomique des accessions de niébé cultivées au Hoggar***

CHAPITRE III : Caractérisation morpho-biométrique et agronomique des accessions de niébé cultivées au Hoggar

1 Introduction

L'objectif de notre travail dans ce chapitre est l'évaluation de dix-huit accessions de niébé collectés en Hoogar, en se basant sur des caractères morpho-biométrique et agronomique durant trois sites campagnes successives 2018/2019, 2019/2020 et 2020/2021, les essais ont été réalisés dans trois sites, deux sites à Tamanrasset (Abalessa, Telentechouikh) et l'une à EL Harrach, dans deux étages bioclimatique complètement différents saharienne et humide.

Dans cette perspective, deux essais ont été installés à fin d'évaluer les performances des accessions sur les différents plans visés de sélectionner les accessions les plus productives, et les plus adaptées à ce milieu aride. Le troisième essai a été mis en place au niveau de stations expérimentales de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique (ENSA) à Alger, durant l'année (2021/2022) vise d'évaluer les performances de matériels végétaux provenant du Sud Algérien suite à une collecte et dans un étage bioclimatique opposé de leur origine, pour étudier leurs réponses aux températures moins élevées, la disponibilité d'eau qui est beaucoup plus importante avec l'humidité de l'air, la fertilité et la texture des sols du nord et le photopériodisme qui sera moins important. Tout en les comparant avec une variété commerciale (Guarido) provenant du nord. Ce travail permettra de conserver l'identité de ces populations dans une base de données des ressources génétiques de notre pays qui permettra à son tour de conserver la diversité génétique et aider le travail de sélection et d'hybridation pour avoir des lignées plus intéressantes selon les objectifs voulus, par conséquent on aura un catalogue de variété plus riche et avec des variétés locales plus intéressantes.

2 Matériel et méthodes

2.1 Matériel végétal

Le matériel végétal mis en essais comprend dix-huit accessions de niébé collectées après plusieurs missions de prospection et de collecte, dans la région aride d'Hoogar (tableau 1) durant l'année 2018 qui ont été précédemment utilisées pour la caractérisation biochimique et biométrique.

2.2 Présentation des zones d'études

2.2.1 Région du Sud

Deux essais au champ ont été mis en place à Tamanrasset en plein champs dans un climat aride dans la commune (Iglène , Abalessa) , dont les coordonnées géographiques de la parcelle sont : 4°89'N 22°88'E sur un Altitude 942 m sur une superficie totale de 338,58 m² (20, 9 m de longueur et 16,2 m de largeur), et dans la commune Telentechouikh , durant deux années successives , le premier essais mise en place durant le campagne 2018/2019 et le deuxième essai est mise en place durant le campagne (2019/2020), depuis les mois de Mars à Octobre de chaque années d'essais. Le sol du site d'étude est de type sablo-limoneux, pauvre en matière organique, non salin avec un pH légèrement alcalin.

2.2.2 Region du Nord

Le troisième essai a été installée en Alger au niveau de stations expérimentale à l'ENSA (EL Harrach, Alger) caractérisée par un climat subhumide, dont les coordonnées géographiques de la parcelle sont : 36°43'09"N 3°09'03"E sur un Altitude 39m, sur une superficie de 425.6 m² (26.6m de longueur et 16m de largeur) en plein champs, avec une pente d'environ 6.5% (40-39 dans 16m).

2.3 Les conditions climato-édaphiques des régions d'études

2.3.1 Région du sud (Tamanrasset)

2.3.1.1 Le climat

La région de Tamanrasset est considéré comme extrêmement chaud et sec, hyper aride et extrêmement sec toute l'année puisque les précipitations annuelles moyennes sont environ de 43 mm. Les températures moyennes ainsi que les quantités de pluie sont présenté dans le La wilaya de Tamanrasset se trouve dans le sud algérien et occupe une surface importante de son désert. Cette région se situe à 1400 m d'altitude et elle possède un climat désertique chaud typique à la région d'el Hoggar (BWh) (Kottek et *al.*, 2006) et qui se caractérise par un long été très chaud et un hiver court et également chaud.

Durant l'année 2019 , la température a resté toujours d'une moyenne supérieure à 10°C durant toute l'année et a atteint les 30° C avec un maximum d'environ 40° C pendant le mois le plus chaud qui est le mois de juin, le minimum peut diminuer jusqu'à 7° C pendant le mois le plus froid qui est Janvier(Fig.28). Les précipitations été presque nulles toute l'année sauf pour les 4 mois, commençant par juillet où il été le début avec 13.2 mm et augmente pendant Août pour atteindre les 63 mm, l'évolution reste presque constante jusqu'à la fin de l'année avec une augmentation de 6.8 mm, ce qui résulte 70.2 mm par an qui est considéré comme une année de sécheresse (Fig.29)

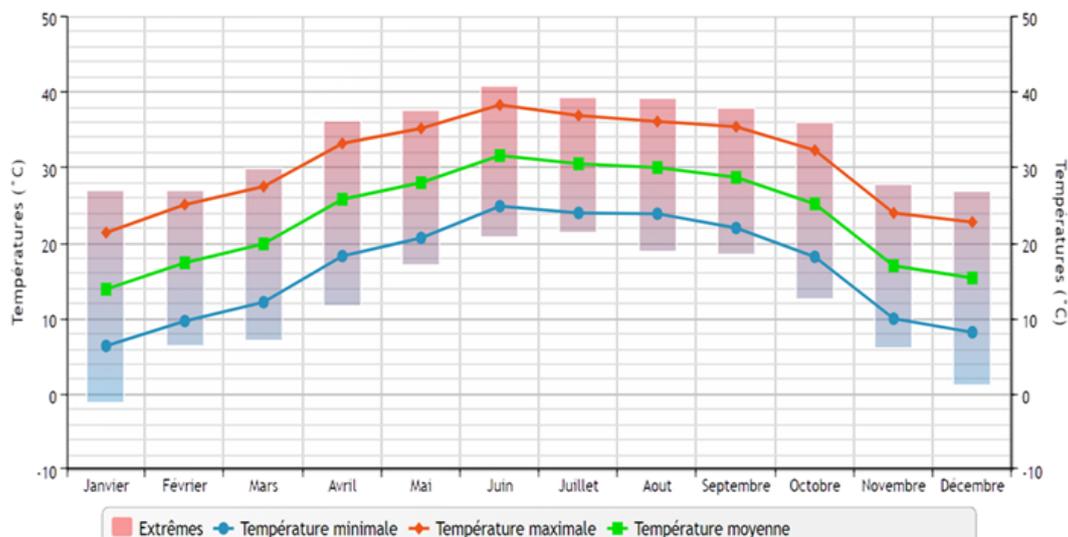


Figure 28: Variation des Températures mensuelles moyennes à Tamanrasset (2018/2019), <https://www.infoclimat.fr/climatologie/annee/2019/tamanrasset/valeurs/60680.html>

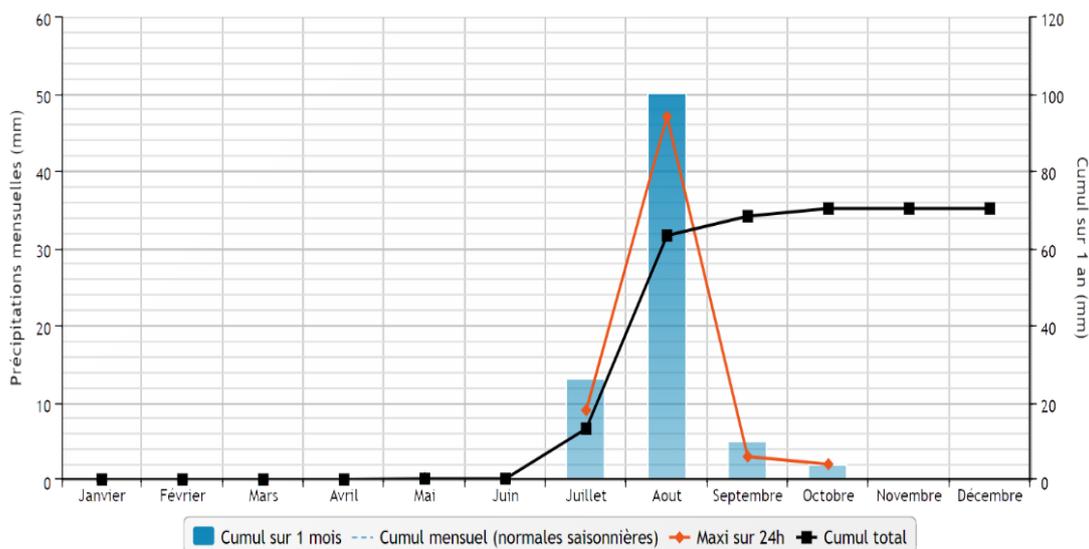


Figure 29 : Variation des précipitations mensuelles moyennes dans la région de Tamanrasset (2018/2019). <https://www.infoclimat.fr/climatologie/annee/2019/tamanrasset/valeurs/60680.html>

2.3.1.2 Le sol

Les différents détails des analyses physico-chimiques du sol effectués sont présentés dans le tableau 9.

Tableau 8: Les caractéristiques physico-chimiques du sol.

L'analyse		Résultat	Interprétation
Granulométrie	Argile	2%	sablo-limoneux
	Limon	10%	
	Sable fin	45%	
	Sable grossier	43%	
pH	pH _{eau}	7,62	Sol basique
Conductivité	Du sol	0,983 ds/m	Sol non salé
Azote Total		0,8%	Sol très pauvre en azote
Phosphore assimilable		0,12 ppm	Sol très pauvre en phosphore assimilable
Carbone et matière organique		C% = 1,16%	Sol moyennement organique
		MO%= 2%	
Calcaire		0,12%	Sol non calcaire

2.3.2 Région de Nord (Alger)

2.3.2.1 Le climat

La courbe ombrothermique (Fig. 30) nous renseigne sur les conditions climatiques qui ont prévalu durant la campagne agricole 2020/2021. On a constaté que cette année a été particulièrement sec par rapport aux années précédentes, La température moyenne de tout le cycle été 22,6° C. Au début de la campagne, les températures moyennes varient entre un minimum de 12.7°C et un maximum de 23.2°C, cette période était critique pour la culture de niébé de faite qu'elle craigne le froid. Après, les températures ont commencé à augmenter jusqu'au mois d'Aout où elles ont atténué une moyenne de 28.6°C et un maximum de 34°C ce qui a favorisé un séchage rapide des gousses (Fig.31). Pluviométrie Pendant le cycle de notre culture, le maximum de précipitation a été enregistré durant le 1er stade de la culture, notamment au mois d'Avril, avec un cumul mensuel de 61.1 mm Ensuite, les précipitations ont diminué considérablement jusqu'au mois de Juillet pour atteindre un minimum de 2.5mm, puis une ré-augmentation a été enregistrée à la fin de cycle, notamment pendant le mois de Septembre où le cumul a atteint une valeur de 26,3mm. En général, ces précipitations sont jugées insuffisantes pour accomplir les besoins de la culture de niébé (Fig. 32).

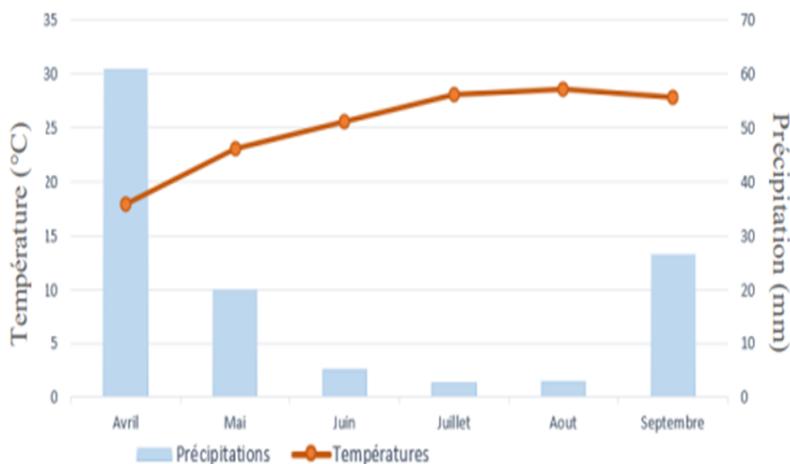


Figure 30 : Diagramme ombrothermique de la campagne de la culture du niébé 2020/2021.

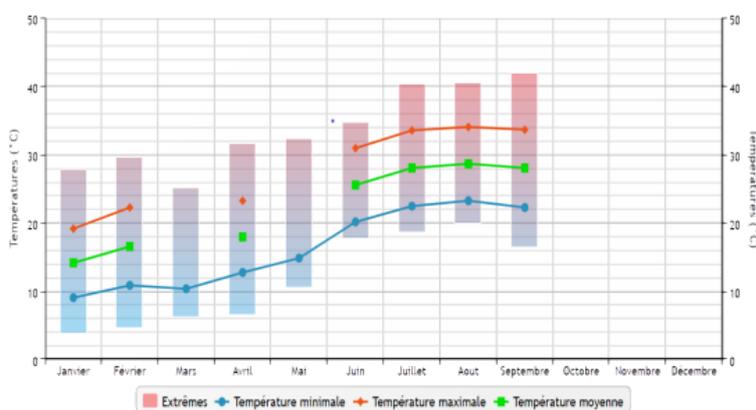


Figure 31: Variation des températures au niveau de la région d'El Harrach en 2020/2021 (Infoclimat.fr, 28/09/2021).

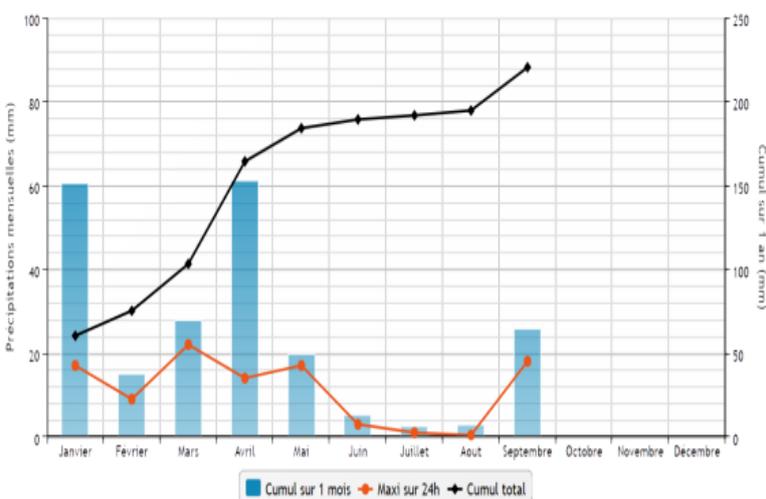


Figure 32: Le cumul des précipitations dans la région d'El Harrach 2021 (Infoclimat.fr, 28/09/2021).

2.3.2.2 Le sol

La connaissance des caractéristiques du sol est indispensable pour s'assurer que les espèces choisies auront les conditions idéales pour leur développement. L'analyse du sol nous indiquera les apports indispensables à faire. Les caractéristiques physico-chimiques analysées de la parcelle d'essai figurent dans le tableau 10.

Tableau 9: Les caractéristiques physico-chimiques du sol d'El Harrach.

L'analyse		Résultat	Interprétation
Granulométrie	Argile	27,06%	Sol Limono-argileux
	Limon grossier	31,9%	
	Limon fin	10,02%	
	Sable fin	30,92%	
	Sable grossier	0,1%	
pH	pH _{eau}	8,68	Sol basique
	pH _{KCl}	7,54	
	ΔpH	1,18	Sol fortement désaturé
Conductivité	Du sol	0,065 dS/m	Sol non salé
	D'eau d'irrigation	1,1 dS/m	Eau Légèrement saline
Azote Total		0,0028%	Sol très pauvre en azote
Phosphore assimilable		0,12 ppm	Sol très pauvre en phosphore assimilable
Carbone et matière organique		C% = 1,72%	Sol Riche en Matière organique
		MO% = 2,96%	
Calcaire		0,22%	Sol non calcaire

2.3.3 Dispositifs expérimentaux et déroulement des essais

Pour chaque site expérimental conduit durant les trois années, le dispositif en bloc aléatoire complet à un facteur étudié (accessions) et un facteur contrôlé (bloc) a été réalisé quelque différence sont mentionnées dans le tableau 11, les informations sur la conduites et le déroulement des essais sont illustre dans le tableau 12.

Tableau 10 : Caractéristiques des dispositifs expérimental mise en place dans les deux zones d'études (Alger et Tamanrasset).

Caractéristiques de dispositifs	Alger	Tamanrasset
Nombre de traitements par bloc	15	18
Nombre de bloc	4	3
Nombre de plants par traitement	7	7
Distance entre bloc (m)	1	1
Les bordures (m)	1	/
Distance entre plant (m)	0,9	0,9

Tableau 11: Différents opérations culturelles effectuées dans les trois campagnes d'études.

Opérations effectuées	Compagnes 2019/2020	Compagnes 2020/2021	Compagnes 2021/2022
Préparation du sol	Charrue à disques puis ameublissements par les hersees	Ameublissements par les hersees	Charrue à disques puis ameublissements par les hersees ; passage d'un cover-crop effectués le 17 février 2021 pour enlever tous les plants et préparer la terre pour être labourer ; labour profond avec une charrue à soc était réalisé le 18 février 2021 ; Un deuxième passage le 29 mars 2021 avec le cover-crop un jour avant le semis pour préparer la terre de recevoir la semence et d'enfourir l'engrais de fond
Semis	le semis des graines a été manuel en poquet en raison de 3 graines par trou. Le 28 mars 2019.	Le semis des graines a été manuel en poquet en raison de 3 graines par trou. Le 16 février 2020	Le semis des graines a été manuel en poquet en raison de 2 graines par trou. Le 30 mars 2021
Fertilisation	L'urée 46 % en raison de 2g /plant est apporté après 15jours de semis de la culture. Fumure de fond (0-20-25)		
Irrigation	L'irrigation est assurée par un système de goutte-à-goutte installer un jour après le semis avec une fréquence d'irrigation de 2 jusqu'à 3 fois par semaine en fonction du climat et de la capacité de rétention d'eau de notre sol.		
Démariage	Sur un sol humide, 30 jours après le semis en laissant dans chaque poquet une plantule saine et vigoureuse pour éviter la concurrence entre les plants.		
Contrôle des mauvaises herbes	Manuellement avec une binette	Manuellement puis mise en place de mulch	
Tuteurage	Le niébé développe une partie végétative très importante, Pour éviter le contact de la végétation avec le sol, le piétinement et le mélange entre les populations, on a installé des tuteurs à base des roseaux avec des fils en haut de chaque plante.		
Traitements phytosanitaires	On utilisé plusieurs produit : Insecticide (METAREX contre limace :7 Kg/ha, CYTHRINE contre noctuelles : 0.3l/ha , Vertimec contre la mineuse , DELTAPLAN :0.2L/ha contre noctuelle , Pucerons , fourmis et bruche , PYRICAL 480		

	contre puceron : 130 ml/ha; Fongicides (Bouille Bordelaise contre 'Alternaria :15g/l, Rhodiasan FLASH Alternaria et Anthracnos: 2.5g/l) ; Herbicide(Gallant :0.5L/ha), Répulsif des insectes(Purin D'ortie contre les Pucerons :1 kg d'ortie/10 litres d'eau Ensuite diluer 11 Dans 10 litres d'eau .
Récolte	Manuellement à la maturité complète des gousses où elle devient jaune, sèche, se détache facilement du pédoncule et contient des graines matures et dures. Il est échelonnée pour chaque plant à partir de mois de juin, Les gousses ont été pris au hasard de chaque accession puis conservées dans des sachets en papier, bien identifiés à fin de déterminer leur caractéristiques.

2.3.4 Paramètres étudiés

Les caractères étudiés ont été retenus selon le Descripteur de niébé de l'IPGRI (1983). Les évaluations des accessions ont été faites sur 7 plantes, sur cinq organes (feuilles, tiges fleurs, graines et gousses) différents par plant préalablement marquées dans chaque répétition (Tableau 13). La caractérisation des gousses et des graines de chaque accession a été réalisée sur un échantillon de 5 gousses pris au hasard. Les caractères qualitatifs et quantitatifs se rapportent aux grains (forme de la graine, aspect de la graine, couleur des graines, diamètre et épaisseur des grains, poids de cent grains) ; ils ont été notés sur 100 graines pris par hasard de chaque répétition. Les détails de ces caractères sont mentionnés dans le tableau 13.

Tableau 12: Caractéristiques quantitatives et qualitatives mesurées sur les accessions de niébé étudiés aux différents stades.

Stade de cycle	Type de caractère	code	Paramètre	Méthode de mesure/observation	Echelle
Caractères végétatifs	Agro-morphologique	AV	Abondance de la végétation 46 ^{ème} jour	Observation l'ensemble des plantes dans le bloc et déterminer l'abondance par rapport aux autres plants	1-Très Abondante 2-Abondante 3-Peu abondante
		PIGT	Pigmentation de la tige principale	Observer les pigmentations de chaque plant	1-Forte 2-Peu 3-Absente
		HC	Habitus de croissance	L'observation des plants	1-Erigé 2-Semi-érigé 3-Intermédiaire 4-Rampante 5-Grimpante
		TC	Type de croissance	Selon la différenciation du bourgeon apical	1-Déterminer 2-Indéterminer
		FF	Forme de la feuille	Par le rapport Longueur/largeur	
		PIF	Pilosité sur la feuille et la	Observation sous la	1-Très Volué

			tige	loupe	2-Peu Volué 3-Glabre
	Phénologique	Le 50%	Levée 50%	Quand la moitié des plants de la même population émergent	/
	Biométrique	HP46j	Hauteur de la tige Principale au 46 ^{ème} et 77 ^{ème} jour	Mesuré à l'aide d'un mètre ruban, du collet jusqu'au sommet	/
		DI46j	Diamètre de la tige principale 46 ^{ème} jour	Mesuré à l'aide d'un pied à coulisse le diamètre du collet	/
		NRTP	Nombre de ramifications de la tige principale	Compter les ramifications issues de la tige principale	/
		SF	Surface foliaire	Scanner et mesurer la surface de 4 feuilles par plant à l'aide d'un programme Imagej.	/
		Chlr	Taux de Chlorophylle de la feuille	Mesuré à l'aide d'un SPAD sur 4 feuilles par plan	/
		TEF	Taux d'eau dans la feuille	Mesuré à l'aide d'un SPAD sur 4 feuilles par plan	/
		N	Taux d'azote dans la feuille	Mesuré à l'aide d'un SPAD sur 4 feuilles par plan	/
		TF	La température foliaire	Mesuré à l'aide d'un SPAD sur 4 feuilles par plan	/
		LF et LaF	Longueur et Largeur de la feuille	À l'aide d'un mètre ruban sur 4 feuilles par plant	/
	Agro-morphologique	CF	Couleur de la fleur	1-Violette 2-Blanche 3-Mauve rose	
		ITFA	Intensité de la tâche violette sur les ails	1-Nulle à très faible 2-Moyenne 3-Forte à étroite	

Caractères liés aux fleurs et inflorescence	Phénologique			4-Forte à large	
		PIGPE	Pigmentation des pédoncules	-Absente 2-Peu 3-Forte	
		POR	Position du racème	1-En haut 2-Au sommet 3-Dedans	
	Biométrique	F50%	Floraison 50%	Apparitions des bourgeons	/
				Apparition de la fleur	/
				Ouverture de la fleur	/
	LPF	Longueur du pédoncule florale	À l'aide d'un mètre ruban sur 4 pédoncules par plan		
Caractères liés aux gousses et aux graines	Agro-morphologique	PIGG	Pigmentation anthocyanique sur la gousse	Observation	1-Absente 2-Sommet 3-Suture 4-Valves 5-Tâches 6-Uniforme
		CBG	Courbure de la gousse	Observation	1-droite 2-Peu courbée 3-Courbée 4-Spirale
		FGr	Forme de la graine	Observation	1-Réniforme 2-Rhomboïde
		TGr	Texture de la graine	Observation	1-Lisse 2-Rugueux 3-Ridée
		CGr	Couleur de la graine	Observation	1-Blanche 2-Crème 3-Brune 4-Rouge 5-Noire
		COH	Couleur du hile	Observation	1-Vert 2-Marron foncé

					3-Noire
Phénologique	MA50%	Maturité 50%	Quand la moitié des plants de la même population arrivent à la nouaison	/	
	NO50%	Nouaison 50%	Quand les gousses de la moitié des plants de la même population arrivent à la maturité	/	
	PrN	Précocité de nouaison	nombre de jours entre la date de semis et la date d'apparition de la première fleur nouée sur 12 plants par accessions		
	PrM	Précocité de maturité (j)	nombre de jours entre la date de semis et la date d'apparition de la première fleur nouée sur 12 plants par accessions		
Biométrique	NGP	Nombre de gousse par plant	Comptage	/	
	LG	Longueur des gousses	À l'aide d'un mètre ruban sur 6 gousses par plant	/	
	LaG	Largeur des gousses	À l'aide d'un mètre ruban sur 6 gousses par plant		
	PGP	Poids des gousses par plant	À l'aide d'une balance	/	
	NOGo	Nombre d'ovules par gousse	Comptage sur 6 gousses par plant	/	
	NOA	Nombre d'ovules avortés	Comptage sur 6 gousses par plant	/	
	NGrGo	Nombre de graines par gousse	Comptage sur 6 gousses par plant	/	
	LGr	Longueur des graines	À l'aide d'un pied à coulisse	/	
	laGr	Largeur des graines	À l'aide d'un pied à	/	

				coulisse	
		PCGr	Poids de 100 graines	Peser 100 graines à l'aide d'une balance	/
		RDT	Rendement (q/ha)	Formule : $(PG \times \text{nmbr de plants}) / 10 \times \text{surface d'un bloc}$	/

2.4 Analyses statistiques

Le logiciel STAT-ITICF a été utilisé pour traiter les données collectées par une analyse univariée (ANOVA à un facteur) pour l'ensemble des 18 accessions, la moyenne, l'écart-type et le coefficient de variation sont calculés pour l'ensemble des accessions afin d'évaluer la variabilité inter accessions. Des classes de variation sont constituées. Une autre analyse portée sur deux facteurs, l'accession et environnement. Les moyennes ont été comparées par l'utilisation du test de Fischer (LSD 5%). Ensuite une analyse de corrélation simple entre caractères a été réalisée (Pearson), pour voir la corrélation entre paires de caractères. La matrice de corrélation de Pearson a été élaborée sur la base de la moyenne des caractères quantitatifs des 4 sites. L'ensemble des caractères qualitatifs a servi à réaliser une Analyse en Composantes Principales (ACP) et une Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) afin de classer les différentes populations de niébé étudiées en fonction de leurs ressemblances. Les groupements homogènes ont été déterminés en complétant la première analyse par le test de Fischer (LSD 5%).

3 Résultats

3.1 Résultats des expérimentations réalisées au niveau de la région sud (Tamanrasset)

3.1.1 Variabilité phénotypique dans chaque sites

Les données collectées dans les deux années essais ont été analysées séparément, les résultats de l'analyse de la variance (ANOVA) des caractères quantitatifs ont montré une différence hautement significative pour l'ensemble des caractères quantitatifs étudiés et ceci pour les deux campagnes. On note une importante variation entre les accessions de niébé dans les deux années d'études pour l'ensemble des caractères étudiées (Tableau 14). De plus, on a enregistré des fortes valeurs du coefficient de variations entre les accessions de niébé dans les deux sites pour l'ensemble caractères, le coefficient de variation varie de 10,87% à 51,82%.

Tableau 13: Coefficient de variabilité (CV%), moyenne, valeurs extrêmes (minimum et maximum), et signification statistique pour les caractères quantitatifs pour chaque sites .

Campane 2018/2019 site1 (ABALESSA)						
Variables	Effectif	Minimum	Maximum	Moyenne	CV%	S (p=0,05)
DI 46(cm)	216	0,2	0,9	0,48	26,75	HS
HP 46 (cm)	216	6,9	31	15,66	25,1	HS
HP77(cm)	216	16	49	29,93	16,12	HS
DI 77(cm)	216	1,3	2,5	1,72	11,28	HS
NJF (J)	216	42	175	100,87	17,96	HS
NJN(Jour)	216	46	179	105,92	17,17	HS
NJM (J)	216	49	189	115,31	16,23	HS
NGP(J)	216	35	670	192,13	49,93	HS
PGP(G)	216	11	521,84	157,22	45,05	HS
LG (cm)	216	5	20	10,77	11,73	HS
LaG(cm)	216	0,1	1,3	0,66	16,7	HS
NOG	216	5	21	10,55	15,77	HS
NGG	216	4	21	10,08	17,68	HS
LGr (cm)	216	0,3	1,4	0,61	19,58	HS
LaGr (cm)	216	0,12	1,4	0,45	24,06	HS
PCG (g)	216	5	24,67	10,67	15,92	HS
RDT (q/Ha)	216	1,96	92,77	27,95	45,05	HS
Campane 2019/2020 Site 2 (TELENTECHOUIKH)						
Variables	Effectif	Minimum	Maximum	Moyenne	CV%	S (p=0,05)
DI 46(cm)	216	0,2	0,9	0,537	19,96	HS
HP 46 (cm)	216	6,9	31	15,685	23,93	HS
HP77 (cm)	216	16	49	29,849	15,07	HS
DI 77(cm)	216	1,3	2,5	1,714	11,64	HS
NJF (J)	216	42	175	97,398	24,13	HS
NJN(Jour)	216	49	179	104,125	25,13	HS
NJM (J)	216	46	189	113,486	23,33	HS
NGP(Jour)	216	18	650	171,878	57,37	HS
PGP(G)	216	25,8	466,67	141,353	51,82	HS
LG (cm)	216	6,75	21,88	11,6	10,87	HS
LaG (cm)	216	0,305	1,7	0,789	22,76	HS
NOG	216	7	17	11,144	13,71	HS
NGG	216	6	19	10,782	16,41	HS
LGr (cm)	216	0,4	1,9	0,861	20,89	HS
LaGr (cm)	216	0,2	1,4	0,64	28,56	HS
PCG (g)	216	5,92	83,36	11,214	47,6	HS
RDT (q/Ha)	216	4,587	82,964	25,129	51,82	HS

- Diamètre de latige à 46 et 77 jours

Les valeurs enregistrées pour le diamètre de la tige mesurée à 46 et 77 jours après la date de semis sont proche dans les deux sites est varié de 2 à 9 mm et 13 à 25 mm respectivement. Le diamètre moyen après 46 jours pour le site 1 et 2 est de 48 mm et 5mm respectivement. De plus le diamètre moyen après 77 jours pour le site 1 et 2 est de 17 et 17, 2 mm respectivement.

Pour le diamètre à 46 jours, Les plus faibles valeurs sont notées sur les deux accessions NEA15 (4,7 mm) et NAE18 (3,93 mm) pour le site 2 et 1 respectivement, tandis que plus élevées sont notées sur l’accession NEA17 (7,1 et 6, 53 mm) dans les deux sites (Fig. 33).

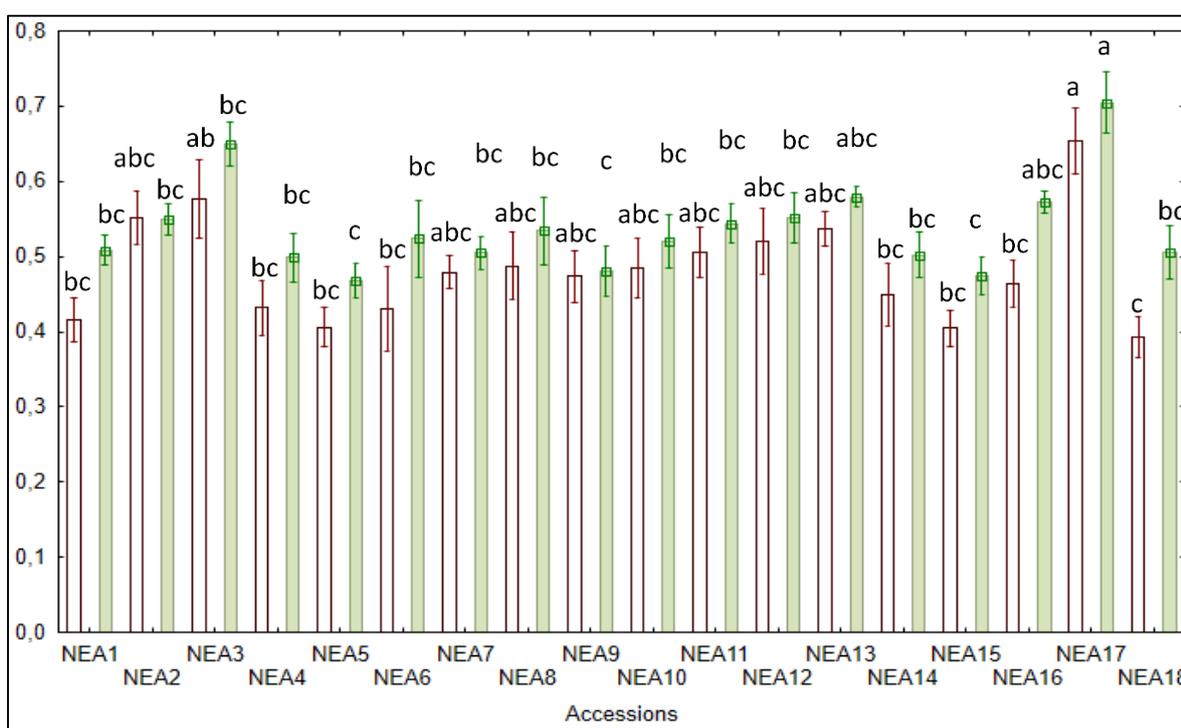


Figure 33: Variation du diamètre des tiges (mm) à 46 jours pour les 18 accessions de niébé.

Le diamètre à 77 jours, Les plus faibles valeurs sont notées sur les deux accessions NEA13 (15,5 mm) et NAE18 (15,6 mm) pour les deux sites respectivement, tandis que plus élevées sont notées sur l’accession NEA6 dans les deux sites (Fig.34). En revanche, l’analyse de la variance a montré une différence très hautement significatif pour ce paramètre ($F=3,53$; $F=3,81$; $p<0.001$).

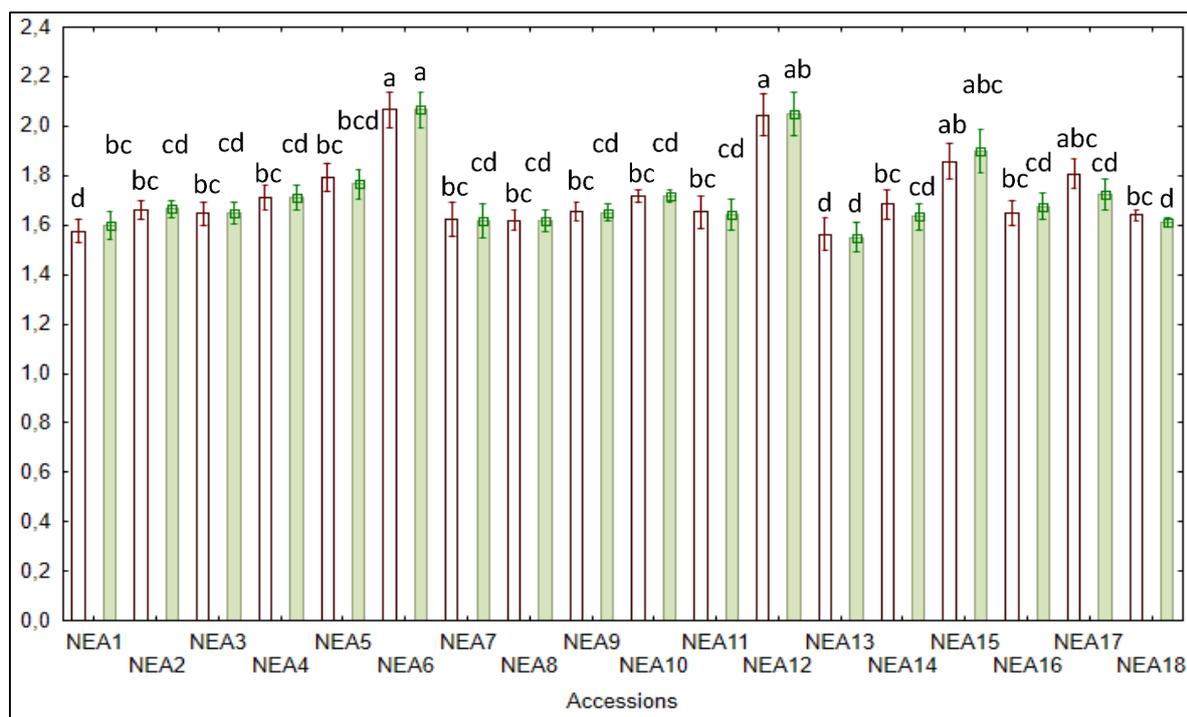


Figure 34: Variation du diamètre des tiges (mm) à 77 jours pour les 18 accessions de niébé.

- Hauteur du plant mesuré 46 et 77 jours

La hauteur des plants mesurée à 46 jours après la date de semis varie de 10,88 à 21,66 cm. Quant à la moyenne des accessions, elle est de 15,66 et 15,7 cm pour les deux sites respectivement. Le test de LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de quatre groupes homogènes qui se chevauchent (Fig. 35). Cependant, la hauteur la plus faible correspond à l'accèsion NEA18 (10,88 cm) et la plus élevée à NEA17 (21,66 cm) pour les deux années (Fig. 35). L'analyse de la variance a montré une différence hautement significative pour ce caractère entre les accessions étudiées pour les deux années avec ($F=6,49$; $F=6,29$; $p<0.001$). Pour la hauteur des plants mesurés à 77 jours après la date de semis les deux années, les valeurs enregistrées sont variées de 36,10 cm à 24,63 cm et de 37,05 à 23,20 pour les deux sites successivement. Quant à la moyenne des accessions, elle est de 15,66 et 15,7 cm respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de plusieurs groupes homogènes (A, B, C et D) qui se chevauchent (Fig. 35) dans les deux sites, la hauteur la plus faible correspond à l'accèsion NEA18 (24,63 et 23,20 cm) et la plus élevée à l'accèsion NEA1 (36,10 cm) NEA17 (37,05) pour les deux sites successivement. L'analyse de la variance a montré une différence hautement significative pour ce caractère.

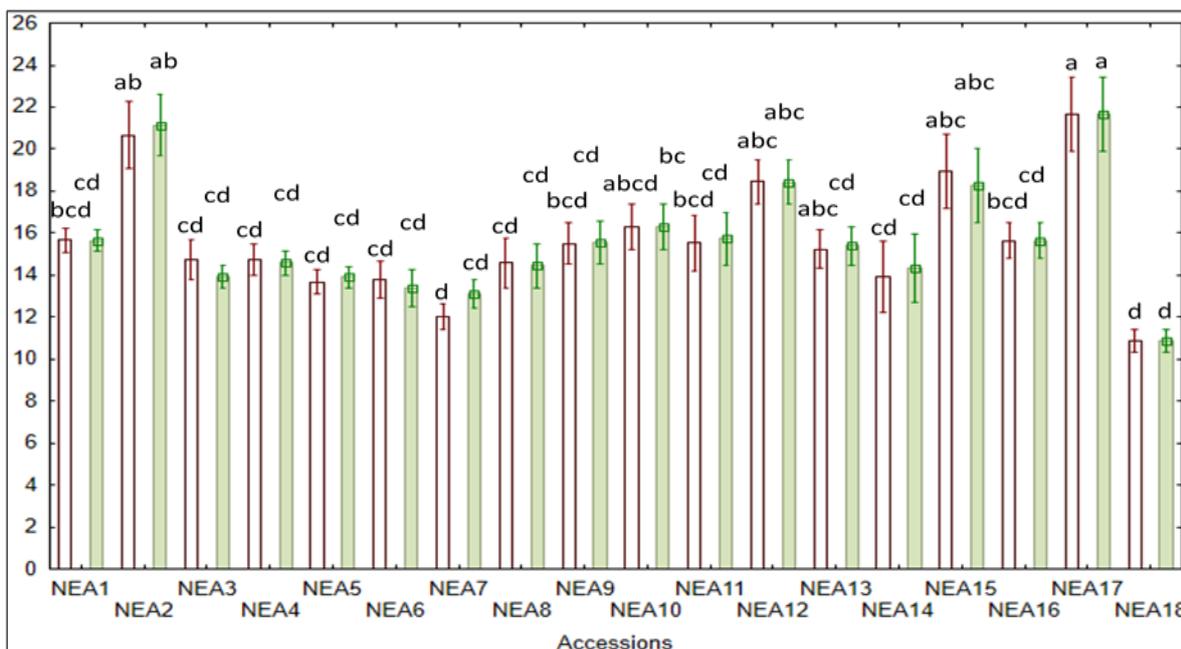


Figure 35 : Variation de la hauteur des plants (cm) après 77 jours de semis pour les 18 accessions de niébé.

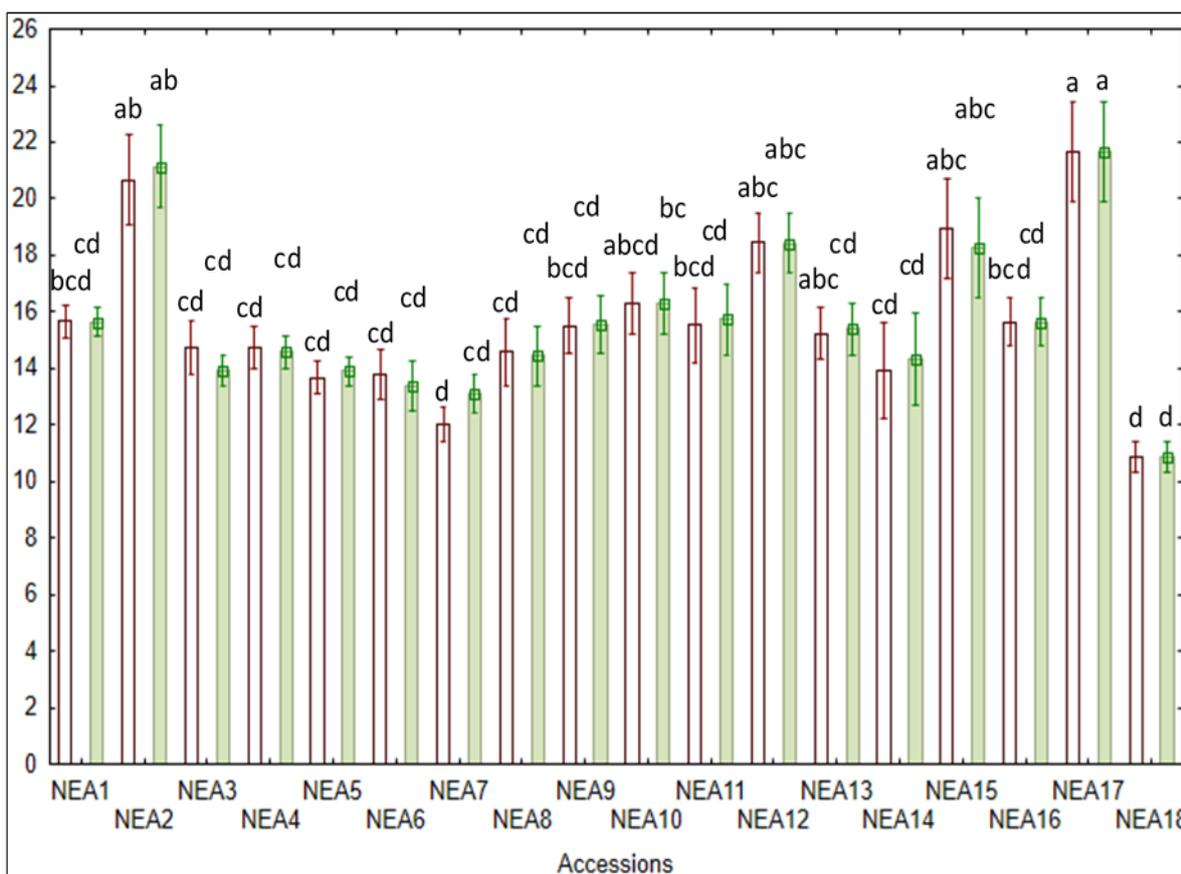


Figure 36 : Variation de la hauteur des plants (cm) après 46 jours de semis pour les 18 accessions de niébé.

- **Nombre de jour de la date de semis à la floraison (NJF)**

Le nombre de jour de la date de semis à la floraison présente une certaine variabilité au sein des accessions étudiées, certaines accessions sont précoces ils ont fleuri après 47 jours, tandis que d'autres sont tardive fleurir après une longue période 175 jours de semis pour les deux années , Quant à la moyenne des accessions, elle est de 100,88 et 97,4 jours pour les deux sites respectivement (Fig.37). Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de plusieurs groupes homogènes pour les deux sites. Les accessions NEA 2 (46jours), NEA13 (47,58jours) ont apparu comme les plus précoces dans le site 1, les accessions NEA13 (47,75) et NAEA14 (48,83 jours) sont à elles les plus précoces dans le site 2, tandis que l' accession NEA8 (161 jours) et NEA17(146 jours) sont les plus tardive spour les deux sites .L'analyse de la variance a montré une différence très hautement significative pour ces caractères entre les accessions étudiées avec ($F=71,82$; $F=37,75$; $p<0.001$) pour les deux sites successives.

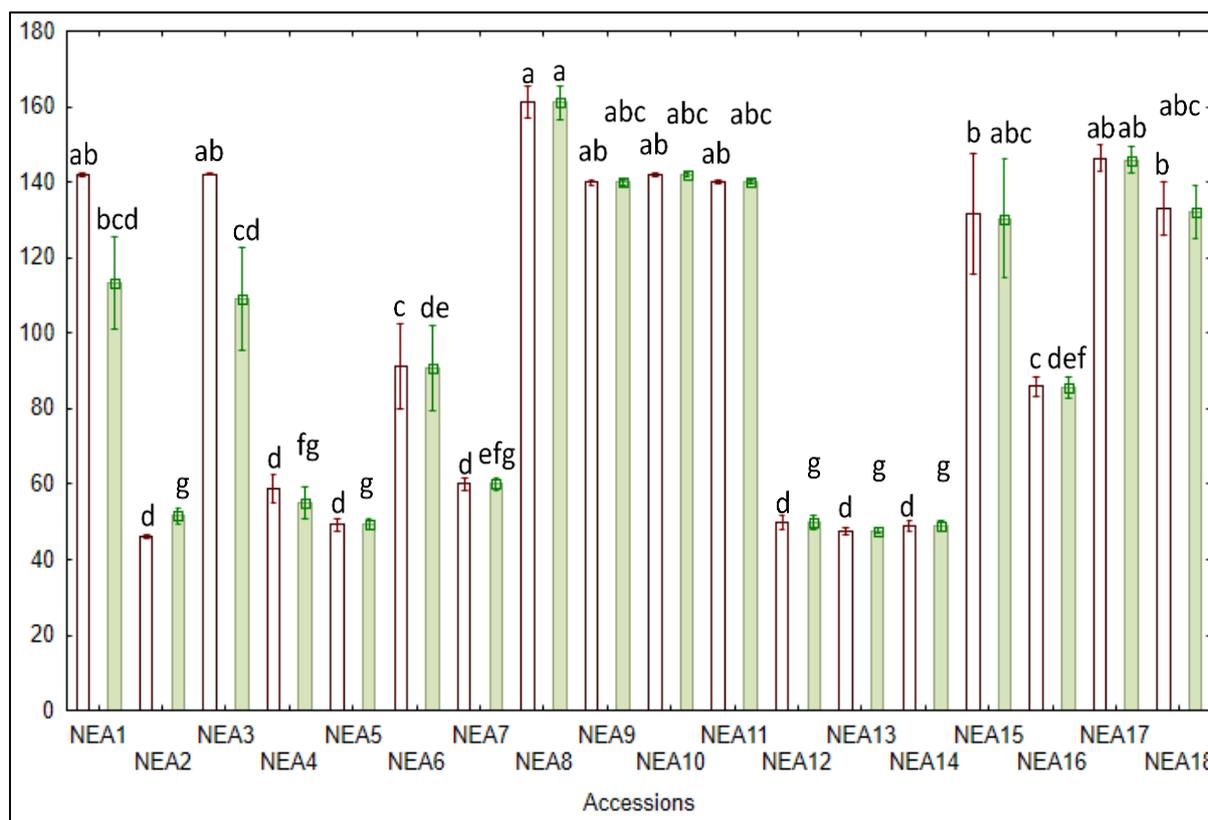


Figure 37:Variation du la date de floraison pour les 18 accessions de niébé.

- **Nouaison (NJN)**

Le nombre de jour de la date de semis à la nouaison est allant de 49 à 166 jours de semis pour les deux sites respectivement, Quant à la moyenne des accessions, elle est de 104 et 106 jours, avec un coefficient de variation élevéeà l'intérieur des accessions 17,17

et 25,13 pour le site 1 et 2 respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de plusieurs groupes homogènes pour les deux sites (Fig.38). le nombre de jours le plus faible est enregistré chez l'accèsion NEA 12 (49 à 50 jours) , alors que la plus élevées est enregistré chez l'accèsions NEA8 (165 et 166 jours) pour les deux sites. L'analyse de la variance a montré une différence très hautement significative pour ces caractères entre les accessions étudiées pour les deux sites succesives avec ($F=71,99$; $F=29,32$; $p<0.001$).

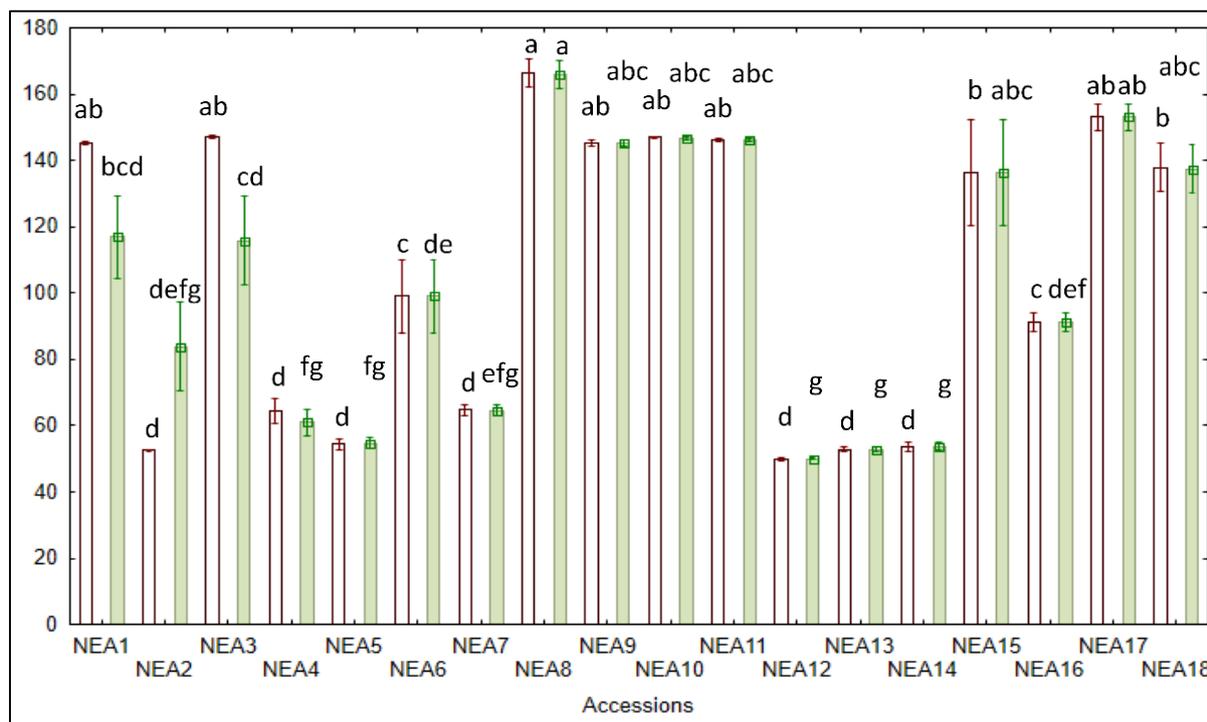


Figure 38: Variation du la date de Nouaison (NJN) pour les 18 accessions de niébé dans les deux campagnes 2018/2019 et 2019/2020.

- **Nombre de jour à la maturité (NJM)**

L'analyse de la variance a montré une différence très hautement significative pour ces caractères entre les accessions étudiées pour les deux sites respectivement ($F=68,90$; $F=29,43$; $p<0.001$). Le nombre de jour de la date de semis à la nouaison est allant de 60 à 175 jours de semis pour les deux sites, Quant à la moyenne des accessions, elle est de 114 et 115,54 jours, avec un faible coefficient de variation à l'intérieur des accessions 0,4 pour le site 1 et 2 respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de differents groupes homogènes pour les deux années. le nombre de jours le plus faible est enregistré chez l'accèsion NEA 12 (60 jours) , alors que la plus élevées est enregistré chez l'accèsions NEA8 (175 jours) pour les deux sites. (Fig.39).

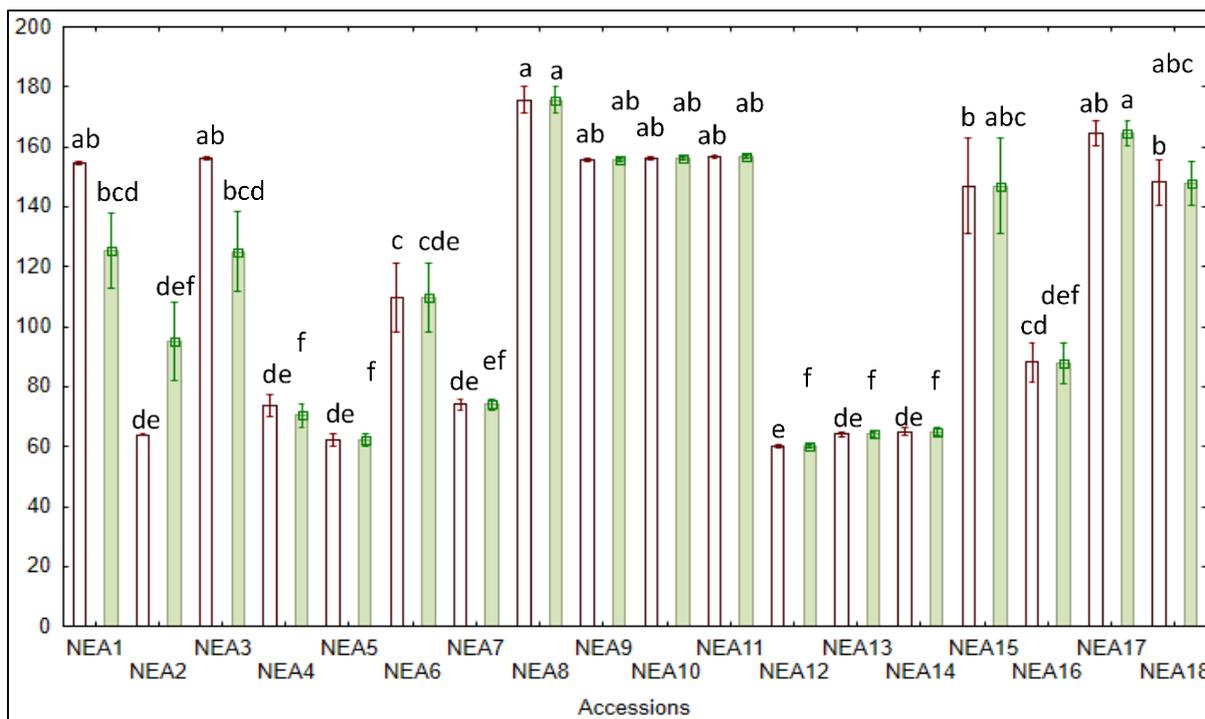


Figure 39: Variation de la date de maturité pour les 18 accessions de niébé.

- Nombre des gousses par plant (NGP)

Concernant ce paramètre, L'analyse de la variance a révélé une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées et pour les deux sites respectivement ($F=11,31$; $F=6,41$; $p<0.001$). Le nombre de gousses par plant varie entre un minimum de 46,58 pour le premier site (NEA 7) et 45,42 pour le deuxième site (NEA17), et un maximum de 389,79, 295,92 pour les deux années successivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de plusieurs groupes homogènes pour les deux années (Fig.40).

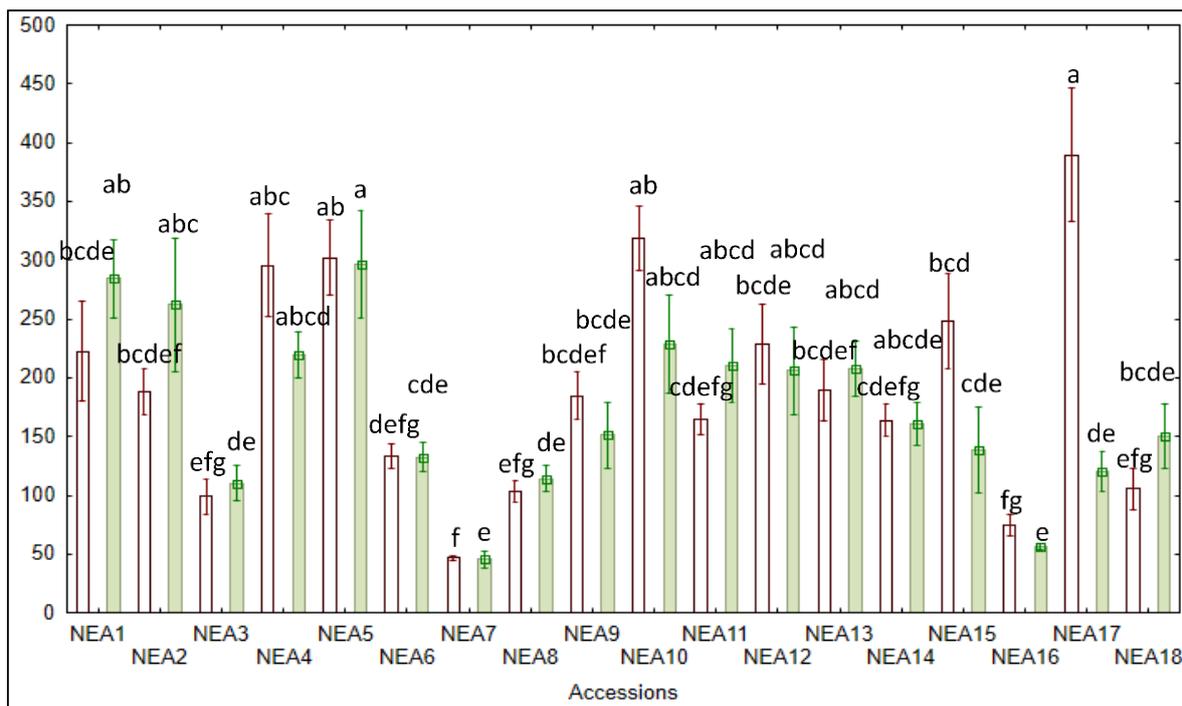


Figure 40: Variation du la date de Nombre des gousses par plants pour les 18 accessions de niébé.

- Poids des gousses par plants (PGP)

L'analyse de la variance pour ce caractère révèle une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées au sein des deux sites respectivement ($F=5,64$; $F=4,50$; $p<0.001$). Le poids de gousses par plant varie entre un minimum de 37g pour le premier année et 59g pour le deuxième année, pour les accessions NEA3 et NEA7 successivement et un maximum de 286,69 g, 234,14g pour l'accession NEA2 pour deux ans. Le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est élevé 45,05 et 51,82 pour les deux sites respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de différents groupes homogènes pour les deux années (Fig.41).

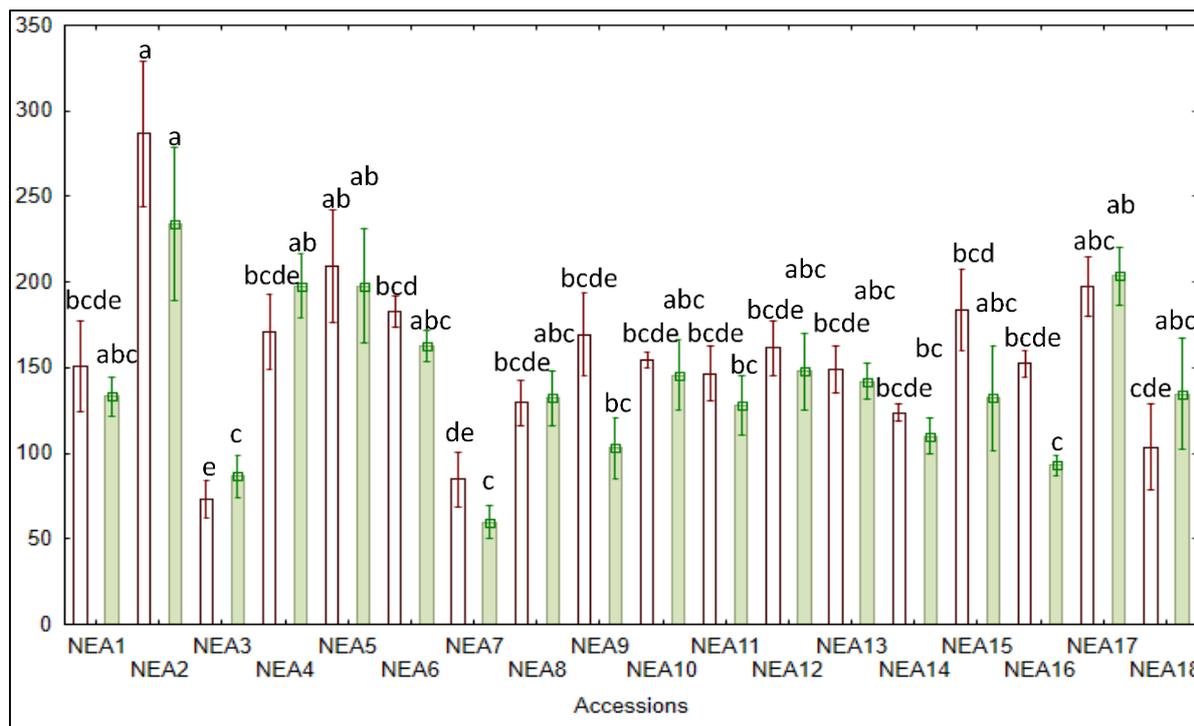


Figure 41: Variation du la date de poids des gousses par plants pour les 18 accessions de niébé.

- Longueur des gousses (LG)

L'analyse de la variance pour ce caractère révèle une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées pour les deux sites successives ($F=67,45$; $F=47,26$; $p<0.001$). La Longueur des gousses varie entre un minimum de 6,71 cm chez l'accession NEA3 et un maximum de 18,75 cm chez l'accession NEA17. Cependant, pour le deuxième site, elle varie entre un minimum de 9,07 cm (NEA9) et un maximum de 18 cm (NEA17). De plus, le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est faible 11,73 et 10.87 pour l'année1 et 2 respectivement (Fig.42).

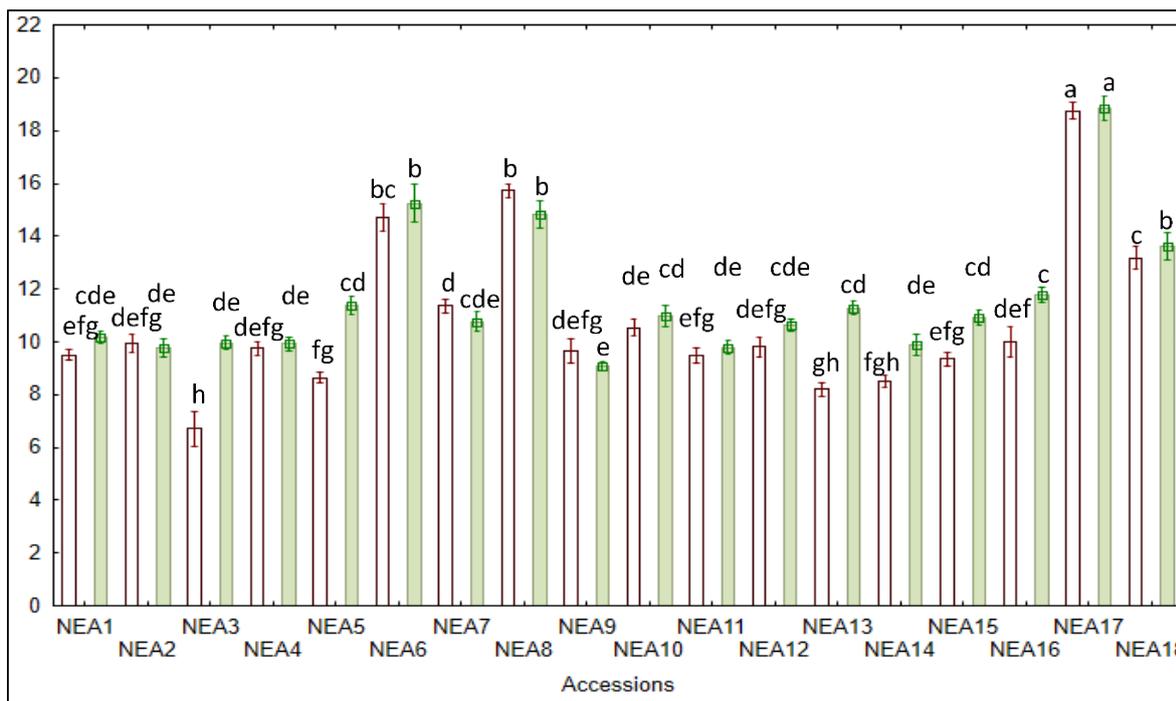


Figure 42: Variation de la longueur des gousses pour les 18 accessions de niébé.

- **Largeur des gousses (LaG)**

L'analyse de la variance pour ce caractère a révélé une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées pour les deux sites ($F=31,21$; $F=13,71$; $p<0.001$). Pour la première année, la Largeur des gousses varie entre un minimum de 0,5 cm (NEA10) et un maximum de 0,987 cm (NEA17). Alors que, pour la deuxième année elle varie entre un minimum de 0,575 cm (NEA2) et un maximum de 1,31cm (NEA16) pour les deux ans. De plus, le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est faible 16,7022,76 pour les deux années successives. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de différents groupes homogènes pour les deux années (Fig.43).

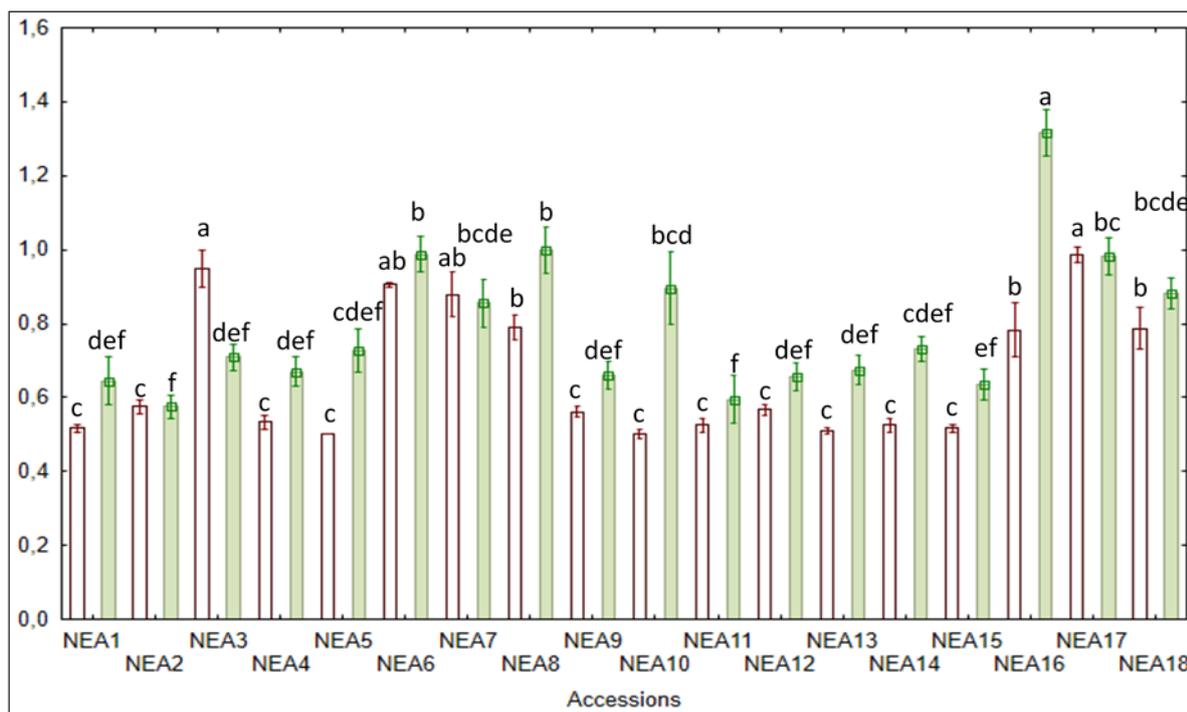


Figure 43: Variation de la largeur des gousses pour les 18 accessions de niébé.

- Longueur des graines (LGr)

L'analyse de la variance pour ce caractère a montré une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées pour les deux sites ($F=14,51$; $F=21,35$; $p<0.001$). Pour la première année, la Longueur de graines varie entre un minimum de 0,483 cm (NEA13) et un maximum de 0,975 cm (NEA18). Alors que pour la deuxième année, elle varie entre un minimum de 0,478 cm (NEA11) et un maximum de 1,5cm pour la même accession NEA16. De plus le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est moyenne 19,58 et 20,89 les deux sites respectivement. Le test de LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de plusieurs groupes homogènes pour les deux sites (Fig .44).

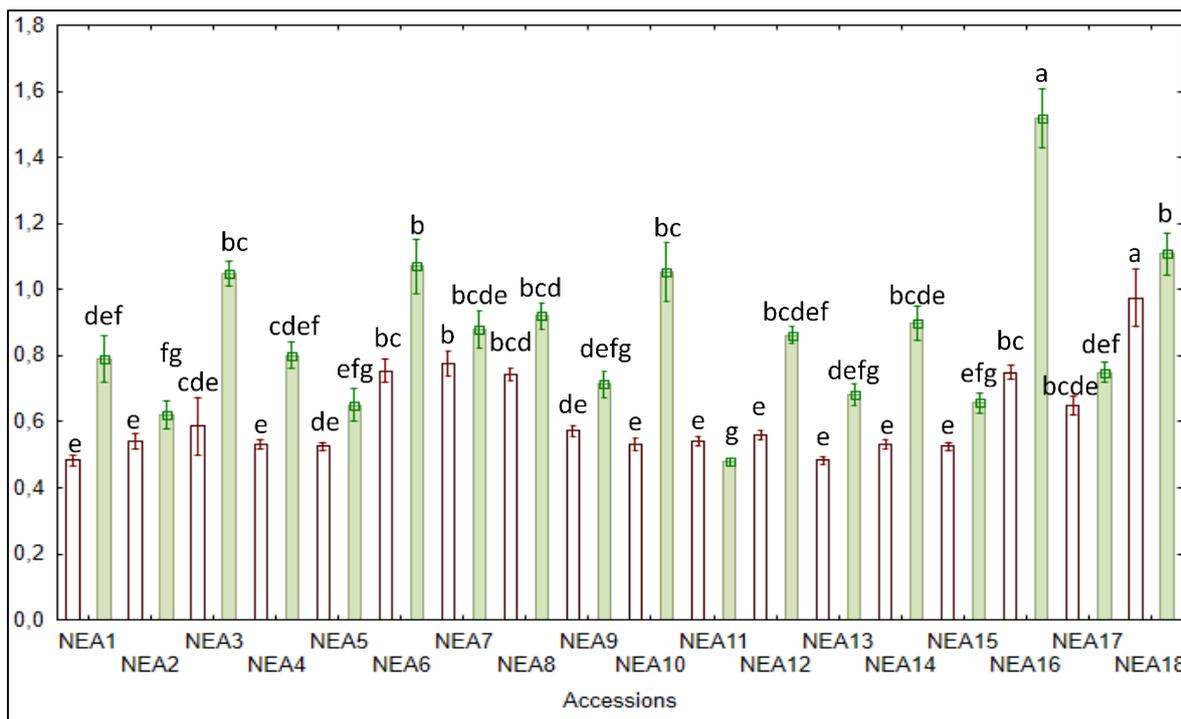


Figure 44: Variation de la longueur des graines pour les 18 accessions de niébé.

- Largeur de graines (LaGr)

L'analyse de la variance pour ce caractère a montré une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées pour les deux sites ($F=11,90$; $F=18,05$; $p<0.001$). Pour la première année, la Largeur de graines varie entre un minimum de 0,314 cm (NEA17) et un maximum de 0,65 cm (NEA18). Alors que pour la deuxième année, elle varie entre un minimum de 0,306 cm (NEA11) et un maximum de 1,09 cm pour l'accession NEA10. De plus, le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est moyenne 24,06 et 28,56 pour les deux sites respectivement. Le test de LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de différents groupes homogènes pour les deux sites Fig. 45).

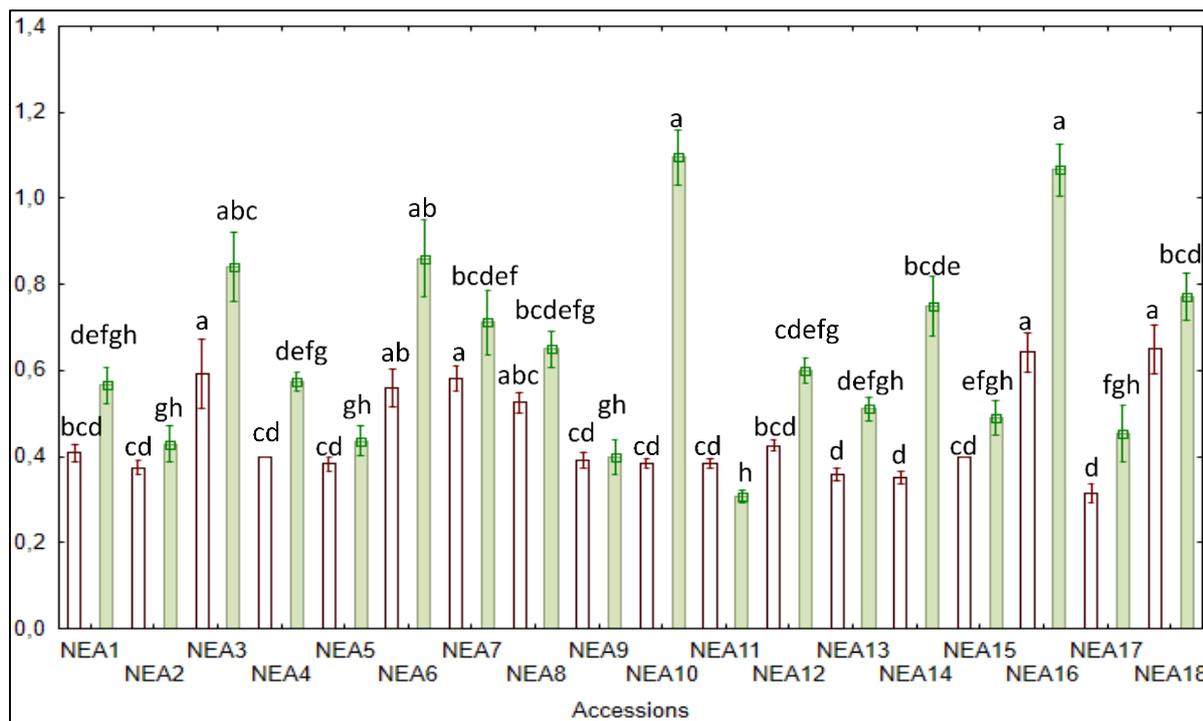


Figure 45: Variation du largueur des graines pour les 18 accessions de niébé.

- Nombre d'ovules par gousse (NOG)

L'analyse de la variance pour ce caractère a montré une différence hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées pour deux ans ($F=26,45$; $F=7,91$; $p<0.001$). Pour le site 1, le nombre d'ovules par gousse varie entre un minimum de 7 chez l'accession NEA3 et un maximum de 18,66 chez l'accession NEA17. Cependant, pour la deuxième année, elle varie entre un minimum de 9,66 chez NEA11 et un maximum de 14,75 pour la même accession NEA17. De plus le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est faible 15,75% et 13,71% pour le site 1 et 2 respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de différents groupes homogènes qui se chevauchent pour les deux années (Fig .46).

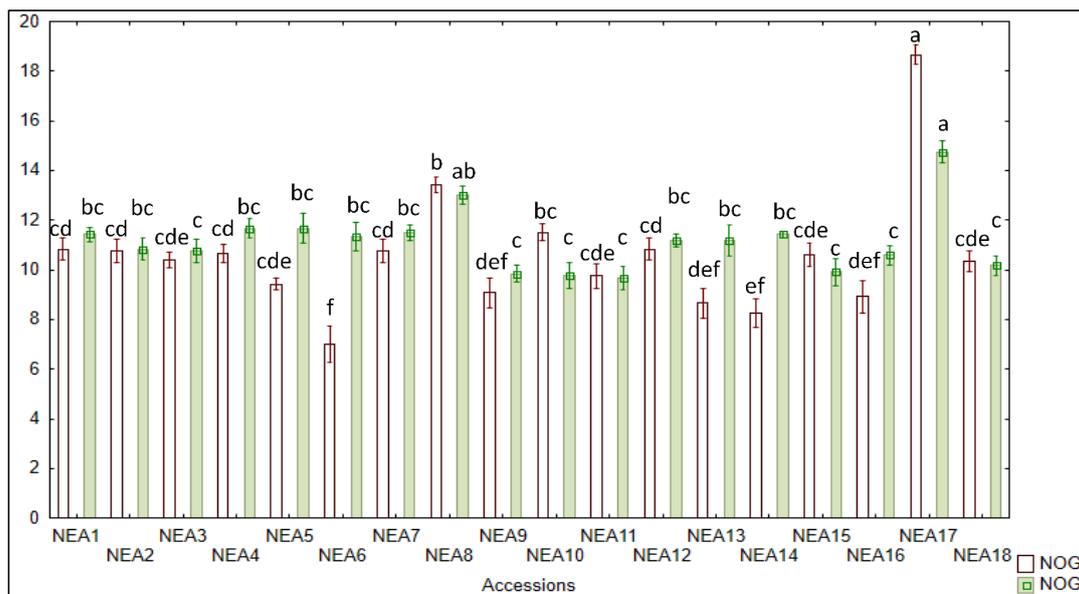


Figure 46: Variation de Nombre d’ovules pour les 18 accessions de niébé.

- Nombre de graines par gousses (NGG)

L’analyse de la variance pour ce caractère a montré une différence très hautement significative pour l’ensemble des accessions étudiées pour deux ans ($F=23,71$; $F=5,64$; $p<0.001$). Pour le site 1, le nombre de graines par gousses varie entre un minimum de 7,16 chez l’accession NEA 3 et un maximum de 18,16 chez l’accession NEA17. Cependant, pour le deuxième site (Telentechouikh) elle varie entre un minimum de 9,25 chez NEA11 et un maximum de 14,25 pour la même accession NEA17. De plus, le coefficient de variation à l’intérieur des accessions est faible 16,41 et 17,26 et pour les deux sites respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de différents groupes homogènes qui se chevauchent pour les deux sites (Fig.47).

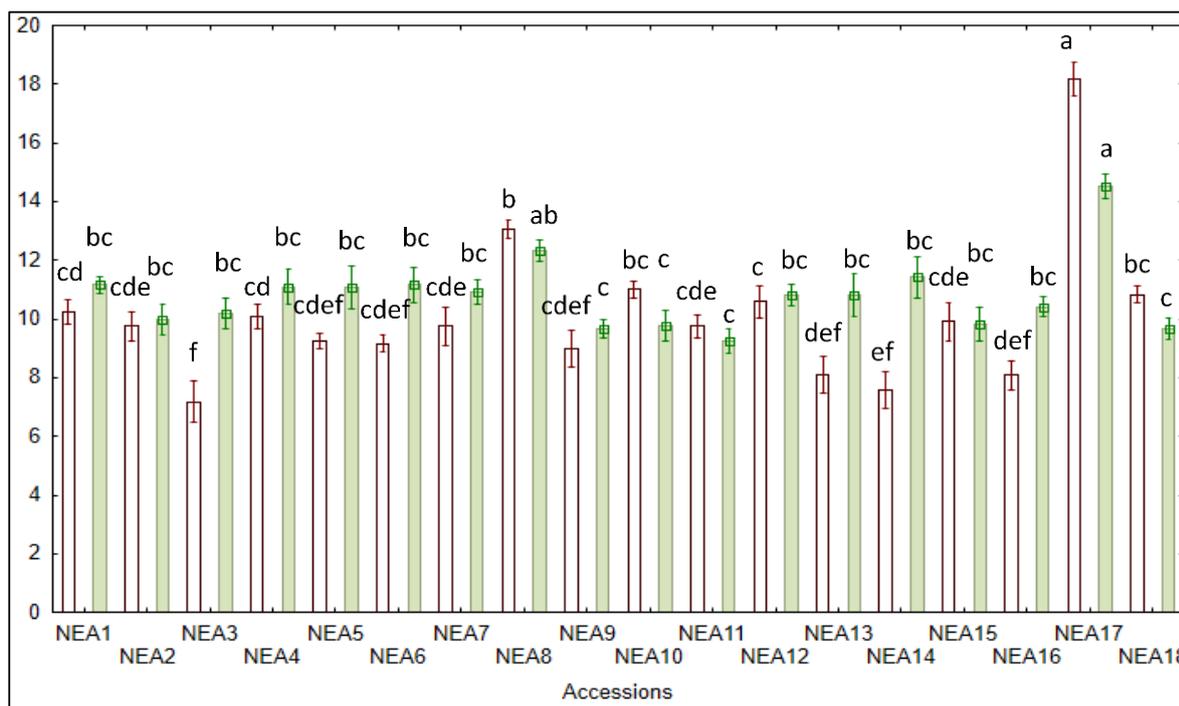


Figure 47: Variation de Nombre de graines par gousse pour les 18 accessions de niébé.

- Poids de cent graines (PCG)

L'analyse de la variance pour ce caractère a montré une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées pour deux ans ($F=59,61$; $F=6,81$; $p<0.001$). Pour la première année, Poids de cent graines varie entre un minimum de 7,13 g chez l'accession NEA 5 et un maximum de 20,29g chez l'accession NEA 6. Cependant, pour la deuxième année, elle varie entre un minimum de 8 chez NEA11 et un maximum de 20g pour la même accession NEA 6. De plus le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est de 15,72 et 47,6 pour l'année 1et 2 respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de plusieurs groupes homogènes qui se chevauché pour les deux sites (Fig .49).

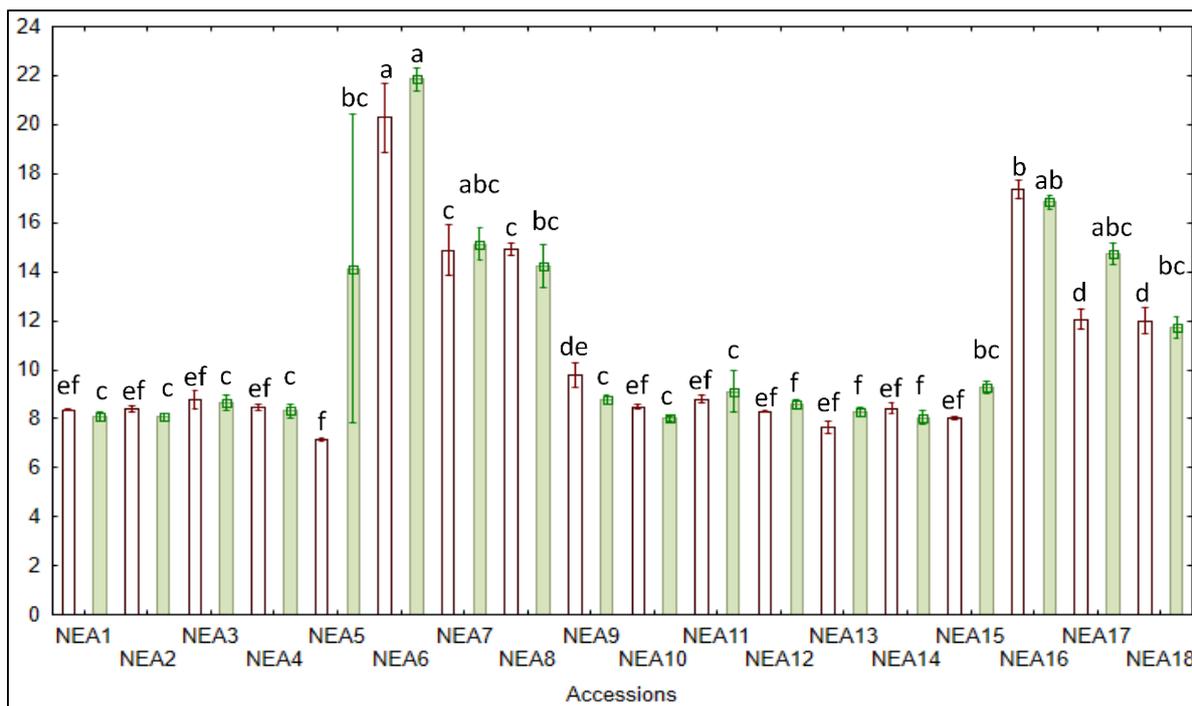


Figure 48: Variation du poids de 100 graines pour les 18 accessions de niébé.

- Rendement (RDT) q/ha

L'analyse de la variance pour ce caractère a montré une différence très hautement significative pour l'ensemble des accessions étudiées pour deux ans ($F=5,64$; $F=4,50$; $p<0.001$). Pour la première année, le rendement varie entre un minimum de 12,98q/ha chez l'accession NEA 3 et un maximum de 50,96 q/ha chez l'accession NEA2. Cependant, pour la deuxième année, elle varie entre un minimum de 10,65 chez NEA7 et un maximum de 41,62 q/ha g pour la même accession NEA 6. De plus le coefficient de variation à l'intérieur des accessions est élevé de 45,05 et 51,82 pour l'année 1 et 2 respectivement. Le test LCD pour la comparaison des moyennes a révélé la présence de différents groupes homogènes qui se chevauchent pour les deux années (Fig.49).

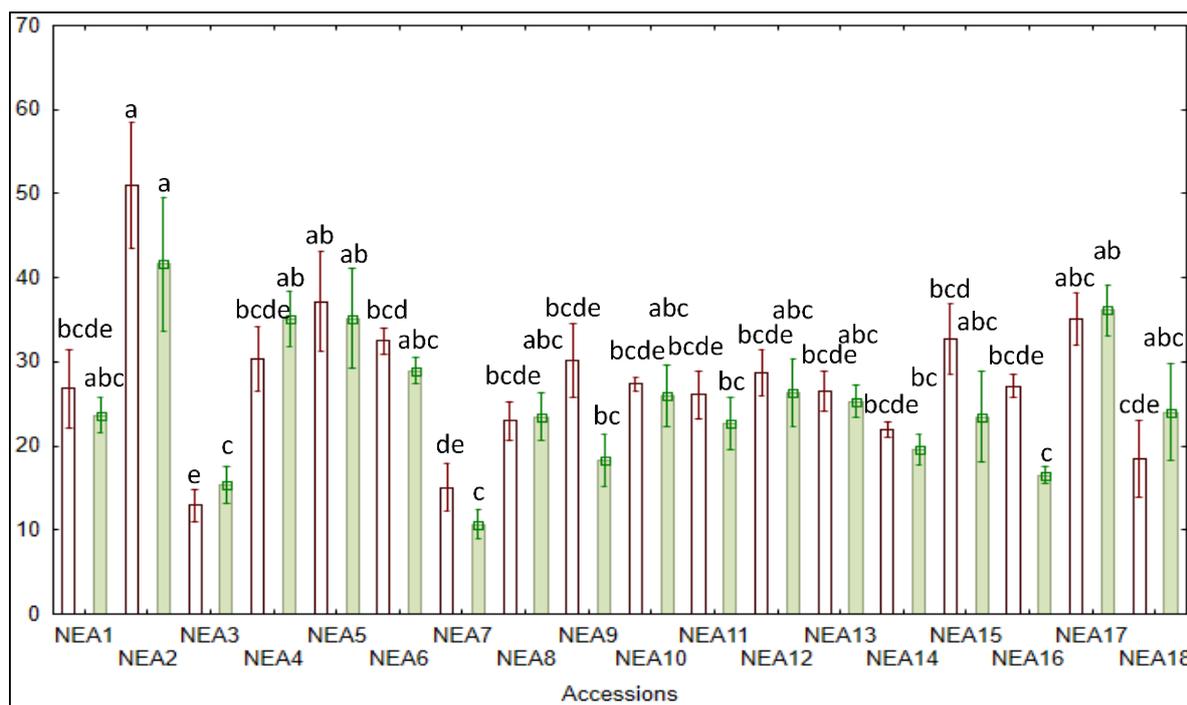


Figure 49: Variation de rendement (q/ha) pour les 18 accessions de niébé.

3.1.2 Variabilité phénotypique dans les deux sites

L'analyse combinée entre les deux années (Annexe 2-c ; Annexe 2-d) montre des différences hautement significative pour le facteur année, facteur accession et l'interaction accessions x sites. L'effet de génotype est statistiquement hautement significatif pour l'ensemble des caractères. Alors que l'effet de sites est statistiquement hautement significatif pour l'ensemble des caractères suivants: diamètre de tige, la taille des gousses et graines, nombre d'ovule et graines par gousses et le poids de cent graines. De plus, L'effet d'interaction (accessions x sites) est non significatif pour la plus part des traits, sauf pour les caractères suivants : nombre de gousses par plant, taille de la gousse et graines et le nombre d'ovule et graines par gousses (Annexe 2-c ; Annexe 2-d).

- Diamètre de la tige à 46 et 77 jours

L'analyse de la variance combinée (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig.50) a révélé un effet hautement significatif entre génotype ($P < 0,001^{**}$) indiquant ainsi une large variabilité au sein des génotypes étudiés pour ce caractère. La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les génotypes en différents groupes chevauchants. Le diamètre le plus élevé a été enregistré chez les accessions NEA17 et NEA6 avec 0,68 et 2,07 cm pour le diamètre à 46 et 77 jours successivement tandis que la plus faible est

enregistrée chez les accessions NEA5 et NEA 13 avec une valeur de 0,44 et 1,56 cm pour le diamètre à 46 et 77 jours successivement (Fig. 50).

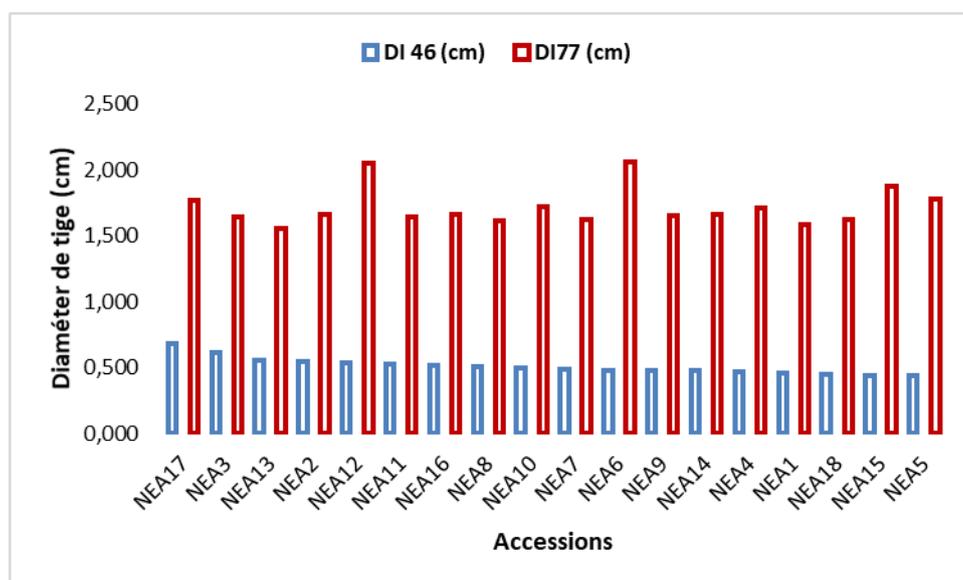


Figure 50: Variation de diamètre de tiges après 46 et 77 jours du semis chez les 18 accessions pour les deux campagnes 2018/2019 et 2019/2020.

- **Hauteur du plant mesuré 46 et 77 jours**

Les résultats de la caractérisation phénotypique ont montré que les hauteurs maximales des plantes à 46 et 77 jours sont observées chez l’accession NEA17 avec 21,66 et 36,58 et respectivement. Tandis que les hauteurs minimales sont observées chez l’accession NEA 18 10,87 et 23,90 cm à 46 et 77 jours respectivement. La valeur moyenne de l’espèce est de 15,67cm et 29,89 cm successivement (Fig.51). La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les géotypes en quatre groupes chevauchants pour le HP 46j et Cinq groupes chevauchants pour la HP77j (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig.51).

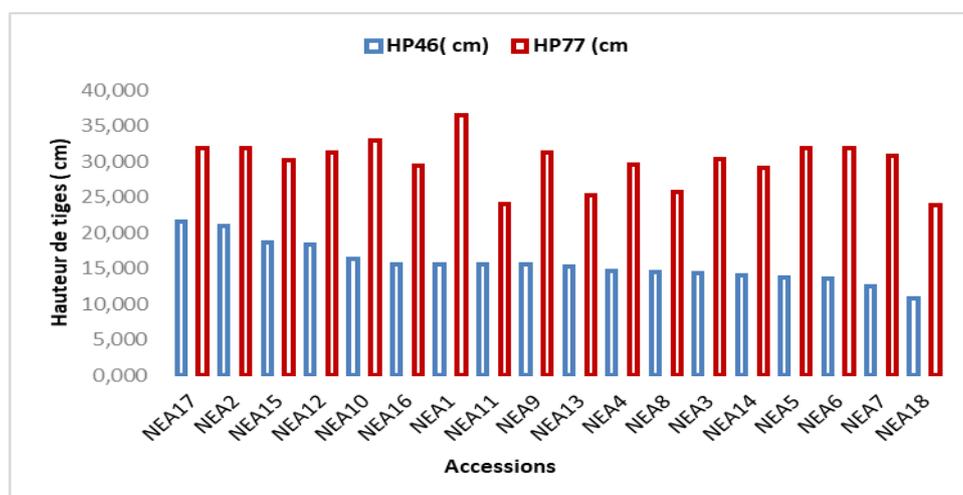


Figure 51: Variation de la hauteur de tiges après 46 et 77 jours du semis chez les 18 accessions pour les deux sites.

- **Nombre de jour à la maturité (NJM)**

Les résultats de la caractérisation phénotypique montrent que la valeur maximale à de jour à la floraison est observée chez l’accession NEA 8 avec 161 jours. Tandis que les valeurs minimale est observé l’accession NEA13 avec 48 jours. La valeur moyenne est de 99jours. La valeur moyenne de l’espèce est de 15,67 cm et 29,89 cm successivement (Fig.52). La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les génotypes en Cinq groupes chevauchants (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig.52).

Le nombre de jour à la nouaison minimale est enregistré chez l’accession NEA 8 avec 166 jours. Tandis que les valeurs minimale est observé les deux accessions NEA13 et NEA12 avec 52 jours. La valeur moyenne est de 105 jours. La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les génotypes en Cinq groupes chevauchant (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig.52).

Nombre de jour à la maturité est enregistrée chez l’accession NEA 8 avec 176 jours. Tandis que les valeurs minimale est observé les deux accessions NEA13 et NEA12 avec 60 jours. La valeur moyenne est de 114 jours. La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les génotypes en quatre groupeschevauchants (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig.52).

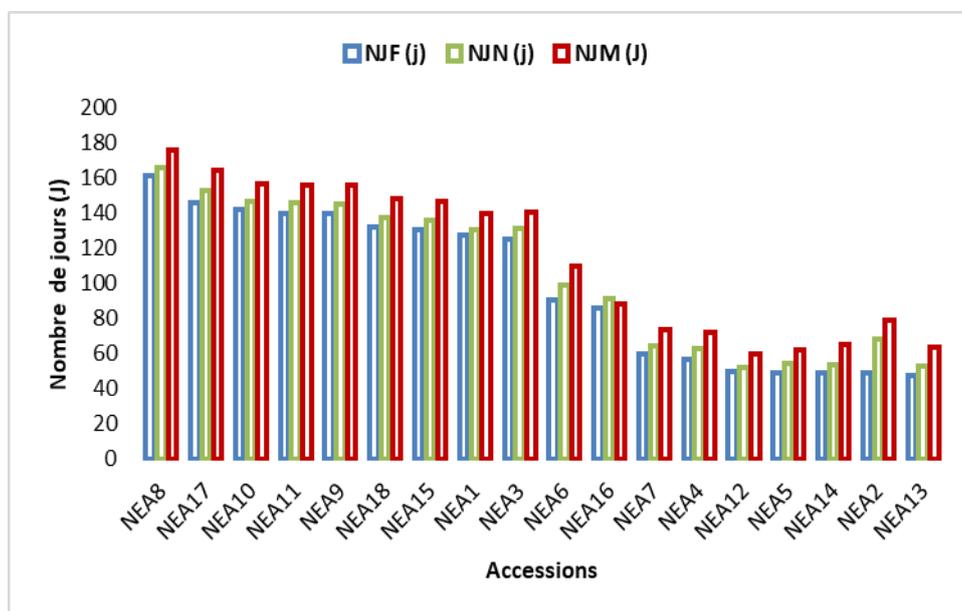


Figure 52: Variation de Nombre de jour à la floraison (NJF), Nouaison NJN, Nombre de jour à la maturité (NJM) chez les 18 accessions pour les deux sites.

- **Nombre des gousses par plant (NGP) et Poids des gousses par plants (PGP)**

les résultats enregistrer pour ces deux caractères montre que les deux accessions NEA5 et NEA2 présentent le nombre et le poids de gousses le plus élevées 299 gousses et 260,42g respectivement (Fig.53). Alors que, l’accession NEA7 présente le nombre et poids de gousses les plusavec 42 gousses et 72,39g respectivement.La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les génotypes en six groupeschevauchants pour les deux caractères (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig.53).

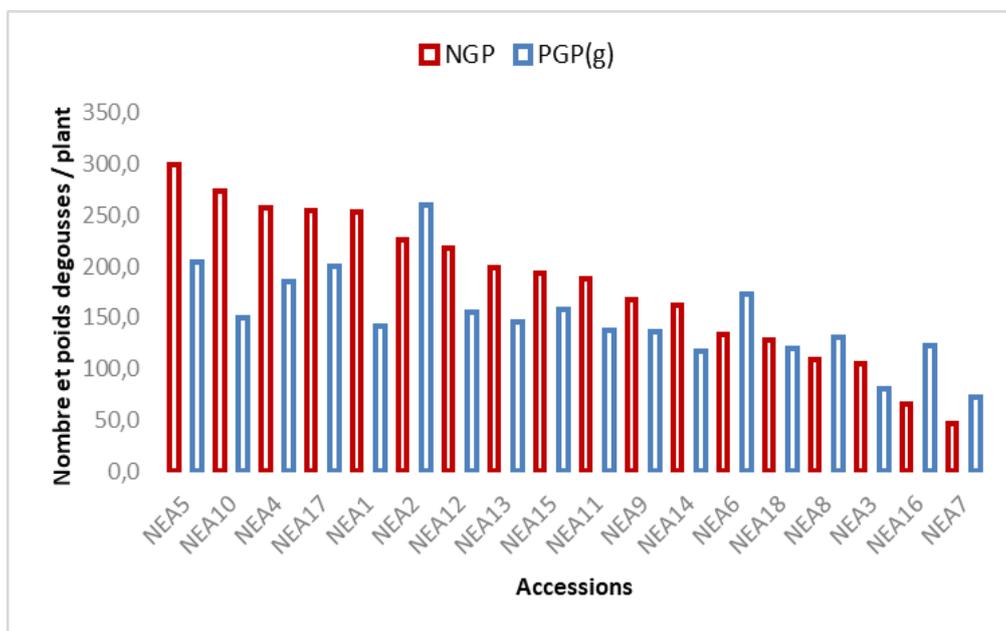


Figure 53: Variation de Nombre des gousses par plant (NGP) et Poids des gousses par plants (PGP) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.

- **Longueur des gousses (LG) et Largeur des gousses (LaG)**

L’accession NEA 17 présente la Longueur le plus élevées (18,80 cm) et le plus faible Longueur est enregistrée chez l’accession NEA3 (8,34 cm). Par contre le largeur le plus élevée est noté chez l’accession NEA 16(1,05 cm) et le plus faible largeur est enregistré chez les accessions NEA1, NEA2, NEA15 (0,58 cm) (Fig.54).La moyenne générale pour les accessions étudiées est de 11,18 cm et 0,73 c pour Longueur et largeur des gousses respectivement.La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les génotypes en sept groupeschevauchants pour les deux caractères (Annexe 2-c ;Annexe 2-d ; Fig.54).

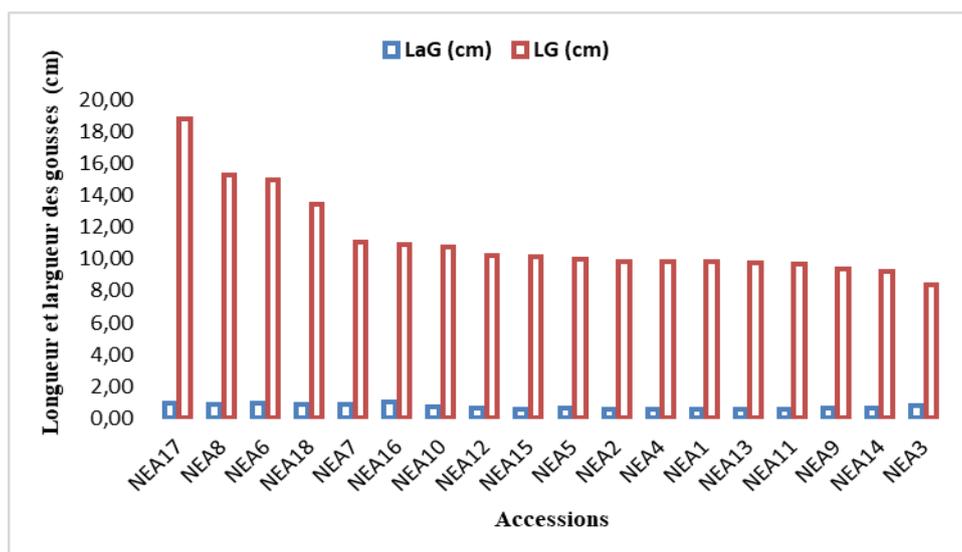


Figure 54: Variation de Longueur des gousses (LG) et largeur des gousses (LaG) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.

- **Longueur des graines (LGr) et Largeur de graines (LaGr)**

L'accession NEA 16 présente la Longueur le plus élevées (1,13 cm) et le plus faible Longueur est enregistré chez l'accession NEA11(0,51 cm) . De même, la largeur le plus élevée est noté chez l'accession NEA 16 (0,85 cm) et le plus faible largeur est noté chez l'accession NEA11 (0,345 cm) (Fig.55). La moyenne générale pour les accessions étudiées est de 0,74 cm et 0,55 cm pour la longueur et la largeur des graines respectivement. La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les génotypes en cinq groupes chevauchants pour les deux caractères (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig.55).

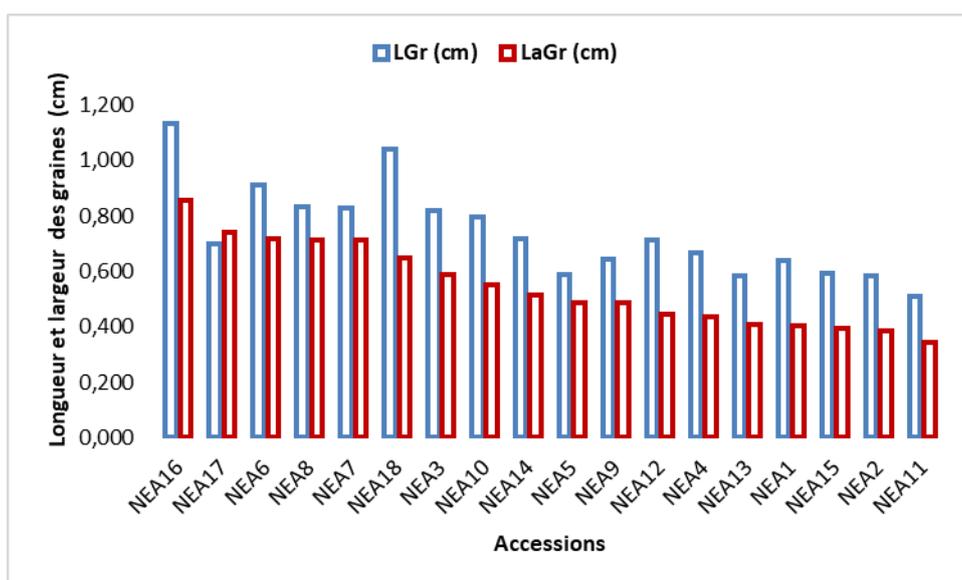


Figure 55: Variation de Longueur des graines (LGr) et largeur des graines (LaGr) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.

- **Nombre d'ovules par gousse (NOG) et Nombre de graines par gousses (NGG)**

Les résultats obtenus montrent que le nombre d'ovules par gousse ainsi que le Nombre de graines par gousses. Les plus élevées est enregistré chez l'accession NEA17 (16,07 et 16,33) respectivement. Alors que l'accession NEA3 a présenté le nombre des graines par gousses le plus faibles (8,66). La plus faible nombre d'ovules par gousse est enregistré chez l'accession NEA6. La comparaison multiple entre les moyennes au seuil de 5 % par le test LSD classe les géotypes plusieurs groupes chevauchants pour les deux caractères (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig .56).

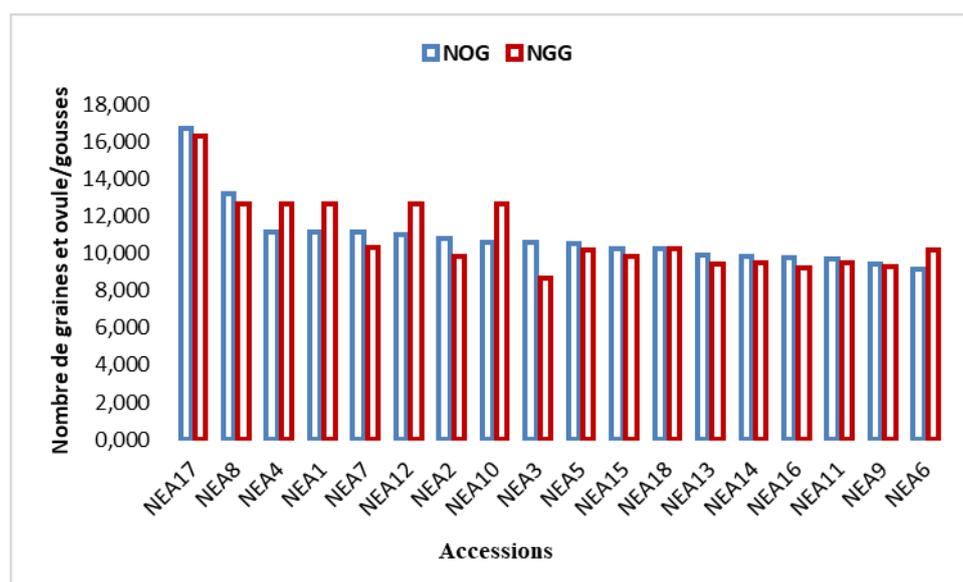


Figure 56 : Variation de nombres d'ovules (NOG) et graines par gousses (NGG) pour les 18 accessions de niébé pour les deux sites.

- **Poids de cent graines (PCG) et rendement RDT (q/ha)**

Les valeurs notées pour le caractère Poids de cent graines varient entre 21,07 g relevée sur l'accession NEA6 qui détient la valeur la plus forte et 7,97 g qui est notée sur l'accession NEA13 (la valeur la plus faible). Quand à la moyenne de l'espèce, elle est de 10,94g (Fig. 57). Les valeurs notées pour les rendements varient entre 46,29q/h a relevée sur l'accession NEA2 qui détient la valeur la plus forte et 12,86 g qui est notée sur l'accession NEA7 qui détient la valeur la plus faible. La moyenne de l'espèce est de 26,54q/ha. (Annexe 2-c ; Annexe 2-d ; Fig. 57).

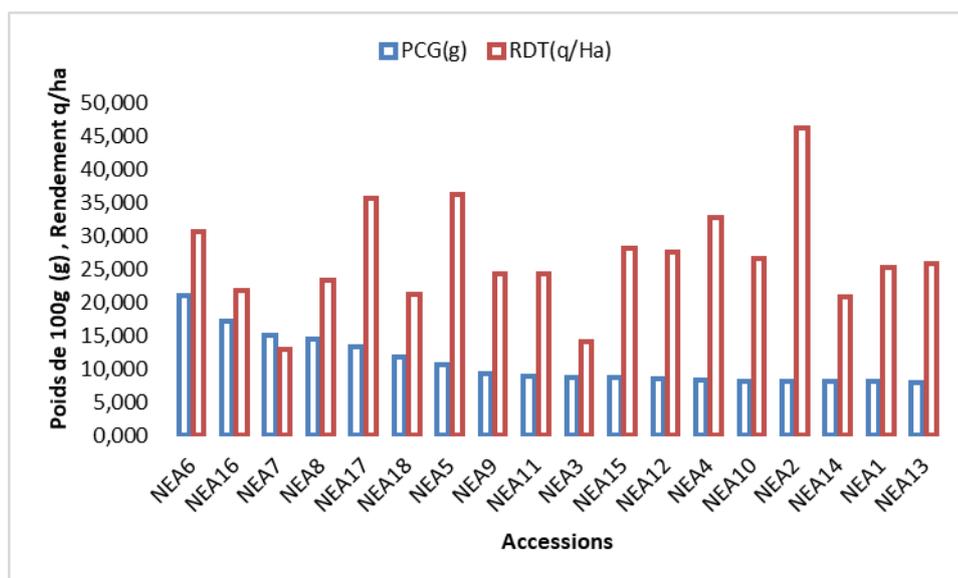


Figure 57: Variation de poids de cent graines (PCG) et rendement (RDT) chez les 18 accessions pour les deux pour les deux sites.

3.2 Caractères qualitatifs

L'analyse globale des fréquences par le test de khi carré a montré une forte association entre les accessions et les caractères qualitatifs étudiés.

L'abondance de la végétation peut être faible (44,38%), moyennement abondante (27,7%), ou abondante (16,67%). Cependant, il existe une relation significative entre l'abondance de la végétation et les écotypes étudiés ($Khi^2=76,36$; $ddl=36$; $p<0,0001$)

La foliole terminale peut être ovale ou oblongue .le plus fréquent est la foliole terminale oblongue (55,6 %), suivi de la foliole lovale (44,40%) (Il existe une relation singificative entre le de la foliole terminale et l'écotype étudié ($Khi^2=49,19$; $ddl=18$; $p<0,0001$).

Concernant la pilosité les feuilles, ces dernières sont soit glabre, peu ou très poilues a indiqué un de khi carré très significatif ($Khi^2= 76$; $ddl=36$; $p<0,0001$).

Le type de croissance de la plante était varié entre les accessions étudiées. Les phénotypes observés ont été intermédiaire (66,7%), semi érigée 16,7%) et rampant (16, 6%). Il y a une relation significative entre type de croissance de croissance chez les accessions étudiées ($Khi^2= 78,36$; $ddl=36$; $p<0,0001$).

L'intensité de la tache violette sur les ailes des fleurs est généralement variable significative entre accessions (($Khi^2= 101,42$; $ddl = 54$; $p<0,001$).Avec dominance de phénotype forte à étroite intensité (61,11%), suivi par des taches nulles à très faible (27,77%), et de phénotypes d'intensité forts à large et de la présence d'une tache d'intensité moyenne (5 ,55%) .

La pigmentation sur le pédoncule florale, peut être absente, peu ou forte avec le même pourcentage (33,3%). Cependant, il existe une relation significative entre l'abondance de la végétation et les écotypes étudiés ($Khi^2 = 76,40$; $ddl=36$; $p<0,0001$).

La pigmentation sur la gousse est soit absente (50%) ou présente au sommet de la gousse. elle a indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2=49$; $ddl=18$; $p<0,0001$).

La position du racème est soit en plus haut (33,3%), sommet 44,4% ou dedans (22,26%), a indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2=76,4$; $ddl=36$; $p<0,0001$).

Concernant la pilosité des feuilles, le phénotype le plus fréquente est peu volué (61,11%) sont soit glabre, glabre (22, 22%) ou très peu volué (16,11%), a indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2=76,4$; $ddl=36$; $p<0,0001$)

La pigmentation anthocyanique sur les gousses a été soit présente (Faible 61,11% ; forte 16,66%) ou absente 22,23% ce qui a indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2= 76$; $ddl=36$; $p<0,0001$).

Trois différentes couleurs de la fleur ont été observées blanche, mauve rose et violette L'analyse de la table de contingence a indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2= 634$, $ddl = 42$, p)

Les graines sont de couleur variées : crème, rouge, brunes noire et blanche, ils ont indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2= 125,38$; $ddl=72$; $p<0,0001$).

Trois types de texture sont constatées ; lisse, rugueux et ridée et a indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2= 76,36$; $ddl=36$; $p<0,0001$).

La couleur d'œil des gousses est très diversifié vert, noire, marron foncée ou brune large indiqué un chi carré très significatif ($Khi^2= 101,42$; $ddl=54$; $p<0,0001$).

Deux formes de graines ont été constatées rhomboïde ou réniforme, l'analyse par Khi^2 a montré un chi significatif ($Khi^2=49,19$; $ddl=18$; $p<0,0001$).

D'autre part, les gousses sont droite, courbées ou légèrement courbé et ont enregistré un par Khi carré significatif ($Khi^2=76,36$; $ddl=36$; $p<0,0001$).

3.3 Analyse multi variée des données

3.3.1 Analyses des Composant Principale (ACP)

Afin de déterminer la nature et le degré de différence entre nos accessions, une analyse en composantes principales et une classification hiérarchique ont été procédées sur les données quantitatives recueillies.

Seuls les deux premiers axes de l'analyse en composantes principales (Fig.58) qui ont expliqué près de 54,06 % de la variabilité exprimée, ont été pris en compte. L'axe 1 a absorbé

28,85 % de la variation. Cet axe a associé les caractères ; nombre de jour à la floraison de nouaison et maturité, nombre de graine et ovule par gousses, diamètre de tige, poids de cent graines, nombre de graines et d'ovules par gousse et longueur et largeur de la graine et de la gousse qui ont contribué à 80,61 % de la variation. Les variables poids de cent graines, longueur et largeur de la graine longueur de la gousse ont été du même côté par rapport à l'axe 1 et ont contribué toutes dans le même sens à la formation de l'axe.

L'axe 2, qui a expliqué 25,21 % de la variation, il a été positivement corrélé aux variables floraison (date de floraison, de nouaison et de maturité) d'une part par la hauteur des plants, et des paramètres de rendement poids de gousses par plant et rendement.

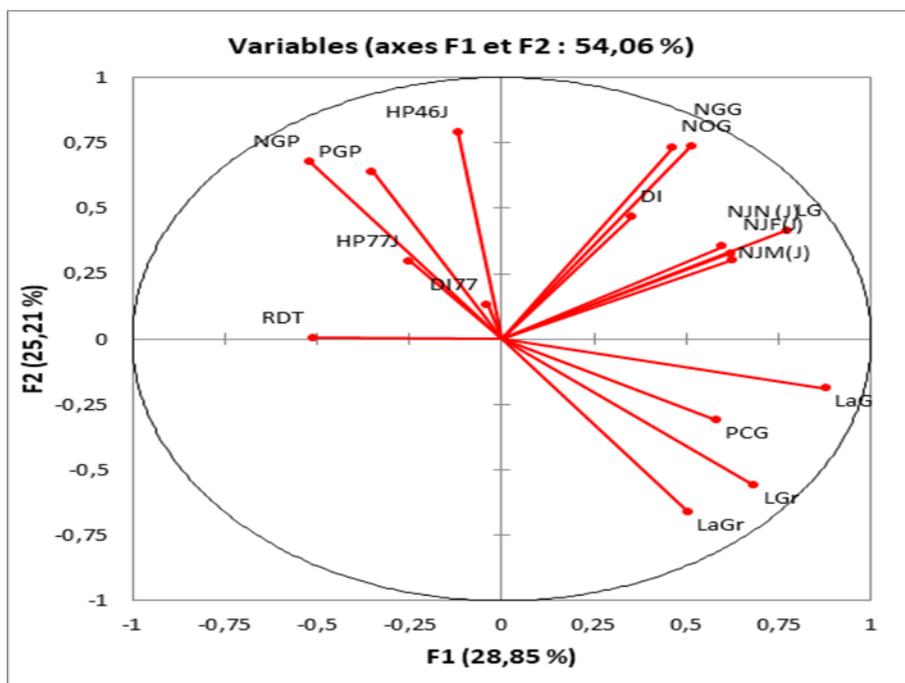


Figure 58: Analyse des composantes principales ACP selon les modalités des variables quantitatives.

3.3.2 Classification ascendant hiérarchique (CAH)

Les observations ont été confirmées par l'analyse de la matrice de distance de similarité et par la CAH qui a servi à la construction d'un dendrogramme suivant de grouper l'ensemble des accessions étudiées selon leurs caractères qualitatifs a fait ressortir Trois classes principales qui subdivisent les accessions (Fig.59).

La première classe (A) : regroupe les accessions (NEA17, NEA13, NEA4, NEA14, NEA9, NEA11, NEA5, NEA3, NEA10, NEA15, NEA1 et NEA2) caractérisées par intensité des taches sur les ailes de fleurs, intensité forte à étroite de pigmentation sur les tiges, PR plus haut, feuille peu voulu, pigmentation peu intense sur les extrémité des gousses IPIG, couleur de fleurs Mauve rose, peu abondante végétation AV, type de croissance

intermédiaire HC ,gousses droite, graine brunes , graine de forme rhomboïdes et textures lisses , graine à œil vert et feuilles avec forme ovale .

La deuxième classe (B) : regroupe les accessions suivants NEA6, NEA8, NEA12, NEA16, NEA18 et la variété témoins PT caractérisées par absence intensité des taches sur les ailes, intensité Forte de pigmentation sur les tiges , PR plus haut ,feuille peu voulu , pigmentation sur la sommet des gousses , racème au sommet , feuille glabre , pigmentation peu intense sur les gousses , couleur de fleurs blanche , végétation abondante , type de croissance érigée ,gousses droite, graine blanche , graine de forme réniforme et textures rugueux , graine œil noire et feuilles avec forme oblongue .

La troisième classe (C): regroupe une seule accession NEA7 caractérisées par intensité moyenne des taches sur les ailes, absence de pigmentation sur les tiges , PR plus haut ,feuille glabre , pigmentation sur la sommet des gousses, racème au sommet, feuille glabre, pigmentation peu intense sur les gousses, absence de pigmentation sur les gousses, de fleurs blanche , végétation moyennement abondante, type de croissance semi érigée ,gousses légèrement courbé , graine blanche, graine de forme réniforme et textures rugueux , graine œil *marron* foncé et feuilles avec forme oblongue .

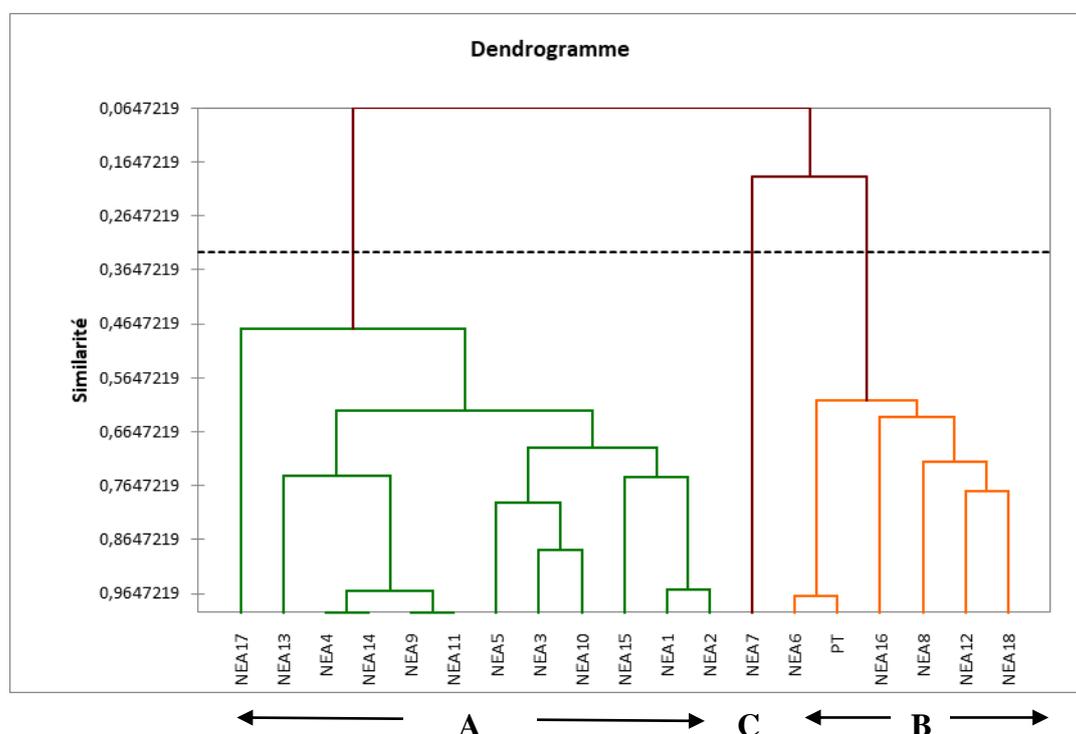


Figure 59: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des 18 accessions de niébé étudiées selon les caractères qualitatifs pour les deux sites.

On outre, l'analyse par la méthode de CAH qui a servi à la construction d'un dendrogramme suivant de grouper l'ensemble des accessions étudiées selon leurs traits quantitatifs a fait ressortir Trois classes principales qui subdivisent les accessions (Fig. 60).

La première classe (A) : regroupe les accessions NEA2, NEA4, NEA14, NEA13, NEA12, NEA5.

La deuxième classe (B) : regroupe les accessions suivants NEA6, NEA7, NEA16

La troisième classe (C): regroupe une seule accession NEA10, NEA11, NEA 17, NEA15, NEA18, NEA9, NEA3, NEA1.

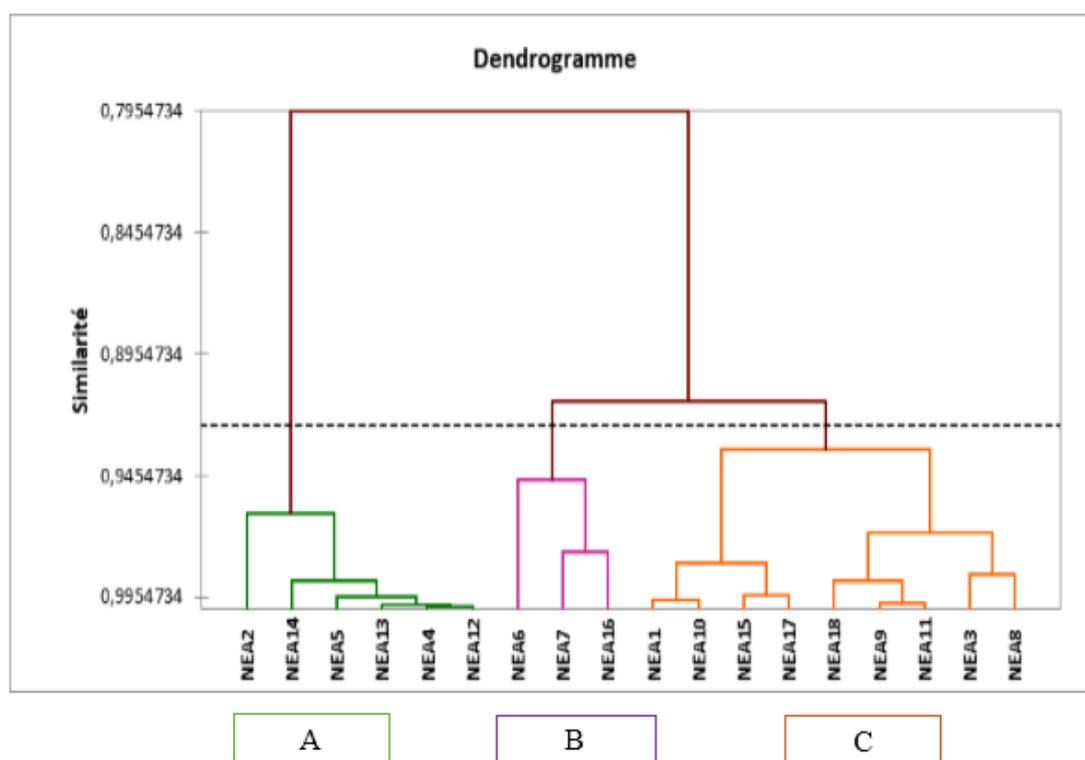


Figure 60: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des dix huit accessions de niébé étudiées selon les caractères quantitatifs.

3.3.3 Analyse en Correspondance Multiple (ACM)

L'analyse en Correspondance Multiple (ACM) est réalisée pour estimer les caractères qualitatifs, un rassemblement des accessions phénotypiquement similaires a été réalisé (Fig.61 ; Fig. 62). Le plan des axes 1 et 2 de l'ACM représentant respectivement 59,11% et 12,42% de la variabilité totale, les deux axes cumulent ensemble 71,53 % de l'inertie total. L'axe 1 est présenté dans sa partie positive par les variables: gousses légèrement courbée ou courbée CORGr2-3, graines à texture Rugueux et ridée (TGr-2,3), IPIG-3 (absence de pigmentation sur les gousses), abondante de la végétation AV-1,2 (Abondante, moyennement abondante), HC-2,4 type de croissance (semis érigée, rampante), couleur de

la fleur-2 (CF = Blanche), forme de la graine FGr (réniforme), couleur de la graine CGr1-5 (Rouge et Blanche) , Intensité de la tache violette sur les ailes nulle à très faible ou moyenne ITA-1,2 et par les accessions NEA7 , NEA8 , NEA16 NEA6 , NEA12 et NEA18, NEA15, PT(variétés témoins) ; dans sa partie négative par COGr-2-3-4 (couleur d'œil noire , marron foncée , brune large) , FGr-1 (rhomboïde), HC-3 (type de croissance indéterminée) ,COGr-2,3,4 (colour de graines noire , marron foncée , brune large) , fleur mauve rose (CF-3) , végétations peu abondance (AV-3) , IPIG-2 (forte intensité de pigmentation de gousses) , Peu pigmentation sur le pédoncule PIGP-2, Intensité de la tache violette sur les ailes Forte à étroite ou Forte à large ITA-3,4 et par les accessions NEA1, NEA2 , NEA3,NEA13, NEA10 , NEA11, NEA9 , NEA5 , NEA14 , NEA4, NEA17.

L'axe F2 est présenté dans sa partie positive par les variables: gousse droite CORGr1 , graines à texture des graines lisses (TGr-1) , IPIG-2 intensité de pigmentation anthocyanique sur les gousses faible) , peu pigmentation sur les pédoncule PIGP-2 , peu abondante végétation (AV-3) , couleur de la fleur mauve rose (CF-3) , couleur de la graine brunes ou noire (CGr3-4) , Intensité de la tache violette sur les ailes forte à étroite , PR-3, PLO-2. Cet axe est défini par les accessions : NEA1, NEA10, NEA5, NEA4, NEA9, NEA14, NEA11

L'axe F2 est présenté dans sa partie négative par les variables : forte intensité de pigmentation anthocyanique sur les gousses (IPIG-1), racème plus haut (PR-1), Intensité de la tache violette sur les ailes de la fleur est forte (ITA-4), couleur d'œil vert (COGr-1), graines à couleur crème (CGr-1) , graines de forme rhomboïdes (FGr-1) , et par les accessions NEA1, NEA3, NEA13.

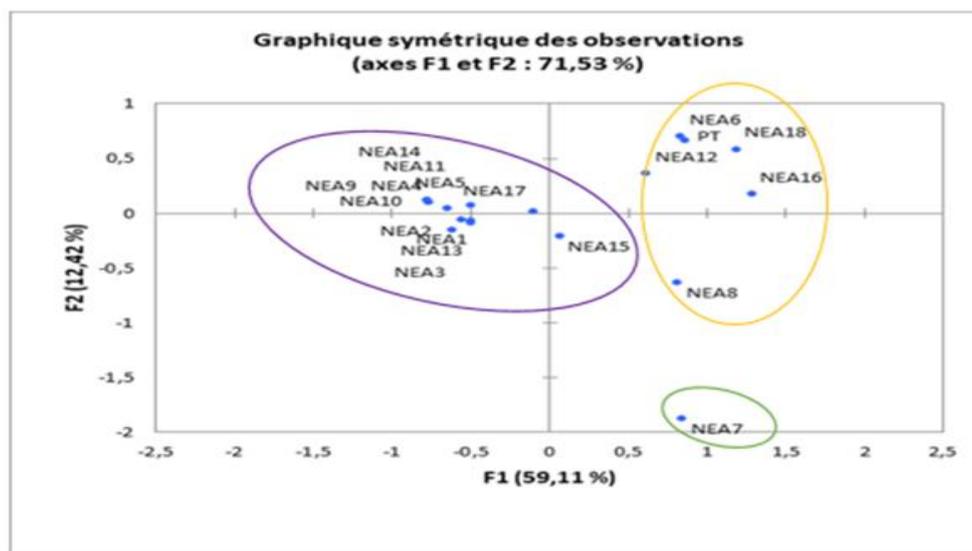


Figure 61: Analyse des Correspondances Multiples des variables qualitatives des 18 accessions de niébé collectées en Hoogar.

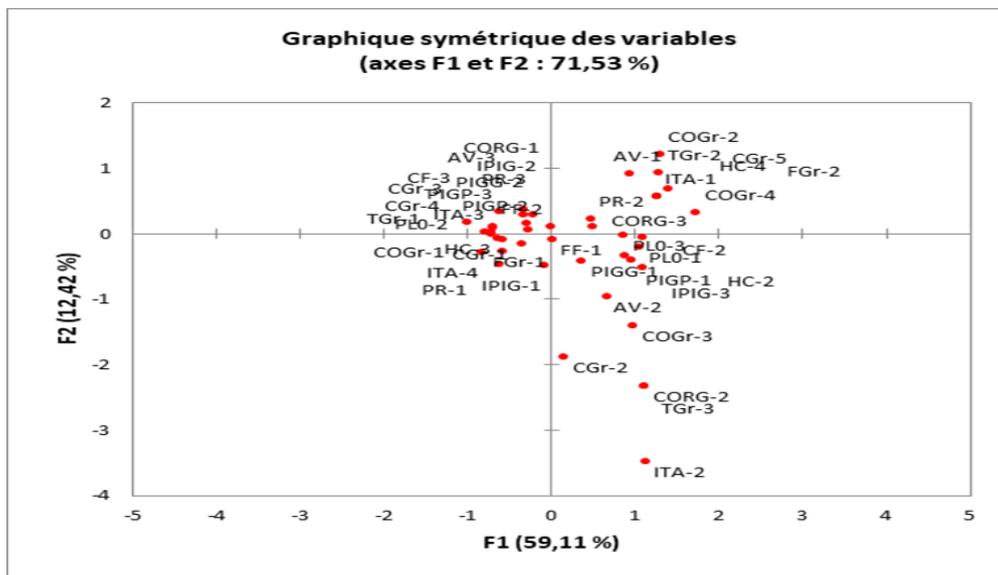


Figure 62 : Projection de caractères qualitatifs des 18 accessions de niébé sur les deux premiers axes de l'ACM.

3.4 Résultats d'expérimentations réalisées au niveau du Nord (Alger, El Harrach)

3.4.1 Caractères notées

- Nombre de jours à la levée (LEV)

L'analyse de la variance pour ce paramètre a révélé une différence très hautement significative entre les accessions étudiées avec ($F=6,07$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H; Fig.63). Les résultats enregistrés montrent que le nombre de jour moyen varie entre un minimum de 6 et un maximum de 7 jours enregistrés par les deux accessions NEA15 et NEA1 respectivement. Cependant le témoin a enregistré une valeur de 6,25 jours après le semis.

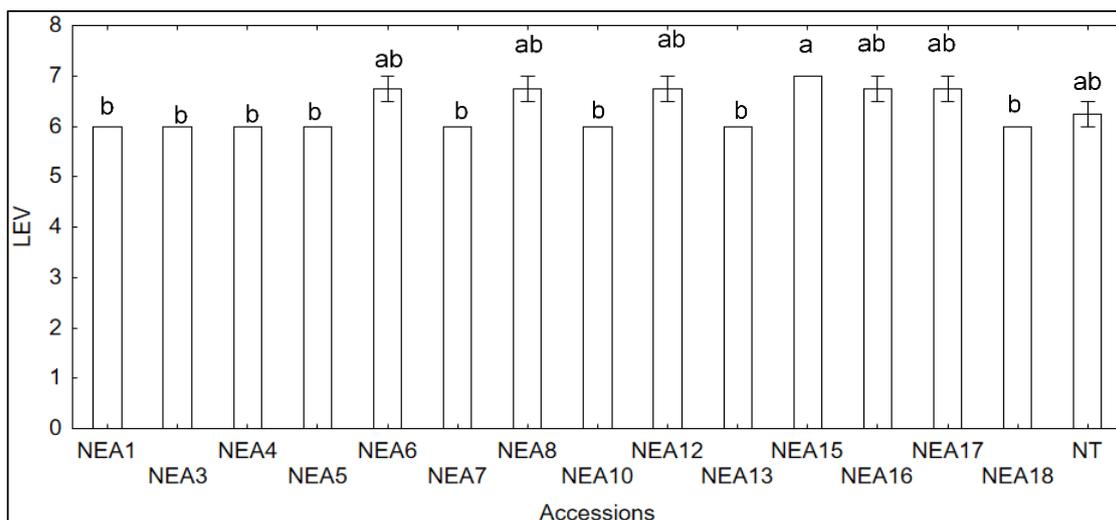


Figure 63: Variation du nombre de jours à la levée pour les 15 accessions du niébé étudiées

- **Hauteur moyenne de la tige principale (HP)**

La hauteur moyenne de la tige principale au 46-ème jour après le semis (HP46) varie entre un minimum de 8,97 cm enregistré chez l’accession NEA12 et un maximum de 13,54 cm enregistré chez l’accession NEA8 par contre le témoin du nord PT a enregistré la valeur la plus grande avec 14,26 cm. l’analyse de la variance a révélé une différence très hautement significative entre les populations ($F=10,36$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H; Fig.64).

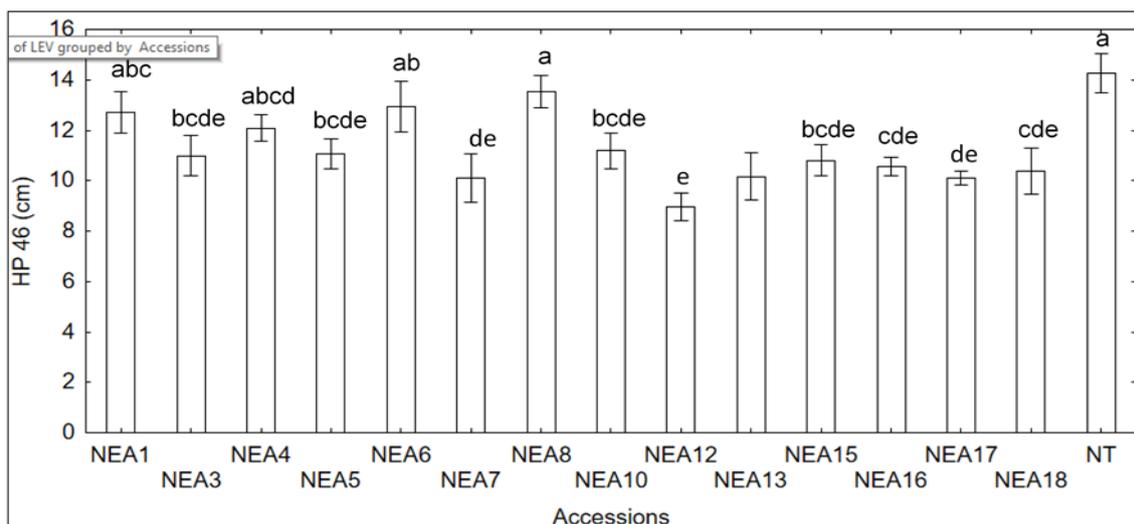


Figure 64 : Variation de la Hauteur de la plante à 46 jours (HP 46) pour les 15 accessions du niébé étudiées.

Pour la hauteur moyenne de la tige principale à 77 jours après le semis (HP77), Les valeurs enregistrées varient entre un minimum de 15,43 cm enregistré chez l’accession NEA12 et un maximum de 49,38 cm enregistré chez l’accession NEA8, alors que le témoin PT a enregistré la valeur la plus élevée avec 83,78 cm. L’analyse de la variance a révélé une différence très hautement significative entre les accessions ($F=20,10$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H; Fig.65).

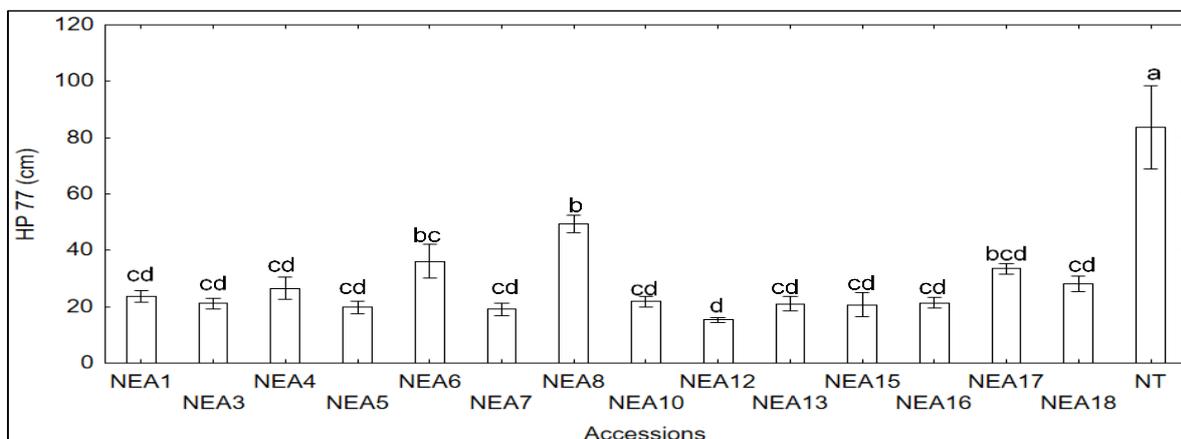


Figure 65: Variation de la HP77 en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Diamètre de la tige le 46^{ème} jour après semis (DM46)**

Le diamètre moyen des accessions varie entre un minimum de 5,03 mm enregistré chez l'accession NEA3 et un maximum de 7,33 mm enregistré chez l'accession NEA6 cependant le témoin a enregistré la valeur la plus importante avec 8,19 mm. L'analyse de la variance a montré une différence très hautement significative entre les moyennes des accessions ($F=20.10$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.66).

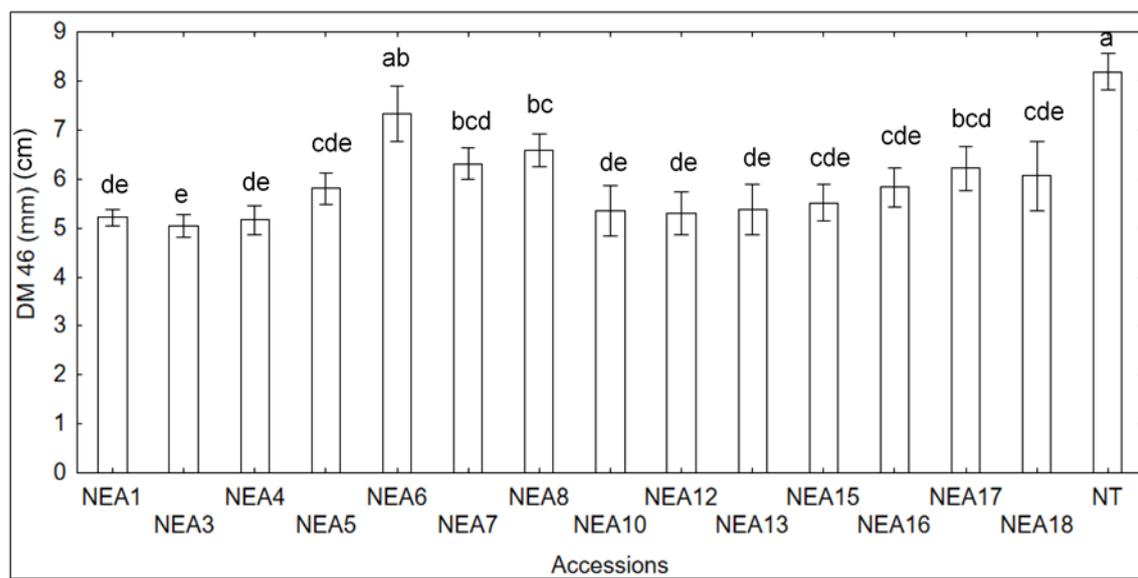


Figure 66: Variation de diamètre de tige (DI46) en fonction des accessions du niébé étudiées

- **Nombre de ramifications (NRAM)**

L'analyse de la variance du nombre de ramifications a révélé des différences très hautement significatives entre les écotypes étudiés avec ($F=27,37$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.67). Les résultats notés montrent que le nombre de ramifications moyen varie entre un minimum de 13,43 et un maximum de 22 enregistrés par les deux accessions NEA7 et NEA10 respectivement. Le témoin PT a enregistré une valeur de 16,68.

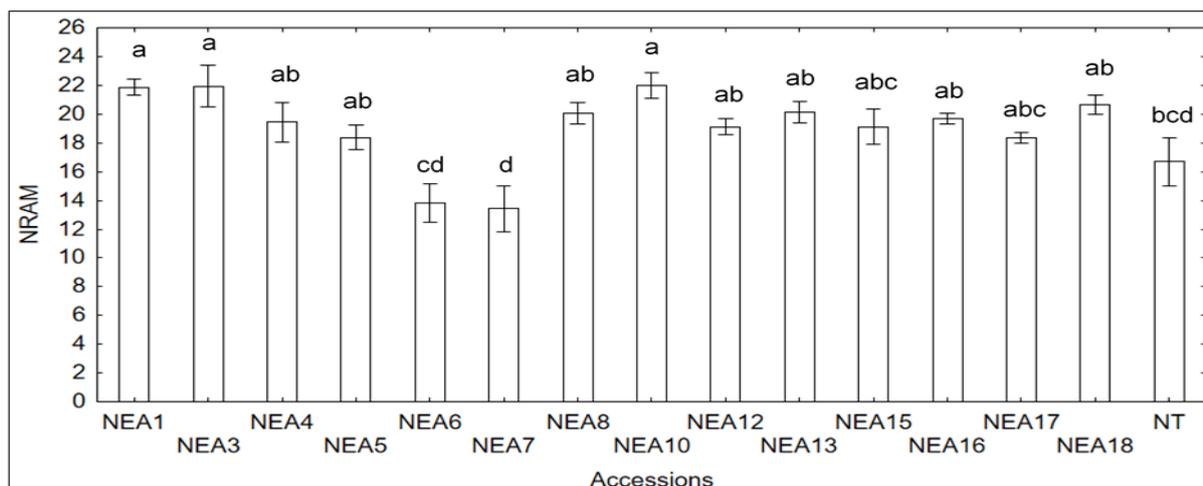


Figure 67: Variation de nombre de ramifications en fonction des populations du niébé étudiée

- **Surface foliaire de la foliole centrale (SF)**

Les résultats obtenus montrent que la surface foliaire moyenne de la foliole centrale varie entre un minimum de 15.5 cm² et un maximum de 29.82 cm² enregistrés par les populations NEA5 et NEA17 respectivement. Alors que le témoin PT a enregistré une valeur de 27,50 cm² qui est proche du maximum. L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est très hautement significative (F=11,52 ; P<0.001) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.68).

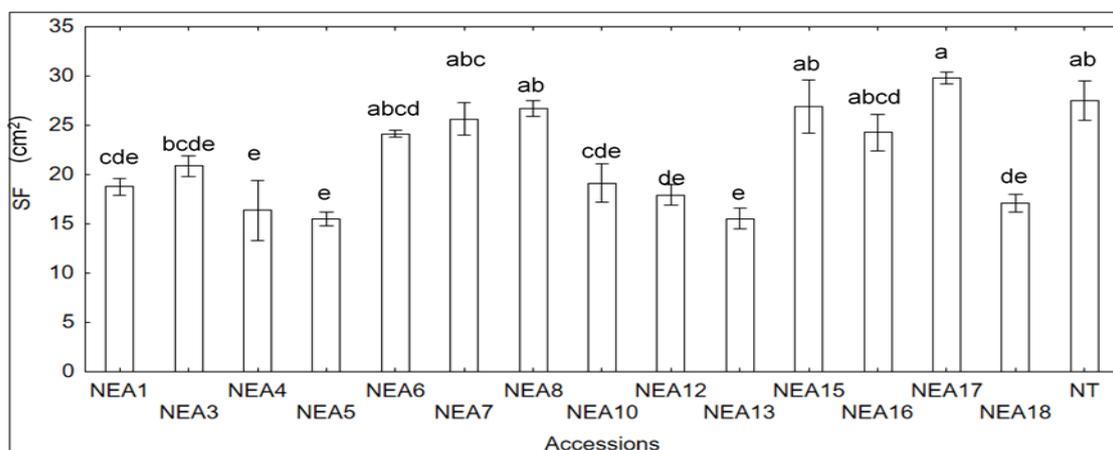


Figure 68: Variation de la surface foliaire en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Teneur en chlorophylle (chl_r)**

L'analyse de la variance pour ce paramètre a montré une différence significative (F=3,57 ; P<0.05) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.69). Le teneur varie entre un minimum de 44.94 (unité SPAD) et un maximum de 60.05 (unité SPAD) enregistrés chez les accessions NEA15 et NEA6 respectivement. Tandis que le témoin PT a enregistré une valeur proche de la valeur maximale avec 57,90 (unité SPAD).

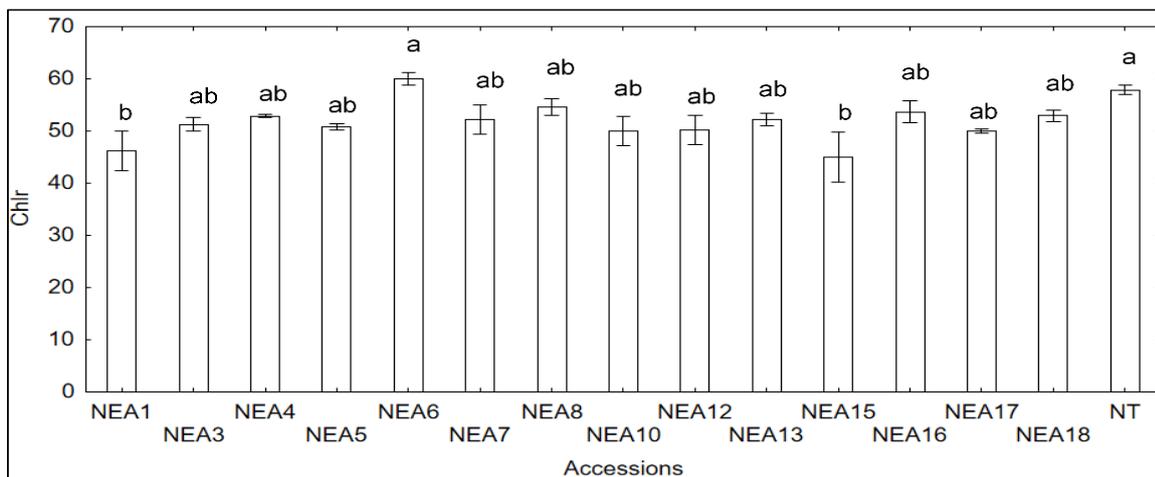


Figure 69: Variation de teneur en chlorophylle en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Teneur en eau dans la feuille (H₂O)**

En outre, Les résultats obtenu montrent que la teneur moyenne d'eau dans les feuilles varie entre un minimum de 1.43 g/cm² et un maximum de 1.53 g/cm² enregistrés par les populations NEA8 et NEA4 respectivement. Le témoin PT a présenté une valeur de 1,45 g/cm. L'analyse de la variance a montré une différence non significative entre les moyennes des accessions (F=1,16 ; P>0.05). Ainsi qu'extrêmement hautement significatif pour le facteur bloc (F=21.91 ; P<0.001). (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.70).

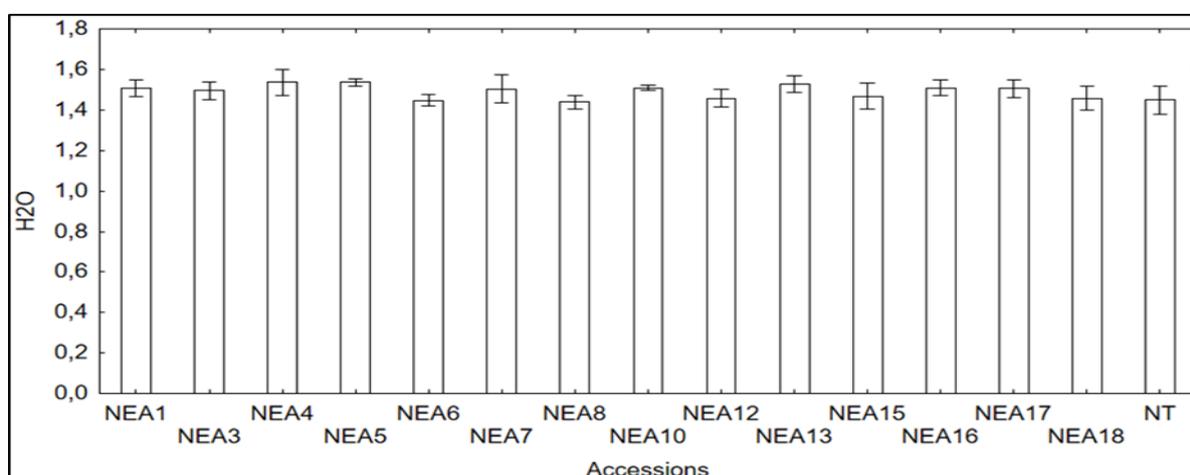


Figure 70: Variation en eau dans la feuille en fonction des populations du niébé étudiées.

- **La température du couvert végétale (T)**

Les résultats de l'analyse statistique n'ont pas montré aucunes différences significatives entre les accessions étudiées (P>0,05) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.71).

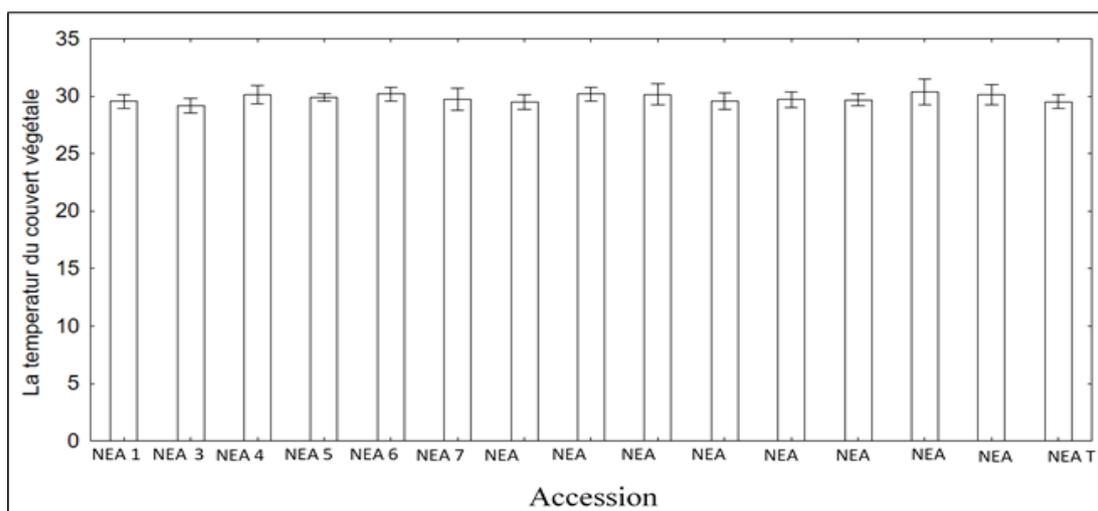


Figure 71: Variation de la Température du couvert végétal en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Teneur d’azote dans la feuille (TN)**

Les résultats de la figure 70 montrent que la teneur moyenne en azote dans les feuilles varie entre un minimum de 16.07 (unité SPAD) et un maximum de 19.58 (unité SPAD) enregistrés par les accessions NEA1 et NEA6 respectivement par contre le témoin PT a enregistré une valeur proche du maximum avec 18,48 (unité SPAD). Le facteur « bloc » est significatif également ($F=3,23$; $P<0.05$). L’analyse de la variance de ce paramètre a montré une différence significative pour le facteur bloc et accessions ($F=2,51$; $P<0.05$)(Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.72).

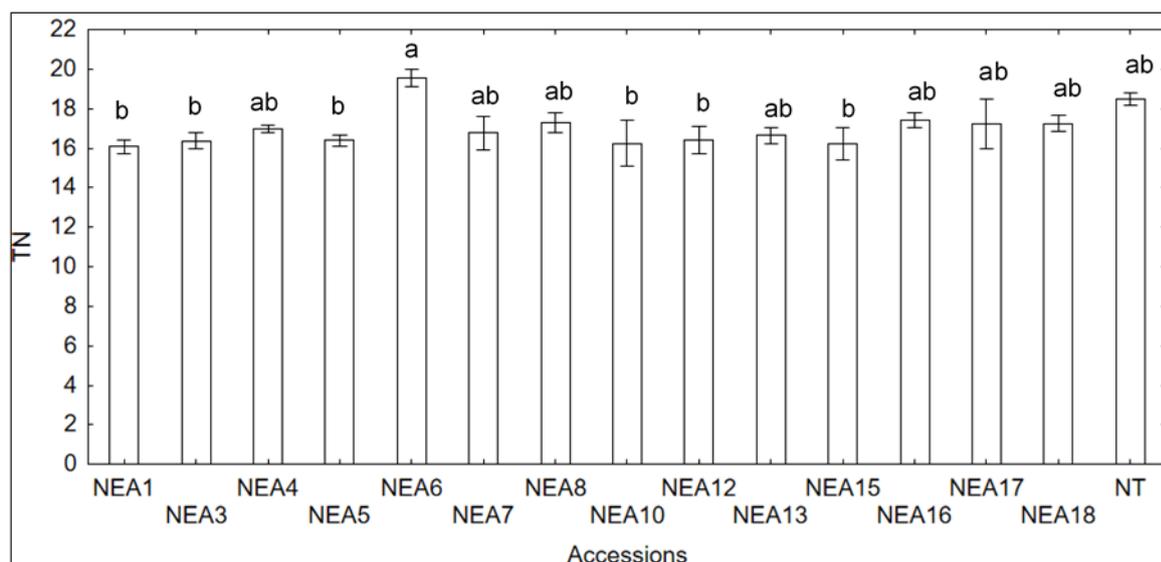


Figure 72: Variation de la teneur d'azote dans la feuille en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Longueur de la foliole terminale (LF)**

Les résultats de la figure 71 montrent que la longueur moyenne des feuilles varie entre un minimum de 5,12 cm et un maximum de 9,65 cm enregistrés par les populations NEA5 et NEA 17 respectivement tandis que le témoin PT a enregistré une valeur de 7,72 cm. L'analyse de la variance a montré des différences hautement significative pour les deux facteurs accessions ($F=7,41$; $P<0.001$) et bloc ($F=4,35$; $P<0.01$). (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.73).

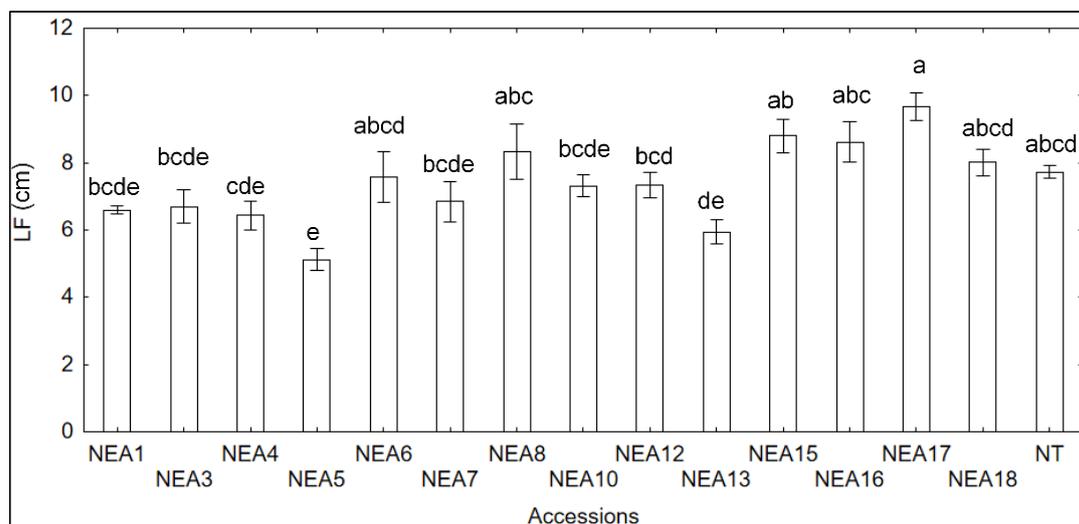


Figure 73: Variation de la longueur de la foliole terminale en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Largeur de la foliole terminale (IF)**

Les résultats pour ce paramètre montrent que la largeur moyenne de la foliole varie entre un minimum de 3,71 cm et un maximum de 6 cm enregistrés par les populations NEA13 et NEA6 respectivement par contre le témoin PT a enregistré une valeur de 4,68 cm. Ainsi, L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est significative ($F=2,00$; $P<0.05$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.74).

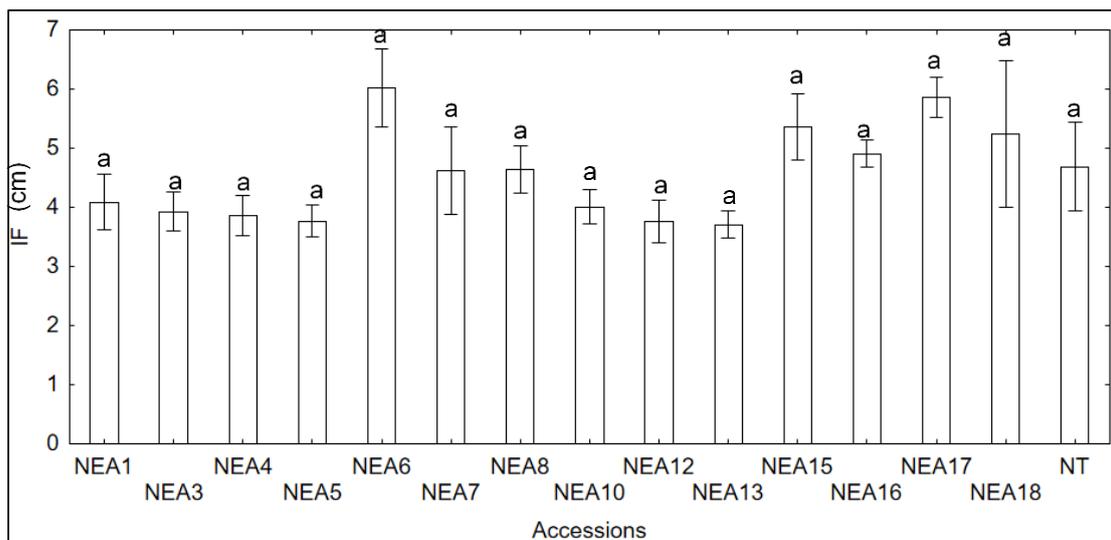


Figure 74: Variation de la largeur de la foliole terminale en fonction des populations du niébé étudiées

- **Nombre de jours à l'apparition des fleurs (NJF)**

Les résultats montrent que le nombre de jours à l'apparition des fleurs varie entre un minimum de 65,75 jours et un maximum de 104,2 jours enregistrés par les populations NEA6 et NEA10 respectivement. Alors que le témoin PT a enregistré le nombre de jour le plus faible et proche de celui enregistré par la NEA6 avec 62,50 jours. Cependant, L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations très hautement significative ($F=21,67$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.75)

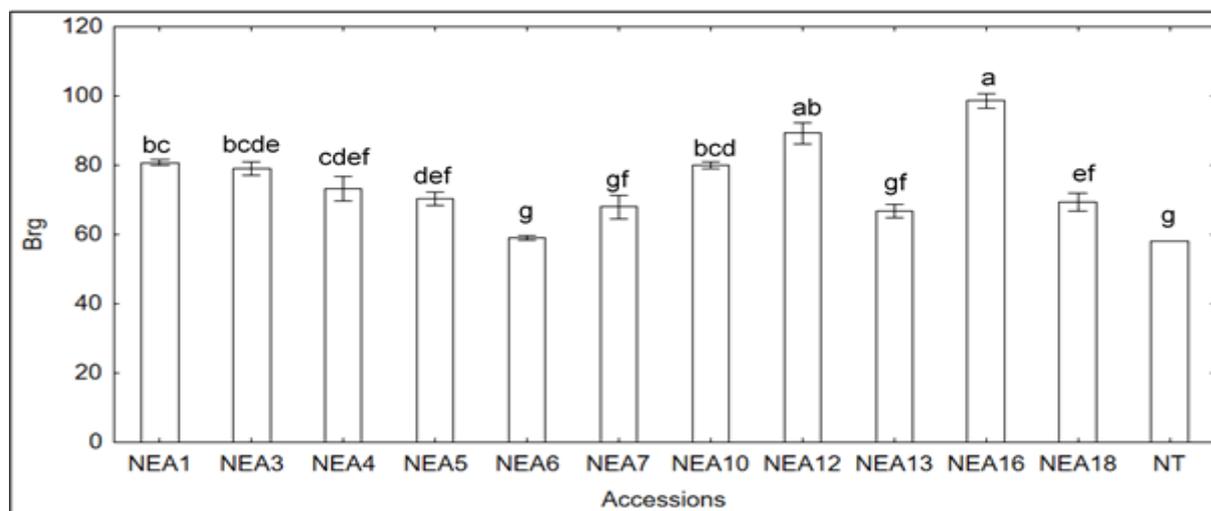


Figure 75: Variation de jours à l'apparition des fleurs en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Nombre de jours à la nouaison (gos)**

Les résultats enregistrés montrent que le nombre de jours à l'apparition des gousses varie entre un minimum de 68,50 jours et un maximum de 110 jours enregistrés par les populations NEA6 et NEA12, le témoin PT possède le nombre de jours le plus faible à la nouaison avec 66,75 jours L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations très hautement significative ($F=22,28$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.76).

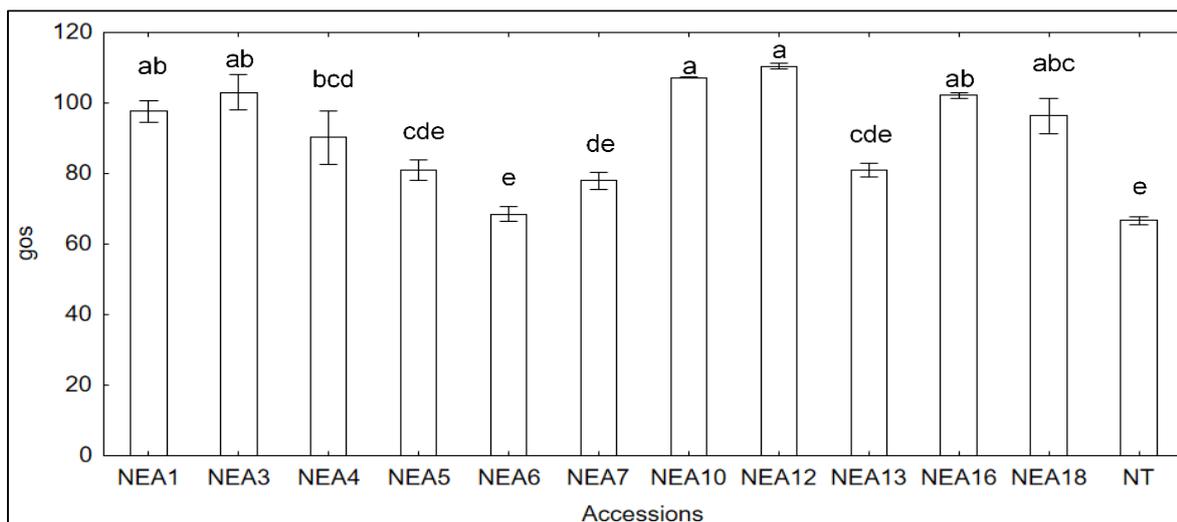


Figure 76: Variation de jours à l'apparition des gousses en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Nombre de jours à La maturité en vert (mtv)**

Les résultats obtenus pour ce paramètre montrent que le nombre de jours à la maturité en vert des gousses varie entre un minimum de 79 jours et un maximum de 118,25 jours enregistrés par les populations NEA6 et NEA10 respectivement tandis que le témoin PT a enregistré le nombre de jours le plus faible avec 76,25 jours. L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des accessions très hautement significative ($F=22,94$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.77).

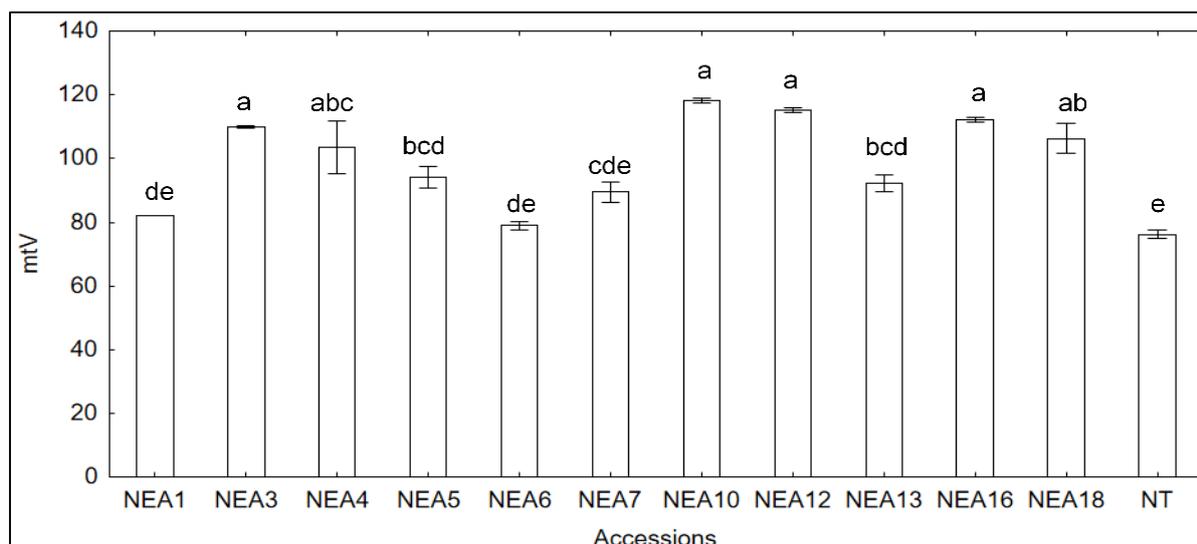


Figure 77: Variation de jours à la maturité en vert des gousses en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Nombre de jours à la maturité complète (MCP)**

Les résultats montrent que le nombre de jours à la maturité complète moyen varie entre un minimum de 90,21 et un maximum de 127,25 enregistrés par les populations NEA6 et NEA16 respectivement alors que le témoin PT a été plus précoce avec un nombre de jours entre le semis et la maturité complète de 88,81 jours. L'analyse de la variance de ce paramètre a révélé une différence très hautement significative entre les écotypes étudiés avec ($F= 12,76$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.78).

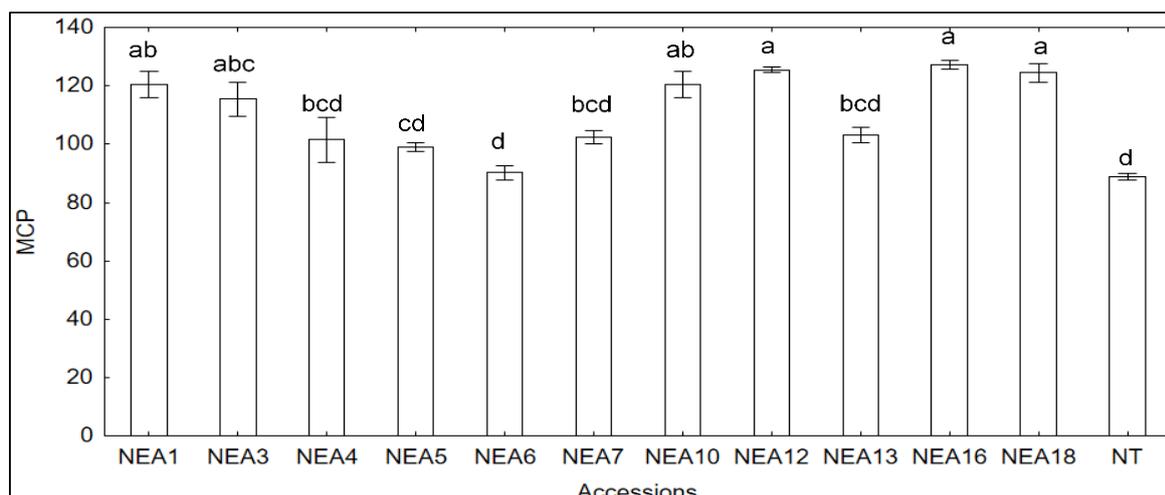


Figure 78: Variation de nombres jours à la maturité complète des gousses en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Longueur du pédoncule (LP)**

Les résultats de la figure 77 montrent que la longueur de pédoncule varie entre un minimum de 17,02 cm et un maximum de 34.09 cm enregistrés par les populations NEA18 et

NEA13 respectivement tandis que le témoin PT a enregistré une valeur de 23,86 cm. L'analyse de la variance pour ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations hautement significative ($F=3,47$; $P<0.01$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.79)

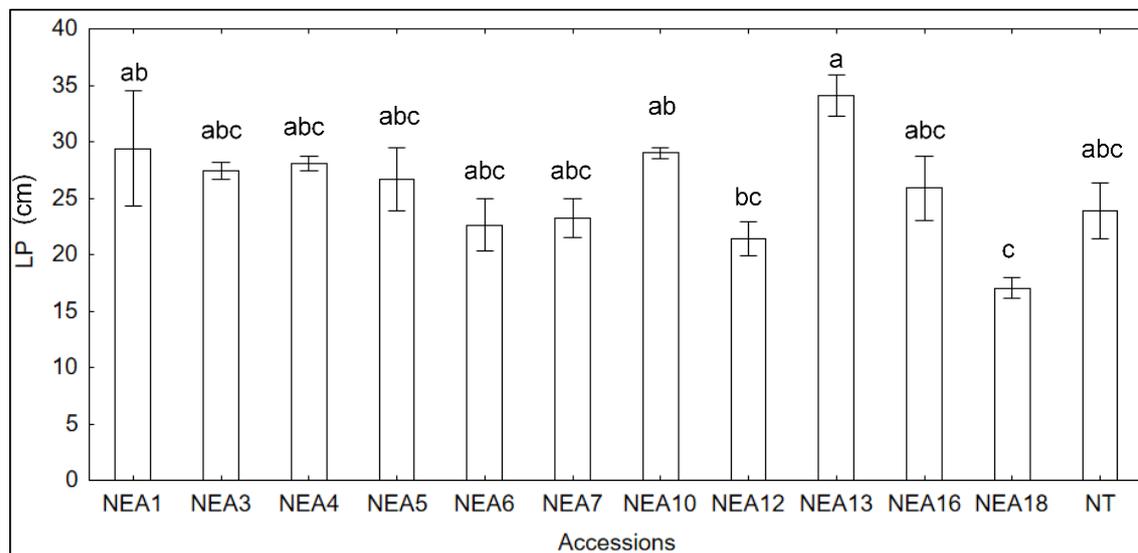


Figure 79: Variation de Longueur du pédoncule des fleurs en fonction des populations du niébé étudiées

- **Nombre de gousses par plant (NGP)**

Les résultats de la figure 81 montrent que le nombre des gousses par plant varie entre un minimum de 6,47 et un maximum de 181,52 enregistrés par les populations NEA12 et NEA13 respectivement tandis que le PT a enregistré une valeur de 68,88. L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est très hautement significative ($F=33,4$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.80).

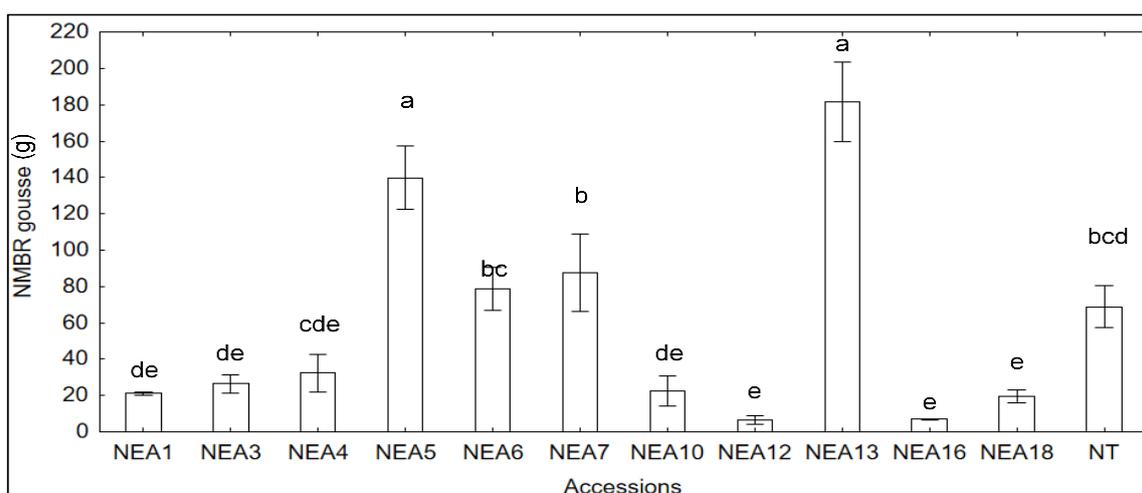


Figure 80: Variation du nombre de gousses par plant en fonction des populations du niébé étudiées.

- Poids des gousses par plant (PGP)

Les résultats notés montrent que le poids des gousses varie entre un minimum de 9.38 g et un maximum de 179 g enregistrés par les populations NEA12 et NEA13 respectivement par contre le témoin PT a enregistré une valeur de 133,83 g.L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations très hautement significative (20,38 ; $F < 0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.81).

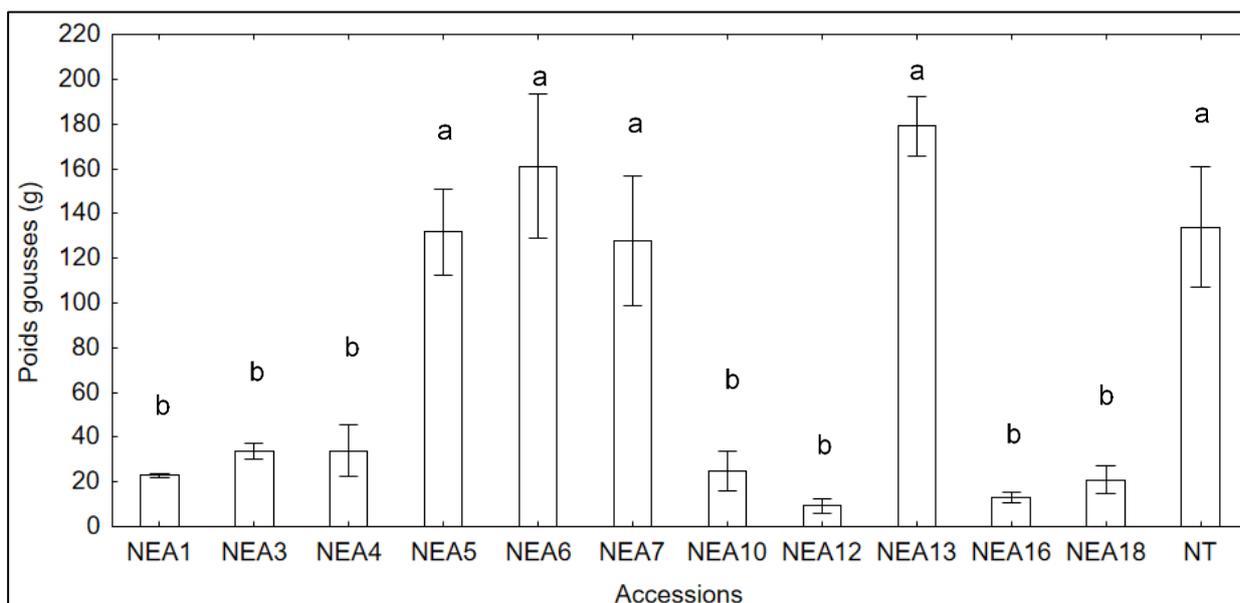


Figure 81 : Variation de Poids des gousses en fonction des populations du niébé étudiées

- Nombre des ovules par gousse (NMBR OV)

Les résultats représentés montrent que le nombre des ovules par gousse varie entre un minimum de 13 et un maximum de 15,25 enregistrés par les populations NEA7 et NEA6 respectivement et que le témoin PT a enregistré une valeur proche de maximum qui est de 14,95.L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est significative ($F=2,65$; $P < 0.05$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.82).

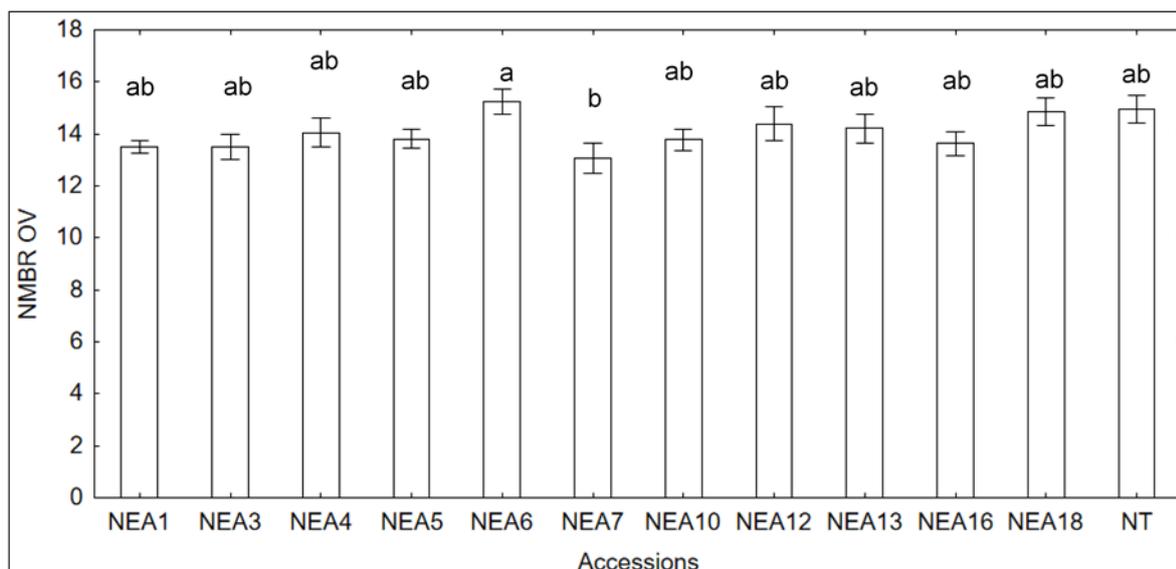


Figure 82: Variation du nombre d'ovules par gousse en fonction des populations du niébé étudiées.

Les résultats représentés montrent que le nombre des ovules par gousse varie entre un minimum de 13 et un maximum de 15,25 enregistrés par les populations NEA7 et NEA6 respectivement, et que le témoin PT a enregistré une valeur proche de maximum qui est de 14,95. L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est significative ($F=2,65$; $P<0.05$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.82).

Figure 82: Variation du nombre d'ovules par gousse en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Nombre de grains par gousse (NBRM GR)**

Les résultats de la figure 81 montrent que le nombre des grains par gousse varie entre un minimum de 6,93 et un maximum de 12,72 enregistrés par les populations NEA12 et NEA13 respectivement, tandis que le témoin a enregistré une valeur proche de maximum qui est de 12,53. L'analyse de la variance pour ce paramètre n'a révélé aucune différence significative entre les populations ($F=1,82$; $P>0.05$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.83).

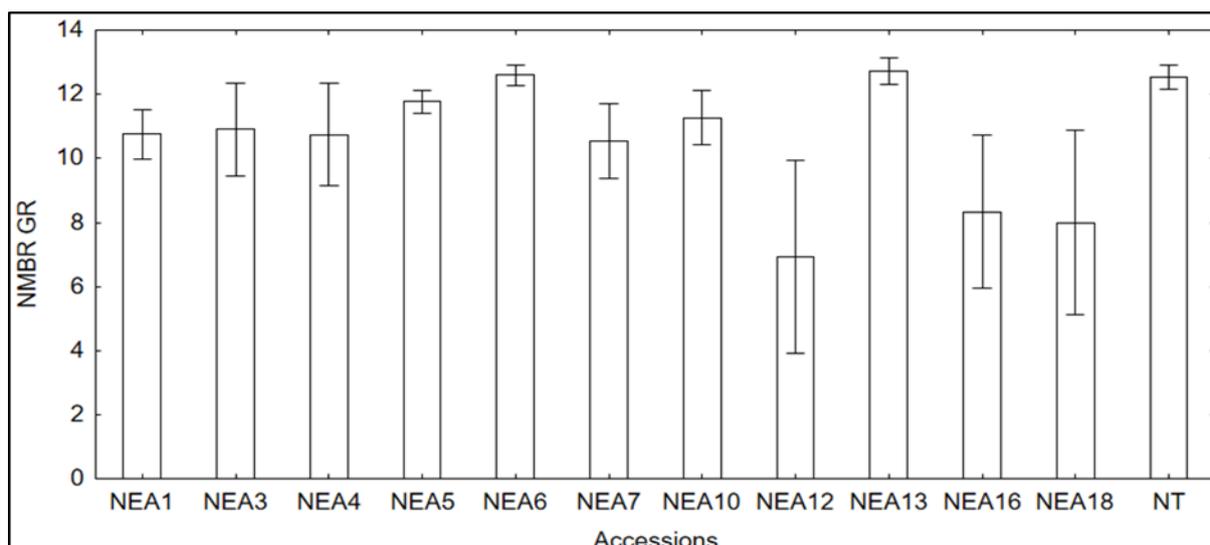


Figure 83: Variation du nombre de graines par gousse en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Nombre des ovules avortés (NMBR AV)**

Les résultats montrent que le nombre d'ovules avortés varie entre un minimum de 1 et un maximum de 2.5 enregistrés par les populations NEA3 et NEA6 respectivement ainsi que le témoin a enregistré une valeur proche de celle enregistré par P6 qui est de 2,33. L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est significative ($F=2,56$; $P<0.05$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.84)

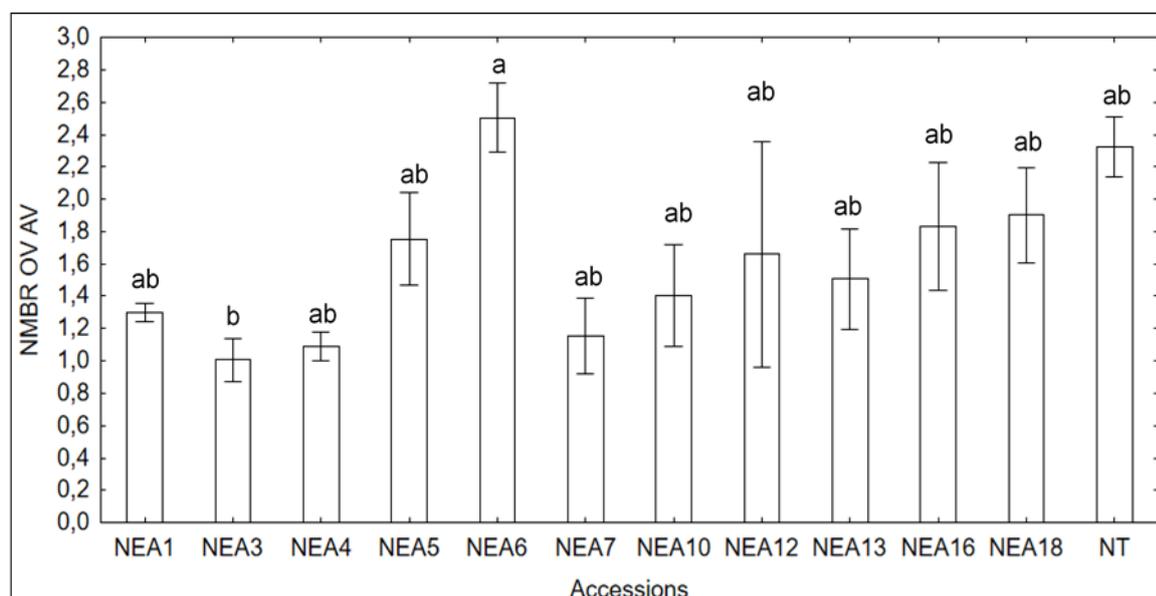


Figure 84: Variation du nombre d'ovules avortés en fonction des accessions du niébé étudiées.

- **Longueur de la gousse (LG)**

Les résultats de la figure 83 montrent que la longueur de la gousse varie entre un minimum de 10,91 cm et un maximum de 17,38 cm enregistrés par les populations NEA5 et NEA6 respectivement par contre le témoin PT a enregistré une valeur plus importante qui est de 17.88 cm. L’analyse de la variance de ce paramètre a révélé une différence très hautement significative entre les moyennes des populations ($F=28,49$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.85).

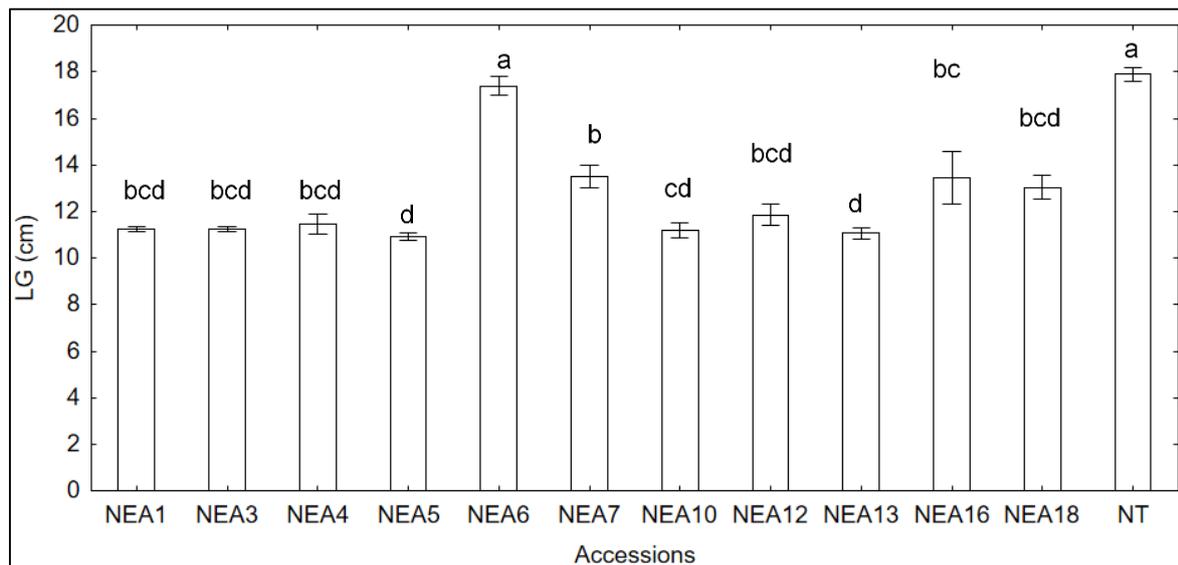


Figure 85: Variation de la longueur de la gousse en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Largeur de la gousse (IG)**

Nos résultats montrent que la largeur de la gousse varie entre un minimum de 0,66 cm et un maximum de 0,95 cm enregistrés par les populations P5 et P6 respectivement ainsi que le témoin PT a enregistré la même valeur que la P6. L’analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est très hautement significative ($F=14,52$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.86).

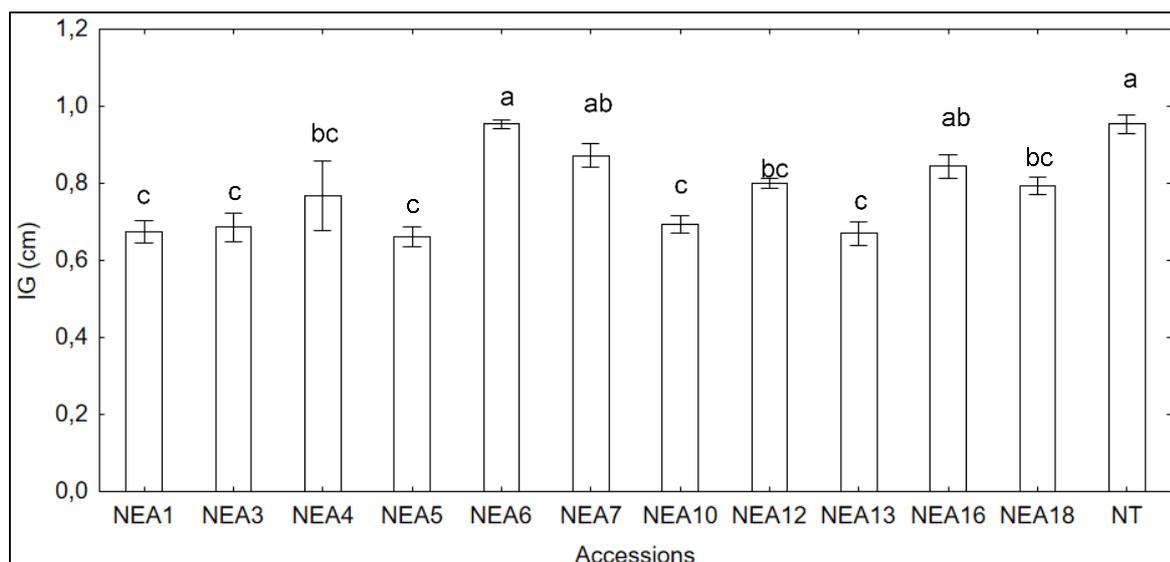


Figure 86: Variation de largeur de la gousse en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Longueur de la graine (LGR)**

Nos résultats indiquent que la longueur de la graine varie entre un minimum de 6,02 mm et un maximum de 8,82 mm enregistrés par les populations NEA13 et NEA16 respectivement ainsi que le témoin PT a enregistré la valeur la plus importante avec 9,66 mm. L'analyse de la variance de ce paramètre a révélé qu'il n'y'a aucune différence significative entre les populations (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.87).

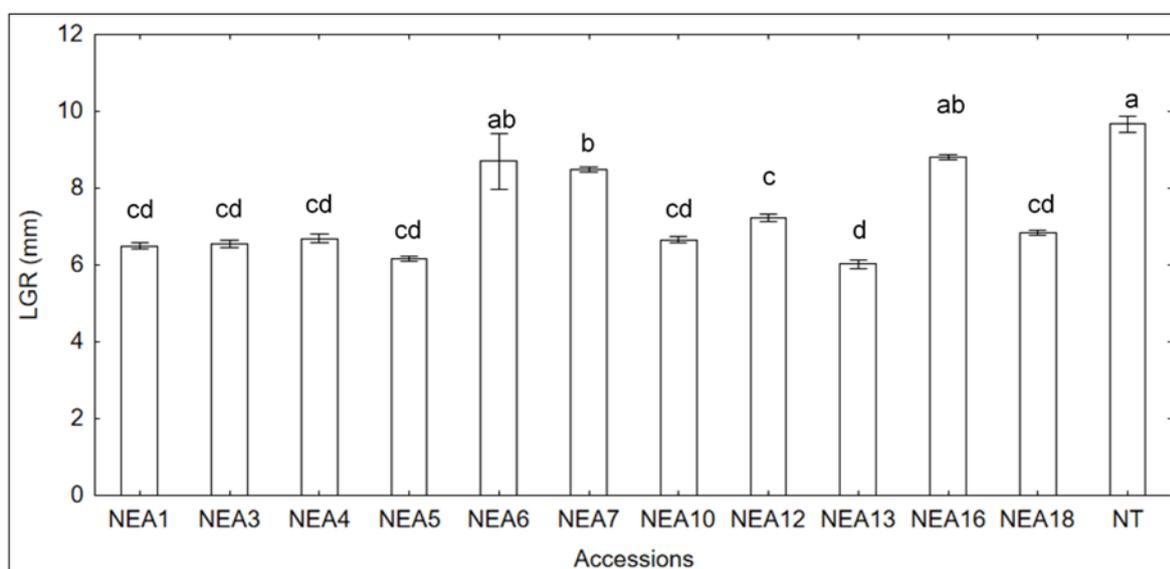


Figure 87: Variation de la longueur de la graine en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Largeur de la graine (LaGr)**

Les résultats de la figure 86 montrent que la largeur de la graine varie entre un minimum de 4,85 mm et un maximum de 6,60 mm enregistrés par les populations P5 et P16 respectivement tandis que le témoin PT a enregistré la valeur la plus importante qui est de

6,77 mm. L'analyse de la variance de ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est très hautement significative (74,9 ; $F < 0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.88).

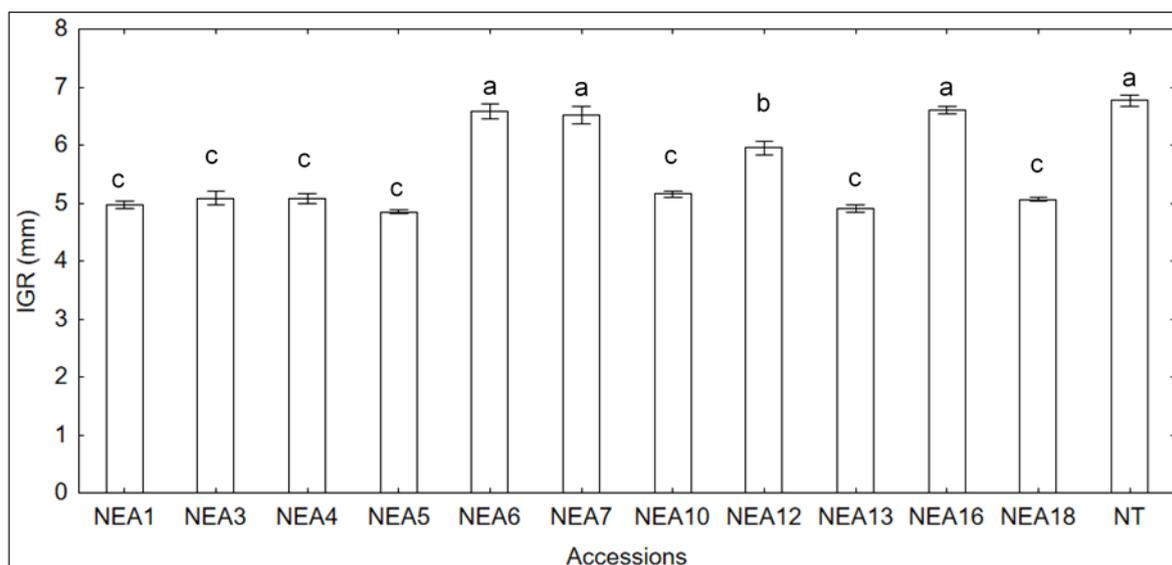


Figure 88: Variation de la largeur de la graine en fonction des populations du niébé étudiées.

- Poids de 100 grains (PCG)

Les résultats montrent que le poids de cent grains moyen varie entre un minimum de 8,12 g et un maximum de 19,94 g enregistrés par les populations NEA13 et NEA6 respectivement tandis que le témoin PT a enregistré la valeur la plus importante avec 22,35 g. L'analyse de la variance de poids de cent grains a révélé une différence très hautement significative entre les écotypes étudiés avec ($F = 24552$; $P < 0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.89).

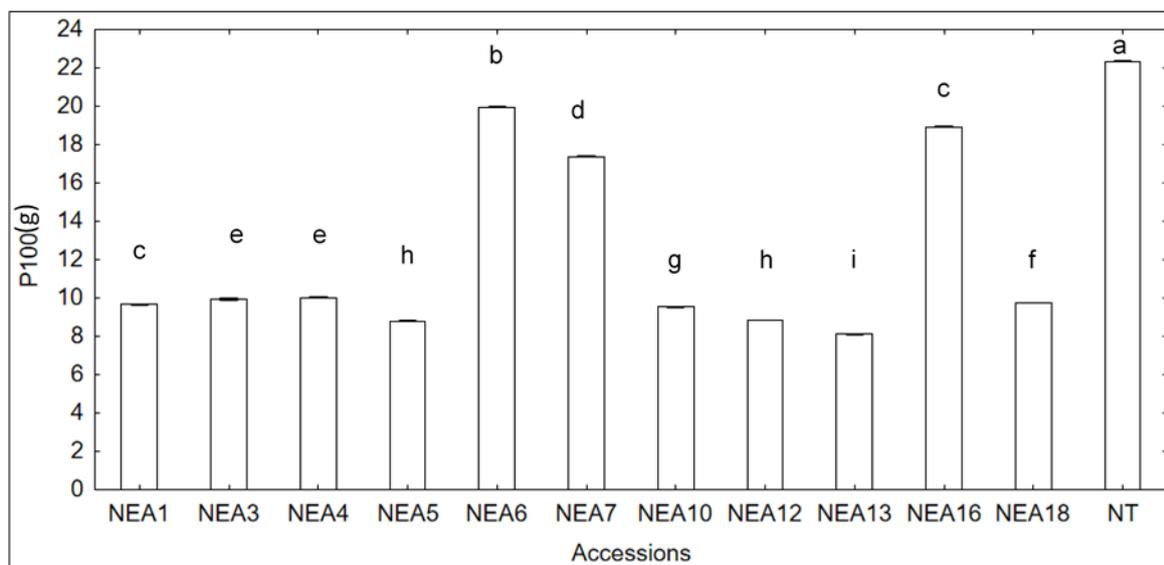


Figure 89: Variation de poids de 100 graines en fonction des populations du niébé étudiées.

- **Rendement en grains (q/ha)**

Nos résultats indiquent que le rendement en grains moyen varie entre un minimum de 1,21 q/ha et un maximum de 23,2 q/ha enregistrés par les populations NEA12 et NEA13 respectivement. Alors que le témoin a donné un rendement de 17,34 q/ha. L'analyse de la variance du rendement en grains a révélé des différences très hautement significatives entre les écotypes étudiés avec ($F= 22,96$; $P<0.001$) (Annexe 2-f ; Annexe 2-H ; Fig.90).

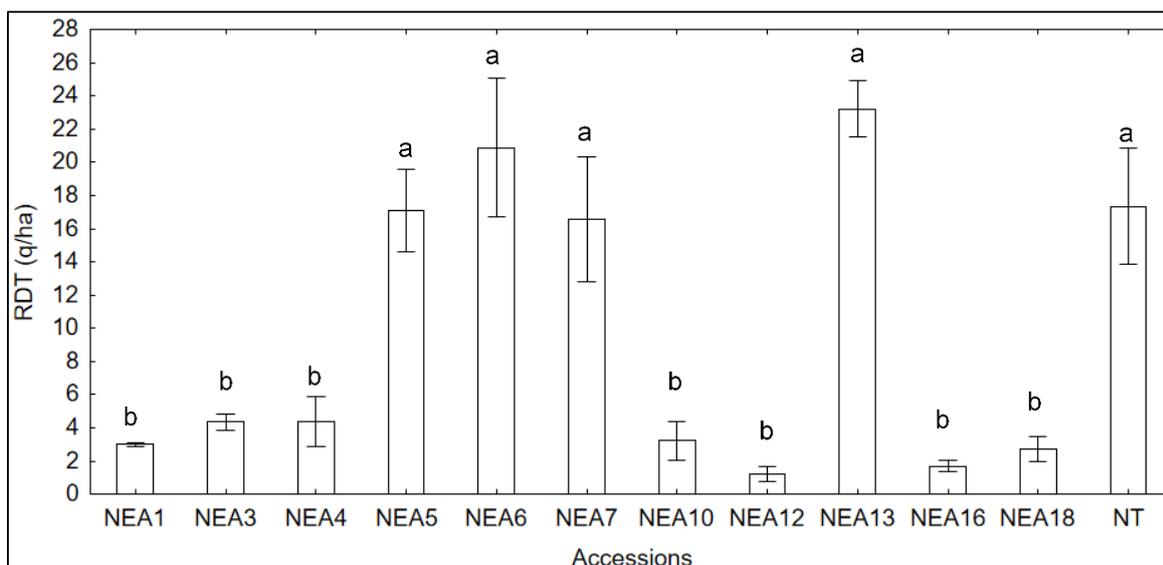


Figure 90: Variation du rendement en fonction des populations du niébé étudiées.

3.4.2 Analyses multi variées

3.4.3 Analyse en composante principale (ACP)

Les deux premiers axes de l'ACP ont été pris en compte. Toutes les variables sont bien représentées dans ce plan factoriel quand leurs corrélations avec les axes sont relativement importantes (les projections sont proches du cercle de corrélation). Ces derniers ont manifesté 69,37 % de la variabilité dont la majorité a été absorbé par l'axe 1 soit 48,54 %. L'axe F1 est défini dans le sens négatif par les paramètres suivants : nombre de ramifications, nombre de jours à l'apparition des bourgeons floraux, nombre de jours à l'apparition des fleurs, nombre de jours à l'ouverture de la fleur, nombre de jours à la maturité des gousses en vert, nombre de jours à la maturité complète des gousses et l'évapotranspiration. Tandis que le sens positif de cet axe est défini par : longueur de la tige principale dans le jour 44 après le semis, longueur de la tige principale dans le jour 77ème après semis, diamètre de la tige principale dans le 46^{ème} jour après semis, teneur en chlorophylle, teneur en azote, nombre d'ovules par gousse, nombre d'ovules avortés par gousse, longueur de la gousse, largeur de la gousse, longueur de la graine, largeur de la graine, largeur de la feuille, poids de 100 grains et la surface foliaire.(Fig.91).

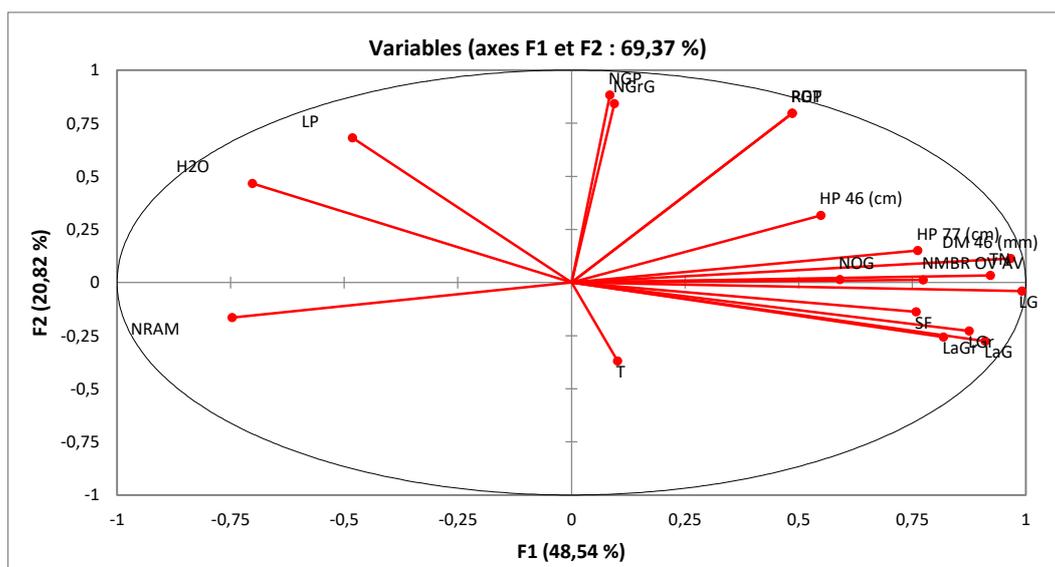


Figure 91: Cercle de corrélation des 28 paramètres étudiés et les axes F1 et F2 de l'ACP.

La projection des points moyens des 12 populations de niébé sur le plan défini par les deux axes F1 et F2 a permis de distinguer cinq groupes (Fig.92). Cependant, l'axe F1 a associé sur sa partie négative trois groupes (G1, G2, G3) et sur sa partie positive les groupes G4 et G5 sont situés dans le côté négatif où chacun regroupe des accessions qui ont des coordonnées similaires. Alors que l'axe F2 a associé sur son côté positif le groupe G3 et sur son côté négatif le groupe G2 (Fig.92).

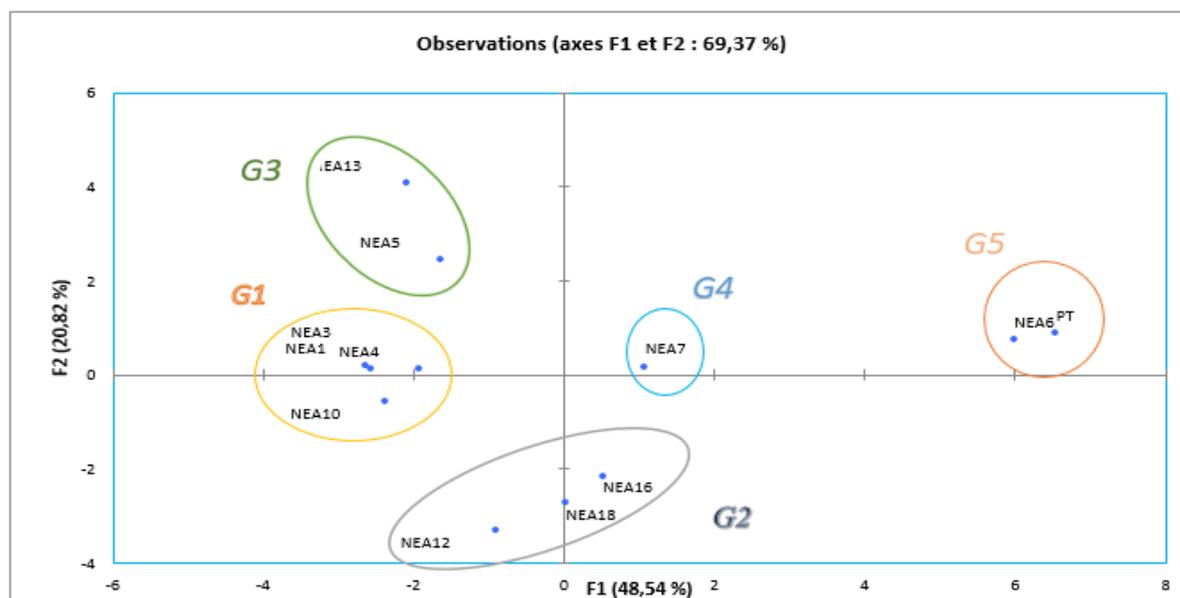


Figure 92: La distribution des populations du niébé étudiées selon leurs coordonnées sur les axes F1 et F2 de l'ACP.

L'axe F1 regroupe les accessions des groupes G1, G2, G3 sur sa partie négative et les groupes G5 et G4 sur sa partie positive. Cependant, les accessions du groupe G1 présentent un

nombre de ramification élevé, des longs pédoncules, une floraison plus au moins tardive, des petites gousses, un nombre de grains moins important, un nombre d'ovules avortés réduit, des petites graines donc un poids de 100 grains moins important, des petites feuilles donc une faible teneur en azote et en chlorophylle subséquemment le diamètre et la hauteur de la tige principale sont moins importants (NEA1, NEA3, NEA4 et NEA10). Le groupe G2 regroupe trois accessions notamment NEA12, NEA16 et NEA18, elles se caractérisent par une floraison tardive. Le groupe G3 rassemble deux accessions NEA13 et NEA5 Caractérisés par un nombre de ramifications plus ou moins élevé avec une vigueur moyenne. Leurs gousses et graines sont de petite taille par rapport aux autres populations ainsi que leurs feuilles. Pour la précocité, elles présentent un faible nombre de jours à la floraison avec une maturité rapide et une faible vigueur végétative sauf qu'elles présentent une surface foliaire assez importante. De plus, le groupe G4 est représenté par une seule accession NEA7 qui a regroupé toutes les caractéristiques des autres accessions. Elle présente une bonne vigueur végétative, elle est plus au moins précoce, une taille des gousses moyenne avec un nombre décent des graines par gousse, un bon nombre de gousses produites ce qui a donné un bon poids des gousses par plant donc un bon rendement. Le groupe G5 rassemble le témoin PT deux accessions NEA6 et le Témoin PT de cependant ces accessions était très intéressant du point de vue qu'elles sont très vigoureuses, elles ont de grandes feuilles très riches en chlorophylles et en azote ce qui a fait qu'elles ont été les plus précoces (moins de 60 jours), Leurs gousses sont les plus grandes, la même chose pour leurs graines ce qui a fait que leurs poids de gousses ou de graines a été élevé ainsi que leur rendement.

Les résultats de ACP sur axe F2 montrent que les accessions de ce regroupe présentent un faible nombre de gousse et de graines ce qui fait que le poids des gousses est réduit donc un faible rendement. Elle rassemble le groupe G3 dans sa partie négatif caractérisée par des longs pédoncules vu que leurs racèmes se trouvent en haut de la végétation, elles ont aussi le nombre le plus élevé des gousses ce qui fait qu'elles ont un bon rendement. De point de vue agronomique, ces populations sont très intéressantes mais peut être qu'elles ont besoin d'une amélioration pour la longueur des gousses, et sur sa coté positive et le groupe G2 qui ce rassemble les accessions avec un nombre de gousses faible ,t un nombre de graines par gousse réduit, ce qui fait que le poids des gousses est très faible donc un faible rendement. Aussi, les populations de ces deux groupes représentés précédemment sont considérées comme les moins performants.

3.4.4 Matrice de corrélation

Les résultats de la matrice de corrélation nous permettent de révéler les différentes relations existantes entre les différentes variables (Annexe 2-J). D'une manière générale, les paramètres liés au rendement sont positivement corrélés avec les paramètres liés à la vigueur de la plante (le diamètre de la tige, la hauteur de la tige, la teneur en azote et en chlorophylle) et sont corrélés avec les paramètres de la précocité (les populations ayant un faible nombre de jours à la floraison et à la maturité des gousses).

3.4.5 Analyse Hiérarchique Ascendante AHC

Le principe de l'AHC est de rassembler des individus selon un critère de ressemblance défini au préalable qui s'exprimera sous la forme d'une matrice de distances, exprimant la distance existante entre chaque individu à base de ces variables.

Le dendrogramme obtenu suite aux traitements des données des 12 populations étudiées a permis de mettre en évidence 3 groupes selon une similarité de 85,7% (Fig.93)

Les 2 premiers groupes se diffèrent du 3^{ème} groupe par le rendement, alors qu'ils se diffèrent entre eux par la taille des gousses et/ou la taille des graines.

Premier groupe

Ce groupe contient les populations NEA6, NEA7 et le Témoin PT. Ces populations ont une vigueur et un rendement plus importants que le 2^{ème} groupe.

Deuxième groupe

Ce groupe est représenté par les Populations NEA13 et NEA5. Ces populations ont des gousses de petites tailles et une vigueur moyenne.

Troisième groupe

Ce groupe est représenté par les populations NEA16, NEA 12, NEA 18, NEA 10, NEA 3, NEA 4 et NEA 1 qui sont subdivisés en 3 sous-groupes :

Le premier sous-groupe assemble NEA 1, NEA 4, NEA 3 et NEA 10 qui ont un faible rendement et des petites gousses.

Le deuxième sous-groupe assemble NEA16 et NEA12 qui ont des gousses plus au moins longues que celui du premier sous-groupe mais un rendement plus faible.

Le troisième sous-groupe est représenté par une seule population NEA 18 qui est située au milieu des 2 sous-groupes ce qui signifie qu'elle a des gousses moyennes et un rendement faible.

Les résultats de l'AHC confirment aux résultats de l'ACP, et présentent des similarités. Cependant, le premier l'AHC elle a réduit le nombre des groupes selon la distance ressemblance.

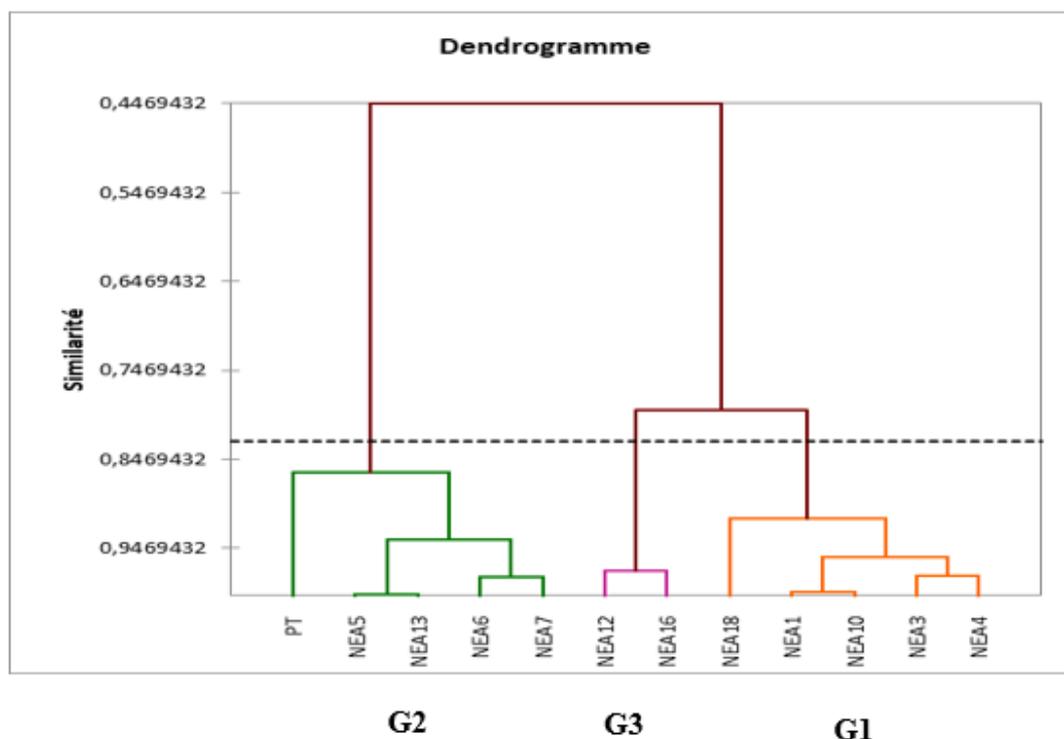


Figure 93: Dendrogramme de l'analyse de la classification hiérarchique ascendante des traits qualitatifs.

Concernant les descripteurs qualitatifs, les populations NEA8, NEA15 et NEA17 qui n'ont pas fleuri durant l'essai n'ont pas été prises en considération dans la caractérisation qualitative pour le stade floraison et maturité à cause des données manquantes engendrées.

L'Abondance de la végétation le 46^{ème} jour après le semis, Les résultats obtenus montrent que presque la moitié soit 40% des individus appartenant aux populations NEA1, NEA3, NEA4, NEA5, NEA10 et NEA12 ont une végétation peu abondante et 33% d'individus appartenant aux populations NEA7, NEA8, NEA13, NEA15 et NEA16 ont une végétation moyennement abondante alors que 27% des individus ont une végétation importante, ces derniers sont NEA6, NEA17, NEA18 et le témoin PT.

Habitus de croissance : L'observation sur le terrain a révélé que plus de la moitié (53%) d'individus notamment NEA1, NEA3, NEA4, NEA5, NEA8, NEA10, NEA13 et NEA17 ont un port intermédiaire entre semi érigé et 27% notamment NEA6, NEA7, P15 et le témoin PT ont un port semi érigé tandis que le reste 20% sont rampantes, c'est le cas de NEA12, NEA16 et NEA18.

Forme de la foliole terminale : Les résultats obtenus montrent que toutes les populations ont la même forme de la foliole terminale qui est la forme ovale.

Pilosité des feuilles : L'observation sur terrain a montré que 47% d'individus des populations NEA1, NEA3, NEA4, NEA5, NEA10, NEA12 et NEA13 ont des feuilles peu velues et 33% des individus des populations NEA6, NEA7, NEA15, NEA16 et le témoin PT ont des feuilles glabres tandis que 20% appartenant aux populations NEA8, NEA17 et NEA18 ont des feuilles très velues.

Couleur de la fleur : L'observation sur terrain des populations a révélé que la moitié soit 50% des populations notamment NEA6, NEA7, NEA12, NEA16, NEA18 et le témoin PT ont des fleurs blanches et l'autre moitié (50%) particulièrement NEA1, NEA3, NEA4, NEA5, NEA10 et NEA13 ont des fleurs mauve roses.

Intensité de la tâche violette sur les ailes de la fleur : L'observation sur terrain des différents individus de chaque population a révélé que 42% d'individus appartenant aux populations NEA6, NEA12, NEA16, NEA18 et le Témoin PT ont une intensité nulle à faible de la tâche violette sur les ailes de la fleur et 42% des individus appartenant aux populations NEA1, NEA4, NEA5, NEA10 et NEA13 ont présenté une intensité Forte à étroite alors que 8% seulement des individus appartenant uniquement à la population NEA7 ont une intensité moyenne et 8% des individus provenant uniquement de la population NEA3 ont présenté une tâche forte à large.

Position du racème : Les résultats obtenus ont révélé que la moitié soit 50% des individus appartenant aux populations NEA1, NEA5, NEA6, NEA18, NEA16 et le témoin PT ont des racèmes qui se trouvent au sommet de la végétation et que 25% d'individus appartenant aux populations NEA3, NEA10 et NEA12 ont des racèmes qui se trouvent à l'intérieur de la végétation tandis que 25% des individus qui restent sont présentés par les populations NEA4, NEA7 et NEA13 et ont des racèmes qui se trouvent en position plus haute par rapport à la végétation.

Pigmentation anthocyanique sur le pédoncule : L'observation sur terrain a montré que 41.6% d'individus des populations NEA5, NEA7, NEA12, NEA16 et NEA18 ne présentent aucune pigmentation anthocyanique sur leurs pédoncules alors que 33% des individus des populations NEA1, NEA3, NEA10, et le témoin PT ont présenté une légère pigmentation et 25% appartenant aux populations NEA4, P6 et NEA13 ont présenté une forte pigmentation.

Pigmentation anthocyanique sur la gousse : Les résultats obtenus suite aux observations sur terrain ont indiqué que 58.6% d'individus appartenant aux populations NEA3, NEA4, NEA5, NEA6, NEA12, NEA13 et le témoin PT présentent une pigmentation au sommet de leurs

gousses tandis que le reste soit 41.6% n'ont présenté aucune pigmentation sur leurs gousses, ces derniers appartiennent aux populations NEA1, NEA7, NEA10, NEA16 et NEA18.

Courbature de la gousse : Les résultats obtenus ont révélé que la majorité des populations (75%) notamment NEA1, NEA3, NEA4, NEA5, P6, NEA10, NEA12, NEA18 et le témoin PT ont des gousses droites et 17% d'individus appartenant aux populations NEA13 et NEA16 ont des gousses légèrement courbées tandis que seulement NEA7 (8%) a présenté des gousses courbées.

Couleur de la graine : Les résultats obtenus montrent que 38% présentés par les populations NEA6, NEA12, NEA16, NEA 18 et le témoin PT ont des graines blanches, 19% appartenant aux populations NEA5 et NEA13 ont des graines noires, le même pourcentage (19%) présentés par les populations NEA4 et NEA10 ont des graines brunes, 15% ont des graines rouges (NEA3 et P7) tandis que 9% seulement représentés par la population P1 ont des graines crèmes.

Forme de la graine : Les résultats obtenus indiquent que 58% des populations (NEA1, NEA3, NEA4, NEA5, NEA7, NEA10 et NEA13) ont des graines rhomboïdes et 42% (NEA6, NEA12, NEA16, NEA18 et le témoin PT) ont des graines réniformes.

Texture de la graine : Les résultats obtenus montrent que la moitié (50%) des populations notamment NEA1, NEA3, NEA4, NEA5, NEA10 et NEA13 ont des graines lisses et presque l'autre moitié (42%) des populations notamment NEA6, NEA12, NEA16, NEA18 et le témoin PT ont des graines rugueuses tandis que seulement 8% notamment NEA7 ont des graines ridées.

Couleur de la graine

Les résultats obtenus montrent que 38% présentés par les populations NEA6, NEA12, NEA16, NEA18 et le témoin PT ont des graines blanches, 19% appartenant aux populations NEA5 et NEA13 ont des graines noires, le même pourcentage (19%) présentés par les populations NEA4 et NEA10 ont des graines brunes, 15% ont des graines rouges (NEA3 et NEA7) tandis que 9% seulement représentés par la population P1 ont des graines crèmes.

Couleur du hile, Les résultats obtenus ont révélé que la moitié (50%) des populations notamment NEA1, NEA3, NEA5, NEA10 et NEA13 ont une couleur du hile verte et un quart soit 25% représentés par les populations NEA6, NEA18 et le témoin PT ont une couleur du hile noire bien que 17% des populations notamment NEA7 et NEA12 ont une couleur de hile marron foncé et seulement 8% ont une couleur de hile brune large (NEA16).

3.5 Héritabilité des caractères étudiées

Les valeurs l'heritabilité enregistré montrent que la plus part des caractères ont des héritabilités très élevées et supérieure à 0.5, varie entre 0,4 à 1 pour les trois sites étudiés (Annexe 2-H). Cette forte héritabilité indique que les accessions collectées au niveau dediférents localité d'Hoggar sont non sensible aux variations de milieux (environnement) et que la variabilité phénotypique observée est due aux variations génotypiques entre accessions.

4 Discussion

L'étude des accessions locales du niébé a permis d'estimer la variabilité existant dans la région du Hoggar. Les coefficients de variation constatés sont faibles et hautement significatif pour l'ensemble des caractères étudiés montrant la présence d'une hétérogénéité significative parmi les accessions locales du niébé cultivées dans l'Hoogar. Cependant, des résultats similaires ont confirmél'existence d'une diversité au sein des accessions locaux de niébé cultivés en Bénin et en Algerie (Gbaguidi et *al.*, 2015 ; Ghalmi et *al.*, 2005 ; Ghalmi , 2010 ; Ghalmi et *al.*, 2011). Cette étude a permis aussi de déterminer des accessions qui pourraient produire de grandes quantités de biomasse et à floraison précocement dans les conditions d'un milieu aride très difficile. Toutefois, ces caractères est lié à l'environnement, il y a une interaction génotype milieu car le classement des accessions sa change d'un milieu (sud) à un autre (nord).

L'analyse de performances agronomiques telles quele diamètre de la tige, la hauteur des plants, le nombre de jour de la date de semis des graines à la floraison, à la nouaison et à la maturité, le poids de la gousse par plant, du poids de 100 graines et le rendement en graines obtenues, présentent une grande variabilitésignificative au sein des accessions étudiées dans les deux sites. Nos résultats sont différents à comparables à ceux obtenus par (Dolumbia et *al.*, 2013 ; Ghalmi et *al.*, 2011, Jacob et *al.*, 2016 ; Menssen et *al.*, 2017, Molosiwa et *al.*, 2016) .

La Hauteur du planta montré des variations importantes entre les accessions avec une moyenne de 15,66cm à 46jours et 29,89 cm à 77 jours, ces moyennessont très différents et faible en comparaison avec celles observées dans des études similaires réalisées par (Ghalmi 2011; Ghalmi et *al.*, 2010) qui a enregistré un moyenne de 42,95cm à 46jours . Ces deux paramètre était variable aussi bien à l'intérieur qu'entre les accessions. De même (Putri & Nugrahaeni, 2021) ont rapporté un hauteur de la plante de 16-51,3 cm, nombre de gousses par plante 13-93, longueur de la gousse 9,1-22,8 cm, nombre de graines par gousse 12-20, , , et poids de la graine par parcelle 45,61- 346,58 g (Putri et Nugrahaeni,2021) , Alors que les différences de hauteur de la plante peuvent être causées par des différences dans les types de

croissance. Le niébé indéterminé a une plante plus élevée que le niébé déterminé. Le type de croissance indéterminé a aussi le potentiel de récolter plus d'une fois, de sorte que le poids de la graine par plante est supérieure au type déterminé (Putri et Nugrahaeni, 2021)

Par ailleurs, les fleurs apparaissent tout au long du cycle végétatif du niébé s'étalant de 47 et 175 jours après le semis. La moyenne de 100 jours de semis à la floraison. Le nombre de jours à la maturité ainsi que la production de gousses par plante enregistré est important. Il dépend sur la quantité de matière minérale stockée par la plante. Cette production est également due à sa capacité à convertir minéraux dans les nutriments pour un bon fonctionnement. Le temps nécessaire pour atteindre la floraison et la maturité est une caractéristique importante pour adapter un environnement agro-écologique particulier aux espèces annuelles, comme le niébé (Jacob et *al.*, 2016). Les accessions étudiées ont présenté une très grande variabilité concernant la précocité de la floraison et de la maturité. D'une façon générale, les accessions de niébé en provenance du nord présentent une plus grande précocité par rapport aux écotypes en provenance du sud sauf quelques unes qui peuvent être précoces. Les accessions tardives produisent plus de biomasse végétative et abondante (Ghalmi et *al.*, 2011). Ces résultats ont été aussi signalés chez des accessions d'origine sahariennes (Gourara, du Touat et de Djanet), et peuvent être dus à l'effet d'antagonisme entre le développement végétatif et la floraison et par le fait que l'absence de la floraison soit la cause de la présence d'une végétation abondante. Cependant, la durée nécessaire de floraison et de maturité est une caractéristique importante pour adapter un environnement agro-écologique particulier aux espèces annuelles, y compris le niébé. La période entre l'apparition des premières fleurs et la maturation des gousses serait décisive pour une production réussie de niébé (Jacob et *al.*, 2016).

Les moyennes obtenues chez les accessions étudiées pour la période de floraison et de maturité et de nouaison sont nettement différentes et supérieures à celles observées dans des études similaires sur la même espèce réalisées par (Jacob et *al.*, 2016) en Côte d'Ivoire, (Ghalmi et *al.*, 2010; Ouedraogo et *al.*, 2010) en Algérie et Burkina Faso respectivement (Cobbinah et *al.*, 2011) au Ghana; (Makanur et *al.*, 2013) en Inde; (Putri et Nugrahaeni, 2021) en Indonésie. Ces variations sont attribuées aux conditions agro-morphologiques, le type de sol, le climat, les pratiques culturales, ainsi qu'aux variations génétiques entre les accessions étudiées. De plus, la majorité des accessions collectées sont tardives leurs cycles dépassent 3 mois. Cependant, les variétés de niébé ont des cycles égaux ou supérieurs à 3 mois, semi-précoces avec des cycles variant entre 75 et 85 jours après semis ou très précoces d'environ 2 mois (Gbaguidi et *al.*, 2015).

Cette variation est due aux variations de la longueur du jour emportant des effets variables sur la croissance et physiologie du niébé et la sensibilité du niébé aux changements de photopériode (Mukhtar et Singh, 2006 ; Gonné et *al.*, 2013 ; Nuhu et Mukhtar, 2013 ; Gbaguida et *al.*, 2015 ; Andargie et *al.*, 2013). De plus, certains géotypes de niébé sont photosensibles et leur degré de sensibilité est lié à la température, malgré que le niébé soit une plante de jours courts ces dernières sont indépendantes (Ehlers et *al.*, 2005). Cette différence de précocité est liée au couleur des graines. Les graines à couleur crème et à œil noir ont été les plus tardives, suivies par les graines noires et les graines beiges-brunes qui étaient plus précoces par rapport aux écotypes à graines noires originaires des oasis du Sahara (Echikh, 2000; Ghalmi 2011; Ghalmi et *al.*, 2010). Certaines accessions sont précoces tels que NEA13 ,NEA14 , NEA2, NEA5, NEA12, NEA4 , NEA7 (47-60 jours), d'autres sont semi précoces NEA16 (85jours) , les autres sont tardives (plus de 3mois). Cette différence en floraison est accordée au contrôle de la photopériode et à la variation en la latitude et en températures pendant la journée et la nuit dans les milieux d'origine (Wien et Summerfield, 1980 ; Singh, 1986). La durée du semis à la floraison chez le niébé est une composante importante de l'adaptation du niébé à une zone agro-écologique particulière. Le démarrage de la floraison est fonction de la température et de la photopériode (Singh et Rachie, 1985; Summerfield, 1985).

Dans cette étude, certaines accessions n'ont pas fleuri dans les conditions nord de l'Algérie, ce résultat est en accord avec précédentes études réalisées par (Ghalmi, 2011; Ghalmi et *al.*, 2010) montrent que certaines accessions originaires de sud algérois fleurissent au-dessous d'une certaine longueur du jour qui semble présente dans les oasis du Sahara et absente dans le littoral algérois. Des résultats similaires ont été obtenus au Cameroun où certaines variétés de niébé sont tardives et ont des difficultés à compléter leur cycle correctement en raison de la courte durée de la saison des pluies où les précipitations sont également irrégulières à maturation. Ils ont dépensé plus d'énergie dans la croissance végétative comme le développement de grandes feuilles en désavantage de la gousse et la production des graines conduisant à un rendement faible. Le développement végétatif est également défavorisé par les insectes nuisibles tels que les thrips qui est l'un des plus économiques ravageurs dommageables du niébé (Wien et Summerfield, 1980). Les cultivars de niébé sont généralement décrits par leur apparence à maturité comme étant soit très précoces, précoces, moyens ou tardifs. Ces catégories sont généralement utiles aux sélectionneurs et aux agronomes (Ehlers et Hall, 1997). Il est nécessaire de cultiver les

variétés à maturité précoce du niébé lorsque le cycle pluviométrique est court. De plus, les génotypes tardifs sont plus sujets aux dommages causés par les thrips (Gonné et *al.*, 2013). Par ailleurs, les valeurs moyennes de nombre des gousses par plant (NGP) enregistré sont supérieures à ceux apportés par (Gbaguidi et *al.*, 2015; Ghalmi et *al.*, 2010); la floraison est effectuée entre 39 et 72 jours avec une moyenne de 56 jours après le semis, les fleurs apparaissent tout au long du cycle végétatif du niébé. Les gousses apparaissent deux à trois jours après l'apparition des fleurs (Jacob et *al.*, 2016). Une corrélation positive significative a été mise en évidence entre le nombre de grains par gousse et le rendement de niébé ($r = 0,62$), ce qui suggère que ce descripteur est la composante de rendement la plus importante pour le niébé. (Gonné et *al.*, 2013). Concernant le nombre de gousses par plant, une large variation a été signalée. Ce paramètre est intéressant déterminant de rendement d'une variété (Mastur, Setyowati, & Susilowati, 2018) ont signalé que le nombre de graines et le nombre de gousses par plant pouvaient être utilisés comme caractères secondaires dans la sélection du niébé parce qu'ils avaient un effet direct sur le rendement. De même, il est négativement corrélé avec le poids de cent de graines (Menssen et *al.*, 2017). D'un point de vue général, les écotypes originaires du sud ont été caractérisés par une faible productivité de gousses et de graines par rapport à ceux du nord (Ghalmi, 2011).

Le poids de cent graines a présenté une variation au sein des accessions d'Hoggar dont l'accession NEA6 qui a le poids de cent graines le plus élevé 21,07g, les accessions NEA16, NEA17, NEA 7, NEA8 présentent un poids moyen entre 11,84 g et 17,10g, tandis que les autres accessions présentent un poids de 7,97g à 9,20g. Cependant, le poids de cent grains est un paramètre important pour la classification des graines de point de vue rendement et productivité. En effet, les variétés possédant une grande taille sont intéressantes pour les consommateurs et présentent souvent de bonnes qualités technologiques (Dolumbia et *al.*, 2013; Gbaguidi et *al.*, 2015). D'autre part, deux cultigrupes ont été déterminés en se basant sur les résultats des analyses quantitatives et qualitatives ainsi que sont : Cultigruppe Biflora. Dans ce dernier, on trouve les populations qui ont des petites gousses (moins de 12cm), un nombre de graines moins de 17, des graines de forme rhomboïde et qui sont le plus souvent colorées soit en noir ou en beige brun ainsi que les fleurs sont aussi colorées (NEA5, NEA13, NEA1, NEA3, NEA4 et NEA10. Ces résultats confirment les résultats obtenus par (Echikh, 2000; Ghalmi 2011) où ces auteurs ont trouvé que les populations sahariennes appartiennent à ce cultigruppe. Cultigruppe Melanophthalma Ce cultigruppe ont des graines rugueuses réniformes et blanches, des fleurs blanches également, des gousses de grande taille mais moins de 30 cm et un nombre de graines moins de 17. Ces populations sont NEA6,

NEA12, NEA16, NEA18 et le témoin PT. Selon Echikh (2000), ce cultigroupe regroupe les populations adaptées au nord ce qui est confirmé par le témoin PT même P6 qui a donné un fort rendement. Cependant, Ghalmi (2011) a trouvé que quelques populations sahariennes appartiennent à ce groupe mais ont un faible rendement comme le cas de nos populations NEA12, NEA16 et NEA18. Il apparaît que ces dernières ne sont pas bien adaptées au nord. D'une manière générale, nos résultats est en accord à ceux rapporté par (Ghalmi et *al.*, 2010) qui a montré que les accessions en provenance de sud (Adrar) ont le poids de cent graines le plus faible et que les accessions d'origine du nord (Kabylie) présente le poids le plus importants. Le poids de 100 graines était positivement corrélé à la largeur et à la longueur des gousses et des graines, il peut donc être considéré comme un descripteur valide de la taille des graines. (Jacob et *al.*, 2016; Menssen et *al.*, 2017). De même, le poids de 100 de graine et nombre de gousses par plantes de ont une grande valeur de variance génétique, et héritabilité de sens large (Putri & Nugrahaeni, 2021)

Le poids des gousses a montré des variations significatives entre accessions. Toutefois, l'accession NEA 2 a enregistré le nombre des gousses le plus important. Le nombre de gousses par plant et le poids de 100 graines ont eu un effet indirect par le nombre de gousses, la sélection pour obtenir le poids élevé des graines par plant pourrait être effectuée en utilisant les deux caractères (Jacob et *al.*, 2016; Putri et Nugrahaeni, 2021).

Une corrélation positive significative a été mise en évidence entre le nombre de grains par gousse et le rendement céréalier ($r = +0,620$), ce qui suggère que ce descripteur est la composante de rendement la plus importante pour le niébé. L'étude moléculaire pourrait fournir des renseignements supplémentaires sur la base génétique de ces génotypes (Gonné et *al.*, 2013). La production de gousses par plante dépend de la quantité de matière minérale emmagasinée par la plante, et qui est pareillement due à sa aptitude à transformer ses minéraux en nutriments pour un fonctionnement correct (Jacob et *al.*, 2016). Les gousses apparaissent deux à trois jours après l'apparition des fleurs. Les premières variétés de niébé ont un important trait agronomique qui pourrait aider à faire face aux phénomènes de changement climatique (Jacob et *al.*, 2016).

Concernant la taille de gousses, une faible variation a été notée pour ce caractère. L'accession NEA8a présente les plus longues gousses, tandis que l'accession NEA3 a présenté les gousses la plus petites. En générale on note que les accessions sont caractérisé par des petite gousses par rapport aux variétés rapporté par (Ghalmi et *al.*, 2010); (Gbaguidi et *al.*, 2015); Putri et Nugrahaeni, 2021); (Ghalmi et *al.*, 2010) en Algérie. L'une des principales composantes du rendement est la longueur des gousses, qui conduit à de bons production de gousse et de

grain.(Gonné et *al.*, 2013). De même , pour la taille des graines, une faible variation a été noté au sein des accessions dont la majorité ont de petites tailles. L'accessions NEA16 et NEA18 présente des tailles proche a ceux citez dans les études précédentes par divers auteurs (Cobbinah et *al.*, 2011; Gbaguidi et *al.*, 2015; Ghalmi et *al.*, 2010; Jacob et *al.*, 2016).

La taille des graines est un caractère important chez le niébé (Drabo et *al.*, 1984), elle agit directement sur la productivité et l'ensemble avec la couleur de la graine détermine la qualité de la graine pour la commercialisation (Lopes et *al.*, 2003).

Les grandes graines sont capables de sortir plus rapidement de la profondeur du sol et de lever plus rapidement (Lush, 1981).

Une grande variabilité a été observée au sein des accessions étudiées pour le caractère taille de graines. L'accession NEA16 était caractérisée par les plus grandes graines, avec 1,13 cm de longueur et 0,85cm de largeur. De façon générale , la taille des graines est supérieure à ceux qui rapportent dans les études similaires sur des variétés de niébé cultivées au Bénin(Gbaguidi et *al.*, 2015). De même , (Molosiwa et *al.*, 2016) ont signalé des graines d'une largeur inférieure à 1,7 mm et la longueur de la graine inférieure à 7 mm .

Nos résultats sont aussi confirmés par ceux relevés par (Ghalmi et *al.*, 2010 ; Ghalmi , 2011) indiquent que les accessions du nord algérien qui ont généralement une longueur de la graine supérieure à celle des accessions du sud à l'exception de certaines caractérisés par des graines de taille similaire à celle du nord. La sélection de bonnes lignées parentales de niébé permet d'obtenir des descendants à graines de grandes tailles et à haut rendement , la grande taille des graine pour les consommateurs et présentent souvent de bonnes qualités technologiques (Doumbia et *al.*, 2013; Gbaguidi et *al.*, 2015). De plus ce paramètre agit sur la qualité de la graine et la productivité pour la commercialisation (Lopes et *al.*, 2003). Sur le plan Génétique, les petites graines domine partiellement les grandes graines. L'héritabilité de la taille des graines semble être contrôlée par six à dix paires de gènes (Drabo et *al.*, 1985). Ce paramètre est parmi les composantes de rendement, il résulte de la longueur de la gousse et du nombre de graines par gousse. Les écotypes précoces ont, en effet, montré une meilleure productivité par rapport aux écotypes tardifs (Ghalmi, 2011).

Concernant le nombre d'ovules par gousse et le nombre de graines par gousse nombre (, une grande variabilité a été enregistrée entre l'intérieur des accessions. Cependant , ils ont été utilisés par plusieurs auteurs pour la classification des variétés de (Chevalier, 1944; Rémy Stéphane Pasquet, 1998). L'accession NEA17a été la plus productive, elle a le nombre le plus élevée en terme de graines et gousses. Le nombre de graines et d'ovules par gousse est un caractère morphologique discriminant chez le niébé, Ces caractères ont été homogènes à

l'intérieur des écotypes. Cependant, une grande variabilité a été enregistrée entre accessions pour ce paramètre en Algérie (Ghalmi, 2011).

La surface foliaire de la foliole centrale (SF) enregistrée est entre 15.5 cm² et 29.82 cm². Ces résultats rejoignent ceux obtenus chez (Koko et al., 2016 ; Nabi, 2009) où elle a trouvé également une différence très hautement significative entre les génotypes avec (F=35,15 ; p<0.001) en travaillant sur 5 écotypes de niébé provenant de différentes régions de l'Algérie, par ailleurs, l'étude (Dagba, 1974) a montré que la surface foliaire moyenne de la foliole centrale est de 19.33 cm. La différence de superficie des feuilles a été causée par la forme variée des feuilles du niébé, toutefois ce caractère est aussi lié à l'environnement.

Pour la longueur de la foliole terminale, l'analyse de la variance pour ce paramètre a montré que la différence entre les moyennes des populations est très hautement significative. Les résultats montrent que la longueur moyenne des feuilles varie entre un minimum de 5,12 cm et un maximum de 9,65 et montrent que la largeur moyenne des feuilles varie entre un minimum de 3,71 cm et un maximum de 6 cm, nos résultats sont identiques à ceux obtenus au Niger sur 14 écotypes de genre *Vigna*, qui ont révélé une longueur de la foliole terminale qui varie entre un minimum de 5,58 cm et un maximum de 11,1 cm et la largeur moyenne des feuilles varie entre un minimum de 3,71 cm et un maximum de 6 cm (Issa et al., 2018).

Le taux d'eau dans la feuille n'a montré aucune différence entre les moyennes des populations. Ce résultat a été trouvé également par Abdou et al. (2019) sur 25 génotypes de niébé au Niger.

Teneur d'azote dans la feuille a montré une différence significative entre les moyennes des populations. Ces résultats confirment les résultats de Yahaya et al. (2019) en travaillant sur 25 génotypes de niébé au Ghana.

La teneur en chlorophylle a montré des variations significatives entre accessions. Nos résultats confirment ceux obtenus par Nabi (2009) où l'analyse de la variance a montré aussi que la différence entre les génotypes a été significative (F=4,40 ; p<0.001) avec une longueur de la foliole terminale qui varie entre un minimum de 5,58 cm et un maximum de 11,1 cm.

Les résultats relatifs aux rendements ont mis en évidence l'existence d'une variabilité importante entre les dix-huit accessions étudiées, l'accession NEA13, NEA5 a présenté le rendement le plus élevé. Il faut noter que le rendement en grains est lié à la fois à la graine et aux gousses. Des corrélations significatives et positives entre le rendement et le poids de 100 graines et la longueur et la largeur des gousses et les graines. Les jours à 50 % de floraison et la longueur des gousses, ainsi que la longueur et la largeur des graines. (Menssen et al., 2017). Par conséquent, et en raison du potentiel de certaines variétés à produire un

grand nombre de grains par gousse et de la brièveté de leur cycle de croissance conduisent à des rendements assez élevés (Gonné et *al.*, 2013). Les tests de régression linéaire ont indiqué une corrélation significative entre les caractères morphologiques et le rendement des variétés. Les variétés à cycle court qui présentent de bon rendement comme Kaki et Catché Godonou sont de bons candidats pour les programmes de sélection variétale établies par (Gbaguidi et *al.*, 2015). Une corrélation positive significative est observée entre le rendement par plante de niébé et le nombre de gousses par plant, la longueur des gousses et le poids de 100 graines. Ces données exploitables pour la sélection de variétés améliorées et la gestion des ressources génétiques du niébé doivent être encore complétées par la caractérisation moléculaire

L'analyse des descripteurs qualitatifs tels que le type de croissance, l'abondance de la végétation, pilosité des feuilles, la forme des folioles, couleur de la fleur, Intensité de la tache violette sur les ailes de la fleur, position du racème, la pigmentation de la plante, la couleur des fleurs, le port de la tige, les caractéristiques des gousses et des graines a montré une grande variabilité au sein de la collection étudiée. Des résultats semblables ont été obtenus par (Stoilova et Pereira, 2013); (Cobbinah et *al.* 2011); (Ghalmi, 2011); (Sharma et *al.*, 2013).

La végétation peu abondante était la plus fréquente au sein d'accessions (44%) suivie par la végétation moyennement abondante et végétation importante. Par ailleurs, Ghalmi (2011) ont trouvé que 56,9 % des populations ont une végétation abondante, 22,1% ont une végétation peu abondante et 21% ont une végétation très peu abondante

Différents types d'habitus de croissance ont été observés, dont les plus dominants sont le port intermédiaires (53%), semi érigé (27%) ou rampant 20%. Ces types ont été détectés précédemment par (Dagnon et *al.*, 2017), trouvant que 72,86% des cultivars ont un port rampant, 17,14 % un port semi érigé et 10 % un port érigé. Le port d'une variété dépend des conditions du milieu; De plus, les populations ayant un port intermédiaire ou rampant ont une croissance indéterminée tandis que les populations à port semi érigé ont une croissance déterminée (Dagba et Remy, 1990) ce qui est confirmé par nos observations sur le terrain. Toutes les accessions ont une forme ovale de foliole terminale, Ces résultats confirment les résultats obtenus par (Ghalmi et *al.*, 2010) en Algérie, Putri et Nugrahaeni (2020) en Indonésie, 89% des cultivars ont des folioles terminales ovales et que 11% ont des folioles terminales lancéolées. À propos de la pilosité des feuilles, trois types sont pressante glabre, peu ou très velue, Des résultats similaires ont été obtenus par Ngompe-Deffo et *al.* (2017) sur des populations du niébé provenant de l'ouest de Cameroun montrant que toutes les populations étudiées ont des feuilles glabres.

Nos résultats concernant les couleurs de fleurs (violette, mauve rose et blanches), sont semblables avec ceux obtenus par (Cobbinah et *al.*, 2011 ; Dagnon et *al.*, 2017 ; Ghalmi ,2011) . Cependant, (Cobbinah et *al.*, 2011) ont trouvé dans leur étude un pourcentage plus élevé de fleurs violettes suivies de fleurs blanches. La présence de pigmentation sur la fleur dépend d'un gène (facteur de couleur générale), la couleur violette de la fleur est dominante par rapport à la couleur blanche et la présence d'anthocyanine dans les tissus des fleurs est le résultat d'une interaction de deux gènes dominants. La couleur blanche est contrôlée par un gène récessif (Fery ,1985 ; Yahaya, 2007).

L'intensité de la tâche violette sur les ailes de la fleur est nulle à faible ou forte pour la majorité des accessions, avec présence des fleurs à intensité forte à étroite et forte à large avec proportion faibles en comparaison avec ces études précédentes, Ghalmi (2011) a trouvé que 60,6% des individus présentent une tâche violette d'intensité forte, 30% des individus ont une intensité nulle et 9,4% ont une intensité moyenne. Selon (Rachie et Sing ,1985) la concentration de l'anthocyanine est la responsable de la coloration de la fleur car plus que la fleur est dépourvue de pigmentation plus qu'elle est blanche.

L'observation phénotypique de la position du racème a montré trois positions, au sommet de la végétation c'est la plus dominante, à l'intérieur de la végétation ou en position plus haute par rapport à la végétation. Ce paramètre est important; les variétés avec des racèmes au-dessus de la végétation sont plus faciles et moins chères à récolter que celles avec des racèmes sous la canopée en utilisant des techniques mécaniques (Bennet-Lartey et Ofori, 1999). Nos résultats sont identiques aux ceux décrits par Ngompe-Deffo et *al.* (2017) sur des accessions de niébé de l'ouest de Cameroun, dont 43% des accessions ont des racèmes au sommet de la végétation, 40% ont des racèmes à l'intérieur de la végétation et 17% seulement ont des racèmes en position plus haute par rapport à la végétation.

Dans cette étude, la pigmentation anthocyanique sur le pédoncule ainsi que sur la gousse sont soit présente (faible ou forte) ou absente, ces résultats ont été constatés par (Ghalmi , 2011; Porter et *al.*, 1974). La production de l'anthocyanine sur les différentes parties du niébé est contrôlée génétiquement et son héritage est lié à plusieurs facteurs qui se différencient d'un organe à un autre (Uguru et Ngwuta, 1995).

La pigmentation anthocyanique sur la tige, les feuilles, les fleurs, les graines ou les gousses est l'un des caractères morphologiques les plus importants, utilisés pour décrire et / ou identifier les cultivars de niébé (Othman et *al.* 2006).

Au sein des populations caractérisées dans cette étude, les gousses sont droites ou courbées. De même, Dagnon et *al.* (2017) ont trouvé que 82,86 % des cultivars ont des

gousses légèrement courbées, 11,43 % ont des gousses allongées et 5,71 % ont des gousses courbées.

D'après l'évaluation des caractéristiques des graines, plusieurs pelages de graines ont été observés : blanc, noir, brun, rougesetcrème. Nos résultats sont similaires à (Gbaguidi et al., 2015; Ghalmi, 2011; Ngompe-Deffo et al., 2017). Par ailleurs, Ngompe-Deffo et al., (2017) ont constaté que la moitié des populations soit 50% ont des graines de couleur crème, 27% ont des graines blanches, 13% ont des graines grises bien que 10% ont des graines marrons. Cette coloration de la graine est attribuée à un gène dominant C (general color factor), avec des gènes contrôlant les pigmentations anthocyaniques et mélanine dans les différentes couches du tégument (Fery, 1985).

De plus, deux formes des graines sont constatées, à savoir : réniformes et rhomboïdes. Ceci confirme les résultats obtenus par (Ghalmi, 2011; Ngompe-Deffo et al., 2017), trouvant les mêmes formes suscitées plus la forme ovoïdes. Or que Gbaguidi et al., (2015) travaillant sur la même espèce au Bénin ont trouvé trois formes différentes : arrondie, peu allongé et allongé.

Dans cette étude, la couleur de l'œil qui entoure le hile de la graine était soit verte, noire, marron foncé ou brune. Ghalmi (2011) a constaté que 64,3% des cultivars ont des hiles non colorés, 21,4% ont des hiles noirs tandis que 7,1% seulement ont des hiles bruns et bruns larges. Cependant la couleur noire de l'œil est dominante par rapport à la couleur brune. La couleur brun de l'œil de la graine est un caractère récessif par rapport à la couleur noire (Padi, 2003).

La texture de la graine était soit lisse, rugueuse ou ridée avec une dominance de texture lisse. En effet, de nombreux travaux ont montré les présences de ces textures (Adewale et al., 2011; Dagnon et al., 2017; Gbaguidi et al., 2015; Ghalmi, 2011; Gonné et al., 2013; Stoilova et Pereira, 2013). Les caractères : couleur et texture de la graine permettent aux paysans de mieux séparer ses variétés. Par contre la couleur de l'œil et la taille de la graine sont des caractères mal connus et donc sources des mélanges constatés dans les échantillons collectés, (Ouedraogo et al., 2010). Les grains de niébé à la texture rugueuse sont préférés par de nombreux consommateurs, car ils absorbent l'eau et cuisent plus rapidement. Il est également plus facile d'enlever le pelage rugueux des graines texturées lors de la transformation des grains de niébé en certains produits alimentaires. (Boukar et al., 2013). Néanmoins, la texture rugueuse du tégument de la graine est contrôlée par deux gènes complémentaires. Deux paires de gènes récessifs indépendants confèrent une texture rugueuse

au tégument de la graine chez le niébé et la présence d'au moins un gène dominant responsable du caractère tégument lisse (Singh et Ishiyaku, 2000).

Les analyses multi variées AHC, ACP, ACM exécutées sur des résultats générés par des descripteurs qualitatifs et quantitatifs regroupent les dix-huit accessions étudiées en trois groupes morphologiques nettement différents sur la base de leur similarité. Ce qui suppose l'existence des répétitions au sein des accessions collectées, qui pourrait être expliquées par le transfert des semences entre les différentes régions de l'Algérie. De plus, il y a des accessions qui se rassemble au accessions du nord collectées par (Ghalmi 2011; Ghalmi et *al.*, 2010) dans notre collection du sud cas des accessions (NEA6 , NEA7, NEA8). De plus , En se basant sur les résultats des analyses quantitatives et qualitatives de AHC ainsi que les travaux de (Rémy Stéphane Pasquet, 1998; Rémy S Pasquet & Baudoin, 1997) dont on peut distinguer deux cultigrupes qui sont : Cultigroupe Biflora renferme les accessions des petites gousses (moins de 12cm), un nombre de graines moins de 17, des graines de forme rhomboïde et qui sont le plus souvent colorées soit en noir ou en beige brun ainsi que les fleurs sont aussi colorées (NEA5, NEA13, NEA1, NEA3, NEA2, NEA4 , NEA17, NEA15 et NEA10. Ces résultats confirment les résultats obtenus par ((Echikh, 2000; Ghalmi, 2011; Ghalmi et *al.*, 2010) , où ces auteurs ont trouvé que les populations sahariennes appartiennent à ce cultigroupe. Le Cultigroupe Melanophtalma. Les accessions ont des graines rugueuses réniformes et blanches, des fleurs blanches également, des gousses de grande taille mais moins de 30 cm et un nombre de graines moins de 17. Ces populations sont NEA6, NEA12, NEA16, NEA18 et le témoin PT. Selon Echikh (2000), ce cultigroupe regroupe les populations adaptées au nord ce qui est confirmé par le témoin PT même l'accession NEA6 qui a donné un fort rendement. Cependant, Ghalmi (2011) a trouvé que quelques populations sahariennes appartiennent à ce groupe mais ont un faible rendement comme c'est le cas de nos populations NEA12, NEA16 et NEA18. Il apparait que ces dernières ne sont pas bien adaptées au nord. En outre, l'accession NEA7 a réuni les caractères des deux cultigrupes. D'une part, elle a présenté des graines colorées et rhomboïdes ce qui caractérise le cultigroupe Biflora et d'autre part, elle a des fleurs blanches, des longues gousses mais moins que 30 cm et des graines ridées ce qui caractérise le cultigroupe Melanophtalma. Ces résultats sont confirmés par l'ACP où on a trouvé que cette population a formé un groupe distinct qui se situe au milieu des autres groupes alors que les résultats de l'AHC montrent que cette population est proche de NEA6 et le témoin PT donc elle est plus proche du cultigroupe Melanophtalma . En outre, l'analyse multi-variée, plus précisément l'ACP, nous a permis de déterminer les différentes corrélations existantes entre les paramètres mesurés où on a

remarqué que les paramètres phénologiques sont positivement bien corrélés entre eux comme le cas des paramètres végétatifs et les paramètres liés au rendement. De plus, on a constaté que les paramètres végétatifs à l'exception du nombre de ramification sont corrélés positivement aux paramètres liés au rendement et ces derniers sont corrélés négativement aux paramètres phénologiques et au nombre de ramification. En fin L'ensemble de ces résultats confirme de l'existence d'une diversité importante au sein de la collection de niébé en région d'Hoggar. Cette forte variabilité phénotypique observée pourrait résulter de l'expression d'une forte hétérogénéité génotypique ou de l'influence des facteurs environnementaux.

La plus part des caractères étudiées ont une héritabilité très élevées, et supérieur à 0.5. Elle varie entre 0,4 à 1 pour les trois sites étudiés. Cette forte héritabilité indique que la variabilité entre accessions collectées est non attribué aux milieux (environnement) et que la variabilité phénotypique observée est due aux variations génotypiques entre accessions. En effet, cette collection offre un très bon matériel génétique pour lancer un programme d'amélioration et sélection, et qui 'il répondra hâtivement à la pression de sélections imposées, plus le h^2 est élevées, plus que la corrélation parent enfant le sera aussi.

5 CONCLUSION

La présente étude, qui traite la variabilité agro morphologique du niébé originaire de la région d'Hoggar d'Alger, amontré une grande variabilité phénotypique au sein des accessions étudiées, et a permis d'identifier les variétés performant et à caractères agronomiques intéressants : les plus productives, possédant de variabilité pour la date de floraison ce qui confirme leur adaptation aux différents conditions environnementales. De plus, nous avons pu obtenir des renseignements phénotypiques sur les variétés de niébés traditionnelles prelever chez des agriculteurs. Cependant, le traitement des données quantitatives collectées du terrain par l'analyse uni variée a révélé des différences très hautement significatives entre les génotypes pour la majorité des paramètres étudiés à l'exception du paramètre de la température de couvert végétal qui est influencée uniquement par le milieu. Ces accessions pourraient être recommandées dans des programmes de sélection basée sur ces caractères agronomiques. L'ACP et l'AHC ont permis également de rassembler les populations de niébé étudiées selon un certain degré de ressemblance par rapport aux paramètres étudiés afin de distinguer les populations les plus performantes et les plus adaptées au climat du nord. En comparaison avec le témoin PT, la population NEA6 apparait comme la population la plus adaptée suivie par NEA13, NEA5 et NEA7. Ces populations ont été les plus précoces et les plus reproductives. Cependant, les populations NEA12, NEA16 et NEA18 ont été moins

performantes et moins reproductives. Cette mauvaise performance peut être justifiée par une mauvaise adaptation au climat du nord. Malgré cette diversité génétique à l'intérieur du niébé, ces accessions restent non préservées et non valorisées en Algérie. Il devient très urgent de créer un catalogue officiel sur les légumineuses vu qu'il n'existe pas en Algérie, à fin d'inscrire ces accessions.

La méthode de caractérisation par des traits morphologiques et agronomiques nous a fourni des informations pour la diversification des génotypes, mais elle est fréquemment influencée par l'effet de l'environnement, les traits discriminants sont souvent limités. Dans ce contexte, le passage à la démarche moléculaire par des marqueurs génétiques est indispensable, permettant d'identifier le polymorphisme ainsi que les relations phylogéniques entre les individus, et ceci pour confirmer les résultats obtenus à la suite d'une caractérisation phénotypique qui sont influencés par le facteur de milieu et pour la reconnaissance des ressources génétiques et la gestion adéquate de la diversité de cette espèce en Algérie.

*Chapitre IV : Caractérisation Biochimique
Et Fonctionnelles Des Graines De Néibé*

CHAPITRE IV: CARACTERISATION BIOCHIMIQUES ET FONCTIONNELLES DES GRAINES DE NIEBE

1 Introduction

Le néibé c'est une légumineuse très riche en éléments nutritive, principalement en protéine et glucides plus qu'il offre une source importantes en substances bioactives et antioxydants. En général, la recherche sur les accessions de néibé, concernat les caractéristiques des graines n'ont pas fait l'objet d'études approfondies en Algérie. Notamment, en ce qui concerne la valeur nutritionnelle, sa valeur proteique et energetique, sa capacité d'absorption de l'eau et d'huile, le pouvoir de gonflement. Dans ce sens, Cette étude conçu pour étudier les propriétés biochimiques, fonctionnelles et propreités antioxydants de la farine de niébé. Le renseignement assemblé au cours de cette étude est censées être indispensables et fournir des informations très utiles sur les utilisations des fraine de niébé dans la fabrication idustreilles.

2 Matériel et Méthodes

2.1 Matériel végétale

Les 18 accessions collectées dans le chapitre II et caractérisées sur le plan agromorphologiquement dans le chapitre III, ont été utilisées pour les analysesbiochimiques par des méthodes conventionnelles.

2.2 Analyses biochimique

2.2.1 Détermination de la tenure en protéines

La teneur en protéines brutes de l'échantillon (1g) est déterminée par la méthode de Kjeldahl décrite dans (AOAC, 2005).La méthode Kjedahl comporte trois grandes procédures : minéralisation, distillation et titration. Vingt-cinq millilitres (25ml) des échantillons digérés pour chaque variété sont mesurés et transférés aux flocons de digestion. Les échantillons sont ensuite fixés à la fin de la distillation en présence de 50 ml de solution de NaOH à 40 % dans un bécher contenant 10 ml d'acide borique à 4 % avec quelques gouttes de couleur indicateur ajoutées. La distillation est ensuite entamée pendant 3 minutes. L'acide borique passe ainsi du violet au vert clair. Le distillat est ensuite titré avec 0,05 mol/l H₂SO₄ jusqu'à ce qu'un changement de couleur soit observé. Les valeurs Titre sont enregistrées pour chaque landrace. Le blanc était avant préparé dans les mêmes conditions sans ajouter l'échantillon. Le calcul du pourcentage d'azote a été fait à l'aide de la formule :

Azote total (N) (%) = $((VE-VB) \times N \times 14 \times V \times 100) / (\text{Volume de l'extrait distillé} \times P \times 1000)$
(AOAC, 2005)

VE : volume de H₂SO₄ utilisé pour le titrage (ml), VB : volume de H₂SO₄ utilisé pour un essai à blanc (ml), V représente le volume d'extraction (250ml), volume d'extrait distillé (25ml), poids de P de l'échantillon d'essai (1g), 1000 = pour la conversion en mg, 100 : coefficient du pourcentage. N représente la normalité de H₂SO₄ (0,05)

2.2.2 Détermination de la teneur en eau

La teneur en humidité est déterminée selon la méthode de (AOAC, 2005). Environ 1g de chaque échantillon de farine séchée est pesé et placé dans un plat d'humidité propre et sec tandis que le poids de l'échantillon et le plat sont soustraits. Ces échantillons sont placés dans un four à humidité où les températures sont réglées à 105 °C. Les échantillons sont séchés pendant 3h et retirés, refroidis et pesés. La quantité d'humidité dans les échantillons est calculée à l'aide de la formule suivante :

$$\text{Humidité \%} = (W1 - W2) / W3 \times 100$$

W 1= poids avant séchage; W2= poids après séchage; W3= poids de l'échantillon

2.2.3 Détermination de la teneur en matière grasse

La teneur en matières grasses (%) est déterminée par l'usage d'un Soxhlet. Le système SOXTEC 2043 est utilisé pour extraire une matière grasse totale selon les méthodes officielles. Il utilise une combinaison d'ébullition par reflux et d'extraction par Soxhlet pour effectuer deux étapes d'extraction (ébullition et rinçage) suivies d'une récupération par extraction sans transfert d'échantillon. 1 g d'échantillon sec est placé dans un four pendant 1 à 2 heures à 103±°C, 25 ml d'éther de pétrole (40-60°C) sont ensuite ajoutés pour chaque échantillon. Après extraction (3heures), le solvant est éliminé par évaporation dans un four. Le poids du résidu après séchage au four correspond à la teneur en graisse. La température est réduite, les échantillons sont retirés et refroidis dans un dessiccateur avant pesée. La quantité de cendres est calculée à l'aide de la formule ci-dessous :

$$\text{MG\%} = (W3 - W2) / W1$$

W1=poids de l'échantillon (g).

W2=Poids de recipient d'extraction (g).

W3= Poids de recipient d'extraction + poids des résidus (g).

2.2.4 Détermination de la teneur en cendres

La teneur en cendres est obtenue après incinération de 1g de tourteau de niébé dans un muffle à 550 °C pendant 6 heures selon la méthode (AOAC, 2005), La température est réduite, les échantillons sont retirés et refroidis dans un dessiccateur avant pesée. La quantité de cendres est calculée à l'aide de la formule suivante :

$$\text{Cendre \%} = (W1 - W2)/W3 \times 100$$

Avec:

W1 = poids du creuset avec des cendres;

W2 = poids du creuset vide;

W3 = poids de l'échantillon;

2.2.5 Détermination de la teneur en glucides

La teneur en glucides est déterminée par calcul selon l'expression suivante:

$$\text{Glucides totaux (\%)} = 100 - (\text{cendres (\%)} + \text{protéines (\%)} + \text{matières grasses (\%)} + \text{humidité (\%)})$$

La valeur énergétique (kcal/100 g) est calculée en tenant compte des coefficients Atwater selon l'expression suivante :

$$\text{Valeur énergétique (kcal/100 g)} = [(\% \text{ de glucides} \times 4) + (\% \text{ de protéines} \times 4) + (\% \text{ de matières grasses} \times 9)] \text{ (FAO, 2003; Maclean et al., 2003).}$$

2.2.6 Recherche de la teneur totale en composés phénoliques

La teneur totale en phénol a été déterminée par la méthode Folin-ciocalteu (Singleton et Rossi, 1965) au moyen d'une méthode d'analyse par microplaque décrite par Muller et al. (2010). Une masse de 1 mg d'extrait est dissoute dans un volume de 1 ml de méthanol. Un volume de 20 µl d'extrait végétal est mélangé avec 100 µl de Folin-ciocalteu (1:10) dilué et 75 µl de carbonate de sodium (7,5%). Après avoir mélangé l'incubation dans l'obscurité pendant 2h l'absorbance est lue avec le spectrophotomètre à 765 nm. Un blanc est préparé de la même manière en remplaçant l'extrait par le solvant utilisé (méthanol). La courbe standard est obtenue dans les mêmes conditions qu'avant l'utilisation d'une gamme de concentrations (25-200 µg/ml) de solution d'acide gallique préparée dans du méthanol. Teneur totale en phénol contient des extraits végétaux sont déterminés graphiquement et exprimés en équivalent d'acide gallique µg/ml de matière sèche).

2.2.7 Recherche de la teneur totale en flavonoïdes (TFC)

La teneur totale en flavonoïdes (TFC) a été déterminée par un essai colorimétrique au chlorure d'aluminium adopté à partir de (Topçu et al., 2007) Topçu et al. (2007) une méthode de vérification de protocole lynda avec de légères modifications, microplaque (Perkin Elmer, Enspire) est utilisé pour la mesure de l'absorbance Une masse de 1 mg d'extrait a été dissoute dans un volume de 1 ml. Un volume de 100 µl d'extrait d'échantillons a été ajouté à 100 µl (Al (NO₃)₂, 9H₂O) Les solutions ont été laissées reposer à nouveau pendant 15 mn La mesure de l'absorbance de la solution pour chaque accession a été faite à une longueur d'onde de 415 nm.

Un échantillon blanc est préparé en remplacement des extraits par le méthanol (100µl méthanol et 100µl méthanolreactifx).La teneur totale en flavonoïdes a été obtenue à l'aide de la courbe d'étalonnage de la quercétine exprimé en µg.ml de méthanol ionique préparé à la quercétine.

2.2.8 Détermination du malondialdéhyde (MDA)

La peroxydation lipidique (PL) est estimée par la méthode de (Cakmak & Horst, 1991)[34], à l'aide d'un dosage photométrique. Le test TBA qui détermine la MDA comme produit final de la peroxydation lipidique est utilisé. Cette méthode consiste à broyer 100 mg de matière végétale dans 1 mL d'acide trichloroacétique (TCA) à 1 %, puis à centrifuger à 12 000 tr/min pendant 20 min. Ensuite, 1 mL d'acide thiobarbiturique à 0,5 % (TBA) (préparé en TCA à 20 %) est ajouté à l'extrait de 500 µL et incubé avec Marie-bain à 95 °C / 30 min. Après refroidissement, les densités optiques (O.D.) sont lues à 532 et 600 nm. La teneur en MDA (malondialdéhyde) est calculée à l'aide de son coefficient d'extinction molaire ($\epsilon = 155 \text{ mmol} / \text{l.cm}$).

2.2.9 Capacité de récupération des radicauxlibres DPPH

La capacité de récupération des radicaux DPPH a été déterminée à l'aide de la méthode de (Blois ,1958) et de Tel et al. (2012), avec quelques modifications. On a ajouté de l'extrait (40 µL) à 160 µl de DPPH (4 mg ,100ml) en solution dans MeOH, Vortex mélangé pendant 10 s, et laissé dans l'obscurité (30 min) à température ambiante, la diminution de l'absorbance de l'échantillon et de l'étalon a été mesurée à 517 nm à l'aide d'un lecteur de microplaque contenant du méthanol comme BHT et le BHA à blanc a été utilisé comme antioxydants étalons.. La capacité de récupération du radical DPPH a été exprimée en µg TE/ml db. La réduction du radical DPPH en pourcentage (R %) a été calculée de la façon suivante :

$$\% \text{ Inhibition} = (A_{\text{blanc}} - A_{\text{échantillon}}) / (A_{\text{blanc}}) \times 100$$

A_{blanc} : absorbance de la réaction de contrôle

$A_{\text{échantillon}}$: absorbance de l'échantillon

2.2.10 Capacité de récupération antioxydant réductrice cuprique (CUPRAC)

La méthode décrite par Apak et *al.* (2007) a été utilisée pour l'essai de récupération de la capacité antioxydante réductrice de Cupric avec une légère modification. Le réactif CUPRAC fraîchement préparé en mélangeant 1 927 g d'acétate d'ammonium (ACNH_4) 77 g mol + 25 ml (H_2O) (S1)transparent (PH=7.0) 0 042625 g mol , ($\text{Cu Cl}_2, 2\text{H}_2\text{O}$) 170,50 g mol + 25 ml (H_2O)(S2)bleu et 0 039 g (Neocupronin) 208,27 g mol et 25 ml (MeOH) (S3). La solution de travail fraîche a été préparée en mélangeant 4 extraits de 0 μl à 60 μl (S1), 50 μl (S3) et 50 μl (S2), la diminution de l'absorbance de l'échantillon et de l'étalon a été mesurée à 517 nm à l'aide d'une microplaque avec du méthanol à blanc, le BHA et le BHT ont été utilisés comme étalons.

2.2.11 ABTS Activité

L'activité ABTS est déterminée par la méthode de Re et *al.* (1999). A partir de l'ABTS et du persulfate de potassium $\text{K}_2\text{S}_2\text{O}_8$: les deux produits en solution aqueuse sont mélangés et mis à l'abri de la lumière pendant 12- 16H ; l'absorbance de la solution ainsi obtenue est ajustée par (Ethanol ou H_2O) à 0.700 ± 0.020 à 734 nm avant l'usage.

160 μl (ABTS+) + 40 μl (extrait) + attendre 10 mn + lecture à 734 nm

2.3 Propriétés fonctionnelles de la farine

2.3.1 Capacité d'absorption d'eau et d'huile

La capacité d'absorption d'eau (WAC) et la capacité d'absorption d'huile (OAC) sont déterminées selon la méthode de l'AACC (2000) modifiée par (Oneh Abu et *al.*, 2005) . Deux grammes (2g) de farine de graines de niébé sont dispersés dans 40 mL d'eau ou d'huile d'arachide raffinée (densité de 0,9 g/ml) à température ambiante. Après avoir agité pendant 10 min à l'aide d'un vortex, le mélange est centrifugé à 4500 rpm pendant 15 min, le surnageant est retiré et le culot humide est séché sur du papier filtre pendant 5 min et les résidus sont pesés. Les valeurs sont exprimées en g d'huile absorbée par 1 g de farine. La capacité d'absorption d'eau (WAC) et la capacité d'absorption d'huile (OAC) ont été calculées à l'aide de la formule suivante :

$$\text{WAC or OAC (g.MS)} = (\text{W}_2 - \text{W}_1) / \text{W}_1$$

W_2 = poids final de l'échantillon (g)

W_1 = poids de l'échantillon (g)

2.3.2 Indice de gonflement

L'indice de gonflement (IS) est déterminé selon la méthode de (Cakmak ,1991), un gramme (1g) de farine de graines de niébé est dispersé dans 20 mL d'eau, puis transporté par vortex pendant 1 min, les tubes sont placés dans un bain d'eau pendant 30 min, puis refroidis pendant 30 secondes dans de l'eau et 10 min dans de l'eau glacée. Le mélange est centrifugé à 4500 rpm pour 1min le pellet est pesé. L'indice de gonflement est le rapport entre le poids final et le poids initial de l'échantillon. L'indice de gonflement est calculé à l'aide de la formule :

$$SI=W2/W1$$

Avec :

W2=poids final de l'échantillon (g)

W1= poids initial de l'échantillon (g)

2.4 Analyses des données

Des mesures répétées trois fois ont été effectuées pour chaque échantillon. Les données sont soumises à une analyse de variance (ANOVA) à l'aide du système d'analyse statistique (XLSTAT) version 2016. 02. Les comparaisons de moyennes multiples sont effectuées par le test de Tukey au niveau de signification de 5 %. Les résultats sont déclarés comme ET moyen. L'analyse des composantes principales qui est basée sur la composition chimique et les propriétés fonctionnelles (P.C.A) est effectuée pour visualiser les similitudes et les différences entre les différentes variétés de niébés. L'analyse de corrélation de Pearson est utilisée pour analyser la relation entre le niébé. Une classification hiérarchique (C.H.A) des échantillons de semences a également été établie.

3 Résultats

3.1 Composition biochimique

La composition chimique immédiate des variétés locales de niébés de Hoggar est présentée sur le tableau 15 et le tableau 16. Cette étude illustre que les graines de niébés de Hoggar contiennent des niveaux de protéines variant de 15,43 % à 33,75 % avec une valeur moyenne de 20,99 4,95 %. Il est également évident que les deux obtentions NEA07 et NEA13 ont la teneur en protéines la plus élevée, soit 33,54 et 33,13 %, tandis que l'adhésion NEA11 a la teneur la plus faible (15,43 %).

La teneur en eau varie de 3,9 % à 9 % avec une valeur moyenne de 6,11 1,21 %. La teneur en cendres varie de 0,77 à 1,25 % de la matière sèche avec une moyenne de 1,03 0,06 %. En

effet, la teneur en matières grasses varie de 0,58 à 2,96% avec une valeur moyenne de 1,64 0,56%. De plus, la consommation de graines de niébé de Hoggar apporte une énergie moyenne de 365,89 à 390, 314,71 kcal/100 g avec une valeur moyenne de 379,67 % kcal 5,49. Dans cette étude, l'effet du stress oxydatif est calculé en quantifiant le manoldialdéhyde (MDA) et la capacité antioxydante non enzymatique totale. Les résultats montrent des valeurs faibles avec une valeur moyenne de 0,03 à 10,52 mmoles et 0,09 à 0,07 % pour la capacité antioxydante non enzymatique totale (CANET) et la peroxydation lipidique, respectivement.

Tableau 14: Composition chimique des graines de niébé de Hoggar (Tamanrasset, Algérie).

Parameters	Nbr	Minimum	Maximum	Mean	SD	CM
Matiere graisse %	54	0,58	2,96	1,64	0,56	0,93***
Humidité %	54	3,90	9,00	6,11	1,21	3,92***
Cendre %	54	0,77	1,25	1,03	0,06	0,005NS
Totale carbohydate%	54	53,17	76,91	70,08	5,41	86,34**
Protein brute %	54	15,13	33,75	20,99	4,95	73,94***
Lipid peroxidation (LP) MDA (mmoles)	54	0,03	10,52	2,74	2,76	23,70***
Capacité antioxydant totale (CANET %)	54	0,01	0,26	0,09	0,07	0,14***
Valeur Energétique (kcal/100 g) VE	54	365,89	390,31	379,67	5,49	83,67***
capacité d'absorption en eau (WAC)g/gMs	54	1,00	1,33	1,17	0,08	0,01***
Indice de gonflement (SI)	54	1,94	3,50	2,63	0,35	0,31***
capacité d'absorption en huile (OAC)g/gMs	54	0,30	0,50	0,40	0,04	0,005***

Les valeurs sont indiquées comme Écart-type moyen (n=3), Nbr : Nombre d'échantillons, CM : Carré moyen, TS : Très significatif, S : significatif, NS : Non significatif, SD : Écart-type, VE : Valeur énergétique (kcal/100 g), CANET : Capacité antioxydante totale, MDA (mmoles) : peroxydation lipidique, OAC (g/gMs) : capacité d'absorption de l'huile, WAC (g/gMs) : capacité d'absorption de l'eau, SI : indice de gonflement, les résultats ont été analysés statistiquement par ANOVA suivi d'un test de Tukey Niveaux de signification : 0,05, ** très significatif à p 0,01, *** très significatif à p 0,001.

Tableau 15: composition chimique de différents grains de niébés collectés dans la région de Tamanrasset.

Accessions	Cendres %	Humidité %	Protéines brutes %	MG%	Glucides %	Valeur énergétique (kcal/100 g)
NEA1	1,108± 0,04a bcd	7 ± abc	18,25 ±1,33ef	0,648 ± 0,09 i	73,08 ± 1,26 bcd	371,17± 0,38hi
NEA 2	1,027± 0,03abcd	4,33± 0,6f	19,54±0,26de	1,6 ± 0,13defg	73,49± 0,73 abc	386,56± 2,98ab
NEA 3	1,043±0,01ab	6± 0bcde	20,83 ±0,92d	1,141± 0,01b	69,78 ± 0,91e	383,54± 0,02abcd
NEA 4	1,042±0,04ab	5,33± 0,6 def	21 ±0,87cd	2,343± 0,17b	71,52 ± 0,32cde	380,23± 1,92bcdefg
NEA 5	1,108± 0,12abcd	6,66± 0,6 abcd	20,70 ±1,34d	1,14± 0,09h	70,38 ± 1,76e	374,60± 1,48ghi
NEA 6	0,988± 0,02a	4,667± 0,6ef	18,22 ±1,10ef	1,67± 0,23def	74,44 ± 1,68 ab	385,75± 2,89abc
NEA 7	1,021± 0,02abcd	5,67± 0,6 cdef	33,54 ±1,92a	1,397± 0,09 fgh	57,37 ± 2,39 g	380,23± 2,39bcdefg
NEA 8	0,996± 0,02bcd	4,63± 0,6 ef	17,25 ±0,66fg	1,92± 0,04cd	75,19 ± 1,26 ab	387,17± 2,77a
NEA 9	1,043±ab	7 ± 0 abc	19,52 ±0,66fg	2,90± 0,05a	69,52 ± 1e	382,37 ± 0,20 abcde
NEA 10	1,042± 0,01ab	4,433± 0,5 ef	17,75 ±0,33efg	1,83± 0,14cde	74,93±0,68 ab	387,28±1,36a
NEA 11	1,036± 0,06 ab	6,667± 0,6 abcd	15,43 ±0,22g	1,230± 0,05gh	75,96±0,76 a	375,34±2,20fgh
NEA 12	1,063± 0,01ab	6,66± 0,6 abcd	21,20 ±1,37cd	1,480± 0,10efgh	69,58 ± 0,82 e	376,48±2,85efgh
NEA 13	1,035±0,05 ab	5,667± 0,6 cdef	33,13±2,39a	1,230± 0,05gh	56,94 ± 0,90 g	379,34±2,12cdefg
NEA 14	1,021± 0,01abcd	5,333± 0,6 def	22,77 ±1,17bc	1,480± 0,10 efgh	69,40 ± 3,34e	381,98±1,9abcdef
NEA 15	1,047±0,01ab	7,33± 0,6 ab	16,43 ±1,16g	1,86± 0,09cde	73,57 ± 0,5 abc	375,80± 2,708hi

NEA 16	1,054±0,01ab	8± 0,5 ab	20,66 ±0,4d	1,153± 0,07h	69,13 ± 0,95e	369,54±3,8efghi
NEA 17	0,96± 0,13cd	7,48 ± ab	18,37 ±0,25ef	2,323± 0,18b	70,85 ± 0,71 de	377,84±1,65efgh
NEA 18	0,932± 0,014d	7,06 ± 0,1 abc	23,47 ±2,98ef	2,21± 0,21bc	66,36 ± 3,16f	379,07±1,17cdefg

Les valeurs sont indiquées sous forme d'écart-type moyen (n=3). Les résultats sont analysés statistiquement par ANOVA suivi du test de Tukey.

3.2 Propriétés fonctionnelles de la farine

3.2.1 Capacité absorption d'eau et d'huile (OAC)

Le tableau 15 résume les propriétés fonctionnelles de la farine provenant des effigies de niébés de Hoggar. L'analyse statistique montre une différence très significative. La capacité d'absorption d'eau des farines des cultivars varie de 1,10 à 1,28 g d'eau/g de farine.

La capacité d'absorption d'huile (CAO) des farines de colza varie de 0,3 à 0,5 g d'huile par gramme de farine, avec une moyenne de 0,45 g d'huile par gramme de farine. L'analyse statistique des résultats montre une différence significative ($P < 0,05$) (tableau 17).

Tableau 17: propriétés fonctionnelle des accessions de niébé cultivées dans l' Hoggar (Tamanrasset, Algeria).

Accessions	WAC(g/gMs)	SI	OAC(g/gMs)
NEA1	1,176 ± 0,1abc	2,85± 0,17bcd	0,302 ± 0,01f
NEA 2	1,100± 0,01bc	2,18± 0,09hi	0,378 ± 0,03cde
NEA 3	1,140 ± 0,04abc	2,09 ± 0,13i	0,382 ± 0,02cde
NEA 4	1,237 ± 0,1bc	2,44 ± 0,03fgh	0,348 ± 0,01ef
NEA 5	1,156 ± 0,02abc	2,63 ± 0,26defg	0,385 ± 0,01cde
NEA 6	1,218 ± 0,04abc	2,65 ± 0,17defg	0,415 ± 0,02bcd
NEA 7	1,282 ± 0,05a	2,70± 0,25def	0,493 ± 0,01cde
NEA 8	1,260 ± 0,06ab	2,47± 0,1fgh	0,413 ± 0,02bcd
NEA 9	1,215 ± 0,01abc	2,68 ± 0,15def	0,370 ± 0,02de
NEA 10	1,14± 0,04abc	3,13 ± 0,19ab	0,397 ± 0,02cde
NEA 11	1,045 ± 0,07abc	2,35± 0,1ghi	0,462 ± 0,02ab
NEA 12	1,170 ± 0,08c	2,67 ± 0,24def	0,380± 0,02cde
NEA 13	1,237 ± 0,02ab	2,78± 0,25cd	0,405 ± 0,02cd
NEA 14	1,127 ± 0,1abc	2,46± 0,25efg	0,489 ± 0,01a
NEA 15	1,206± 0,05abc	2,28 ± 0,12hi	0,410 ± 0,02bcd
NEA 16	1,197± 0,02abc	3,34 ± 0,14a	0,371 ± 0,03de
NEA 17	1,167 ± 0,06abc	2,75± 0,37cde	0,430 ± 0,02bc
NEA 18	1,118± 0,07abc	3,03 ± 0,05abc	0,393 ± 0,01de

3.2.2 Indice de gonflement

L'indice de gonflement des piqûres de niébé varie de 2,09 à 3,34. L'analyse statistique des résultats montre une différence significative ($P < 0,05$) (tableau 15).

3.3 Analyse en composantes principales

3.3.1 Propriétés biochimiques

Pour déterminer la nature et le degré d'écart entre nos accessions, l'analyse des composantes principales et la classification hiérarchique sont effectuées sur les données recueillies. Seuls les deux premiers axes de l'analyse des composantes principales Fig.94 et Fig.95, qui représentent près de 55,75 % de la variabilité exprimée, sont pris en compte. Toutes les variables sont bien représentées dans ce plan factoriel puisque leurs corrélations avec les axes sont relativement élevées (les projections sont proches du cercle de corrélation).

L'axe 1 représente 33,62 % de la variation associe les valeurs d'humidité, de cendres, de glucides, de MDA et d'énergie, tandis que l'axe 2 représente 22,13 % de la variation et associe les caractères protéines, cendres, lipides, glucides et CANET. La projection factorielle des individus est définie comme suit.

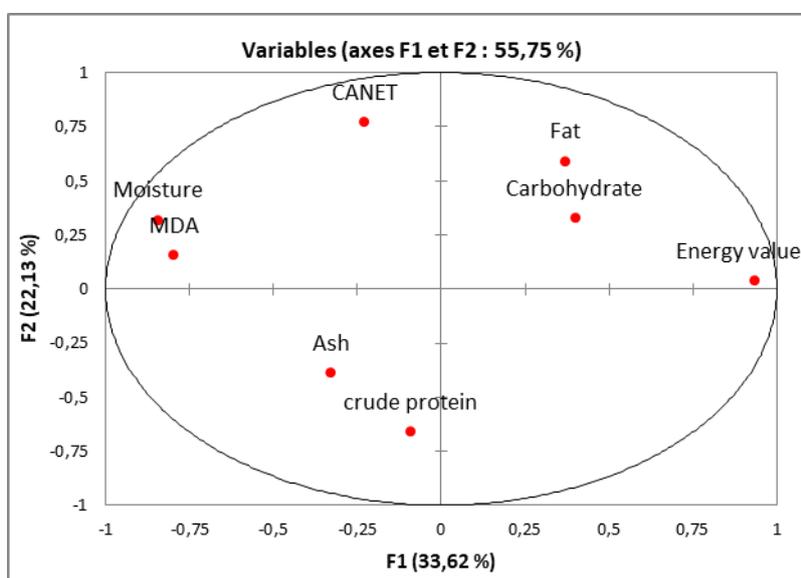


Figure 94: Analyse des principaux composants selon les modalités des variables biochimiques.

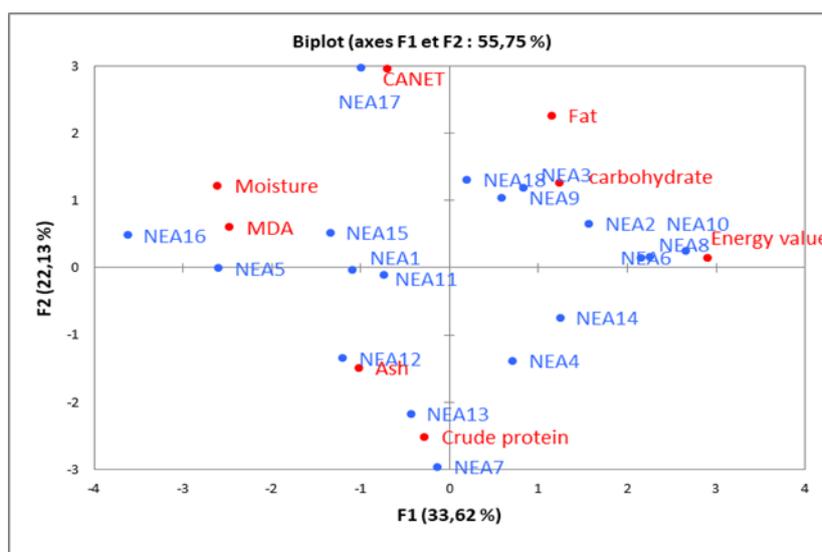


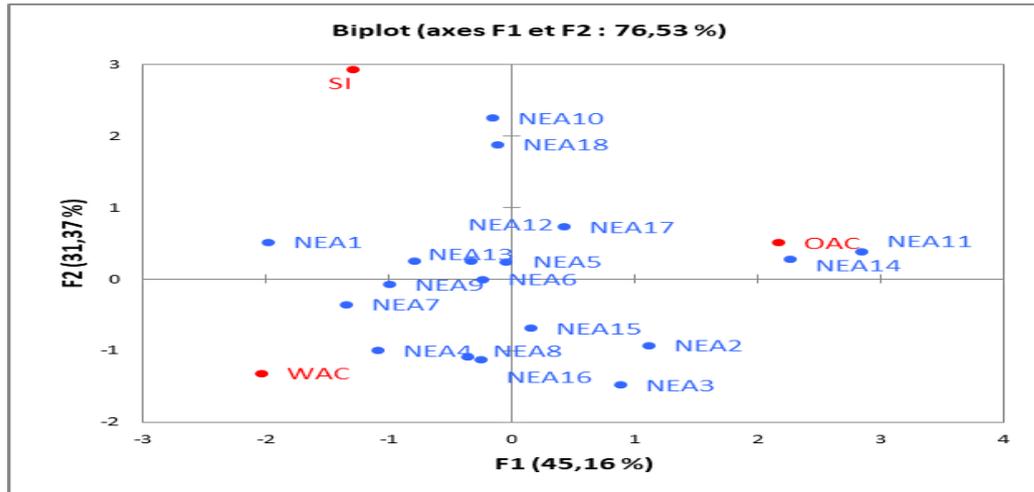
Figure 95 : Représentation des résultats de l'Analyse en Composantes Principales réalisée sur les accessions de niébé (conception factorielle F1 -F2).

3.3.2 Propriétés fonctionnelles

Le cercle des corrélations pour le plan formé par les deux premiers axes factoriels est montré à la figure 96 ; toutes les variables sont bien représentées dans ce plan factoriel puisque leurs corrélations avec les axes sont relativement importantes (les projections sont proches du cercle de corrélation). Les deux premiers axes de l'analyse des composantes principales représentent à eux seuls près de 76,53 % de la variabilité et ont été retenus.

L'axe 1 représente 45,16% de la variation. Il associe les traits, WAC, et OAC. L'axe 2, qui explique 31,37% de la variation, est défini par IG. SI et est négativement corrélé à CAH dans le plan F1 et IG dans le plan F2.

La projection des individus sur le plan factoriel défini par les axes 1 et 2 montre une distribution assez importante le long du plan. L'axe 1 isole du côté négatif les accessions NEA15, NEA16, NEA04 et du côté positif les accessions NEA18, NEA10, NEA17, NEA01, NEA13, NEA05, NEA09, NEA15. En effet, l'Axe 2 est défini du côté positif par l'accession NEA1, NEA14 ; d'autre part, la partie négative de l'Axe est fermement définie par l'accession NEA01. L'analyse comparative de deux figures 96 et 97, révèle que les accessions NEA11 et NEA14 se caractérisent par leur plus grande capacité pétrolière d'une part et leur plus faible capacité hydrique d'autre part. En outre, les accessions NEA04, NEA16, NEA08 et NEA07 sont caractérisées par leur Capacité d'absorption en huile la plus élevée et la plus bas en eau ; les accessions NEA04, NEA16, NEA08 et NEA07 sont caractérisés par leur Capacité d'absorption en huile le plus élevé et leur bas en eau le plus



bas; les accessions NEA10, NEA18 ont les indices de gonflement les plus élevés par rapport aux autres.

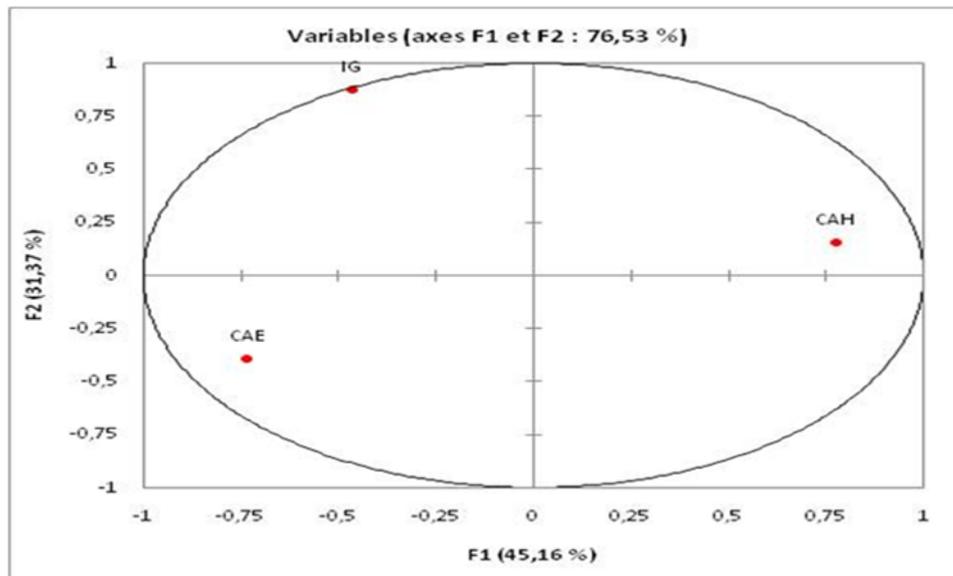


Figure 96: Analyse des principaux composants selon les modalités des variables fonctionnelles.

Figure 97: Représentation des résultats de l'Analyse des Composantes Principales réalisée sur les accessions de cowpea de variables fonctionnelles (conception factorielle F1 -F2).

3.4 Classification hiérarchique ascendante (CHA)

La classification hiérarchique ascendante (CHA), utilisant la méthode de la distance euclidienne, permet de répartir les accessions à un niveau donné de di-similarité, indépendamment de l'origine géographique. Trois classes (classe 1, classe 2 et classe 3) sont émergent (Fig.98). Le regroupement des semences en trois classes en fonction de leur

similitude permet de résumer les différences entre ces semences à 35,4%. De plus, chaque classe comprend des semences de cultivars différents. Les classes résultantes sont donc composites.

- La classe 1 compte 8 accessions telles que NEA1, NEA5, NEA16, NEA9, NEA17, NEA18, NEA12, NEA15 caractérisées par une teneur élevée en humidité par rapport aux autres accessions.

- La deuxième classe contient des échantillons- telles que NEA2, NEA3, NEA4, NEA10, NEA14, NEA8, NEA6. Ces accessions se caractérisent par leur faible teneur en humidité.

- La troisième classe est composée de deux accessions NEA7, NEA13 caractérisées par leur haute teneur en protéines, leur haute valeur énergétique, et leur haute WAC et OAC.

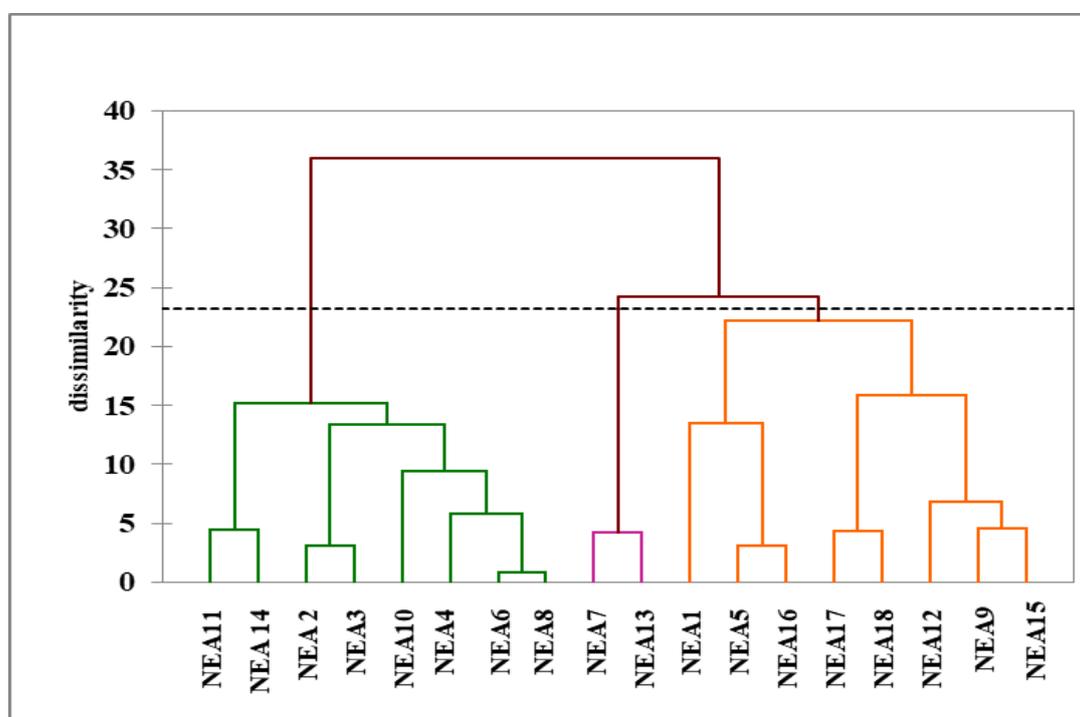


Figure 98: Dendrogramme de classification hiérarchique ascendante (CAH) des accessions de niébe de la région d' Hoggar selon les caractères biochimique étudiées.

La matrice de corrélation établie entre les différentes variables caractérisant les graines de niébé (Tableau18) montre qu'il existe de nombreuses relations significatives entre les caractéristiques chimiques étudiées.

Tableau 16: Matrice de Corrélation entre les paramètres étudiées chez les accessions Hoggar (Tamanrasset, Alger).

Parameters	Matiere graisse %	Humidité %	Cendre %	Carbohydate %	Protein brute %	MDA	CANET%	VE. K/Kal	WAC%	SI%	OAC%
Matiere graisse %	1	0,051	-0,190	0,051	-0,163	-0,178	0,264	0,470	0,000	-0,115	0,203
Humidité %	0,051	1	0,051	-0,136	-0,099	0,521	0,270	-0,856	-0,038	0,253	-0,163
Cendre %	-0,190	0,051	1	-0,020	0,009	0,264	-0,121	-0,187	0,089	-0,212	-0,146
Totale carbohydate%	0,051	-0,136	-0,020	1	-0,956	-0,105	0,163	0,146	-0,363	-0,199	0,035
Protein brute %	-0,163	-0,099	0,009	-0,956	1	0,000	-0,248	0,004	0,360	0,168	-0,025
Lipid peroxidation (LP) MDA (mmoles)	-0,178	0,521	0,264	-0,105	0,000	1	0,351	-0,561	0,014	0,247	-0,029
Capacité antioxidant totale (CANET %)	0,264	0,270	-0,121	0,163	-0,248	0,351	1	-0,098	-0,328	0,071	-0,093
Valeur Energétique (kcal/100 g) VE	0,470	-0,856	-0,187	0,146	0,004	-0,561	-0,098	1	0,029	-0,271	0,253
capacité d'absorption en eau (WAC)g/gMs	0,000	-0,038	0,089	-0,363	0,360	0,014	-0,328	0,029	1	0,050	-0,221
Indice de gonflement (SI)	-0,115	0,253	-0,212	-0,199	0,168	0,247	0,071	-0,271	0,050	1	-0,213
capacité d'absorption en huile (OAC)g/gMs	0,203	-0,163	-0,146	0,035	-0,025	-0,029	-0,093	0,253	-0,221	-0,213	1

Des moyennes de trois reprise (n = 3), et les valeurs avec différentes lettres en exposant dans une colonne sont significativement différentes (p < 0,05).

Concernant les activités antioxydantes, selon les résultats présentés dans (tableau 19), les extraits ont montrés une activité antioxydante importante pour les différents tests : DPPH, ABTS et CUPRAC avec des valeurs IC50 inférieure comparée avec les normes BHT et BHA utilisées.

Tableau 17 : Capacités antioxydants des différents extraits de niébés par les différents méthodes (DPPH, ABTS, CUPRAC).

Landraces(1mg /ml)/standards	DPPH IC50 µg/mL	ABTS IC50 µg/mL	CUPRAC A0,5 µg/mL
NEA1	18,02±0,98	07,24±1,10	1,48±0,46
NEA2	21,36±1,26	10,36±1,26	1,89±0,83
NEA3	10,03±1,56	10,02±10,42	3,58±0,95
NEA4	13,18±1,25	17,61±0,83	2,73±0,68
NEA5	6,96±0,60	4,48±1,70	5,35±1,10
NEA6	6,99±0,28	5,22±1,75	4,91±3,10
NEA7	2,89±3,67	2,57±0,78	5,17±0,95
NEA8	13,67±0,58	2,49±3,18	05,11±0,63
NEA9	34,56±0,22	21,63±0,63	03,61±1,17
NEA10	36,18±3,53	18,77±0,84	05,46±2,39
NEA11	45,91±6,96	22,91±4,57	02,03±0,06
NEA12	23,78±16,09	14,78±1,71	07,24±2,54
NEA13	2,36±25,51	11,78±14,11	1,19±0,38
NEA14	24,63±2,13	25,01±10,24	4,92±0,71
NEA15	12,48±25,51	22,91±4,57	07,38±2,64
NEA16	49,29±1,13	27,33±0,32	3,98±3,45
NEA17	9,88,76±2,52	19,27±0,13	10,98±5,15
NEA18	19,67±5,52	34,11±0,70	8,47±0,41
BHT	22.32±1.19	1.29±0.30	9.62±0.87
BHA	5.73±0.41	1.81±0.10	3.64±0.19

En ce qui concerne les teneurs des graines en composés phénolique et flavonoïdes, les résultats ont révélé que les extraits étaient très riches en composés phénoliques et flavonoïdes, atteint 685,96 ±5,74mg d'extrait de GAE/g et 232,01±7,92mgQE/g d'extrait respectivement (tableau 20). De plus, les extraits des accessions collectées sont riches en anthocyanes et tanins, atteignant des valeurs de 7,26±4,33.

Tableau 18: Teneur totale en phénoliques, en flavonoïdes totaux.

Landraces (1mg /ml) /standards	Phenolique Totale (mg E/100 g, db)	Totale Flavonoïde (mg E/100 g, db)	Tannins condensés mg/ml
NEA1	685,96 ±5,74	160,83± 1,80	2,77±0,17
NEA2	419,29 ±8,19	187,22± 6,82	3,01±0,10
NEA3	215,27±12,07	199,51±4,66	4,54±0,35
NEA4	148,71±10,73	91,18±3,20	4,08±0,40
NEA5	589,98±1,91	217,22± 5,61	3,51±0,07
NEA6	117,24±11,35	179,38±2,29	2,54±0,10
NEA7	206,94±8,95	232,01±7,92	2,49±0,16
NEA8	103,02±12,06	51,88±4,17	2,49±0,30
NEA9	153,41±9,62	25,56±2,19	2,93±0,48
NEA10	133,31±6,95	29,72±1,94	4,06±0,29
NEA11	495,08 ±2,50	128,26±2,19	7,26±4,33
NEA12	381,75±3,99	86,74± 6,39	2,41±0,06
NEA13	491,65± 6,45	129,31± 5,01	2,67±0,31
NEA14	129,00±16,82	148,06±6,51	3,02±0,24
NEA15	637,73± 9,73	54,86± 0,32	3,17±0,28
NEA16	163,51±4,50	13,82± 1,58	2,19±0,03
NEA17	458,02 ± 2,36	132,43± 5,84	4,39±0,20
NEA18	337,63±11,77	32,78± 3,57	2,79±0,11
Quercitine	-	y = 0,0048x, R²=0,997	-
Acide gallique	y = 0,0034x + 0,1044, R² = 0,9972	-	-
catechin	-	-	y = 0,0886x - 0,1493, R² =0,7998

4 Discussion

L'étude chimique des graines de niébé de différentes localités de Hoggar (tableau 03) et le tableau 06 résumant données semblables dans la littérature. Nos résultats ont montré les plus faibles niveaux de matières grasses qui font du niébé algérien un aliment d'intérêt. Ces résultats étaient inférieurs à ceux signalés par (Ghavidel et Prakash, 2007; Koko et al., 2016) pour la même espèce. Cependant, les niveaux d'humidité obtenus étaient semblables aux valeurs rapportées par (Ghavidel et Prakash, 2007; Iqbalet al., 2006 ; Koko et al., 2016; Rivas-Vega et al., 2006).

Cette faible teneur en humidité enregistrée confère une longue durée de conservation. Par conséquent, une teneur élevée en humidité diminue le temps de stockage et affecte la qualité des semences (Koko et al., 2016), des résultats similaires ont été rapportés pour la teneur en humidité par de nombreuses études (Appiah et al., 2011 ; Ghavidel et Prakash, 2007) pour le niébé et pour d'autres espèces de cultures qui sont en accord avec cette étude telle que voandzou (*Vigna subterranean* (L.)) et les variétés bennisées (*Sesamum indicum*) (Anhwange et Atoo, 2015; Okonkwo et Opara, 2010; Séraphin et al., 2015).

La teneur en cendres est indiquée dans le tableau 03, nos résultats sont très faibles et de nombreux chercheurs ont relevés des niveaux plus élevés de cendres pour les variétés de niébés en Côte d'Ivoire et en Inde, respectivement 4,12 et 3,62 (Koko et al., 2016) et (Ghavidel et Prakash, 2007) respectivement.

L'estimation de la teneur en protéines brutes a révélé des niveaux élevés, des niveaux similaires de protéines ont déjà été signalés par (Koko et al., 2016 ; Appiah et al., 2011; Balla et Baragé, 2006 ; Ghavidel et Prakash, 2007 ; Naiker et al., 2019). Cependant, nos résultats sont comparables ou supérieurs à ceux rapportés pour les espèces auteurs (*Vigna subterranean* (L.)) (Jacob et al., 2016; Kachare al.,1988; Séraphin et al., 2015). Les graines de Hoover, Hoggar sont très riches en protéines et permettent de les exploiter en cas de carence alimentaire (Diallo et al., 2015). Les valeurs les plus élevées ont été relevées dans deux accessions NEA07 et NH13 33,54 et 33,13% respectivement et que l'adhésion à NEA11 avait le contenu le plus faible (15,43%). Des études récentes portant sur des lignées de niébés autofécondées non résistantes ont relevé des niveaux de protéines brutes de 15,42 à 46,9 % avec une moyenne de 20,69 % et de 12,6 à 28,89 % avec une moyenne de 20,34 % pour les lignées autofécondées dans des conditions stressantes (Alidu et el., 2020). Cette différence dans la teneur en protéines du niébé est attribuée aux types de sol et aux conditions climatiques du site , aux pratiques culturales, aux conditions environnementales et aux facteurs génétiques (Appiah et al., 2011; Sebetha al.,2015). En effet, la haute teneur en protéines fait du niébé un excellent supplément de céréales en Afrique sahélienne (Koko et al., 2016). Cette teneur élevée en protéines aidera et fortifiera les aliments traditionnels à base de sorgho et de niébé (Anyango et al., 2011).

Les glucides totaux variaient de 53,17 à 76,91 % avec une moyenne de 70,08 5,41 %, la valeur énergétique (kcal/100 g) de 365,89 à 390, 314,71 kcal/100 g, avec une moyenne de 379,67 % Kcal 5,49. Nos résultats étaient semblables aux valeurs rapportées précédemment (Appiah et al., 2011 ; Koko et al., 2016). Nos résultats sont plus élevés que ceux rapportés par

(Boateng *et al.*, 2013; Mazahib *et al.*, 2013; Yusuf, *et al.*, 2008), comparables à ceux obtenus à Voandzou (Kachare *et al.*, 1988; Okonkwo et Opara, 2010; Séraphin *et al.*, 2015). Ces différences observées entre les résultats peuvent être attribuées aux propriétés variétales et aux conditions environnementales de leur culture (Aremu *et al.*, 2005; Boateng *et al.*, 2013; Mazahib *et al.*, 2013; Mwangwela *et al.*, 2006). Les glucides totaux constituent la majorité des graines dans lesquelles ils représentent 24 à 68% de la matière sèche. Cette fraction est dominée par l'amidon et sa teneur se situe entre 22% et 45% selon les espèces de légumineuses (Hoover et Sosulski, 1991) la teneur élevée en glucides des graines de légumineuses comme le Voandzou, le niébé et le pois ange en font d'excellentes sources d'énergie (Ofuya et Akhidue, 2005). Cependant, le niébé est un aliment riche en glucides, alors que les cultivars du Vigna contiennent plus de 50 % de glucides ((Koko *et al.*, 2016; Séraphin *et al.*, 2015) .

Le degré de dommage causé par l'effet du stress oxydatif est déterminé par la détermination de la teneur en malondialdéhyde (MDA) et de la capacité antioxydante non enzymatique totale. La peroxydation lipidique et la capacité antioxydante non enzymatique totale (CANET) sont très faibles, ce qui signifie que les graines ne sont pas stressées (tolérantes) et donc très bien adaptées aux conditions environnementales difficiles offertes par la région du Hoggar. Cependant, l'une des conséquences supposées du stress est une augmentation de la peroxydation lipidique, principalement due à une surproduction de H₂O₂; les plantes stressées produisent des niveaux plus élevés de MDA que les plantes plus tolérantes (Anjum *et al.*, 2016; Bacelar *et al.*, 2006; Carvalho *et al.*, 2019; Del Rio *et al.*, 2005; Rahali-osmane *et al.*, 2020). Le niveau de peroxydation lipidique dans le génotype suggère un fort indicateur de la sensibilité de ce génotype au stress de sécheresse, par rapport à d'autres génotypes, des valeurs d'accumulation, révélant un meilleur mécanisme de protection contre les dommages oxydatifs (Carvalho *et al.*, 2019). L'analyse de la variance a montré une très grande différence significative pour tous les traits étudiés (tableaux 2, 3,6), avec une importante diversité biochimique accumulée entre les accessions au fil du temps.

La capacité d'absorption d'eau des farines variait de 1,10 à 1,28 g d'eau/g de farine. Les valeurs obtenues sont semblables aux (Adebooye et Singh, 2008; Akinjayeju et Bisiriyu, 2004; Oneh Abu *et al.*, 2005). Toutefois, elles sont inférieures à celles de (Mbofung, Njintang, & Waldron, 2002). L'analyse statistique a révélé une différence très importante entre les variétés locales (P 0,05). Elle est liée à la teneur en protéines, et la teneur plus élevée en protéines donne une plus grande capacité de liaison à l'eau (Hutton et Campbell, 1981; Mbofung *et al.*, 2002). En raison des caractéristiques hydrophiles et hydrophobes de la

protéine, elle peut interagir avec l'eau dans les aliments (Butt et Batool, 2010). La capacité élevée d'absorption d'eau des farines de niébé suggère qu'elles seraient utiles à des fins fonctionnelles dans les produits de boulangerie (Appiah et al., 2011). Par conséquent, le WAC des farines joue un rôle très important dans le processus de préparation des aliments, La gamme d'application des farines en tant qu'ingrédients alimentaires dépend de leur interaction avec l'eau, puisque la première étape pour transmettre leur propriété fonctionnelle souhaitée à tout système alimentaire est leur interaction avec l'eau dans le processus de réhydratation (Mbofung et al., 2002).

Dans cette étude, la capacité de gonflement est très faible que les valeurs rapportées par (Oneh Abu et al., 2005) avec 9, 39% et comparable aux valeurs rapportées par (Akinjayeju et Bisiriyu, 2004), La teneur en amylose dans les graines d'amidon influence le gonflement de la farine; les grains d'amidon avec une faible teneur en amylose sont moins rigides, ce gonflement est plus rapide (Adebooye et Singh, 2008; Sandhya et Bhattacharya, 1989). La richesse des graines en glucides confère une meilleure capacité de gonflement. L'analyse statistique montre une différence significative (P 0.05) pour l'indice de gonflement des études sur les accessions du niébé.

En ce qui concerne la capacité d'absorption d'huile (CAO), les valeurs obtenues sont inférieures à celles rapportées par (Oneh Abu et al., 2005) avec 0,83 g/gMs, et (Appiah et al., 2011) avec 1,95 et 2,31 ml/g. En effet, nos résultats ont montré que la NEA16 d'accession a la capacité d'absorption d'huile la plus élevée (0,493 g/gMs). Cette différence dans les valeurs obtenues est due à des différences dans la taille des particules de farines qui influenceraient naturellement leur utilisation dans tous les processus de préparation des aliments. En effet, l'augmentation de la taille des particules de farine a entraîné une augmentation du CAO de la farine, ainsi que des variations de la présence de chaînes latérales non polaires dans les farines qui peuvent lier les chaînes latérales des glucides aux lipides, ce qui explique les différences de capacité d'absorption de l'huile (Adebowale et Lawal, 2004; Séraphin et al., 2015) . La capacité d'absorption d'huile (CAO) aide à conserver la saveur des aliments (Aremo et Olaofe, 2007). La capacité des protéines de niébé à lier l'huile les rend utiles dans les systèmes alimentaires où l'imbibition d'huile est souhaitée. Les farines pourraient donc avoir une utilisation fonctionnelle dans des aliments comme la production de saucisses. La forte capacité d'absorption de l'huile rend également les farines appropriées pour faciliter l'amélioration de la saveur et de la sensation en bouche lorsqu'elles sont utilisées dans les préparations alimentaires (Appiah et al., 2011). Les accessions NEA7 et NEA17 pourraient donc être exploitées, car elles ont la capacité d'absorption de pétrole la

plus élevée. L'analyse statistique (C.H.A.) appliquée aux compositions chimiques et aux propriétés fonctionnelles de la farine indique une répartition des populations liée aux variations des conditions climatiques du site et des pratique (Sebetha et al., 2015). Le dendrogramme révèle qu'il existe des différences entre les échantillons d'accessions de niébé selon une composition de graines. Le premier groupe semble avoir une teneur élevée en humidité, tandis que le deuxième groupe à une faible teneur en humidité et le troisième une teneur élevée en protéines, une valeur énergétique élevée et un WAC et un OAC élevés.

Les résultats de la corrélation matricielle (tableau 7). a montré qu'il existe une relation positive et significative entre la teneur en humidité et la teneur en MDA (coefficient de corrélation Pearson de 0,52); Des relations positives existent également entre la valeur énergétique et des paramètres tels que la matière grasse (coefficient de corrélation Pearson égal à 0,47), l'indice de gonflement (coefficient de corrélation de Pearson égal à 0,27) et l'humidité (coefficient de corrélation de Pearson 0,85), les protéines et les glucides avec WAC (coefficient de corrélation de Pearson 0,360 et 0,363, respectivement). Les résultats de la corrélation matricielle (tableau 7). a montré qu'il existe une relation positive et significative entre la teneur en humidité et la teneur en MDA (coefficient de corrélation Pearson de 0,52); Des relations positives existent également entre la valeur énergétique et des paramètres tels que la matière grasse (coefficient de corrélation Pearson égal à 0,47), l'indice de gonflement (coefficient de corrélation de Pearson égal à 0,27) et l'humidité (coefficient de corrélation de Pearson 0,85), les protéines et les glucides avec WAC (coefficient de corrélation de Pearson 0,360 et 0,363, respectivement).

L'étude de la composition des certaines propriétés biologiques des extraits de graines de niébé montrent que ces accessions sont très riches en composées bioactif tels que les polyphénols, les flavonoïdes, tanins. Cette richesse résulte de l'effet des conditions extrêmement aride de Hoogar stimulant leur métabolisme secondaire pour produire des molécules bioactives. Nos résultats sont confirmés dans des études précédentes ((Awika et Duodu, 2017; Cui et al., 2012; Teka et al., 2020). En effet (Awika et Duodu, 2017) indiquent que leniébé est riche en polyphénols, en particulier le flavan-3-ols hautement glycosylés, et la prédominance inhabituelle des glycosides de quercétine, ces composé peuvent être utilisées dans les applications alimentaires bénéfique pour la santé. Ainsi, ces différents profils structures en polyphénols influence différemment les voies de prévention des maladies, l'interaction synergiques entre les peptides bioactifs et certains facteurs antinutritionnels tels que inhibiteurs de la protéase, avec les polyphénols du niébé améliore leurs effets positifs sur la prévention des maladies. De plus, le niébé contient également des peptides bioactifs

bénéfiques suggèrent un effet anti-inflammatoire important et des avantages contre le cancer, le diabète et les maladies cardiovasculaires des polyphénols et des peptides du niébé, avec un potentiel (Awika et Duodu, 2017; Gutiérrez-Urbe et *al.*, 2011).

5 CONCLUSION

Le niébé est une espèce très importante dans l'agriculture algérienne. L'extrême sud de l'Algérie (Hoggar) est un système agricole particulier pour le développement des cultures. Dans ces milieux, le niébé saharien est cultivé depuis très longtemps par les agriculteurs de ces régions. Leur culture dans ces milieux très hostiles devrait leur conférer un certain nombre de caractères adaptatifs, de valeurs nutritionnelles et de propriétés fonctionnelles. Cette étude préliminaire permet de collecter et de caractériser les accessions de niébés cultivées dans les régions arides de l'extrême sud de l'Algérie (Hoggar, Tamanrasset). En effet, les analyses biochimiques ont montré que les graines sont une excellente source de nutriments par leur richesse en protéines, en glucides et leurs bonnes propriétés fonctionnelles. Elles pourraient être exploitées dans la nutrition et pour la formulation d'aliments reconstitués. Cependant, une grande variabilité chimique est notée dans les différentes accessions de la même zone. Cette variation pourrait être attribuée aux propriétés d'accession inter-génétiques, à la composition phytochimique et à la diversité pédoclimatique de la région du Hoggar. De plus, les propriétés oxydatives, la peroxydation lipidique et la capacité antioxydante non enzymatique totale (CANET) sont très faibles tout en affichant une grande adaptation estimée. Ainsi, des recherches phytochimiques plus étendues. Il est fortement recommandé en particulier en ce qui concerne les composés bioactifs qui résultent de l'oxydation de stress comme l'activité antioxydante, et les composants phénoliques dans les confnes de ce domaine de recherche. Les variétés de niébés de Hoggar pourraient également être considérées comme prometteuses dans les climats semi-arides à arides. Ils offrent la possibilité d'une sélection directe sur les variétés existantes ou d'une amélioration génétique par hybridation pour un meilleur développement et une meilleure conservation.

*Chapitre V: Analyse de la diversité génétique de 18
accessions de niébés par des marqueurs moléculaires SSR
(Simple Sequence Repeat)*

CHAPITRE V : Analyse de la diversité génétique de dix huit accessions de niébés par des marqueurs moléculaires SSR (Simple Sequence Repeat)

1 Introduction

Une caractérisation moléculaire des accessions collectées est nécessaire et permettra de détecter les cas d'homonymie et de synonymie. Cette démarche a été déjà adoptée par plusieurs chercheurs en Algérie et d'autres pays (Gbaguidi et *al.*, 2015; Ghalmi et *al.*, 2010; Gupta et Gopalakrishna, 2010; Jacob et *al.*, 2016; Kuruma et *al.*, 2008; Makanur et *al.*, 2013; Menssen et *al.*, 2017; Molosiwa et *al.*, 2016; Ouedraogo et *al.*, 2010; Putri et Nugrahaeni, 2021). La caractérisation moléculaire a été effectuée au laboratoire de biologie moléculaire du Centre National de Recherche en Biotechnologie (C.R.Bt), en utilisant la méthode de génotypage classique basée sur la séparation des allèles amplifiés par électrophorèse sur gel Polyacrylamide (PAGE).

2 Matériel et Méthodes

2.1 Matériel végétal

Le matériel végétal utilisé a été constitué de dix-huit accessions de niébés rassemblées (Basseddik et *al.*, 2021) après plusieurs missions de collecte (Chapitre 3), ces accessions ont été utilisées auparavant pour la caractérisation morpho bio métrique et biochimique. (Chapitre 4 et chapitre 5).

2.2 Extraction de l'ADN par CTAB et purification de l'ADN extrait

Les graines ont été semées dans des boîtes de pétri contenant du tissu absorbant imbibé d'eau distillée à 28°C. Pour chaque accession, 5 graines ont été mises pour germination par boîtes en raison de trois répétition. Une fois que la première feuille apparaît, les petites plantules sont transférées dans des pots contenant du terreux et placées dans une serre vitré au niveau de C.R.Bt. L'extraction de l'ADN a porté sur des jeunes feuilles prélevées à partir de trois (3) plants par accessions âgées de 10 jours. De chaque plants 100 mg de tissus de jeune feuilles ont été prélevés et broyés dans l'azote liquide pour l'extraction de l'ADN. L'extraction a été réalisée selon le protocole de (ICARDA, 2014).

La qualité de l'ADN extrait a été vérifiée sur gel d'agarose 1%, en raison de 5 µl d'ADN avec 2 µl de bleu de bromophénol et 2 µl d'eau ultra pure ont été déposés dans les puits de gel. la migration a été faite dans un tampon TBE 1 X (Tampon Tris Borate) pendant 15 à 30

minutes à 100 volts, le marqueur Lambda DNA/EcoRI+HindIII (GeneON) a été pris comme référence pour estimer la qualité de l'ADN extrait (Fig .99).

La concentration et pureté ont été mesurées par le spectrophotomètre Nanodrop (Nanodrop™ 8000, ThermoFisher Scientific).

Deux ratios ont été mesuré à fin évaluer la pureté des acides nucléiques. Le ratio A260/280, un ratio de 1.8 à 2 est généralement acceptable pour confirmer la pureté de l'ADN extraite. Si par contre le ratio est inférieur à 1.8, cela indique la présence de protéines, de phénols ou d'autres contaminants qui absorbent à 280 nm.

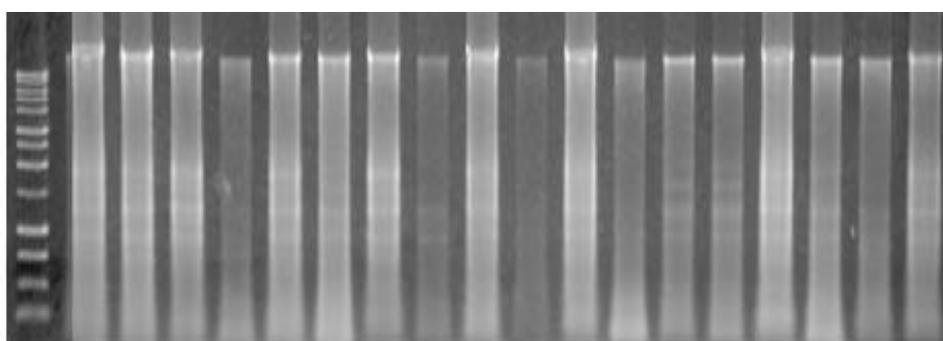


Figure 99 : Révélation sur gel d'agarose (1%) de l'ADN génomique. Qualité de L'AND le marqueur Lambda DNA/EcoRI+HindIII commereference de gauche au droite.

2.3 Choix des marqueurs SSR

Treize (13) amorces SSRs conçu pour le génotypage de niébé par (Li et *al.*, 2001) caractérisée par une répétition de tri-nucléotides ont été sélectionnées sur la base de leur haut degré de polymorphisme et la bonne qualité de leurs amplification (Tableau 21).

Tableau 19: Liste des marqueurs SSR utilisées.

N°	SSR	Primer séquence (5'-3')	Primer séquence (3'-5')
1	VM2	5'GTC CAA AGC AAA TGA GTC AA	5'-TGA ATG ACA ATG AGG GTG C-3'
2	VM19	5'TAT TCA TGC GCC GTG ACA CTA	5'-TCG TGG CAC CCC CTA TC-3'
3	VM5	5'AGC GAC GGC AAC AAC GAT	5'-TTC CCT GCA ACA AAA ATA CA-3'
4	VM31	5'-CGC TCT TCG TTG ATG GTT ATG	5'-GTG TTC TAG AGG GTG TGA TGG TA-3'
5	VM12	5'-TTG TCA GCG AAA TAA GCA GAG A	5'-CAA CAG ACG CAG CCC AAC T-3'
6	VM39	5' GAT GGT TGT AAT GGG AGA GTC	5'-AAA AGG ATG AAA TTA GGA GAG CA-3'
7	VM71	5' TCG TGG CAG AGA ATC AAA GAC AC	5'-TGG GTG GAG GCA AAA ACA AAA C-3'
8	VM9	5' ACC GCA CCC GAT TTA TTT CAT	5'-ATC AGC AGA CAG GCA AGA CCA-3'
9	VM68	5'CAA GGC ATG GAA AGA AGT AAG AT	5'-TCG AAG CAA CAA ATG GTC ACA C-3'
10	VM35	5'GGT CAA TAG AAT AAT GGA AAG TGT	5'-ATG GCT GAA ATA GGT GTC TGA-3'
11	VM70	5'AAA ATC GGG GAA GGA AAC C	5'-GAA GGC AAA ATA CAT GGA GTC AC-3'
12	VM22	5' GCG GGT AGT GTA TAC AAT TTG	59GTA CTG TTC CAT GGA AGA TCT-3'
13	VM36	5' ACT TTC TGT TTT ACT CGA CAA CTC	5'-GTC GCT GGG GGT GGC TTA TT-3'

2.4 Amplification (PCR) et detection des polymorphismes

La composition du mélange réactionnel adopté est celle décrite par (Badiane et *al.*, 2012) avec quelques modifications apportées. Les réactions PCR pour un volume final de 25 µl ont été réalisées dans un thermocycleur du type (BIORAD C1000, USA). Les amplifications ont été réalisées avec 5 U de Taq (Green Taq, thermofisher) a été utilisé par réaction PCR, 2.5 µL 10X PCR buffer (MgCl₂), 100 ng d'ADN génomique, 1 µM de chaque amorce, et 1 mM de chaque dNTP dans un volume final de 25 µL (tableau 22). le profil d'amplification est comme suit l'étape de pré-dénaturation 3 min à 94°C suivi de 45 cycles de 1 min à 94 °C, 1 min de 53 à 60 °C, selon la T° d'alignement de chaque amorce, suivi de 2 min à 72 °C et une extension finale 3 min à 72 °C. Les produits PCR d'amplification ont été visualisée sur gel d'agarose à 2 % à l'aide d'un appareil d'électrophorèse à 100V pendant 10 à 20 min, puis les tailles des amplicons ont été identifier sur électrophorèse de gel de polyacrylamide non dénaturé 6% (PAGE).

Tableau 20: Composition du mélange réactionnel pour PCR/SSR selon (Badiane et *al.*, 2012) modifié.

Mix PCR		
Composants	Concentration	Volume (25µl)
DNTP	1mM	0, 5
PCR buffer (Mgcl ₂)	10X	2, 5
Taq polymerase	5U	0, 3
Amorce F	1µM	2, 5
Amorce R	1µM	2, 5
Eau ultra-pure (H ₂ O)	/	14, 7
ADN génomique (ng)	100	2
Volume total	/	25

2.5 Test des amorces et optimisation des températures d'hybridation

Les 13 amorces choisis ont été testés sur des échantillons d'ADN différents, l'optimisation des conditions d'amplification a été procédé, un gradient de température d'hybridation varie de 53 à 61°C a été établie pour chaque amorce, à fin de sélectionner la température adéquate. (Fig .100).

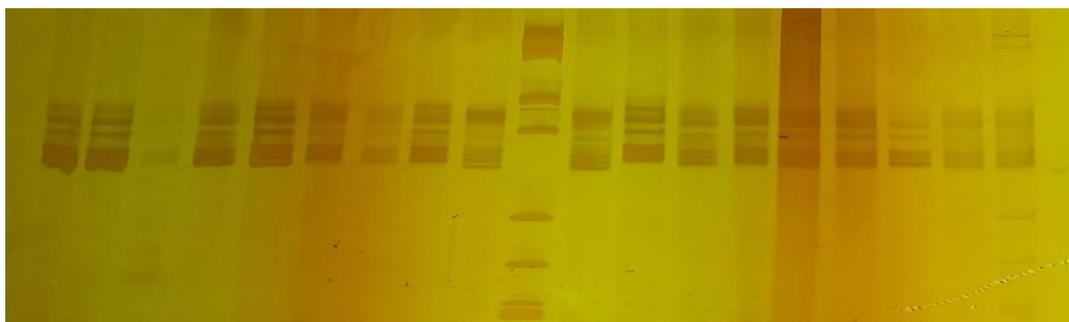


Figure 100: Révélation des amplifias d'ADN obtenus sur quinze plants de niébé avec l'amorce VM31 sur gel polyacrylamide 6 %, M : marqueur de taille 100 pb DNA Ladder.

2.6 Révélation des bandes amplifiées sur gel polyacrylamide (PAGE)

Les produits PCR ont été séparés par électrophorèse capillaire sur un gel de polyacrylamide 6%. Le marqueur de référence PUC19 digest Sau (Solis BioDyne, ThermoFisher Scientific) a été utilisée comme marqueur de poids moléculaire, le gel a été coulé entre deux plaques jusqu'au bord supérieur et laissé polymérisé pendant environ 60 minutes. L'électrophorèse a été réalisée par le tampon TBE 1x pendant 2 à 3 heures à 300 V. Après migration, les plaques ont été séparées et le gel a été mis délicatement dans quatre bacs contenant des solutions différents à fin de fixer, colorer et développer les bandes. Le logiciel image Lab version 5.0 (BioRad, ThermoFisher Scientific) a été utilisée pour photographie les gels, traiter les images obtenus et calculer la taille des bandes.

2.7 Analyse des données

Pour chaque locus, Les fragments amplifiés ont été marqués comme présents 1 ou absents 0 à fin de générer une matrice binaire basée sur les profils génétiques de chaque accession. La proportion des fragments amplifiés similaires a été utilisée pour obtenir une matrice de similarité basée sur le coefficient de Jaccard et un dendrogramme a été construit en utilisant l'UPGMA. Toutes ses analyses ont été réalisées par le logiciel NTSYSpc 2.11 (Exeter Software, Setauket, NY).

Les indices de diversité génétiques ont été calculés par le logiciel GenAlex 6.5 (Peakall and Smouse 2006, 2012) , la diversité génétique par locus et par population a été évaluée selon les paramètres tels que le nombre moyen d'allèles par locus (N_a), nombre moyen d'allèles efficaces par locus (N_e), hétérozygoté observée (H_o), hétérozygoté attendue (H_e), indice de fixation de Wright (corrigé ($G'st$ (Nei, 1987) et le coefficient de consanguinité (F_{is}). La distance génétique entre les populations a été calculée en utilisant la distance

génétique de Nei entre les populations mises en œuvre dans GenAlEx. Les informations PIC polymorphique a été calculé selon la formule de (Botstein, White, Skolnick, & Davis, 1980) où P_i et P_j sont les fréquences des allèles i th et j th selon la formule :

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^n \sum_{j=i+1}^n 2 P_i^2 P_j^2$$

:

L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) a également été identifiée à l'aide de GenAlEx. Afin d'évaluer la relation entre les accessions de niébé, Les relations génétiques entre les génotypes ont été présentés par classification en utilisant une matrice de similarité a partir de cette matrice, un dendrogramme a été construit partir de la matrice d'agrégation par regroupement basée sur le coefficient de Jaccard et un dendrogramme a été construit en utilisant la méthode du lien moyen UPGMA, De plus La relation multivariée entre 18 accessions de niébé a été établie par l'analyse des composantes principales (APC) à l'aide du logiciel NTSYS-pc 2.11 (Rohlf, 1997). Les accessions ont été projetées le long des trois premiers axes principaux pour visualiser les affinités génétiques.

La structure génétique de la population a été analysée à l'aide de la méthode bayésienne par le logiciel STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), Pour les valeurs de cluster de $K=1$ à $K=10$, un modèle d'ascendance de mélange et un modèle de fréquence d'allèle corrélé ont été utilisés pour effectuer un algorithme de simulation de Monte Carlo de chaîne de Markov (MCMC). Chaque exécution a été appliquée avec un 'burn-in period' de 10,000 suivis par 100,000 'Monte Carlo Markov Chain', et pour chaque valeur K , le calcul a été répété 10 fois. L'algorithme d'Evanno et al. (2005) a été calculé pour déterminer le nombre optimum de population (K) avec le logiciel STRUCTURE harvester (Earl et vonholdt, 2012). Les accessions avec des proportions de membres (valeur Q) supérieures à 70 % ont été considérées comme pures et faisaient partie de leur groupe correspondant, tandis que les accessions avec des proportions de membres inférieures à 70 % ont été considérées comme des accessions avec origine mixtes. Pour minimiser la variance entre tous les réplicats de la valeur K sélectionnée, le programme informatique CLUMPP version 1.1 (Jakobsson et Rosenberg, 2007) a été utilisée pour générer une seule matrice Q . Enfin, la visualisation a été réalisé avec un programme d'interface en ligne appelé STRUCTURE PLOT (Ramasamy et al. 2014).

3 RESULTATS

3.1 Polymorphisme des SSR et indices de variabilité génétique

Le test des 13 amorces SSR a permis de sélectionner 12 amorces pour l'amplification et la reproductibilité, Parmi eux, l'amorce (VM19) était monomorphe et ne montrait que deux fragments d'amplification de la taille 122 et 114 bp chez les dix huit accessions. En effet, un total de 103 allèles a été noté parmi les 12 locus utilisés dans cette étude, allant de 6 allèles pour le locus VM9 à 11 pour les locus VM31 (195-234bp), VM70 (178 -341bp), VM68 (166-307 bp) avec une moyenne de 8.750 par locus. Les fréquences des allèles variaient de 0,028 (pour l'allèle 280 bp au locus VM9, 234 bp au locus VM31, 211 bp au locus M12, 293 bp au locus VM39, 112 bp au locus VM35, 307 bp au locus VM68 et 229 bp au locus VM2) à 0,333 (pour les allèles 138 bp locus VM35). Les fréquences des allèles globaux variaient de 0,091 au locus VM31, VM68 et VM70 à 0,167 au locus VM9 et VM36.

La diversité génétique et le contenu d'information polymorphe PIC par locus calculé sont présentés dans le Tableau 23. La diversité génétique totale (H_e) varie de 0,756 (VM9) à 0,883 (VM70) avec une moyenne de 0,822, l'hétérozygotie totale observée (H_o) était également élevée allant de 0.778 à 1,00 avec moyenne de 0.958. Les valeurs moyennes du F (indice de fixation de Wright) variaient de - 0,085 à -0,322 avec moyenne de - 0,167. Les valeurs négatives pour les coefficients de Fis indique qu'il n'existe pas de différenciation génétique entre les groupes de la population étudiée et un excès en hétérozygoties au sein de la population.

Les valeurs PIC sont élevée indiquant que ces loci sont très hautement informatif. Ils variaient de 0,716 (VM9) à 0,872 chez (VM70) avec une moyenne de 0,794 par locus. Les loci le plus informatif était VM70 suivi par les locus VM68 et VM12, bien que le locus VM9 a été moins informatif.

Tableau 21: Nom du locus, taille de la gamme de fragments amplifiés et paramètres génétiques dans la collection de niébé analysée en Hoogar.

Locus	Na	Ne	I	Ho	He	F	Seize (bp)	Nar	Nau	PIC
VM9	6	4,101	1,521	1,000	0,756	-0,322	280-334	2	3	0,716
VM22	7	4,738	1,706	1,000	0,789	-0,268	195-233	1	2	0,759
VM31	11	5,945	2,079	1,000	0,832	-0,202	195-234	3	1	0,816
VM5	8	6,021	1,891	0,941	0,834	-0,129	183-238	2	5	0,812
VM12	9	6,416	2,021	0,778	0,844	0,079	178-231	4	4	0,726
VM39	9	5,635	1,946	1,000	0,823	-0,216	182-223	1	3	0,802
VM35	8	4,629	1,793	1,000	0,784	-0,276	107-221	2	8	0,756
VM71	9	6,400	1,984	1,000	0,844	-0,185	214-267	3	7	0,825
VM70	11	8,526	2,277	1,000	0,883	-0,133	178-341	/	5	0,872
VM68	11	7,043	2,150	1,000	0,858	-0,165	166-307	3	6	0,844
VM36	6	5,352	1,739	0,882	0,813	-0,085	120-163	/	6	0,788
VM2	8	5,226	1,819	0,889	0,809	-0,099	156- 224	2	4	0,784
Moyenne	8,58	5,836	1,910	0,958	0,822	-0,167	/	2,3	4,5	0,794

Na : Nombre d'allèles par locus, Ne : Nombre d'allèles effectifs, I : Indice d'information, He : Hétérozygotie attendue, Ho : Hétérozygotie observée, Nar : Nombre d'allèles rares, Nau : Nombre d'allèles uniques, Fr : Fréquence allélique, Fis : Coefficient de consanguinité, FST : Indice de fixation de Wright, PIC : contenu d'information polymorphe.

Au total, 23 allèles rares (22,85 %) ont été observés à 10 SSRs. Le nombre d'allèles rares détectés à chaque locus est présenté dans le tableau 24. Le nombre d'allèles rares variait de 1 (VM22 et VM39) à 4 (VM12). Alors que le nombre d'allèles unique variait de 1 (VM31) à 8 (VM 35). Au total, 7 allèles uniques parmi les 24 allèles rares ont été détectés à 4 locus SSR (VM31, VM12, VM71, VM68). Les indices génétiques au sein de la population ont été calculé (tableau 24), La plus forte variation de diversité génétique totale a été observée dans la population Tamanrasset (He = 0,792) suivi du In Saleh (He = 0,727) avec moyenne de 0, 667. L'hétérozygotie totale observée (Ho) était également élevée allant de 0,956 à 1,00 avec moyenne de 0,956. De manière générale, Tandis que Les valeurs du coefficient de wright F ont été négatives et caractérisée par un excès d'hétérozygotes.

Tableau 22: Indices génétiques de la population pour les 12 loci microsatellites

Populations	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
In Saleh	4,333	3,879	1,385	1,000	0,727	0,872	-0,388
Tamanrasset	7,333	5,374	1,762	0,956	0,792	0,828	-0,216
In Guezzam	2,833	2,660	0,913	0,917	0,551	0,661	-0,716
Menas	4,806	3,881	1,299	0,956	0,667	0,879	-0,505

3.2 Structuration de la diversité génétique

Les similitudes génétiques entre les accessions ont été estimées sur la base de la distance de Jaccard. Un dendrogramme UPGMA a été construit pour toutes les accessions et Parmi tous les dendrogrammes possibles pour 12 SSR utilisées, celui présentant le coefficient de corrélation le plus élevé (0,90) a été adopté (Fig.101), et deux groupes ont été clairement distingués (I, II). Le cluster I comprend principalement des individus des trois populations étudiées (Tamanrasset, In Salah et In Guezzam) et peut être divisé en deux sous-groupes : Un sous- groupe (A) contenant les accessions des populations de In Saleh et Tamanrasset (NEA1, NEA3, NEA4, NEA2, NEA5). Le deuxième sous-groupe (B) contient les accessions des populations d'In Guezzam (NEA6, NEA7, NEA8). Tandis que le second groupe (II) comprend principalement des individus de la population Tamanrasset et In Salah et peut être divisé en deux sous-groupes (C et D) renfermant les accessions Inghar et Tamanrasset (NEA10, NEA11, NEA18, NEA13, NEA9, NEA15) et le sous-groupe (D) renferme les accessions (In Amguel) représenté par deux accessions NEA17 et NEA18. L'analyse UPGMA a également permis d'identifier un cas de synonymie entre les accessions NH14 et NH15 présentant le même profil génétique pour les 12 SSR utilisés.

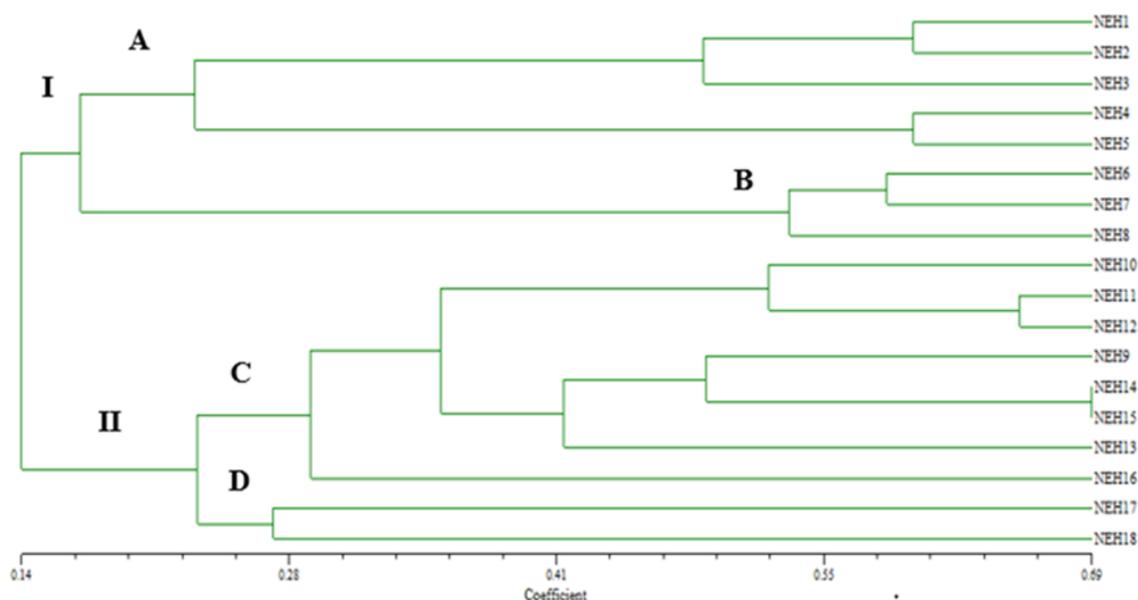


Figure 101 : Dendrogramme UPGM montrant les relations entre les accessions d'Hoogar de niébé, en utilisant 12 marqueurs SSR basé sur la distance de Jaccard.

L'analyse ACP a montré que les 3 premiers axes expliquent 72, 13 % de la variabilité totale et qu'ils contribuent séparément 38, 37% (PC1), 18, 62% (PC2), and 15,14% (PC3), respectivement (Fig. 102). De même, l'analyse de l'APC sur 18 accessions a montré qu'elles étaient divisées en deux grands groupes selon leur origine géographique tels que l'analyse UPGMA. L'une regroupe les accessions de centre et sud d'Hoogar et l'autre renferme les accessions de Nord et centre d'Hoogar.

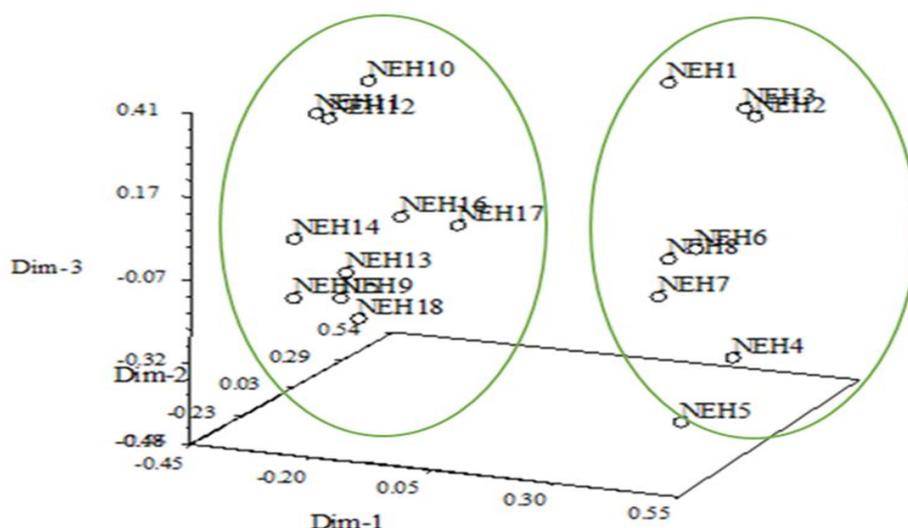


Figure 102: The principal components analysis (PCA) of 13 SSR marker data of the 18 Algerian cowpea accessions.

3.3 Analyse AMOVA

Les résultats de l'analyse AMOVA ont montré que la variabilité génétique s'expliquait par une différence au sein des individus représentant la portion la plus élevée (92 %), alors que 8 % de la variabilité de la variance observée parmi les populations en fonction de leur emplacement géographique. (Tableau 25). Ce résultat était conforme au $F_{is} = -0,164$, Les deux résultats indiquent que la variation génétique des accessions locales de niébés se portée principalement au sein des populations. De plus, selon Wright (1978) Valeur de F_{st} entre 0,05- 0,15 indiquent une différenciation modérée entre les sous populations La variation entre les populations est inférieure à la variation au sein de la population (variabilité intra accessions).

Tableau 23. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA) pour 18 accessions du niébé de trois populations évaluées et Valeurs des indices de fixation Fst, Fis, Fit.

Source de variation (SV)	Df	SS	MS	Es. Var	%	Indice
Variation Entre Accessions	2	17,306	8,653	0,513	8%	0,069 Fst
Variation Entre Individus	15	60,500	4,033	0,000	0%	-0,164 Fis
Variation au sein populations	18	101,000	5,611	5,611	92%	-0,054 Fit
Total	35	178,806		6,124	100%	

Df : degrés de liberté ; SS : somme des carrés ; MS : Moyens des carrés ; Es. Var: variance estimée ; S.V : source de variation.

3.4 Distance génétique

La plus grande distance génétique de Nei était entre la population d’In Salah et celle de Guezzam (0,743), également entre la population Tamanrasset et In Guezzam (1,212) (Tableau 26).

Tableau 24: Distance Genetique Nei’sGst pour toutes les paires de population

In Saleh	Tamanrasset	In Guezzam	
–			In Saleh
0,367	–		Tamanrasset
0,743	1,212	–	In Guezzam

L’indice de diversification des accessions (Fst) est de 0,047 entre la population d’In Salah et celle de Tamanrasset, 0,154 entre la population Tamanrasset et In Guezzam et 0,132 entre la population In Salah et In Guezzam (Tableau 27).

Tableau 25 : Valeurs de Fst de la population par paires

In Saleh	Tamanrasset	In Guezzam	
–			In Saleh
0,047	–		Tamanrasset
0,132	0,154	–	In Guezzam

3.5 Population Structure

Après recueil des données génétiques des accessions pour l’ensemble des SSRs, il serait intéressant d’investiguer si les individus sont structurés en sous populations. Pour ce faire, les méthodes biaisées permettent d’associer le profil génétique avec une distribution spatiale ou à

une spécification d'un caractère morphologique. En fait, l'analyse en soit utilisé une méthode ad hoc pour prédire le nombre de groupe (K) potentiel qui sépare les individus en sous populations en assignant un coefficient d'appartenance à chaque individu pour chacun des groupes (cluster).

Les résultats générés par le logiciel STRUCTURE sont proches de ceux obtenus par UPGMA et l'ACP. En utilisant l'information préalable basée sur l'origine géographique ainsi que les caractères génétique communs le ΔK arrive à son maximum autour de $K=6$ (Fig. 103 ; 104) suivi des piques à $K=2$ puis $K=4$. Il est donc clair que la meilleure probabilité de la valeur du nombre de groupe est celle de $K=6$. Le coefficient d'appartenance des accessions NEH6, NEH7 et NEH8 est supérieur à 0.8, ce qui indique qu'ils sont assignés à un groupe distinct (I). Les accessions NEH 17 et NEH 18 sont également assignés à un groupe distinct (II) avec un coefficient d'appartenance de plus de 0.8. Par ailleurs, les autres accessions présentent des coefficients d'appartenance très faible inférieure à 0.5 et ont donc une origine mixte. En d'autres mots, il y a un mélange entre les quatre pools génétiques restant due certainement à un flux de gènes.

Selon la figure du plot, le groupe A est séparé en deux groupes distinct. En effet l'accession NEH9 présente un profil génétique différent des autres accessions du groupe A et semblable a quelques accessions du groupe B. Ce dernier, est séparé en 5 groupes différents dont les accessions NEH16, NEH18 et NEH 17 présentent un profile unique.

D'autre part, les accessions NEH1, NEH2 et NEH4 présentent un profiles semblable à celui du groupe A. Enfin, le groupe C originaire d'In Guezzam présente un profil génétique différent et constitue un pool génétique unique.

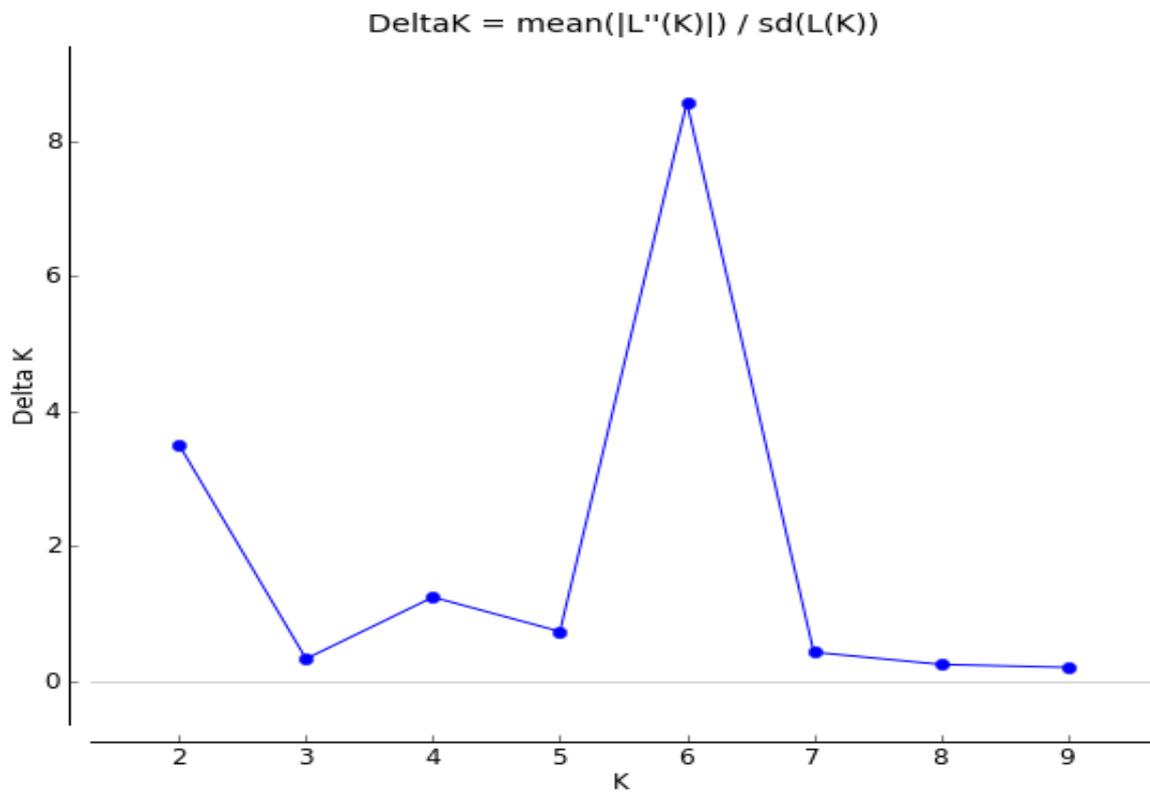


Figure 103: Le taux de second ordre de changement en fonction du K (ΔK), à travers 10 runs, pour une variation du K entre 1 à 10.

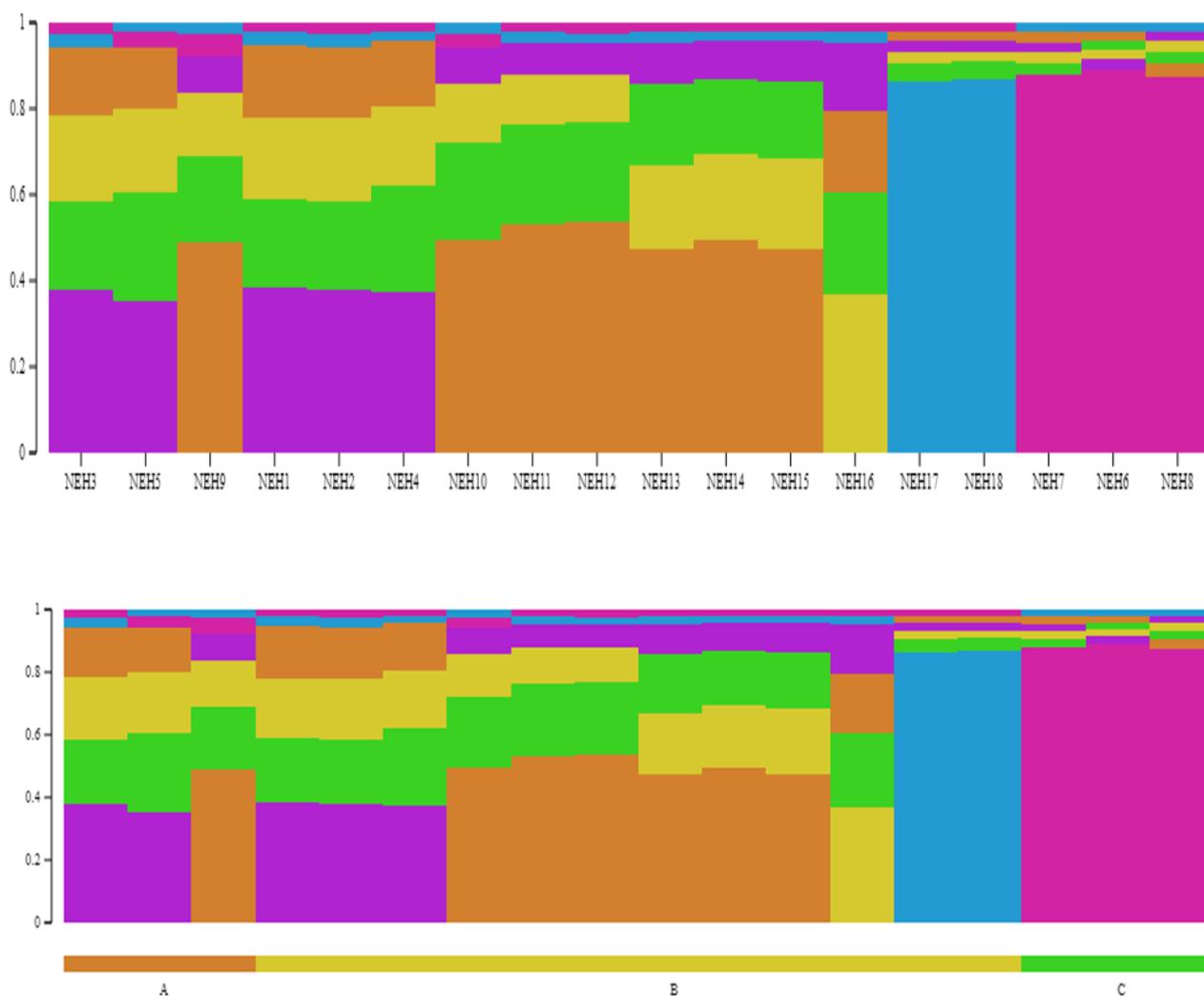


Figure 104 : structuration de la population pour différents K. Chaque individu est représenté par une ligne verticale constituée par des segments coloré qui représentent la fraction d'adhésion dans chaque cluster.

4 DISCUSSIONS

Les SSRs sont des marqueurs moléculaires efficace pour analyser du génome de nombreuses cultures de légumineuses (Badiane *et al.*, 2012; Doldi, *et al.*, 1997; Hüttel *et al.*, 1999; Li *et al.*, 2001; Marubodee *et al.*, 2015; Mengoni *et al.*, 2000; Suvan *et al.*, 2020; Xu *et al.*, 2011) et dans l'établissement de la cartographie génétique (Kongjaimun *et al.*, 2012; Menéndez *et al.*, 1997; Varshney *et al.*, 2009; Yu *et al.*, 2000). Cependant, la diversité génétique des accessions locales de niébé n'a pas fait sujet d'études intensives en Algérie. Par

conséquent, ce travail représente la première évaluation génétique de la diversité locale de niébé par les marqueurs SSR en Algérie.

Le nombre moyen d'allèles détectés par locus (8,58) est similaire à celui obtenu par (Ali et al., 2015) dans l'analyse de certaines collections de germoplasme du niébé du Soudan, (Mafakheri et al., Abbasi, 2017) a montré un nombre élevé d'allèles allant de 4 à 14 par locus avec des moyennes de 8,45 lors de l'utilisation de 22 séquences répétées de paires d'amorces (SSR) parmi 32 géotypes de niébés. De plus, les auteurs (Asare et al., 2010; Gupta et Gopalakrishna, 2010) ont signalé un degré plus faible de polymorphisme parmi 141 accessions de niébés du Ghana à l'aide de 20 amorces. Cependant, d'autres études réalisées par (Badiane et al., 2012) ont signalées un nombre d'allèles élevée par rapport à notre études, ils varient de 1 à 16 par locus lors de l'utilisation de 44 ensembles d'amorces dans l'ensemble des cultivars de niébé du Sénégal. De même, (Doumbia et al., 2014) a montré un nombre plus élevé de 7 à 27 allèles par locus. (Gupta et Gopalakrishna, 2010) ont signalé un nombre d'allèle inférieurs à nos résultats de 3,8 par locus

Dans cette étude, l'indice du PIC varie entre 0,61 à 0,92 avec une moyenne de 0,83. La fréquence allélique varie de 0,17 à 0,45 avec une moyenne de 0,28 ; la valeur de la diversité génétique de 0,66 à 0,92 avec une moyenne de 0,84 ; hétérozygotie observée a enregistré une moyenne de -0,958. Des études similaires à l'aide de 20 marqueurs SSR ont été impliquées dans l'étude de 94 accessions maintenues dans deux pays (Ghana et Mali). De même, (Mafakheri et al., 2017) ont montré un nombre élevé d'allèles allant de 4 à 14 par locus avec des moyennes de 8,45 et un total de 186 allèles ont été détectés lors de l'utilisation de 22 séquences répétées de paires d'amorces (SSR) parmi 32 géotypes de niébés, (Li et al., 2001) a montré un faible nombre d'allèles de 2 à 7 par locus avec une moyenne de 4,46 et un contenu d'information polymorphe (PIC) variant de 0,02 à 0,73. Les amorces VM31, VM68, VM70, VM39, VM71, VM35 ont amplifiés un nombre d'allèles les plus élevées ; ces résultats sont semblables à ceux déclarés par (Li et al., 2001). Le niveau élevé de diversité signalé dans la présente étude peut être attribué à l'information élevée des marqueurs choisis d'où leur PIC élevé. En effet, Varshney et al. (2009) ont signalé que les marqueurs polymorphes SSR et la diversité des géotypes étudiés (régions géographiques différentes, types botaniques et statut biologique différents) augmentent le niveau de diversité génétique total. Cette différence entre les résultats fondés sur diverses études antérieures sur la diversité

du niébé peut être due à la source diversifiée de la matière et à la diversité des loci microsatellites utilisés pour les analyses.

La diversité génétique du niébé cultivé et ses espèces sauvages a été largement étudiée par des marqueurs isozymes (Panella et Gepts, 1992 ; *aestivum* L., Devos et al. 1995; Roder et al. 1995), Pasquet, 1993, 1999; Vaillancourt et al. 1993) et des protéines de stockage de semences. (Fotso et al. 1994). Le niébé cultivé présentait une diversité génétique inférieure à celle de nombreuses autres cultures (Doebley, 1989 ; Li et al., 2001), et en particulier les légumineuses (Pasquet, may explain the incongruities. 1993, 1999).

Les études précédentes sur la diversité du niébé utilisant les RAPD et les ISSR sur des accessions de niébé en Algérie ont fourni des informations sur les niveaux de diversité, les résultats montrent que les deux techniques peuvent être utilisées pour quantifier les distances génétiques parmi les variétés de niébés (Ghalmi et al., 2010).

Les marqueurs microsatellites sont les plus efficaces pour déterminer la relation entre les obtentions de niébé et les variétés, alors que les RAPD ou combinaison des marqueurs RAPD et SSR n'ont pas été aussi efficaces pour élucider la relation génétique s entre les variétés locales de niébés dans Sénégal et les lignées reproductrices (Diouf & Hilu, 2005). En conclusion, les microsatellites nucléaires ont été un outil puissant pour évaluer la parenté génétique entre les variétés de niébés.

Les indices de diversité génétique obtenus dans le présent travail étaient élevés ($H_e = 0,822$ et $PIC = 0,749$) par rapport aux études précédentes où un plus grand nombre de marqueurs et d'accessions ont été utilisés (Mafakheri et al., 2017) ont signalé un hétérozygotie (H_e) global de 0,135 et un pic global de 0,45 dans une analyse de différents génotype de niébé en provenance de 7 pays (America , Columbia, Nigeria, India, Paraguay, Belgium et Iran) par 22 SSR. De même, Li et al., (2001) ont enregistré PIC de 0,38 en analysant les similitudes génétiques entre 90 lignées de reproduction du niébé IITA à l'aide de 27 SSR. (Badiane et al., 2012; Gupta & Gopalakrishna, 2010) Ont montré un PIC de 0,53 et 0,238 respectivement. Suvan et al.(2020) ont signalé une hétérozygotie (H_e) global de 0,65 et un pic global de 0,6 ont analysé différents génotype de *Vigna mungo* (L.). La conservation des séquences de microsatellites a également été observée dans d'autres légumineuses (Choumane et al. 2000, Phansak et al. 2005).

Le niveau relativement élevé de polymorphisme trouvé dans ce travail était attendu en tenant compte de l'origine géographique du matériel analysé. En fait, supposons que la

plupart des acquisitions des deux collections proviennent de différentes origines, le Mali et le Nigéria, par conséquent, ont une origine géographique différente. De même, un nombre élevé d'allèles privés (54) et rares (23) ont été amplifiés dans cette étude.

Nos résultats sont inférieurs que celles signalées par Ren *et al.* (2014) et Wang *et al.* (2016) (86 allèles rares à 66 locus et 127 allèles rares parmi eux 59 étaient uniques à un génotype, respectivement), cela pourrait principalement être dû à l'utilisation d'un nombre inférieur d'accessions dans cette étude (18 accessions). Souvent, les allèles « privés » pourraient indiquer la présence de génotypes particuliers avec des allèles uniques dans une population et, par conséquent, pourraient être un indicateur d'accessions potentielles avec des caractères intéressants convenant à l'amélioration des cultures et peut donc être utilisé dans les programmes de sélection appliquée (Varshney *et al.* 2009).

L'étude réalisée par (Hegde et Mishra, 2009) montrent que les accessions de niébé constituent une source importante de variation génétique pour des traits uniques de sélection d'une part pour des caractères de productivités tels que les gousses/plantes, les gousses/pédicelles, une meilleure capacité de remplissage des gousses (indice de graine), le rendement en grain/plante), d'autre part à l'égard de résistance aux stress abiotique. Cependant, certains croisements entre les accessions éliminent la complexité de nouvelles mutations qui n'existent pas chez les parents (Hegde et Mishra, 2009). De plus, La nouvelle accession DWDC 016 a été ajoutée, qui peut être utilisée pour améliorer les cultivars en transférant des traits économiques tels que la gousse/pédoncule et l'indice de graine aux cultivars et augmenter le rendement en graines.

La différenciation génétique entre les 3 populations est modérée. Selon Wright, (1978) en fonction de la valeur F_{st} , quatre degrés de différenciation génétique sont possibles :

$0 < F_{st} < 0,05$ une différenciation est faible, $0,05 < F_{st} < 0,15$ une différenciation modérée, $0,15 < F_{st} < 0,25$ une différenciation importante, $F_{st} > 0,25$ une différenciation très importante, $F_{st}=0$ les sous-accessions sont identiques.

Coef de consanguinité F ou F_{is} reflète la différenciation des individus à l'intérieur des populations et trois cas sont présents :

$F = 0$ la population est en équilibre de Hardy-Weinberg, $F > 0$ un déficit en hétérozygote (consanguinité), $F = 1$: fixation complète (cas d'autofécondation), Si $F < 0$: hétérozygotie excédentaire (Wright, 1978)

L'analyse de la variance (AMOVA) (Tableau 24) indique que 92% de la variabilité se situe à l'intérieur des groupes et que seulement 8% se situe entre les groupes. De plus les valeurs des indices F_{is} et F_{it} sont négatives ce qui signifie qu'il y a pas de différenciation génétique entre les groupes de la population étudiée et représentent un excès d'hétérozygotes, et que les obtentions ne sont pas soumises à une consanguinité intensive, probablement en raison de la culture généralisée d'un cultivar multiplié par voie végétative. L'indice F_{st} est 0,069 indique une différenciation modérée entre les sous populations. Une valeur de F_{st} allant de 0,05 - 0,15 montre une différenciation modérée Wright (1978), Ces indices sont liés à l'effet des croisements non aléatoires au sein des sous populations (consanguinité), L'AMOVA a révélé que la variation génétique totale de germplasma a été principalement réparti dans la variation entre les adhésions (81 %) et la variation entre les sous- populations (19 %; tableau 5). Le coefficient de consanguinité (SIF) était remarquablement élevé, ce qui laisse entendre que les sous-populations inférées étaient principalement composé de lignées consanguines (Sodedji et al., 2021).

Les distances génétiques détectées ont été modérées, entre les individus de la population d'In Guezzam et celle d'In Salah et Tamanrasset cela se traduit par des différences entre les profils moléculaires engendrés. Ils ont montrés une différence de 36 allèles appartenant à 12 loci entre la population In Guezzam et d'In Salah, et une différence de 78 allèles appartenant à 12 loci entre la population In Guezzam et Tamanrasset, ces allèles permet de distinguées entre les populations et entre les individus de chaque populations.

Les accessions peuvent être différenciées pour un seul allèle (280 pb) spécifique à la population d'In Salah, ou pour de 2 allèles ou plus. Plusieurs allèles sont communs entre les trois populations, (334 pb, 226pb, 216 pb, 183 pb, 292 pb, 196 pb, 319 pb, 138 pb ,....). Cette diversité génétique observée entre population explique les résultats de diversité phénotypique chez les accessions étudiées. La distance génétique de Nei entre les trois populations variait de 0,367 (entre d'In Saleh et Tamanrasset) et semblaient être génétiquement proches. La distance génétique entre In Saleh et In Guezzam est de 1,26 cela signifie qu'ils sont les plus éloignées génétiquement.

L'analyse de l'UPGMA a permis de distinguer 17 accessions de niébé étudiées sans ambiguïté. Certaines accessions ayant le même profile génétique et considérées comme génotype identique, c'est l'exemple des deux accessions NEA4 et NEA5, supposant que ce sont des descendances du même donneur. De même, On suppose qu'il a associé les accessions

en sous- populations. Ces dernières se composaient principalement de lignes, qui partageaient des allèles communs bien qu'ils soient de régions géographiques différentes (Sodedji et al., 2021).

Les accessions sont classées séparément de leur origine géographique. Ceci peut être expliqué par le fait que niébé est une espèce cosmopolite pouvant s'adapter à diverses conditions environnementale Ces résultats sont confirmés dans notre étude lorsque on implante des accessions de niébé collectées en extrême sud (Hoogar, Algérie) au nord (Alger), une grande adaptation ont été remarqués. Des études similaires ont montrés que le dendrogramme établie sur la base du polymorphisme des microsatellites est généralement accepté. De même les enregistrements généalogie des lignées de niébé indiquent un polymorphisme faible par rapport à d'autres cultures (Li et al., 2001). Nos résultats sont en accordance avec (Mafakheri et al., 2017), dont le dendrogramme UPGM établis a montré que l'association entre géotypes des variétés niébé en provenance de différents régions (Inde, Amérique, et Asie) sont classé indépendamment de leur origine géographique.

L'analyse ACP a montré que les 3 premiers axes expliquent 32,76% de la variabilité totale et qu'ils contribuent séparément avec 12,91% (CP1), 10,4% (CP2) et 9,45% (CP3), respectivement (Fig.104). L'analyse ACP a présenté des résultats semblables avec le groupement UPGMA. En effet, six accessions du cluster 1 ont participé à la variation du CP1 et CP3, tandis que les deux accessions (NEA4 et NEA5) ont contribué à la variation du CP1 et CP2. En parallèle pour le cluster 2, l'ensemble des dix accessions expliquent la variabilité des CP1 et CP2.

Concernant la Structuration de la diversité génétique, en utilisant l'information préalable basée sur l'origine géographique ainsi que les caractères morphologiques communs le ΔK arrive à son maximum autour de $K=6$ (Fig. 63 ; 64) suivi des pics à $K=2$ puis $K=4$. Il est donc clair que la meilleure probabilité de la valeur du nombre de groupe est celle de $K=6$. En d'autres mots, il y a un mélange entre les quatre pools génétiques restant due certainement à un flux de gènes. Selon la figure du plot, le groupe A est séparé en deux groupes distinct. En effet l'accession NEH9 présente un profil génétique différent des autres accessions du groupe A et semblable a quelques accessions du groupe B. Ce dernier, est séparé en 5 groupes différents dont les accessions NEH16, NEH18 et NEH 17 présentent un profile unique. D'autre part, les accessions NEH1, NEH2 et NEH4 présentent un profile semblable à celui du groupe A. Enfin, le groupe C originaire d'In Guezzam présente un profil

génétique différent et constitue un pool génétique unique. Les résultats générés par le logiciel STRUCTURE sont proches de ceux obtenus par UPGMA et l'ACP. Le regroupement des accessions est en relation avec les caractères morphologique communs. Ce résultat est confirmé par les résultats de la caractérisation morpho biométrique ou les accessions ont été regroupé en deux cultigrupes Biflora et Melanophthalma, avec présence des accessions réunissant les caractères des deux cultigrupes. Les accessions de In guezam présente un profil unique cela peut être parce que les accessions de cette région ne se sont pas dispersés végétativement dans les autres régions, d'autant plus que l'espèce est autogame.

Dans le même contexte, l'estimation du degré de diversité génétique dans une de niébé sauvage d'origine africaine a été génotypée avec plus de 1200 marqueurs de polymorphisme nucléotidique unique à fin de connaître leur origine de domestication et les modèles de variation génétique. Les résultats ont apporté, qu'en général, l'information générée montre que le taux de variation de la probabilité des données entre les valeurs K successives (ΔK) était également le plus élevé à $K = 2$, suivi de $K = 3$ et qu'une baisse importante de ΔK s'est produite à $K = 4$ (Huynh et al., 2013). De plus, la structure de la population a divisé les 768 génotypes du niébé cultivé en 3 groupes de pool génétique (groupes Q1, Q2 et Q3) selon le pique de delta K (DK) à $K = 3$. Alors que le DK avait une note élevée à $K = 2$ (Xiong et al., 2016). La structure bayésienne des génotypes par SNP a démontré la présence de deux gènes sous forme de deux pools de gènes qui ont été distribués dans deux régions géographiques de l'Afrique dont la majorité des accessions dans le groupe de gènes 1 étaient principalement distribuées en Afrique de l'Ouest, tandis que la majorité du groupe de gènes 2 se trouvait en Afrique de l'Est (Xiong et al., 2016).

Dans le même contexte, des études concernant Diversité, structure de la population et déséquilibre des liens entre les accessions de niébé, ont montré la possibilité de l'utilisation future des germplasm dans les études d'association à l'échelle du génome et l'exploitation dans les programmes de sélection du niébé, et que l'analyse de la diversité génétique par des marqueurs de haute qualité (SNP DArT-seq) a montré une importante structuration génétique, les sous-populations affichaient un niveau de diversité génétique permettant de développer des variétés de caractéristiques (Sodedji et al., 2021).

Dans cette étude la population de in guezzam est différente génétiquement des autres populations ce qui est associé à F_{st} modéré de différenciation bien que le F_{it} et le F_{is} soit négatifs. Ceci peut être expliqué par le fait que les cultivars de niébés utilisés sont

vagétativement dispersés dans les régions géographique étudiées sauf pour les cultivars de la région de In guezem qui semblent conservées une certaine différenciation génétique.

5 CONCLUSION

Cette étude est considérée comme un premier rapport sur l'étude des traits génétiques par treize marqueurs SSR appliqué sur dix huit accessions de niébé collectées à travers différents localité de L'extrême sud de l'Algérie (Hoggar). La présente étude a démontré que les marqueurs microsatellites sont des utiles importants pour identifier et tester la diversité génétique chez le niébé. Par conséquent, ils ont montré un niveau de polymorphisme élevé, une variation génétique assez important dans le matériel étudié a été détectée, et qui peut être utilisé pour distinguer les lignées de reproduction du niébé, ainsi de l'exploitée dans un programme de reproduction efficace. Cependant, un nombre important des allèles uniques a été détecté révèle la particularité de ces accessions saharien avec des allèles uniques dans une population. On outre, Ces reslutats confirment les resultats de l'étude morphobiometrique et agronomiques. Cependant, Une étude supplémentaire en utilisant d'autres marqueurs SSR est nécessaire.

Conclusion Générale et perspectives

CONCLUSION GENERALE

La culture du niébé au niveau de la région de Tamanrasset a été exploré sur tous ses angles, de l'étude ethnobotanique, en passant par des caractérisations biométriques, agronomiques, biochimiques, physiologiques jusqu'aux moléculaires pour permettre de sélectionner et valoriser cette essence très peu exploitée et considérée en Algérie.

Les résultats des enquêtes ont montré l'importance du niébé dans l'alimentation de la population du Hoggar. L'enquête ethnobotanique a permis d'une part de définir l'aire de focalisation du niébé dans la région du Hoggar, la culture se limite dans des communes éloignées du centre de chef wilaya (Tamanrasset). D'autre part, ces missions ont permis de collecter cette ressource végétale locale du Hoggar associée à des traditions culturelles liées au savoir-faire de culture de niébé. En effet, cette région possède une richesse génétique très variée et importante et qui n'a pas été encore étudiée. La connaissance du savoir et savoir-faire permettra aux agriculteurs, la conservation des écotypes locaux de niébé et le maintien du niébé pendant plusieurs siècles dans des conditions arides et très difficiles. De ce fait, ce patrimoine végétale collecté constitue une richesse qui doit être exploitée et étudiée sur les différents plans morphologiques, biochimiques et moléculaires. D'autre part, le risque signalé de la perte des semences locales de niébé par les paysans du Hoggar a mené à la nécessité de constituer une banque de gènes *in situ* pour préserver et valoriser ces ressources génétiques qui deviennent rares et encourager les agriculteurs à continuer de cultiver cette plante. Les résultats de cette étude ont révélé la présence d'une variation génétique en termes de traits quantitatifs et de caractères qualitatifs, parmi les graines de niébé du Hoggar étudiées. Toutefois, la diversité génétique conservée par les paysans du Hoggar, leur sensibilisation et leur encouragement aide à la conservation efficace du niébé. Il s'agit également de la meilleure façon de prévenir l'érosion génétique.

Le niébé est une espèce très importante dans l'agriculture algérienne. L'extrême sud de l'Algérie (Hoggar) est un système agricole particulier pour le développement des cultures. Dans ces milieux, le niébé saharien est cultivé depuis très longtemps par les agriculteurs de ces régions. Sa culture dans ces milieux très hostiles devrait lui conférer un certain nombre de caractères adaptatifs, de valeurs nutritionnelles et de propriétés fonctionnelles. Cette étude préliminaire très approfondie, nous a permis de collecter et de caractériser les accessions de niébés cultivées dans les régions arides de l'extrême sud de l'Algérie (Hoggar, Tamanrasset). En effet, les analyses biochimiques ont montré que les graines sont une excellente source de nutriments par leur richesse en protéines, en glucides et leurs bonnes propriétés

fonctionnelles. Elles pourraient être exploitées dans la nutrition et pour la formulation d'aliments reconstitués. Cependant, une grande variabilité chimique est notée dans les différentes accessions du même étage bioclimatique. Cette variation pourrait être attribuée aux propriétés d'accessions inter-génétiques, à la composition phytochimique et à la diversité pédoclimatique de la région du Hoggar. De plus, les propriétés oxydatives, la peroxydation lipidique et la capacité antioxydante non enzymatique totale (CANET) sont très faibles tout en affichant une grande adaptation estimée. Ainsi, des recherches phytochimiques plus étendues. Il est fortement recommandé en particulier en ce qui concerne les composés bioactifs qui résultent de l'oxydation du stress comme l'activité antioxydante, et les composants phénoliques dans les limites de ce domaine de recherche. Les accessions de niébé du Hoggar pourraient également être considérées comme prometteuses dans les climats semi-arides à arides. Ils offrent la possibilité d'une sélection directe sur les variétés existantes ou d'une amélioration génétique par hybridation pour un meilleur développement et une meilleure conservation.

Les différences, sur les trois plans étudiés morphologique biochimiques et moléculaires ainsi que entre les accessions d'Hooggar sont liées à la fois à la variation des conditions agro-écologiques et probablement à des différences dans les techniques culturales pratiquées dans chaque région.

L'étude des propriétés antioxydantes par les différentes méthodes (DPPH, CUPRAC, ABTS) nous a démontré la richesse des accessions de niébé collectées en composés antioxydants. Cependant tous les extraits ont enregistré des valeurs proches du témoin utilisé. Cette richesse du niébé en métabolites primaires et secondaires ainsi que en antioxydants qui leur confère une bonne adaptation physiologique dans les conditions arides qu'offre la région de Tamnarsset.

En outre, cette étude rapporte que les extraits de graines contenaient des substances phénoliques et flavonoïdes totales. En effet, l'isolation de ces composés bioactives pourrait servir de puissants antioxydants naturels d'un point de vue industriel.

De même, l'évaluation de la variabilité morphologique, agronomique et moléculaire des dix-huit accessions de niébé collectées au niveau du Hoggar a mis en évidence la présence d'une variabilité génétique assez importante entre eux. D'une manière générale, ces accessions présentaient une croissance végétative importante, une précocité à la floraison et une productivité assez importante. Ces accessions doivent être étudiées sous des conditions agro-écologiques différentes à fin d'étudier l'interaction génotype-environnement et à fin d'évaluer d'autres traits quantitatifs et qualitatifs qui sont fortement influencés par le milieu.

L'analyse moléculaire des accessions de niébé étudiées par le protocole d'ICARDA d'extraction de l'ADN génomique à partir des jeunes feuilles fraîches de niébé a donné des ADN génomiques d'une très bonne quantité et qualité et dont le rapport ADN/protéine varié de 1,70 à 2. Ce résultat montre que l'utilisation des marqueurs microsatellites est fiable pour l'identification des accessions de niébé.

Egalement, l'analyse des dix-huit accessions par les marqueurs *SSR* a permis significativement leur différenciation. Au total, 3 paires d'amorces ont été testées et seulement 12 paires d'amorces ont été retenues et évaluées pour leur polymorphisme.

Le dendrogramme construit, à l'issue de l'analyse statistique de ces marqueurs par la méthode UPGMA, a montré un degré élevé de diversité génétique et un réarrangement significatif des accessions de niébé avec un cluster composé de trois groupes.

Ces vastes études sont considérées comme étant le premier rapport d'évaluation des données sur les connaissances ethnobotaniques, morphologiques et moléculaires de niébé au Hoggar. Ces informations sont des éléments nécessaires pour la sélection et l'amélioration génétique du niébé. Elles permettent aussi une meilleure gestion et une plus grande valorisation de cette ressource phytogénétique encore peu étudiée et dont la diversité est menacée d'érosion.

Ces accessions de niébé locales ont montré leur supériorité pour certains caractères agronomiques et méritent d'être utilisées comme géniteur dans les programmes de croisements ou encore comme matériel de base dans la création variétale par mutagenèse et la transformation génétique. De plus, les marqueurs *SSR* présentent l'avantage d'être cartographiés et donc un nombre plus élevé de ces derniers permettrait de réaliser d'autres applications comme la recherche des gènes candidats et leur utilisation dans des études d'association à des caractères d'intérêt agronomiques chez le niébé, ceci permettrait d'identifier avec plus de précision les régions chromosomiques responsables.

En perspective, il serait utile :

1. d'étudier la possibilité d'intégrer ce matériel dans des programmes de sélection ;
2. d'effectuer des études moléculaires par des marqueurs *SSR* sur l'ensemble de la collection nationale établie en Algérie ;
3. l'utilisation d'autres marqueurs moléculaires plus performants comme le Polymorphisme nucléotidique simple (SNP) et les marqueurs codes pour les gènes cibles pour l'étude de la diversité du niébé en Algérie ;
4. la poursuite des études dans le cadre morphologique et agronomique et ceci dans différents milieux afin d'étudier l'effet de l'interaction genotype et milieu ;

5. création d'une banque de données et conservation des variétés et accessions les plus intéressantes ;
6. étendre l'étude sur d'autres accessions du pays et réaliser des études comparatives sur leurs performances ;
7. analyser les gènes les plus intéressants, les gènes rares qui offrent aux accessions collectées au niveau du Hoggar une importance spécifique et majeure ;
8. l'analyse des propriétés oxydatives, la peroxydation lipidique et la capacité antioxydante non enzymatique totale (CANET) montre une grande adaptation aux conditions du stress liée à l'aridité et à la salinité de la région du Hoggar. Ainsi, des recherches sur des réponses aux stress sont recommandées, notamment le stress hydrique et salin ;
9. la richesse de la collection du niébé en antioxydants et aux composés bioactifs confère des propriétés de préservation de santé humaine contre diverses maladies. Dans ce contexte, il serait très intéressant d'évaluer l'effet antimicrobien des extraits de graines de cette plante de niébé par différents solvants organiques et aqueux, sur des souches microbiennes de référence ;
10. Il est recommandé de compléter l'étude de la diversité génétique par des profils protéiques de la population et évaluer la diversité des protéines de stockage des semences de niébé pour l'identification des accessions.
11. Il est très intéressant d'étudier les mécanismes agro-physiologiques, morphologiques et moléculaires impliqués dans la tolérance au stress hydrique chez les accessions collectées vu qu'ils ont offerts une grande adaptation aux conditions extrêmement arides d'Hoggar.
12. La relance de la filière légumineuse en Algérie devient très indispensable et surtout la culture du niébé, car cette plante possède des avantages majeurs sur les plans agronomiques, nutritionnelles, source de revenus, source des antioxydants.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Abdou, H., Falalou, H., Oumarou, H., Achirou, B., & Yacoubou, B. (2019). Physiological response of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] genotypes to water deficit under lysimeter conditions and agronomical performance in field conditions. *IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science*, 12(7), 22-33.
- Achinewhu, S. C., & Akah, G. N. (2003). Chemical, functional and sensory properties of processed African yam beans (*Sphenostylis stenocarpa*) and cowpeas (*Vigna unguiculata*). *Plant Foods for Human Nutrition*, 58(3), 1-6. doi: 10.1023/B:QUAL.0000040364.74521.d8
- Adebooye, O. C., & Singh, V. (2008). Physico-chemical properties of the flours and starches of two cowpea varieties (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). *Innovative Food Science & Emerging Technologies*, 9(1), 92-100. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2007.06.003>
- Adebowale, K., & Lawal, O. (2004). Comparative study of the functional properties of bambarra groundnut (*Voandzeia subterranean*), jack bean (*Canavalia ensiformis*) and mucuna bean (*Mucuna pruriens*) flours. *Food Research International*, 37(4), 355-365.
- Adewale, B., Adeigbe, O., & Aremu, C. (2011). Genetic distance and diversity among some cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) genotypes. *International Journal of Research in Plant Science*, 1(2), 9-14.
- Adeyemi, K., & Olorunsanya, A. (2012). Comparative analysis of phenolic composition and antioxidant effect of seed coat extracts of four cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties on broiler meat. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 2(4), 343-349.
- Agbicodo, E., Fatokun, C., Muranaka, S., & Visser, R. G. (2009). Breeding drought tolerant cowpea: constraints, accomplishments, and future prospects. *Euphytica*, 167(3), 353-370.
- Akinjayeju, O., & Bisiriyu, K. T. (2004). Comparative studies of some properties of unhulled, mechanically dehulled and manually dehulled cowpea (*Vigna unguiculata* Walp. L.) flours. *International journal of food science & technology*, 39(4), 355-360.
- Ali, Z., Yao, K., Odeny, D., Kyalo, M., Skilton, R., & Eltahir, I. (2015). Assessing the genetic diversity of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] accessions from Sudan using simple sequence repeat (SSR) markers. *African Journal of Plant Science*, 9(7), 293-304.
- Alidu, M. S., Asante, I. K., & Mensah, H. K. (2020). Evaluation of nutritional and phytochemical variability of cowpea Recombinant Inbred Lines under contrasting soil moisture conditions in the Guinea and Sudan Savanna Agro-ecologies. *Heliyon*, 6(2), e03406. doi: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e03406>
- Andargie, M., Pasquet, R. S., Muluvi, G. M., & Timko, M. P. (2013). Quantitative trait loci analysis of flowering time related traits identified in recombinant inbred lines of cowpea (*Vigna unguiculata*). *Genome*, 56(5), 289-294.
- Anhwange, B., & Atoo, G. (2015). Proximate composition of indigenous bambara nuts (*Vigna subterranean* (L.) Verdc). *Journal of Pure and Applied Sciences*, 2(1), 11-16.
- Anjum, N. A., Sharma, P., Gill, S. S., Hasanuzzaman, M., Khan, E. A., Kachhap, K., Mohamed, A.A., Thangavel, P., Devi, G. D. Vasudhevan, P. (2016). Catalase and ascorbate peroxidase—representative H₂O₂-detoxifying heme enzymes in plants. *Environmental science and pollution research*, 23(19), 19002-19029.
- Antova, G. A., Stoilova, T. D., & Ivanova, M. M. (2014). Proximate and lipid composition of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) cultivated in Bulgaria. *Journal of Food Composition and Analysis*, 33(2), 146-152.
- Anyango, J. O., de Kock, H. L., & Taylor, J. R. N. (2011). Evaluation of the functional quality of cowpea-fortified traditional African sorghum foods using instrumental and

- descriptive sensory analysis. *LWT - Food Science and Technology*, 44(10), 2126-2133. doi: <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2011.07.010>
- AOAC. (2005). *Methods of Analysis of the Association of Analytical Chemists*: AOAC Arlington.
- Apak, R., Güçlü, K., Özyürek, M., & Karademir, S. E. (2007). Novel total antioxidant capacity index for dietary polyphenols and vitamins C and E, using their cupric ion reducing capability in the presence of neocuproine: CUPRAC method. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 52(26), 7970-7981.
- Appiah, F., Asibuo, J., & Kumah, P. (2011). Physicochemical and functional properties of bean flours of three cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) varieties in Ghana. *African Journal of Food Science*, 5(2), 100-104.
- Aremo, M., & Olaofe, O. (2007). Functional properties of some Nigerian varieties of legume seed flours and flour concentration effect on foaming and gelation properties.
- Aremu, M., Olaofe, O., & Akintayo, E. (2005). Nutritional qualities assessment of the presence of hull in some Nigeria underutilized legume seeds. *Bull. Pure & Appl. Sci*, 24(1-2), 2005.
- Asare, A. T., Gowda, B. S., Galyuon, I. K., Aboagye, L. L., Takrama, J. F., & Timko, M. P. (2010). Assessment of the genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) germplasm from Ghana using simple sequence repeat markers. *Plant Genetic Resources*, 8(2), 142-150.
- Awika, J. M., & Duodu, K. G. (2017). Bioactive polyphenols and peptides in cowpea (*Vigna unguiculata*) and their health promoting properties: A review. *Journal of Functional Foods*, 38, 686-697. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jff.2016.12.002>
- Ba, F. S., Pasquet, R. S., & Gepts, P. (2004). Genetic diversity in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] as revealed by RAPD markers. *Genetic resources and crop evolution*, 51(5), 539-550.
- Bacelar, E. A., Santos, D. L., Moutinho-Pereira, J. M., Gonçalves, B. C., Ferreira, H. F., & Correia, C. M. (2006). Immediate responses and adaptative strategies of three olive cultivars under contrasting water availability regimes: changes on structure and chemical composition of foliage and oxidative damage. *Plant Science*, 170(3), 596-605.
- Badiane, F. A., Diouf, D., Sané, D., Diouf, O., Goudiaby, V., & Diallo, N. (2004). Screening cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] varieties by inducing water deficit and RAPD analyses. *African Journal of Biotechnology*, 3(3), 174-178.
- Badiane, F. A., Diouf, M., & Diouf, D. (2014). *Cowpea Broadening the Genetic Base of grain legumes* (pp. 95-114): Springer.
- Badiane, F., Gowda, B., Cissé, N., Diouf, D., Sadio, O., & Timko, M. (2012). Genetic relationship of cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties from Senegal based on SSR markers. *Genet. Mol. Res*, 11(1), 292-304.
- Bai, Y., Michaels, T. E., & Pauls, K. P. (1998). Determination of genetic relationships among shape *Phaseolus vulgaris* populations in a conical cross from RAPD marker analyses. *Molecular Breeding*, 4(5), 395-406. doi: 10.1023/a:1009601910980
- Balla, A., & Baragé, M. (2006). Influence de la variété, du temps de stockage et du taux de natron sur la cuisson des graines de niébé. *Tropicultura*, 24(1), 39-44.
- Bansal, R., Gupta, S. K., & Gopalakrishna, T. (2012). Transferability of cowpea and azuki bean derived SSR markers to other *Vigna* species. *Journal Food Legume*, 25, 273-278.
- Baptista, A., Pinho, O., Pinto, E., Casal, S., Mota, C., & Ferreira, I. M. P. L. V. O. (2017). Characterization of protein and fat composition of seeds from common beans (*Phaseolus vulgaris* L.), cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) and bambara groundnuts

- (*Vigna subterranea* L. Verdc) from Mozambique. *Journal of Food Measurement and Characterization*, 11(2), 442-450. doi: 10.1007/s11694-016-9412-2
- Bardakci, F. (2001). Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Turkish Journal of Biology*, 25(2), 185-196.
- Basseddik, A., Tellah, S. (2021). Ethnobotanical investigation and Morphobiometric characterization of different cowpea seeds (*vigna unguiculata* subsp. *unguiculata* (L.) walp.) in the Hoggar region (Algerian Sahara): acquisition and future investment project for food security in Algeria. *Algerian Journal of biosciences*, 2(2), 93-110.
- Basseddik, A., Tellah, S., Bellil, I., & Lachlah, H. (2021a). Biochemical variability and functional properties of cowpea landraces grown in Hoggar: the Algerian arid region. *Journal of Food Measurement and Characterization*. doi: 10.1007/s11694-021-00919-5
- Baudoin, J., & Maréchal, R. (1985). Cowpea taxonomy, origin and germplasm. *Cowpea research, production and utilization*, John Wiley & Sons, Chichester, 3-9.
- Beebe, S. E., Ochoa, I., Skroch, P., Nienhuis, J., & Tivang, J. (1995). Genetic diversity among common bean breeding lines developed for Central America. *Crop science*, 35(4), 1178-1183.
- Bennet-Lartey, S., & Ofori, I. (1999). Variability studies in some qualitative characters of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) accessions from four cowpea growing regions of Ghana. *Ghana Journal Agric Science*, 32, 3-9.
- Bernard, M., Autran, J., & Joudrier, P. (1977). Possibilités d'identification de certains chromosomes de seigle à l'aide de marqueurs biochimiques. *Ann. Amélior. Plantes*, 27(3), 355-362.
- Boateng, M., Addo, J., Okyere, H., Adu-Dapaah, H., Berchie, J., & Tetteh, A. (2013). Physicochemical and functional properties of proteinates of two Bambara groundnut (*Vigna subterranean*) landraces. *African Journal of Food Science and Technology*, 4(4), 64-70
- 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(3), 314.
- Boukar, O., Belko, N., Chamarthi, S., Togola, A., Batiemo, J., Owusu, E., Olufajo, O. (2019). Cowpea (*Vigna unguiculata*): Genetics, genomics and breeding. *Plant breeding*, 138(4), 415-424.
- Boukar, O., Bhattacharjee, R., Fatokun, C., Kumar, P. L., & Gueye, B. (2013). 6 - Cowpea. In M. Singh, H. D. Upadhyaya & I. S. Bisht (Eds.), *Genetic and Genomic Resources of Grain Legume Improvement* (pp. 137-156). Oxford: Elsevier.
- Boukar, O., Fatokun, C. A., Huynh, B.-L., Roberts, P. A., & Close, T. J. (2016). Genomic tools in cowpea breeding programs: status and perspectives. *Frontiers in Plant Science*, 7, 757.
- Boukar, O., Fatokun, C. A., Roberts, P. A., Abberton, M., Huynh, B. L., Close, T. J., Kyei-Boahen, S., Higgins, T.J.V., Ehlers, J. D. (2015). *Cowpea Grain Legumes* (pp. 219-250): Springer.
- Boukar, O., Massawe, F., Muranaka, S., Franco, J., Maziya-Dixon, B., Singh, B., & Fatokun, C. (2011a). Evaluation of cowpea germplasm lines for protein and mineral concentrations in grains. *Plant Genetic Resources*, 9(4), 515-522.
- Boukar, O., Massawe, F., Muranaka, S., Franco, J., Maziya-Dixon, B., Singh, B., & Fatokun, C. (2011b). Evaluation of cowpea germplasm lines for protein and mineral concentrations in grains. *Plant Genetic Resources*, 9(4), 515.
- Butt, M. S., & Batool, R. (2010). Nutritional and functional properties of some promising legumes protein isolates. *Pakistan Journal of Nutrition*, 9(4), 373-379.

- Cakmak, I., & Horst, W. J. (1991). Effect of aluminium on lipid peroxidation, superoxide dismutase, catalase, and peroxidase activities in root tips of soybean (*Glycine max*). *Physiologia Plantarum*, 83(3), 463-468.
- Caprioli, G., Giusti, F., Ballini, R., Sagratini, G., Vila-Donat, P., Vittori, S., & Fiorini, D. (2016). Lipid nutritional value of legumes: Evaluation of different extraction methods and determination of fatty acid composition. *Food Chemistry*, 192, 965-971.
- Carnovale, E., Marletta, L., Marconi, E., & Brosio, E. (1990). Nutritional and hydration properties in cowpea. *Cowpea genetic resources. Nutritional and hydration properties in cowpea*, 111-118.
- Carvalho, M., Castro, I., Moutinho-Pereira, J., Correia, C., Egea-Cortines, M., Matos, M., Rosa, E., Carnide, V., & Lino-Neto, T. (2019). Evaluating stress responses in cowpea under drought stress. *Journal of Plant Physiology*, 241, 153001. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2019.153001>
- Carvalho, M., Lino-Neto, T., Rosa, E., & Carnide, V. (2017). Cowpea: a legume crop for a challenging environment. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 97(13), 4273-4284.
- Chevalier, A. (1944). Le dolique de Chine en Afrique. *Journal d'agriculture traditionnelle et de botanique appliquée*, 24(272), 128-152.
- Cissé, N., David, Antonio, Hearne, S. (2013). Gene pools and the genetic architecture of domesticated cowpea. *Plant Genome*, 6 (3), 1-8.
- Cobbinah, F. A., Addo-Quaye, A. A., & Asante, I. K. (2011). Characterization, evaluation and selection of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) walp) accessions with desirable traits from eight regions of Ghana. *Journal of Agricultural and Biological Science*, 6(7), 21-32.
- Cobbinah, F., Addo-Quaye, A., & Asante, I. (2011). Characterization, evaluation and selection of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) walp) accessions with desirable traits from eight regions of Ghana. *Journal of Agricultural and Biological Science*, 6(7), 21-32.
- Coulibaly, S., Pasquet, R., Papa, R., & Gepts, P. (2002). AFLP analysis of the phenetic organization and genetic diversity of *Vigna unguiculata* L. Walp. reveals extensive gene flow between wild and domesticated types. *Theoretical and Applied Genetics*, 104(2-3), 358-366.
- Cui, E.-J., Song, N.-Y., Shrestha, S., Chung, I.-S., Kim, J.-Y., Jeong, T.-S., & Baek, N.-I. (2012). Flavonoid glycosides from cowpea seeds (*Vigna sinensis* K.) inhibit LDL oxidation. *Food Science and Biotechnology*, 21(2), 619-624. doi: 10.1007/s10068-012-0080-7
- Dagba, E. (1974). Essai de détermination sur pied de la surface foliaire du Niebe *Vigna unguiculata* (L.). Walp. 10p.
- Dagba, E., & Rémy, M. (1990). Milieu et port du niébé *Vigna unguiculata* (L.) Walpers. *Revue de Cytologie et de Biologie Végétale: Le Botaniste*, 13, 5-45.
- Dagnon, Y. D., Diop, S., Bammite, D., Glato, K., Gbaguidi, A. A., Dansi, A., & Tozo, K. (2017). Variabilité agromorphologique des cultivars locaux de niébé [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] au Togo. *Afr. Sci. Rev. Int. Sci. Technol*, 13(4), 164-177.
- de Carvalho, M. H. C., Laffray, D., & Louguet, P. (1998). Comparison of the physiological responses of *Phaseolus vulgaris* and *Vigna unguiculata* cultivars when submitted to drought conditions. *Environmental and Experimental Botany*, 40(3), 197-207.
- de Souza Rocha, T., Hernandez, L. M. R., Chang, Y. K., & de Mejía, E. G. (2014). Impact of germination and enzymatic hydrolysis of cowpea bean (*Vigna unguiculata*) on the generation of peptides capable of inhibiting dipeptidyl peptidase IV. *Food Research International*, 64, 799-809.

- Del Rio, D., Stewart, A. J., & Pellegrini, N. (2005). A review of recent studies on malondialdehyde as toxic molecule and biological marker of oxidative stress. *Nutrition, metabolism and cardiovascular diseases*, 15(4), 316-328. doi: <https://doi.org/10.1016/j.numecd.2005.05.003>
- Diallo, S. K., Soro, D., Koné, K., Assidjo, N., Yao, K., & Gnakri, D. (2015). Fortification et substitution de la farine de blé par la farine de Voandzou (*Vigna subterranea* L. verdc) dans la production des produits de boulangerie. *International Journal of Innovation and Scientific Research*, 18(2), 434-443.
- Diouf, D., & Hilu, K. W. (2005). Microsatellites and RAPD markers to study genetic relationships among cowpea breeding lines and local varieties in Senegal. *Genetic resources and crop evolution*, 52(8), 1057-1067.
- Doldi, M. L., Vollmann, J., & Lelley, T. (1997). Genetic diversity in soybean as determined by RAPD and microsatellite analysis. *Plant breeding*, 116(4), 331-335.
- Doumbia, I. Z., Akromah, R., & Asibuo, J. Y. (2013). Comparative study of cowpea germplasms diversity from Ghana and Mali using morphological characteristics. *Journal of Plant Breeding and Genetics*, 1(3), 139-147.
- Doumbia, I. Z., Akromah, R., & Asibuo, J. Y. (2014). Assessment of cowpea germplasms from Ghana and Mali using simple sequence repeat (SSR) markers. *International Journal of Agriculture and Forestry*, 4(2), 118-123.
- Drabo, I., Ladeinde, T. A. O., Redden, R., & Smithson, J. B. (1985). Inheritance of seed size and number per pod in cowpeas (*Vigna unguiculata* L. Walp.). *Field Crops Research*, 11, 335-344. doi: [https://doi.org/10.1016/0378-4290\(85\)90113-3](https://doi.org/10.1016/0378-4290(85)90113-3)
- Earl, D. A. vonHoldt, B.M., (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources*, 4(2), 359-361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>.
- Echikh, N. (2000). Organisation du pool génique de formes sauvages et cultivées d'une légumineuse alimentaire, *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Ph. D. thesis, Faculté Universitaire des Sciences Agronomiques de Gembloux, Gembloux, Belgium.
- Echikh, N., Ahmed-Said, T., & Brac de la Perriere, R. (1997). Collecting local *Vigna unguiculata* L.(Walp.) landraces in Algeria. *Bulletin des Ressources Phytogenétiques (IPGRI/FAO); Noticiario de Recursos Fitogeneticos (IPGRI/FAO)*.
- Ehlers, J., & Hall, A. (1996). Genotypic classification of cowpea based on responses to heat and photoperiod. *Crop science*, 36(3), 673-679.
- Ehlers, J., & Hall, A. (1997). Cowpea (*Vigna unguiculata* L. walp.). *Field Crops Research*, 53(1-3), 187-204. doi: [https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(97\)00031-2](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(97)00031-2).
- Ekanayake, E., Samarajeewa, P., Sumanasinghe, V., & Nanayakkara, H. (2002). RAPD analysis of genetic relationships of wild and cultivated vigna species. *Annals of Sri Lanka Depart. Agric*, 4,215-226.
- Elowad, H. O., & Hall, A. E. (1987). Influences of early and late nitrogen fertilization on yield and nitrogen fixation of cowpea under well-watered and dry field conditions. *Field Crops Research*, 15(3-4), 229-244.
- Erre, J.L., & Blottiere, L. (2017). *Génétique en 82 fiches* (2e eds.), Bunod.
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, 14(8), 2611-2620.
- Fall, L., Diouf, D., Fall, M. A., Badiane, F. A., & Gueye, M. (2003). Genetic diversity in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] varieties determined by ARA and RAPD techniques. *African Journal of Biotechnology*, 2(2), 48-50.
- FAO (Organisation des nations unies pour l'alimentation et l'agriculture). (2016). *Pulses: nutritious seeds for a sustainable future*. Rome. <https://doi.org/10.4060/i5528e>.

- FAO STAT. (2021). Agricultural production, crop primary database. Food and Agricultural Organization of the United Nations. Rome. Consulté le 23/11/2021 sur: <http://www.fao.org/faostat/fr/#data/QC>
- FAO. (2003). Food energy - methods of analysis and conversion factors, Food and Agriculture Organization of United Nations. Rome.
- FAOSTAT. (2017). Statistical data base. Rome: Food and Agricultural Organizations of the United Nations.
- Fery, R. (1985). The genetics of cowpea: a review of the world literature. *Cowpea research, production and utilization*, 25, 62.
- Food Chemistry*, 133(1), 156-162. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2012.01.011>.
- Freitas, R. L., Teixeira, A. R., & Ferreira, R. B. (2004). Characterization of the Proteins from *Vigna unguiculata* Seeds. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 52(6), 1682-1687. doi: 10.1021/jf0300588
- Gaad, D. (2018). Étude de la diversité génétique de la lentille (*Lens culinaris* Medik.) cultivée en Algérie par l'utilisation de marqueurs morpho-agronomiques et moléculaires (SSR). Thèse de doctorat, école Nationale Supérieure Agronomique (ENSA), El Harrach (Alger), 136p.
- Gbaguidi, A. A., Assogba, P., Dansi, M., Yedomonhan, H., & Dansi, A. (2015). Caractérisation agromorphologique des variétés de niébé cultivées au Bénin. *Int. J. Biol. Chem. Sci.* 9, 9(2), 1050-1066
- Ghalmi, N. (2011). Etude de la diversité génétique de quelques écotypes locaux de vigna unguiculata (L.) Walp. cultivés en Algérie. Thèse de doctorat, école Nationale Supérieure Agronomique (ENSA), El Harrach (Alger), 149p.
- Ghalmi, N., Hanifi-Mekliche, L., Baudoin, J.-P., Ounane, S., & Benmohamed, A. (2005). Caractérisation agro-morphologique de quelques populations locales de niébé (*vigna unguiculata*) (L.) Walp.) cultivées en Algérie. In L. Khelifi (éditeur). Actes du séminaire international sur l'amélioration des productions végétales- APV 2005, LRGB, 5-7 Décembre 2005, INA, Alger, 190-192.
- Ghalmi, N., Malice, M., Jacquemin, J.M., Ounane, S.M., Mekliche, L., & Baudoin, J.-P. (2010). Morphological and molecular diversity within Algerian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) landraces. *Genetic resources and crop evolution*, 57(3), 371-386.
- Ghanbari, A., Dahmardeh, M., Siahshar, B. A., & Ramroudi, M. (2010). Effect of maize (*Zea mays* L.)-cowpea (*Vigna unguiculata* L.) intercropping on light distribution, soil temperature and soil moisture in arid environment. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 8(1), 102-108.
- Ghavidel, R. A., & Prakash, J. (2007). The impact of germination and dehulling on nutrients, antinutrients, in vitro iron and calcium bioavailability and in vitro starch and protein digestibility of some legume seeds. *LWT-Food Science and Technology*, 40(7), 1292-1299.
- Gillaspie, A., Hopkins, M., & Dean, R. (2005). Determining genetic diversity between lines of *Vigna unguiculata* subspecies by AFLP and SSR markers. *Genetic resources and crop evolution*, 52(3), 245-247.
- Gonné, S., Venasius, W. L., & Laminou, A. (2013). Characterization of some traditional cowpea varieties grown by farmers in the Soudano-Sahelian zone of Cameroon. *International Journal of Agriculture and Forestry*, 3(4), 170-177.
- Gupta, S., & Gopalakrishna, T. (2010). Development of unigene-derived SSR markers in cowpea (*Vigna unguiculata*) and their transferability to other *Vigna* species. *Genome*, 53(7), 508-523.

- Gutiérrez-Urbe, J., Romo-Lopez, I., & Serna-Saldívar, S. (2011). Phenolic composition and mammary cancer cell inhibition of extracts of whole cowpeas (*Vigna unguiculata*) and its anatomical parts. *Journal of Functional Foods*, 3(4), 290-297.
- Hachibamba, T., Dykes, L., Awika, J., Minnaar, A., & Duodu, K. G. (2013). Effect of simulated gastrointestinal digestion on phenolic composition and antioxidant capacity of cooked cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties. *International journal of food science & technology*, 48(12), 2638-2649.
- Hall, A. E. (2004). Breeding for adaptation to drought and heat in cowpea. *European Journal of Agronomy*, 21(4), 447-454.
- Hall, A. E., & Frate, C. A. (1996). Blackeye bean production in California (Vol. 21518): University of California, Agriculture and Natural Resources.
- Hamid, S., Muzaffar, S., Wani, I. A., Masoodi, F. A., & Bhat, M. M. (2016). Physical and cooking characteristics of two cowpea cultivars grown in temperate Indian climate. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*, 15(2), 127-134.
- Health Benefits Times (HBT). (2016). Cowpeas facts and health benefits. consulté su le site: <https://www.healthbenefitstimes.com/cowpeas>
- Hegde, V., & Mishra, S. (2009). Landraces of cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp., as potential sources of genes for unique characters in breeding. *Genetic resources and crop evolution*, 56(5), 615-627.
- Hintum, T. v., & JL, T. (1995). Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants. Core collections of plant genetic resources.
- Hoover, R., & Ratnayake, W. S. (2002). Starch characteristics of black bean, chick pea, lentil, navy bean and pinto bean cultivars grown in Canada. *Food Chemistry*, 78(4), 489-498. doi: [https://doi.org/10.1016/S0308-8146\(02\)00163-2](https://doi.org/10.1016/S0308-8146(02)00163-2)
- Hoover, R., & Sosulski, F. (1991). Composition, structure, functionality, and chemical modification of legume starches: a review. *Canadian Journal of Physiology and Pharmacology*, 69(1), 79-92.
- Hoover, R., Hughes, T., Chung, H. J., & Liu, Q. (2010). Composition, molecular structure, properties, and modification of pulse starches: A review. *Food Research International*, 43(2), 399-413. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2009.09.001>
- Huang, J., Schols, H. A., van Soest, J. J. G., Jin, Z., Sulmann, E., & Voragen, A. G. J. (2007). Physicochemical properties and amylopectin chain profiles of cowpea, chickpea and yellow pea starches. *Food Chemistry*, 101(4), 1338-1345. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2006.03.039>
- 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(2), 210-217.
- Hutton, C., & Campbell, A. (1981). Water and fat absorption: ACS Publications.
- Huynh, B., Close, T. J., Roberts, P. A., Hu, Z., Wanamaker, S., Lucas, M. R., Chiulele, R., Huynh, B.L., Ehlers, J. D., Huang, B. E., Muñoz-Amatriaín, M., Lonardi, S., Santos, J. R. P., Ndeve, A., Batiemo, B.J., Boukar, O., Cisse, N., Drabo, I., Fatokun, C., Kusi, F., Agyare, R.Y., Guo, Y.N., Herniter, I., Lo, S., Wanamaker, S. I. Xu, S., Close, T.J., & Roberts, P. A. (2018). A multi-parent advanced generation inter-cross (MAGIC) population for genetic analysis and improvement of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). *The Plant Journal*, 93(6), 1129-1142. doi: <https://doi.org/10.1111/tpj.13827>
- IBPGR. (1983). Cowpea descriptors. The International Board of Plant Genetic Resources (IBPGR) secretariat. Rome , 29p.
- ICARDA.(2014). ICARDA-Morocco Min Prep DNA Extraction Procedure. International Center for Research in Dry Area. 2p.

- Iqbal, A., Khalil, I. A., Ateeq, N., & Khan, M. S. (2006). Nutritional quality of important food legumes. *Food Chemistry*, 97(2), 331-335.
- Ishiyaku, M., Singh, B., & Craufurd, P. (2005). Inheritance of time to flowering in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). *Euphytica*, 142(3), 291-300.
- Issa, A. H., Alhassane, A., Ousmane, S. D., & Kodo, S. B. (2018). Variabilité Morphologique Et Agronomique Des Morphotypes De Voandzou (*Vigna Subterranea* (L.) Cultivés Dans La Zone Sahélienne Du Niger. *European Scientific Journal*, ESJ, 14(36).
- Jacob, K. N. d., Koutoua, A., Casimir, K. A., Denise, B. M. A., Gogbeu, S. J., & Charlotte, T. D. (2016). Agronomic and biochemical evaluation of some ecotypes of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) walp.(Fabaceae)] Collected in Côte d'Ivoire. *Scholars Journal of Agriculture and Veterinary Sciences*, 3(4), 292-297.
- Jemo, M., Sulieman, S., Bekkaoui, F., Olomide, O. A., Hashem, A., Abd_Allah, E. F., . . . Tran, L.S. P. (2017). Comparative analysis of the combined effects of different water and phosphate levels on growth and biological nitrogen fixation of nine cowpea varieties. *Frontiers in Plant Science*, 8, 2111.
- Joanitti, G. A., Azevedo, R. B., & Freitas, S. M. (2010). Apoptosis and lysosome membrane permeabilization induction on breast cancer cells by an anticarcinogenic Bowman–Birk protease inhibitor from *Vigna unguiculata* seeds. *Cancer Letters*, 293(1), 73-81. doi: <https://doi.org/10.1016/j.canlet.2009.12.017>
- Kachare, D. P., Chavan, J. K., & Kadam, S. S. (1988). Nutritional quality of some improved cultivars of cowpea. *Plant Foods for Human Nutrition*, 38(2), 155-162. doi: 10.1007/bf01091720
- Karuppanapandian, T., Karuppudurai, T., Sinha, P., Haniya, A., & Manoharan, K. (2006). Phylogenetic diversity and relationships among Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) landraces using Random Amplified Polymor-Phic DNA markers. *Gen. appl. plant physiology*, 32(3-4), 141-152.
- Kim, Y.-y., Woo, K. S., & Chung, H.-J. (2018). Starch characteristics of cowpea and mungbean cultivars grown in Korea. *Food Chemistry*, 263, 104-111. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.04.114>
- Kirigia, D., Winkelmann, T., Kasili, R., & Mibus, H. (2018). Development stage, storage temperature and storage duration influence phytonutrient content in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). *Heliyon*, 4(6), e00656.
- Koko Anauma Casimir, K. K. B. a. D., & Massé. (2016). Effects of production site and coat colour on the physicochemical characteristics of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) seeds in Côte d'Ivoire. *International Journal of Chemical Studies*, 4(6), 105-111.
- Koko, C. A., Diomande, M., Kouame, B. K., Yapo, E.S. S., & Kouassi, J. N. d. (2016). Caractérisation physicochimique des graines de quatorze variétés de niébé (*Vigna unguiculata* L. Walp) de Côte d'Ivoire/[Physicochemical characterization of seeds of fourteen varieties of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) from Côte d'Ivoire]. *International Journal of Innovation and Applied Studies*, 17(2), 496.
- Kongjaimun, A., Kaga, A., Tomooka, N., Somta, P., Shimizu, T., Shu, Y., Isemura, T., Kouakou, C. K., Roy-Macauley, H., Gueye, M. C., Otto, M. C., Rami, J.-F., & Cissé, N. (2007). Diversité génétique des variétés traditionnelles de niébé [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] au Sénégal: étude préliminaire. *Plant Genetic Resources Newsletter*, 152, 33-44 .
- Kuruma, R., Kiplagat, O., Ateka, E., & Owuoché, G. (2008). Genetic diversity of Kenyan cowpea accessions based on morphological and microsatellite markers. *East African Agricultural and Forestry Journal*, 76, 3-4.

- Lakhanpaul, S., Chadha, S., & Bhat, K. (2000). Random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis in Indian mung bean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) cultivars. *Genetica*, 109(3), 227-234.
- Lakshmi, J. N., & Srujana, A. (2018). Morphological Characters of Different Regions of Cowpea (*Vigna unguiculata* L.). *Agriculture Update*, 13(1), 93-96.
- Latati, M., Blavet, D., Alkama, N., Laoufi, H., Drevon, J.-J., Gerard, F., Ounane, S. (2014). The intercropping cowpea-maize improves soil phosphorus availability and maize yields in an alkaline soil. *Plant and Soil*, 385(1), 181-191.
- Li, C.D., Fatokun, C. A., Ubi, B., Singh, B. B., & Scoles, G. J. (2001). Determining genetic similarities and relationships among cowpea breeding lines and cultivars by microsatellite markers. *Crop science*, 41(1), 189-197.
- Li, L., Yang, T., Liu, R., Redden, B., Maalouf, F., & Zong, X. (2017). Food legume production in China. *The Crop Journal*, 5(2), 115-126. doi: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2016.06.001>
- Lima, A. I. G., Mota, J., Monteiro, S. A. V. S., & Ferreira, R. M. S. B. (2016). Legume seeds and colorectal cancer revisited: Protease inhibitors reduce MMP-9 activity and colon cancer cell migration. *Food Chemistry*, 197, 30-38. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2015.10.063>
- Lonardi, S., Muñoz-Amatriaín, M., Liang, Q., Shu, S., Wanamaker, S. I., Lo, S., . . . Luo, M. C. (2019). The genome of cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.). *The Plant Journal*, 98(5), 767-782.
- Lopes, F. C. d. C., Gomes, R. L. F., & Freire Filho, F. R. (2003). Genetic control of cowpea seed sizes. *Scientia Agricola*, 60(2), 315-318.
- Lush, W., & Evans, L. (1981). The domestication and improvement of cowpeas (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). *Euphytica*, 30(3), 579-587.
- Lynch, M., & Milligan, B. G. (1994). Analysis of population genetic structure with RAPD markers. *Molecular ecology*, 3(2), 91-99.
- Ma, M., Wang, Y., Wang, M., Jane, J.-I., & Du, S.-k. (2017). Physicochemical properties and in vitro digestibility of legume starches. *Food Hydrocolloids*, 63, 249-255. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodhyd.2016.09.004>
- Maas, E., & Poss, J. (1989). Salt sensitivity of cowpea at various growth stages. *Irrigation Science*, 10(4), 313-320.
- Macleane, W., Harnly, J., Chen, J., Chevassus-Agnes, S., Gilani, G., Livesey, G., . . . Warwick, P. (2003). Food Energy-Methods of Analysis and Conversion Factors. Food and Agriculture Organization of the United Nations Technical Workshop Report. Food and Nutrition Paper, 77, 02543-04725.
- Madamba, R., Grubben, G.J.H, Asante I.K., Akromah R. (2006). *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Plant resources of tropical Africa, 1, 221-229.
- Mafakeri, K., Bihamta, M. R., & Abbasi, A. R. (2017). Assessment of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L.) germplasm using morphological and molecular characterisation. *Cogent Food & Agriculture*, 3(1), 1327092.
- Makanur, B., Deshpande, V., & Vyakaranahal, B. (2013). Characterization of cowpea genotypes based on quantitative descriptors. *Academic Journals*, 8(4), 1183-1188.
- Makinde, K. (2002). Cowpea as a key factor for a new approach to integrated crop–livestock systems research in the dry savannas of West Africa. Challenges and opportunities for enhancing sustainable cowpea production, 233-251.
- Malviya, N., Sarangi, B., Yadav, M. K., & Yadav, D. (2012). Analysis of genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) cultivars with random amplified polymorphic DNA markers. *Plant systematics and evolution*, 298(2), 523-526.

- Marechal, R. (1978). Etude taxonomique d'un groupe complexe d'especes des genres Phaseolus et Vigna (Papilionaceae) sur la base de donnees morphologiques et polliniques, traitees par l'analyse informatique. *Boissiera*, 28, 1-273.
- Martins, L., Xavier, G., Rangel, F., Ribeiro, J., Neves, M., Morgado, L., & Rumjanek, N. (2003). Contribution of biological nitrogen fixation to cowpea: a strategy for improving grain yield in the semi-arid region of Brazil. *Biology and fertility of soils*, 38(6), 333-339.
- Marubodee, R., Ogiso-Tanaka, E., Isemura, T., Chankaew, S., Kaga, A., Naito, K., . . . Tomooka, N. (2015). Construction of an SSR and RAD-marker based molecular linkage map of *Vigna vexillata* (L.) A. Rich. *PLoS one*, 10(9), e0138942.
- Mastur, M., Setyowati, M., & Susilowati, D. N. (2018). Hubungan karakter fenotipik dan hasil biji plasma nutfah kacang tunggak [*vigna unguiculata* (L.) walp.] menurut analisis lintasan. *Berita biologi*, 17(2), 215-221.
- Maughan, P. J., Saghai Maroof, M. A., Buss, G. R., & Huestis, G. M. (1996). Amplified fragment length polymorphism (AFLP) in soybean: species diversity, inheritance, and near-isogenic line analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 93(3), 392-401. doi: 10.1007/bf00223181.
- Maxted, N., Mabuza, D., Moss, H., Padulosi, S., Jarvis, A., & Guarino, L. (2004). An ecogeographic study: African *Vigna*. *An ecogeographic study: African Vigna. Systematic And Ecogeographic Studies On Crop Genepools* 11, 1-449.
- Mazahib, A., Nuha, M., Salawa, I., & Babiker, E. (2013). Some nutritional attributes of bambara groundnut as influenced by domestic processing. *International Food Research Journal*, 20(3), 1165.
- Mbaïogaou, A., Hema, A., Ouedraogo, M., Palé, E., Naitormbaide, M., Mahamout, Y., & Nacro, M. (2013). Etude comparative des teneurs en polyphénols et en antioxydants totaux d'extraits de graines de 44 variétés de voandzou (*Vigna subterranea* (L.) Verdcourt). *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 7(2), 861-871.
- Mbofung, C. M. F., Njintang, Y. N., & Waldron, K. W. (2002). Functional properties of cowpea-soy-dry red beans composite flour paste and sensorial characteristics of akara (deep fat fried food): effect of whipping conditions, pH, temperature and salt concentration. *Journal of Food Engineering*, 54(3), 207-214. doi: [https://doi.org/10.1016/S0260-8774\(01\)00196-0](https://doi.org/10.1016/S0260-8774(01)00196-0).
- Mebdoua, S. (2011). Caractérisation physico-chimiques de quelques populations de néibé (*Vigna unguiculata*) influence des traitements technologiques, Thèse de Magister en Phytotechnie, Ecole Nationale Supérieure Agronomique, Algérie. 83p.
- Menéndez, C., Hall, A., & Gepts, P. (1997). A genetic linkage map of cowpea (*Vigna unguiculata*) developed from a cross between two inbred, domesticated lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 95(8), 1210-1217.
- Mengoni, A., Gori, A., & Bazzicalupo, M. (2000). Use of RAPD and microsatellite (SSR) variation to assess genetic relationships among populations of tetraploid alfalfa, *Medicago sativa*. *Plant breeding*, 119(4), 311-317.
- Menssen, M., Linde, M., Otunga Omondi, E., Abukutsa-Onyango, M., Dinssa, F. F., & Winkelmann, T. (2017). Genetic and morphological diversity of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) entries from East Africa. *Scientia Horticulturae*, 226, 268-276. doi: <https://doi.org/10.1016/j.Scienta.2017.08.003>
- Mignouna, H., Ikea, J., Thottapilly, G., & Ng, N. (1998). Genetic diversity in cowpea as revealed by random amplified polymorphic DNA [RAPD-*Vigna unguiculata* (L.) Walp]. *Journal of Genetics & Breeding (Italy)*.

- Molosiwa, O. O., Gwafila, C., Makore, J., & Chite, S. M. (2016). Phenotypic variation in cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) germplasm collection from Botswana. *International Journal of Biodiversity and Conservation*, 8(7), 153-163.
- Morgante, M., Rafalski, A., Biddle, P., Tingey, S., & Olivieri, A. (1994). Genetic mapping and variability of seven soybean simple sequence repeat loci. *Genome*, 37(5), 763-769.
- Morrison, I., Asiedu, E., Stuchbury, T., & Powell, A. (1995). Determination of lignin and tannin contents of cowpea seed coats. *Annals of Botany*, 76(3), 287-290.
- Muindi, M. M., Muthini, M., Njeru, E. M., & Maingi, J. (2021). Symbiotic efficiency and genetic characterization of rhizobia and non rhizobial endophytes associated with cowpea grown in semi-arid tropics of Kenya. *Heliyon*, 7(4), e06867. doi: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e06867>
- Müller, L., Gnoyke, S., Popken, A. M., & Böhm, V. (2010). Antioxidant capacity and related parameters of different fruit formulations. *LWT-Food Science and Technology*, 43(6), 992-999.
- Muñoz-Amatriaín, M., Mirebrahim, H., Xu, P., Wanamaker, S. I., Luo, M., Alhakami, H., . . . Boukar, O. (2017). Genome resources for climate-resilient cowpea, an essential crop for food security. *The Plant Journal*, 89(5), 1042-1054.
- Mwangwela, A. M., Waniska, R. D., & Minnaar, A. (2006). Hydrothermal treatments of two cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) varieties: effect of micronisation on physicochemical and structural characteristics. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 86(1), 35-45.
- Nabi, F. (2009). Effet de la salinité sur la germination, la croissance et les composantes du rendement du *Vigna unguiculata* L.(Walp.). Thèse de Magister, INA, El Harrach, Alger.
- Nagalakshmi, R., Kavitha Mary, J., Ananda Kumar, C., & Usha Kumari, R. (2017). Genetic Diversity in Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) WALP.), Using RAPD Markers. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 6(6), 1632-1635.
- Nagaoka, T., & Ogihara, Y. (1997). Applicability of inter-simple sequence repeat polymorphisms in wheat for use as DNA markers in comparison to RFLP and RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 94, 597-602.
- Naiker, T. S., Gerrano, A., & Mellem, J. (2019). Physicochemical properties of flour produced from different cowpea (*Vigna unguiculata*) cultivars of Southern African origin. *Journal of Food Science and Technology*, 56(3), 1541-1550. doi: [10.1007/s13197-019-03649-1](https://doi.org/10.1007/s13197-019-03649-1)
- Nassourou, M. A., Njintang, Y. N., Noubissié, T. J.B., Nguimbou, R. M., & Bell, J. M. (2016). Genetics of seed flavonoid content and antioxidant activity in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). *The Crop Journal*, 4(5), 391-397. doi: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2016.05.011>
- Nderitu, A. M., Dykes, L., Awika, J. M., Minnaar, A., & Duodu, K. G. (2013). Phenolic composition and inhibitory effect against oxidative DNA damage of cooked cowpeas as affected by simulated in vitro gastrointestinal digestion. *Food Chemistry*, 141(3), 1763-1771. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2013.05.001>
- Nei, M. (1987). Molecular evolutionary genetics. *Annu Rev Genet*, 30, 371- 403. <https://doi.org/10.1146/annurev.genet.30.1.371>.
- Ng, N., & Padulosi, S. (1991). Cowpea gene pool distribution and crop improvement. Paper presented at the International Conference on Crop Genetic Resources of Africa, Ibadan (Nigeria), IITA, 17-20 Oct 1988.

- Ngompe-Deffo, T., Kouam, E. B., Beyegue-Djonko, H., & Anoumaa, M. (2017). Evaluation of the genetic variation of cowpea landraces (*Vigna unguiculata*) from Western Cameroon using qualitative traits. *Notulae Scientia Biologicae*, 9(4), 508-514.
- Nielsen, S., Ohler, T., & Mitchell, C. (1997). Cowpea leaves for human consumption: production, utilization, and nutrient composition. *Advances in cowpea research*. Co-publication of International Institute of Tropical Agriculture (IITA) and Japan International Center for Agricultural Sciences (JIRCAS), IITA, Ibadan, Nigeria.
- Nkongolo, K. (2003). Genetic characterization of Malawian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) landraces: diversity and gene flow among accessions. *Euphytica*, 129(2), 219-228.
- Oboh, H. A., & Agu, K. (2010). The effects of various traditional processing methods on the glycemic index and glycemic load of cowpeas (*Vigna unguiculata*). *Journal of Food Biochemistry*, 34(6), 1332-1342.
- Ofuya, Z., & Akhidue, V. (2005). The role of pulses in human nutrition: a review. *Journal of Applied Sciences and Environmental Management*, 9(3), 99-104.
- Ogunkanmi, L., Ogundipe, O., Ng, N., & Fatokun, C. (2008). Genetic diversity in wild relatives of cowpea (*Vigna unguiculata*) as revealed by simple sequence repeats (SSR) markers. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 6(3&4), 263-268.
- Ojwang, L. O., Banerjee, N., Noratto, G. D., Angel-Morales, G., Hachibamba, T., Awika, J. M., & Mertens-Talcott, S. U. (2015). Polyphenolic extracts from cowpea (*Vigna unguiculata*) protect colonic myofibroblasts (CCD18Co cells) from lipopolysaccharide (LPS)-induced inflammation—modulation of microRNA 126. *Food & function*, 6(1), 145-153.
- Okonkwo, S., & Opara, M. (2010). The analysis of bambara nut (*Voandzeia subterranean* (L.) Thouars) for sustainability in Africa. *Research Journal of Applied Sciences*, 5(6), 394-396.
- Okonya, J. S., & Maass, B. L. (2014). Protein and iron composition of cowpea leaves: an evaluation of six cowpea varieties grown in eastern Africa. *African Journal of Food, Agriculture, Nutrition and Development*, 14(5), 2129-2140.
- Oneh Abu, J., Muller, K., Gyebi Duodu, K., & Minnaar, A. (2005). Functional properties of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) flours and pastes as affected by γ -irradiation. *Food Chemistry*, 93(1), 103-111. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2004.09.010>
- Othman, S., Singh, B., & Mukhtar, F. (2006). Studies on the inheritance pattern of joints, pod and flower pigmentation in cowpea [*Vigna unguiculata* (L) walp.]. *African Journal of Biotechnology*, 5(23).
- Ouédraogo, J., Maheshwari, V., Berner, D., St-Pierre, C.-A., Belzile, F., & Timko, M. (2001). Identification of AFLP markers linked to resistance of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) to parasitism by *Striga gesnerioides*. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(6-7), 1029-1036.
- Ouedraogo, J., Sawadogo, M., Tignegre, J., Drabo, I., & Balma, D. (2010). Caractérisation agro-morphologique et moléculaire de cultivars locaux de niébé (*Vigna unguiculata*) du Burkina Faso. *Cameroon Journal of Experimental Biology*, 6(1).
- Padi, F. K. (2003). Genetic analyses of pigmentation in cowpea. *Pak J Biol Sci*, 19, 1655-1659.
- Padulosi, S., & Ng, N. (1997). Origin, taxonomy, and morphology of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. *Advances in cowpea research*, 1-12.
- Paliwal, R., Abberton, M., Faloye, B., & Olaniyi, O. (2020). Developing the role of legumes in West Africa under climate change. *Current Opinion in Plant Biology*. doi: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.05.002>

- Pandey, R., Dhanasekar, P., & Souframanien, J. (2004). RAPD based DNA fingerprinting and analysis of genetic diversity in radiation induced mutants of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. *Indian J Genet Plant Breed*, 64, 97-101.
- Panella, L., & Gepts, P. (1992). Genetic relationships within *Vigna unguiculata* (L.) Walp. based on isozyme analyses. *Genetic resources and crop evolution*, 39(2), 71-88.
- Pant, K., Chandel, K., & Joshi, B. (1982). Analysis of diversity in Indian cowpea genetic resources. *Sabrao Journal*, 14, 103-111.
- Park, S.-J., Choe, E.-O., Kim, J.-I., & Shin, M. (2012). Physicochemical properties of mung bean starches in different Korean varieties and their gel textures. *Food Science and Biotechnology*, 21(5), 1359-1365.
- Pasquet, R. (1993). Classification infraspécifique des formes spontanées de *Vigna unguiculata* (L.) Walp.(Fabaceae) à partir de données morphologiques. *Bulletin du Jardin botanique national de Belgique/Bulletin van de Nationale Plantentuin van België*, 127-173.
- Pasquet, R. (1996). Wild cowpea (*Vigna unguiculata*) evolution. *Advances in legume systematics*, 8, 95-100.
- Pasquet, R. (1999). Genetic relationships among subspecies of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. based on allozyme variation. *Theoretical and Applied Genetics*, 98(6-7), 1104-1119.
- Pasquet, R. (2000). Allozyme diversity of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. *Theoretical and Applied Genetics*, 101(1-2), 211-219.
- Pasquet, R. S. (1993). Variation at isozyme loci in wild *Vigna unguiculata* (Fabaceae, Phaseoleae). *Plant systematics and evolution*, 186(3-4), 157-173.
- Pasquet, R. S. (1998). Morphological study of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Importance of ovule number and definition of cv gr *Melanophthalmus*. *Agronomie*, 18(1), 61-70.
- Pasquet, R. S., & Baudoin, J.-P. (1997). Le niébé, *Vigna unguiculata* (L.) Walp. In :L'amélioration des plantes tropicales. Charrier A., Jacquot M., Hammon S., Nicolas D.(eds). Cirad-Orstom, Montpellier, France, , 483-505.
- Pasquet, R.S, & Baudoin, J.P. (2001). Cowpea in Tropical plant breeding. Charrier A., Jacquot M., Harmon S., Nicolas D (eds). Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD), Montpellier, France, pp. 177-198.
- Patil, D., Sawardekar, S., Gokhale, N., Bhave, S., Sawant, S., Sawantdesai, S., Lipne, K.A., Porter, W., Rachie, K., Rawal, H., Wein, R., & Luse, R. (1974). Cowpea germplasm catalogue No. 1, IITA Ibadan: Nigeria.
- 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(3), 225-238.
- Prasanthi, L., Geetha, B., Jyothi, B. R., & Reddy, K. R. (2012). Evaluation of genetic diversity in cowpea, *Vigna unguiculata* (L.) Walp genotypes using random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Current Biotica*, 6(1), 22-31.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945-959.
- Purseglove, J. (1968). *Tropical Crops, Dicotyledons*. Vol L London, UK: Longmans Greens and Company Ltd.
- Putri, P. H., & Nugrahaeni, N. (2021). Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] Yield Variance and Supported Character. Paper presented at the 3rd KOBICONGRESS, International and National Conferences (KOBICINC 2020).
- Quin, F., Singh, B., Raj Mohan, D., Dashiell, K., & Jackai, L. (1997). *Advances in cowpea research*. Copublication of IITA and JIRAC. IITA, Ibadan Nigeria.

- Rachie K.O. 1985. Introduction In: Cowpea research production and utilization. Singh S.R., Rachie K.O (eds). Wiley, New York, pp.xxi – xxviii.
- Rahali-Osmane, S., Boulahia, K., Djebbar, R., & Abrous-belbachir, O. (2020). Assessment Of Oxidative Stress And Proline Metabolism Genes Expression Of Cowpea Plants (*Vigna unguiculata* L.) Under Saline Conditions. *Analele Universității din Oradea, Fascicula Biologie* , XXVII, 7-16.
- Ramasamy, R.K., Ramasamy, S., Bindroo, B.B., Naik, V.G. (2014). STRUCTURE PLOT: a program for drawing elegant STRUCTURE bar plots in user friendly interface. *Springer plus* 3:431. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-3-431>.
- Reis, C., & Frederico, A. (2000).. Genetic diversity in cowpea (*Vigna unguiculata*) using isozyme electrophoresis. *Acta Hortic.* 1, 546: 497 – 501. International Symposium on Molecular Markers for Characterizing Genotypes and Identifying Cultivars in Horticulture.
- Ren, X., Jiang, H., Yan, Z., Chen, Y., Zhou, X., Huang, L., Lei, Y., Huang, J., Yan, L., Qi, Y., Wei, W., & Liao, B. (2014). Genetic diversity and population structure of the major peanut (*Arachis hypogaea*) cultivars grown in China by SSR markers. *PLoS One* 9: e88091. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0088091>
- Rivas-Vega, M., Goytortúa-Bores, E., Ezquerro-Brauer, J., Salazar-García, M., Cruz-Suárez, L., Nolasco, H., & Civera-Cerecedo, R. (2006). Nutritional value of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) meals as ingredients in diets for Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei* Boone). *Food Chemistry*, 97(1), 41-49.
- Rohlf, F. (1997). NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.02 e. Exeter Software .New York. USA.
- Romain, H., & Raemaekers, R. (2001). Agriculture en Afrique tropicale. Direction Générale de la Coopération Internationale, Bruxelles, Belgique.
- Sabale, S.N., Joshi, S. (2013). Genetic diversity analysis in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] by using RAPD markers. *International Journal of Innovative Biotechnology and Biochemistry*, 1(1), 15-23.
- Salawu, S. O., Bester, M. J., & Duodu, K. G. (2014). Phenolic composition and bioactive properties of cell wall preparations and whole grains of selected cereals and legumes. *Journal of Food Biochemistry*, 38(1), 62-72.
- Samireddypalle, A., Boukar, O., Grings, E., Fatokun, C. A., Kodukula, P., Devulapalli, R., Okike, I., Blümmel, M. (2017). Cowpea and Groundnut Haulms Fodder Trading and Its Lessons for Multidimensional Cowpea Improvement for Mixed Crop Livestock Systems in West Africa. *Frontiers in Plant Science*, 8(30).doi: 10.3389/fpls.2017.00030
- Sandhya Rani, M., & Bhattacharya, K. (1989). Rheology of rice-flour pastes: effect of variety, concentration, and temperature and time of cooking. *Journal of Texture Studies*, 20(2), 127-137.
- Santoni, S., Faivre-Rampant, P., Prado, E., & Prat, D. (2000). Marqueurs moléculaires pour l'analyse des ressources génétiques et l'amélioration des plantes. *Cahiers Agricultures*, 9, 311-327.
- Sebetha, E., Modi, A., & Owoeye, L. (2015). Cowpea crude protein as affected by cropping system, site and nitrogen fertilization. *Journal of Agricultural Science*, 7(1), 224.
- Selvi, R., Muthiah, A., Maheswaran, M., & Shanmugasundaram, P. (2003). Genetic diversity analysis in the genus *vigna* based on morphological traits and isozyme markers. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*, 35, 103-112.
- Séraphin, D. K., Youssouf, K. K., Doudjo, S., Emmanuel, A. N., Benjamin, Y. K., & Dago, G. (2015). Caractérisation biochimique et fonctionnelle des graines de sept cultivars

- de voandzou [*Vigna subterranea* (L.) VERDC. fabaceae] cultivés en Côte D'Ivoire. *European Scientific Journal*, ESJ, 11(27).
- Sharawy, W. M., & El-Fiky, Z. (2003). Characterization of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) genotypes based on yield traits and RAPD-PCR analysis. *Arab J. Biotech*, 6(1), 67-78.
- Sharma, S., Upadhyaya, H., Varshney, R., & Gowda, C. (2013). Pre-breeding for diversification of primary gene pool and genetic enhancement of grain legumes. [Review]. *Frontiers in Plant Science*, 4(309). doi: 10.3389/fpls.2013.00309
- Singh, B., & Ishiyaku, M. (2000). Brief communication. Genetics of rough seed coat texture in cowpea. *Journal of Heredity*, 91(2), 170-174.
- Singh, B., Ehlers, J., Sharma, B., & Freire Filho, F. (2002). Recent progress In: cowpea breeding. Fatokun, C.A., Tarawali, S.A., Singh, B.B., Kormawa, P.M., Tamo M. (eds). IITA, Ibadan, Nigeria, pp 3-13.22-40.
- Singh., B. B. (2002). Recent genetic studies in cowpea. In: Challenges and opportunities for Enhancing Sustainable Cowpea Production. Fatokun C.A., Tarawali S.A., Singh B.B., Kormawa P.M., Tamo M.(eds). IITA, Ibadan, Nigeria, pp. 3-13.
- Sodedji, F. A. K., Agbahoungba, S., Agoyi, E. E., Kafoutchoni, M. K., Choi, J., Nguetta, S. P. A., Kim, H. Y. (2021). Diversity, population structure, and linkage disequilibrium among cowpea accessions. *The Plant Genome*, e20113.
- Sreerama, Y. N., Sashikala, V. B., & Pratapa, V. M. (2012). Phenolic compounds in cowpea and horse gram flours in comparison to chickpea flour: Evaluation of their antioxidant and enzyme inhibitory properties associated with hyperglycemia and hypertension.
- Steele, W. (1976). Cowpeas. *Evolution of Crop Plants*, 183-185.
- Stoilova, T., & Pereira, G. (2013). Assessment of the genetic diversity in a germplasm collection of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) using morphological traits. *African Journal of Agricultural Research*, 8(2), 208-215.
- Subbiah, A., Anbu, S., Selvi, B., & Rajankam, J. (2003). Studies on the cause and effect relationship among the quantitative traits of vegetable cowpea {*Vigna unguiculata* (L.) Walp.}. *Legume Research-An International Journal*, 26(1), 32-35.
- Summerfield, R. (1985). The physiology of cowpeas. In: Cowpea research, production and utilization. Singh S.R., Rachie K.O (eds). Wiley, New York. 65-101.
- Suvan, P., Patel, K. V., & Kumar, S. (2020). Evaluation of SSR-based genetic diversity, protein and mineral content in black gram genotypes. *Journal of King Saud University - Science*, 32(1), 1029-1033. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2019.09.016>
- Tarawali, S. A., Singh, B., Gupta, S., Tabo, R., Harris, F., Nokoe, S., Tamo M. (eds). IITA, Ibadan, Nigeria, pp. 3-13.
- Tchiégang, C., & Kitikil, A. (2004). Données ethnonutritionnelles et caractéristiques physico-chimiques des légumes-feuilles consommés dans la savane de l'Adamaoua (Cameroun). *Tropicicultura*, 22(1), 11-18.
- Teixeira-Guedes, C. I., Oppolzer, D., Barros, A. I., & Pereira-Wilson, C. (2019). Phenolic rich extracts from cowpea sprouts decrease cell proliferation and enhance 5-fluorouracil effect in human colorectal cancer cell lines. *Journal of Functional Foods*, 60, 103452. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jff.2019.103452>.
- Teka, T. A., Retta, N., Bultosa, G., Udenigwe, C., Shumoy, H., & Raes, K. (2020). Phytochemical profiles and antioxidant capacity of improved cowpea varieties and landraces grown in Ethiopia. *Food Bioscience*, 37, 100732. doi: <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2020.100732>.
- Tian, G. T., Zhu, M. J., Wu, Y. Y., Liu, Q., Wang, H. X., & Ng, T. B. (2013). Purification and characterization of a protein with antifungal, antiproliferative, and HIV-1 reverse transcriptase inhibitory activities from small brown-eyed cowpea seeds. *Biotechnology and applied biochemistry*, 60(4), 393-398.

- Timko M.P., Ehlers J.D., Roberts P.A. 2007. Cowpea. In: Pulses, Sugar and Tuber Crops, Genome Mapping and Molecular Breeding in Plants, Vol. 3, Kole C. (Ed.), Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, pp. 49-67.
- Timko, M. P., & Singh, B. (2008). Cowpea, a multifunctional legume Genomics of tropical crop plants In: Genomics of tropical crop plants, Springer (eds.), pp. 227-258.
- Topçu, G., Ay, M., Bilici, A., Sarıkürkcü, C., Öztürk, M., & Ulubelen, A. (2007). A new flavone from antioxidant extracts of *Pistacia terebinthus*. *Food Chemistry*, 103(3), 816-822.
- Torres, J., Peters, M., & Montoya, C. A. (2019). Boiling influences the nutritional value of three seed cowpea (*Vigna unguiculata*) varieties using in vivo and in vitro methods. *Food Chemistry*, 297, 124940. doi: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.06.007>
- Tosti, N., & Negri, V. (2002). Efficiency of three PCR-based markers in assessing genetic variation among cowpea (*Vigna unguiculata* subsp. *unguiculata*) landraces. *Genome*, 45(2), 268-275.
- Uguru, M. I., & Ngwuta, A. (1995). Genetics and Linkage Relationships of. *Biol. Zent. bl*, 114(3), 273-278.
- Vaillancourt, R. E., Weeden, N. F., & Barnard, J. (1993). Isozyme diversity in the cowpea species complex. *Crop science*, 33(3), 606-613.
- Van de Peer, Y., & De Wachter, R. (1994). TREECON for Windows: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees for the Microsoft Windows environment. *Bioinformatics*, 10(5), 569-570.
- Vanderborght, T., & Baudoin, E.-P. (2001). Légumineuses à grain : Niébé. In : Agriculture en Afrique Tropical , R, Raemaekers (eds). DGCI, Bruxelles, 368-383.
- Varshney RK, Mahendar T, Aruna R, Nigam SN, Neelima K, Vadez V, Hoisington DA (2009) High level of natural variation in a groundnut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm collection assayed by selected informative SSR markers. *Plant Breeding* 128:486-494. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2009.01638.x>
- Varshney, R., Bertioli, D., Moretzsohn, M. d. C., Vadez, V., Krishnamurthy, L., Aruna, R., Ravi, K. (2009). The first SSR-based genetic linkage map for cultivated groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 118(4), 729-739.
- Varshney, R., Mahendar, T., Aruna, R., Nigam, S., Neelima, K., Vadez, V., & Hoisington, D. (2009). High level of natural variation in a groundnut (*Arachis hypogaea* L.) germplasm collection assayed by selected informative SSR markers. *Plant breeding*, 128(5), 486-494.
- Vaughan, D.A., & Srinives, P. (2012). An SSR-based linkage map of yardlong bean (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. subsp. *unguiculata* Sesquipedalis Group) and QTL analysis of pod length. *Genome*, 55(2), 81-92.
- Vilarinhos, A. D., De Barros, E., Paiva, E., Sediya, C. S., & Moreira, M. A. (1994). Use of the random amplified polymorphic DNA technique to characterize soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) genotypes. *Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
- Wang, M.L., Sukumaran, S., Barkley, N.A., Chen, Z., Chen, C.Y., Guo, B., Pittman, R.N., Stalker, H.T., Holbrook, C.C., Pederson, G.A., Yu, J. (2011). Population structure and marker-trait association analysis of the US peanut (*Arachis hypogaea* L.) mini-core collection. *Theor Appl Genet* 123:1307–1317. <https://doi.org/10.1007/2Fs00122-011-1668-7>
- Welsh, J., & McClelland, M. (1990). Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic acids research*, 18(24), 7213-7218.
- Westphal, E. (1974). Pulses in Ethiopia, their taxonomy and agricultural significance: Wageningen University and Research.

- White, P. J., & Broadley, M. R. (2009). Biofortification of crops with seven mineral elements often lacking in human diets—iron, zinc, copper, calcium, magnesium, selenium and iodine. *New Phytologist*, 182(1), 49-84.
- Wien, H., & Summerfield, R. (1980). Adaptation of cowpeas in West Africa : effects of photoperiod and temperature responses in cultivars of diverse origin. *Adaptation of cowpeas in West Africa: effects of photoperiod and temperature responses in cultivars of diverse origin.*, 405-417.
- Williams, J. G., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A., & Tingey, S. V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic acids research*, 18(22), 6531-6535.
- Wright, S. (1978). *Evolution and the genetics of populations. Variability within and among*
- Wright, S. (1978). *Evolution and the genetics of populations: a treatise in four volumes: Vol. 4: variability within and among natural populations: University of Chicago Press.*
- Xiong, H., Shi, A., Mou, B., Qin, J., Motes, D., Lu, W., Ma, J., Weng, Y., Yang, W. Wu, D. (2016). Genetic diversity and population structure of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). *PLoS One*, 11(8), e0160941.
- Xu, P., Wu, X., Wang, B., Liu, Y., Ehlers, J. D., Close, T. J., Roberts, P. A., Diop, N.N., Qin, Dehui Hu, T. (2011). A SNP and SSR based genetic map of asparagus bean (*Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedialis*) and comparison with the broader species. *PloS one*, 6(1), e15952.
- Yahaya, D., Denwar, N., Mohammed, M., & Blair, M. W. (2019). Screening cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes for enhanced N₂ fixation and water use efficiency under field conditions in Ghana. *American Journal of Plant Sciences*, 10(4), 640-658.
- Yahaya, M. (2007). Inheritance of flower colour in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). *Int. J. Pure. Appl. Sci*, 1(1), 10-19.
- Yalçın, İ. (2007). Physical properties of cowpea (*Vigna sinensis* L.) seed. *Journal of Food Engineering*, 79(1), 57-62. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jfoodeng.2006.01.026>
- Yu, K., Park, S., Poysa, V., & Gepts, P. (2000). Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Heredity*, 91(6), 429-434.
- Yusuf, A., Ayedun, H., & Sanni, L. (2008). Chemical composition and functional properties of raw and roasted Nigerian benniseed (*Sesamum indicum*) and bambara groundnut (*Vigna subterranean*). *Food Chemistry*, 111(2), 277-282.
- Zia-Ul-Haq, M., Ahmad, S., Amarowicz, R., & De Feo, V. (2013a). Antioxidant Activity of the Extracts of Some Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) Cultivars Commonly Consumed in Pakistan. *Molecules*, 18, 2005-2017. doi: 10.3390/molecules18022005
- Zia-Ul-Haq, M., Ahmad, S., Amarowicz, R., & De Feo, V. (2013b). Antioxidant activity of the extracts of some cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) cultivars commonly consumed in Pakistan. *Molecules*, 18(2), 2005-2017.
- Zoundi, J., Lalaba, A., Tiendrebeogo, J., & Bambara, D. (2007). Systèmes de cultures améliorés à base de niébé (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) pour une meilleure gestion de la sécurité alimentaire et des ressources naturelles en zone semi-aride du Burkina Faso. *Tropicultura* , 25(2), 87-96.
- Zuofa, K., Tariah, N., & Isirimah, N. (1992). Effects of groundnut, cowpea and melon on weed control and yields of intercropped cassava and maize. *Field Crops Research*, 28(4), 309-314.

Annexes

Annexe 1: Enquête Ethnobotanique et Agronomique

Annexe 1-a : Questionnaire distribué aux agricultures

L'exploitant

Age : Moins de 45 45-65 ans plus de 65ans

Sexe : Féminin Masculin

Origine de l'exploitant : de la région hors région

Formation agricole ou professionnelle : Oui Non

Contacts avec les instituts : Oui Non

L'exploitation agricole

Région : localisation géographique :

- Tamanrasset
- Tidikelt
- Inguezzam
- Superficie :

L'âge de l'exploitation :

Surface utilisée niébé :

Autres cultures : Oui Non

Conduite culturale préférée : traditionnelle extensive technique intensive

Main d'œuvre : permanentes saisonnières

Matériel agricole : Disponible non disponible

Loué son propre matériel location prive

Élevage : Absence Présence

Les semences

Nom vernaculaire : tedelaght Loubia kbayle

Sources des graines : Jardins voisin famille Marché autre

Qualité de la semence : saine altérée infectée

Cout de la semence :

Partie utilisées de la plante : Grains Grains+gousses vertes

Grains+gousses vertes+fanes

Depuis quand la plante est cultivée : Depuis quelques années Depuis longtemps

Destination : Autoconsommation Commercialisation

Autoconsommation et Commercialisation

Plats principale à base de niébé : couscous tewasse

Provenance géographique : non connu Niger soudan Arabie saoudite

Est-ce que vous cultiverez toujours cette plante : Oui Non

Est-ce que vous pensez que cette plante va disparaître : Oui Non

Plats secondaire à base de niébé : berkoukés Asbane Djouaz

Les travaux des sols

La réalisation du labour du sol : Oui Non

Nombre de coupe : Aucune un à deux Plus de deux

La plantation

Période de semis: Février – Mars Avril – Mai Juin – juillet

Époque de floraison : Un mois après le semis Un mois et demi à deux mois après le semis
Plus de deux mois après le semis

Espèces cultivées en même moment : cultures potagères cultures potagères+Figuiers+

Olivier Palmier dattier + autres cultures.

Présences des nodules sur les racines : Oui Non

Irrigation

Disponibilité d'eau : Oui Non

Origine de l'eau : étatique privée retenues naturelle

Mode d'irrigation : Raie Aspersion goutte à goutte

Qualité de l'eau : bonne moyenne médiocre

Mode d'application d'irrigation : sous pression motopompage

Fréquence d'irrigation en jour

Fertilisation : Oui Non

Maladies et ravageurs

Maladies et ennemis durant la culture : Aucune insectes champignons et insectes

Utilisation des produits phytosanitaires Oui Non

Maladies et ennemis de stockage : Aucune Bruches

Méthode de lutte contre lors de stockage : aucune Huile d'olive Froid

Soleil chimique

Type de traitement : Curatif Préventif

Accidents climatiques

Accidents climatiques : Oui Non

Quels types d'accidents : les vents la gelée grêle sécheresse

Époque des accidents : hiver printemps été automne

Les dégâts sur la culture : significatifs non significatifs occasionnels

Récolte et conditionnement

- Période de récolte : juin –septembre septembre – octobre
- Conditionnement : votre chambre froide Location autre

Gestion économique

- Coût de la production DA/ha
- Financement de l'exploitation : emprunt bancaire autofinancement les deux
- commercialisation : Transport existe transport absent
- Existence d'inventoutout est vendue
- Modalité de vente du produit : crédit par espèce cheque versement
- Rendement : grandfaible moyen
- satisfaction pour le Rendement : Oui Non
- pourquoi vous n'êtes pas satisfait : manque d'eau manque de terre
- Manque de savoir Manque de financement manque de matériel
- Taille de la main d'œuvre : suffisante insuffisante

Contraintes et perspectives

Les contraintes

existantes :

.....

solutions proposées :.....

.....

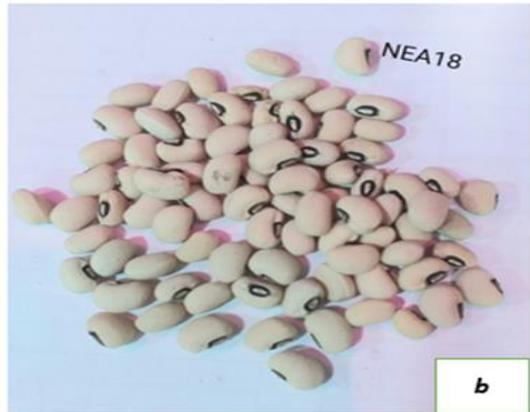
Annexe -1 b : Prospection sur terrain en 2018, collecte des accessions de niébé et réalisation des enquêtes ethnobotaniques u niveai de la région d'ABALESSA (Photos de 1 à 4), photos de (a –f) représentent différents accessions de niébé collectées.



- Quelques accessions de néibé collectées au Hoggar.



a



b



c



d



e



f

Annexe 2: Etude agro morphologique des accessions de niébé.

Annexe -2a : La mise en place des essais expérimentaux à Tamanrasset (Photos de 1à4)



Annexe -2b : La mise en place et suivi des essais expérimentaux à Alger (Photos de 1à3)



Annexes

Annexe 2-c : Analyse descriptif des caractères quantitatifs étudiés pour les deux années d'études dans le sud (Hoogar, Algérie (Moyenne \pm Ecartype)).

Accessions	DI (cm)	DI77 (cm)	HP46J (cm)	HP77J (cm)	LG(Cm)	LaG(Cm)
NEA17	0,679 \pm 0,06a	1,76 \pm 0,14bcd	21,65 \pm 4,88 a	31,92 \pm 4,23abc	18,8 \pm 0,47a	0,98 \pm 0,17ab
NEA3	0,61 \pm 0,02ab	1,64 \pm 0,1cdef	14,33 \pm 0,68bcd	30,31 \pm 2,06abcde	8,34 \pm 1,52g	0,828 \pm 0,09cd
NEA13	0,558 \pm 0,04abc	1,55 \pm 0,21f	15,31 \pm 1,33bcd	25,26 \pm 7,40de	9,73 \pm 0,325def	0,59 \pm 0,12e
NEA2	0,550 \pm 0,09bc	1,66 \pm 0,01cdef	20,89 \pm 2,25a	31,85 \pm 1,95abc	9,85 \pm 0,07def	0,57 \pm 0,02e
NEA12	0,536 \pm 0,06bc	2,04 \pm 0,16a	18,42 \pm 3,59ab	31,29 \pm 5,80abcd	10,21 \pm 0,38def	0,61 \pm 0,13e
NEA11	0,525 \pm 0,2bc	1,64 \pm 0,11cdef	15,64 \pm 4,23bc	24,03 \pm 7,02e	9,63 \pm 0,52efg	0,56 \pm 0,1e
NEA16	0,519 \pm 0,03bc	1,66 \pm 0,12cdef	15,65 \pm 2,37bc	29,47 \pm 6,5bcde	10,89 \pm 0,49de	1,05 \pm 0,24a
NEA8	0,511 \pm 0,13bc	1,61 \pm 0,06def	14,5 \pm 3,63bcd	25,81 \pm 4,89cde	15,27 \pm 0,72b	0,89 \pm 0,11bc
NEA10	0,503 \pm 0,09bc	1,71 \pm 0,04cde	16,28 \pm 3,60bc	32,95 \pm 3,08ab	10,75 \pm 0,75de	0,697 \pm 0,08de
NEA7	0,492 \pm 0,04bc	1,62 \pm 0,17cdef	12,56 \pm 1,32cd	30,76 \pm 2,33abcd	11,06 \pm 0,87d	0,867 \pm 0,15bc
NEA6	0,477 \pm 0,07c	2,07 \pm 0,21a	13,58 \pm 2,15cd	31,84 \pm 2,79abc	14,97 \pm 1,24b	0,946 \pm 0,01abc
NEA9	0,4770 \pm 0,13c	1,65 \pm 0,05cdef	15,53 \pm 2,81bc	31,24 \pm 0,56abcd	9,35 \pm 0,58fg	0,61 \pm 0,04e
NEA14	0,476 \pm 0,15c	1,66 \pm 0,03cdef	14,11 \pm 5,98bcd	29,12 \pm 4,24bcde	9,18 \pm 0,47fg	0,62 \pm 0,06e
NEA4	0,465 \pm 0,05c	1,71 \pm 0,14cdef	14,65 \pm 2,25bcd	29,6 \pm 6,90bcde	9,83 \pm 0,18def	0,60 \pm 0,05e
NEA1	0,463 \pm 0,06c	1,59 \pm 0,04ef	15,65 \pm 0,26bc	36,57 \pm 1,40a	9,83 \pm 0,42def	0,58 \pm 0,12e
NEA15	0,440 \pm 0,04c	1,88 \pm 0,04b	18,61 \pm 4,70ab	30,14 \pm 7abcde	10,13 \pm 0,635def	0,57 \pm 0,07e
NEA5	0,437 \pm 0,07c	1,78 \pm 0,03bc	13,78 \pm 1,38 cd	31,89 \pm 3,10abc	10,01 \pm 0,55def	0,61 \pm 0,1e
NEA18	0,449 \pm 0,07c	1,62 \pm 0,03cdef	10,87 \pm 1,54d	23,92 \pm 7,17e	13,38 \pm 0,72c	0,83 \pm 0,016bcd

Annexes

Accessions	PGP(g)	NGP	NJF(J)	NJN (J)	NJM(J)	NOG	NGG
NEA17	200,4±6,55ab	254,97±38,66abc	146,08±14,08ab	153,08±2,02a	164,41±2,82a	16,70±0,29a	16,33±0,29a
NEA3	79,76±10,96ef	104,61±46,56efg	125,62±27,57bc	131,41±0,14	140,58±1,18 ab	10,58±0,64cdefg	8,66±0,65f
NEA13	145,61±14,94bcde	198,54±49,26 abcde	47,66±3,12e	52,83±0,14ab	64,125±2,18d	9,91±0,26efghi	9,45±0,26def
NEA2	260,41±128,28a	225,16±41,40abcd	48,83±4,60e	68,16±0,3cde	79,5± 0,66cd	10,79±0,81cde	9,87±0,81cdef
NEA12	154,70±25,23bcd	217,31±50,49abcd	49,87±7,06e	50,04±0,44e	60±0,86d	11±0,51cd	10,70±0,51c
NEA11	137,2±36,19bcdef	187,28±26,47bcde	140,1±0,14ab	146,08±0,87a	156,75±0,9a	9,70±0,61ghi	9,5±0,62cdef
NEA16	122,83±2,09cdef	65,29±48,93fg	85,75±10,81d	91,16±11,13cd	88,041±15,55cd	9,75±0,59fghi	9,25±0,69ef
NEA8	130,78±15,67cdef	108,91±58,99efg	161,12±17,97a	166±6,23a	175,66±2,65a	13,20±0,47b	12,70±0,48b
NEA10	149,92±33,21bcd	273,75±57,81ab	142,04±0,81ab	146,79±2,70a	156,25±1,32a	10,62±0,45cdef	10,37±0,46cde
NEA7	72,39±45,38f	46±15,26g	60,08±6,14de	64,708±6,31cde	74±6,55cd	11,12±0,71cd	10,33±0,72cde
NEA6	172,78±10,13bcd	133±20,55defg	91±45,46d	99±0,18bc	109,91bc	9,16±0,14i	10,16±0,14cde
NEA9	136,27±62,2bcdef	167,86±65,80cde	139,91±6,14ab	145,25±16,88a	155,66±2,78a	9,45±0,47hi	9,33±0,47ef
NEA14	116,90±11,2def	162,37±26,89cdef	48,83±5,59e	53,62±5,12de	64,91±4,88d	9,83±0,62fghi	9,5±0,62cdef
NEA4	184,38±21,07bc	257,37±88,82abc	56,91±16,12de	62,66±14,98cde	72,08±14,60cd	11,16±0,33c	10,58±0,34cd
NEA1	142,03±27,82 bcde	253,41±147,14abc	127,62±25,35ab	131±2,02ab	139,91±0,72 ab	11,12±0,87cd	10,70±0,88c
NEA15	158±70bcd	193,25±24,19bcde	130,95±64,72ab	136,33±1,41ab	147±3,88ab	10,2±0,69defgh	9,87±0,69cdef
NEA5	203,46±35,17ab	299,08±24,19bcde	49,33±6,42e	54,583±6,66de	62,29±6,95d	10,54±0,57cdefg	10,16±0,58cde
NEA18	119,31±79,15cdef	127,83±87,66defg	132,54±28,75ab	137,66±10,61a	148,04±9,01a	10,25±0,45defgh	10,25±0,45cde

Annexes

Accessions	LaGr (cm)	LGr (cm)	PCG (g)	RDT(q/ha)
NEA17	0,384±0,15fg	0,699±0,06def	13,40±1,31cde	14,18±3,65ef
NEA3	0,717±0,15abc	0,818±0,22cd	8,71±0,56g	35,627±1,94ab
NEA13	0,434±0,02efg	0,582±0,03fg	14,99±0,15bc	23,25±2,65cdef
NEA2	0,402±0,05fg	0,580±0,09fg	8,23±0,45g	36,17±22,80ab
NEA12	0,512±0,06defg	0,710±0,01def	8,45±0,81g	24,22±4,48bcdef
NEA11	0,344±0,02g	0,509±0,58g	8,96±0,82fg	24,39±6,43bcdef
NEA16	0,854±0,18a	1,133±0,15a	17,10±0,47b	20,78±0,18def
NEA8	0,587±0,10bcde	0,830±0,04cd	14,56±1,36bcd	26,65±2,78bcd
NEA10	0,739±0,04ab	0,793±0,06cde	8,24±0,29g	25,24±5,90bcde
NEA7	0,646±0,1ab	0,827±0,13cd	14,99±1,71bc	27,50±8,06bcd
NEA6	0,710±0,16abc	0,912±0,15bc	21,07±1,19a	28,08±1,80bcd
NEA9	0,394±0,09fg	0,642±0,07efg	9,26±0,75fg	25,88±11,05bcde
NEA14	0,550±0,08cdef	0,714±0,03def	8,23±0,49g	21,83±1,99cdef
NEA4	0,486±0,04defg	0,667±0,06defg	8,38±0,44g	32,77±23,74bc
NEA1	0,486±0,1defg	0,636±0,2efg	8,22±0,14g	46,29±4,98a
NEA15	0,445±0,04efg	0,591±0,03fg	8,65±0,81g	21,21±12,44cdef
NEA5	0,409±0,05fg	0,588±0,07fg	10,63±5,71efg	30,71±6,25bcd
NEA18	0,710±0,18abc	1,041±0,18ab	11,84±1,65def	12,86±14,07f

Annexes

Annexe 2-d : Analyse de la variance des caractères quantitatifs étudiés pour les deux sites d'essais du sud (le degré de liberté entre parenthèse).

DI 46					DI77			
Source de variation	SCE	CM	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	0,01390	0,006949	0,890487	0,415054	0,00263	0,001313	0,101744	0,903395
Année (ddl=1)	0,08480	0,084798	10,866709	0,001539**	0,00132	0,001320	0,102282	0,750061
Accessions (ddl=17)	0,39690	0,023347	2,991857	0,000658**	2,14335	0,126079	9,773107	0,000000**
Année x accessions (ddl=17)	0,02679	0,001576	0,201945	0,999695	0,02076	0,001221	0,094663	0,999999
Residual (ddl=70)	0,54624	0,007803			0,90305	0,012901		
Tota l(ddl=107)	1,06863	0,009987			3,07110	0,028702		
C.V. (%) = 17.34					C.V. (%) = 6.61			
HP46					HP77			
Source de variation	SCE	CM	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	19,58702	9,793508	0,944936	0,393606	328,63322	164,316609	7,800062	0,000875
Année (ddl=1)	0,01565	0,015648	0,001510	0,969115	0,19763	0,197633	0,009382	0,923115
Accessions (ddl=17)	762,12050	44,830618	4,325525	0,00006**	1101,54898	64,796999	3,075895	0,00048**
Année x accessions (ddl=17)	4,54755	0,267503	0,025810	1,000000	18,21702	1,071589	0,050868	1,000000
Residual (ddl=70)	725,49423	10,364203			1474,62455	21,066065		
Total(ddl=107)	1511,76495	14,128644			2923,22139	27,319826		
C.V. (%) = 20.54					C.V. (%) = 15.35			
NJF					NJN			
Source de variation	SS	MS	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	209,46181	104,730903	0,168665	0,845134	532,4734	266,2367	0,375253	0,688490
Année (ddl=1)	324,65336	324,653356	0,522842	0,472041	87,1204	87,1204	0,122794	0,727077
Accessions (ddl=17)**	186274,65104	10957,332414	17,646367	0,00000**	182596,6088	10740,9770	15,139082	0,00000**
Année x accessions (ddl=17)	2641,37789	155,375170	0,250226	0,998765	4080,0463	240,0027	0,338277	0,992468
Residual (ddl=70)	43465,78819	620,939831			49664,0683	709,4867		
Tota l(ddl=107)	232915,93229	2176,784414			236960,3171	2214,5824		

Annexes

C.V. (%) = 25.13					C.V. (%) = 25.36			
NGP					PGP			
Source de variation	SCE	CM	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	39423,11817	19711,559086	3,744103	0,02852*	11583,18670	5791,593352	2,535885	0,086447
Année (ddl=1)	11072,54814	11072,548142	2,103170	0,151460	6800,09663	6800,096625	2,977464	0,088844
Accessions (ddl=17)	546836,49718	32166,852775	6,109918	0,00000**	203430,92119	11966,524776	5,239616	0,00000**
Année x accessions (ddl=17)	160596,10416	9446,829657	1,794374	0,04618*	19612,82915	1153,695832	0,505153	0,942062
Residual (ddl=70)	368528,63772	5264,694825			159869,86839	2283,855263		
Tota l(ddl=107)	1126456,90537	10527,634630			401296,90206	3750,438337		
C.V. (%) = 39.87					C.V. (%) = 32.01			
NGG					NOG			
Source de variation	SCE	CM	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	2,29282	1,146412	1,524952	0,224773	0,54282	0,271412	0,652347	0,523959
Année (ddl=1)	13,19502	13,195023	17,551961	0,00008**	9,63021	9,630208	23,146485	0,000008**
Accessions (ddl=17)	296,37789	17,433994	23,190620	0,00000**	301,70428	17,747311	42,656176	0,00000**
Année x accessions (ddl=17)	84,33623	4,960955	6,599040	0,00000**	87,33854	5,137561	12,348277	0,00000**
Residual (ddl=70)	52,62384	0,751769			29,12384	0,416055		
Tota l(ddl=107)	448,82581	4,194634			428,33970	4,003175		
C.V. (%) = 8.310					C.V. (%) = 5.94			
NJM								
Source de variation	SCE		CM	F		ProbF		
Bloc (ddl=2)	1243,57407		621,787037	0,852410		0,430764		
Année (ddl=1)	89,83565		89,835648	0,123156		0,726690		
Accessions (ddl=17)	186245,33796		10955,608115	15,019081		0,00000**		
Année x accessions (ddl=17)	4073,16435		239,597903	0,328466		0,993628		
Residual (ddl=70)	51061,21759		729,445966					
Tota l(ddl=107)	242713,12963		2268,347006	C.V. (%) = 23.60				
LG								

Annexes

					LaG			
Source de variation	SCE	CM	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	0,84747	0,423736	0,465126	0,629983	0,07832	0,039162	3,300248	0,0426*
Année (ddl=1)	18,81422	18,814222	20,651960	0,000022**	0,43723	0,437234	36,846559	0,00000**
Accessions (ddl=17)	738,62904	43,448767	47,692763	0,00000**	2,80838	0,165199	13,921607	0,00000**
Année x accessions (ddl=17)	38,73514	2,278538	2,501101	0,00384**	0,69241	0,040730	3,432375	0,000134**
Residual (ddl=70)	63,77097	0,911014			0,83064	0,011866		
Tota l(ddl=107)	860,79684	8,044830			4,84699	0,045299		
C.V. (%) = 8.53					C.V. (%) = 15.01			
LGr					LaGr			
Source de variation	SCE	CM	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	0,05052	0,025260	1,668666	0,195908	0,05417	0,027085	1,718997	0,186725
Année (ddl=1)	1,63633	1,636331	108,094339	0,00000**	0,95753	0,957534	60,772016	0,00000**
Accessions (ddl=17)	2,86261	0,168389	11,123594	0,00000**	2,32242	0,136613	8,670443	0,00000**
Année x accessions (ddl=17)	0,96667	0,056863	3,756306	0,000044**	0,83579	0,049164	3,120324	0,000415**
Residual (ddl=70)	1,05966	0,015138			1,10293	0,015756		
Tota l(ddl=107)	6,57579	0,061456			5,27285	0,049279		
C.V. (%) = 16.67					C.V. (%) = 23.01			
PCG					RDT			
Source de variation	SCE	CM	F	ProbF	SCE	CM	F	ProbF
Bloc (ddl=2)	5,64587	2,822936	0,627617	0,536840	366,08590	183,042950	2,535885	0,086447
Année (ddl=1)	7,94084	7,940845	1,765469	0,188259	214,91663	214,916634	2,977464	0,088844
Accessions (ddl=17)	1470,41856	86,495209	19,230276	0,00000**	6429,42171	378,201277	5,239616	0,000000
Année x accessions (ddl=17)	87,00864	5,118155	1,137907	0,338049	619,86225	36,462486	0,505153	0,942062
Residual (ddl=70)	314,85063	4,497866			5052,67732	72,181105		
Tota l(ddl=107)	1885,86455	17,624902			12682,96382	118,532372		
C.V. (%) = 19.38					C.V. (%) = 32.01			

Annexes

Annexe 2-e : Matrice de corrélation entre variables quantitatives des essais du sud

Variables	DI	DI77	HP46J	HP77J	LG	LaG	PGP	NGP	NJF(J)	NJN (J)	NJM(J)	NOG	NGG	LaGr	LGr	PCG	RDT
DI	1	-0,089	0,551	-0,011	0,350	0,350	0,081	-0,016	0,141	0,160	0,164	0,609	0,482	-0,086	-0,034	0,094	-0,153
DI77	-0,089	1	0,241	0,309	0,234	0,069	0,315	0,174	-0,163	-0,175	-0,165	-0,045	0,115	0,035	0,034	0,183	-0,130
HP46J	0,551	0,241	1	0,355	0,169	-0,160	0,623	0,456	0,050	0,085	0,093	0,484	0,445	-0,475	-0,434	-0,267	-0,014
HP77J	-0,011	0,309	0,355	1	-0,065	-0,060	0,278	0,383	-0,094	-0,089	-0,093	0,140	0,129	-0,006	-0,129	-0,178	0,554
LG(cm)	0,350	0,234	0,169	-0,065	1	0,677	0,196	-0,067	0,391	0,399	0,403	0,706	0,844	0,093	0,344	0,574	-0,462
LaG	0,350	0,069	-0,160	-0,060	0,677	1	-0,286	-0,594	0,263	0,262	0,224	0,357	0,384	0,667	0,817	0,744	-0,363
PGP	0,081	0,315	0,623	0,278	0,196	-0,286	1	0,698	-0,233	-0,181	-0,164	0,237	0,311	-0,516	-0,432	-0,121	0,128
NGP	-0,016	0,174	0,456	0,383	-0,067	-0,594	0,698	1	-0,085	-0,079	-0,053	0,225	0,265	-0,591	-0,650	-0,523	0,218
NJF(J)	0,141	-0,163	0,050	-0,094	0,391	0,263	-0,233	-0,085	1	0,996	0,992	0,305	0,331	0,076	0,135	-0,043	-0,169
NJN (J)	0,160	-0,175	0,085	-0,089	0,399	0,262	-0,181	-0,079	0,996	1	0,997	0,310	0,333	0,060	0,122	-0,042	-0,153
NJM(J)	0,164	-0,165	0,093	-0,093	0,403	0,224	-0,164	-0,053	0,992	0,997	1	0,320	0,345	0,018	0,077	-0,065	-0,150
NOG	0,609	-0,045	0,484	0,140	0,706	0,357	0,237	0,225	0,305	0,310	0,320	1	0,949	-0,228	-0,054	0,039	-0,182
NGG	0,482	0,115	0,445	0,129	0,844	0,384	0,311	0,265	0,331	0,333	0,345	0,949	1	-0,234	-0,017	0,177	-0,293
LaGr	-0,086	0,035	-0,475	-0,006	0,093	0,667	-0,516	-0,591	0,076	0,060	0,018	-0,228	-0,234	1	0,909	0,428	-0,117
LGr(cm)	-0,034	0,034	-0,434	-0,129	0,344	0,817	-0,432	-0,650	0,135	0,122	0,077	-0,054	-0,017	0,909	1	0,561	-0,331
PCG(g)	0,094	0,183	-0,267	-0,178	0,574	0,744	-0,121	-0,523	-0,043	-0,042	-0,065	0,039	0,177	0,428	0,561	1	-0,288
RDT	-0,153	-0,130	-0,014	0,554	-0,462	-0,363	0,128	0,218	-0,169	-0,153	-0,150	-0,182	-0,293	-0,117	-0,331	-0,288	1

Les valeurs en gras sont différentes de 0 à un niveau de signification alpha=0,05

Annexes

Annexe 2-f : Analyse descriptif des caractères quantitatifs étudiés pour les deux sites d'étude au sud (Tamanrasset) (Moyenne \pm ES).

Accessions	HP 46	HP 77	DM 46	NRAM	SF	Chlr	TN	LF
NEA1	12,72 \pm 0,82abc	23,76 \pm 2,01cd	5,21 \pm 0,17de	21,88 \pm 0,55a	18,76 \pm 0,82cde	46,23 \pm 3,8a	16,07 \pm 0,36b	6,6 \pm 0,13bcde
NEA3	10,99 \pm 0,79bcde	21,13 \pm 1,81cd	5,03 \pm 0,23r	21,94 \pm 1,44a	20,88 \pm 1,02bcde	51,27 \pm 1,29ab	16,36 \pm 0,41b	6,7 \pm 0,49bcde
NEA4	12,08 \pm 0,53abcd	26,53 \pm 3,86cd	5,16 \pm 0,29de	19,44 \pm 1,36ab	16,37 \pm 3,08e	52ab,82 \pm 0,29ab	16,96 \pm 0,19ab	6,43 \pm 0,42cde
NEA5	11,07 \pm 0,59bcde	19,84 \pm 2,23cd	5,81 \pm 0,32cde	18,38 \pm 0,86ab	15,5 \pm 0,68e	50,84 \pm 0,56ab	16,38 \pm 0,27b	5,13 \pm 0,31 ^e
NEA6	12,93 \pm 1ab	36,18 \pm 5,96bc	7,33 \pm 0,57ab	13,81 \pm 1,34cd	24,12 \pm 0,35abcd	60,05 \pm 1,22a	19,58 \pm 0,44a	7,57 \pm 0,75abcd
NEA7	10,1 \pm 0,96de	19,06 \pm 2,2cd	6,31 \pm 0,32bcd	13,44 \pm 1,61d	25,65 \pm 1,69abc	52,23 \pm 2,78ab	16,76 \pm 0,83ab	6,85 \pm 0,59bcde
NEA8	13,54 \pm 0,64a	49,38 \pm 3,03b	6,58 \pm 0,34bc	20,06 \pm 0,73ab	26,72 \pm 0,8ab	54,63 \pm 1,62ab	17,31 \pm 0,51ab	8,34 \pm 0,81abc
NEA10	11,19 \pm 0,7bcde	21,83 \pm 1,84cd	5,35 \pm 0,51de	22 \pm 0,92a	19,15 \pm 1,93cde	50,07 \pm 2,76ab	16,23 \pm 1,16b	7,31 \pm 0,33bcde
NEA12	8,97 \pm 0,57 ^e	15,43 \pm 0,83d	5,3 \pm 0,43de	19,13 \pm 0,58ab	17,94 \pm 1,03de	50,14 \pm 2,81ab	16,41 \pm 0,7b	7,35 \pm 0,37bcd
NEA13	10,18 \pm 0,94de	21,08 \pm 2,65cd	5,38 \pm 0,52de	20,13 \pm 0,77ab	15,56 \pm 1,01e	52,23 \pm 1,2ab	16,64 \pm 0,39ab	5,94 \pm 0,36de
NEA15	10,81 \pm 0,63bcde	20,75 \pm 4,21cd	5,52 \pm 0,37cde	19,13 \pm 1,24abc	26,89 \pm 2,69ab	44,95 \pm 4,82b	16,22 \pm 0,81b	8,8 \pm 0,5ab
NEA16	10,56 \pm 0,37cde	21,44 \pm 1,94cd	5,83 \pm 0,4cde	19,69 \pm 0,34ab	24,28 \pm 1,86abcd	53,69 \pm 2,16ab	17,42 \pm 0,39ab	8,61 \pm 0,6abc
NEA17	10,1 \pm 0,28de	33,52 \pm 2bcd	6,22 \pm 0,45bcd	18,38 \pm 0,38abc	29,83 \pm 0,6a	50,02 \pm 0,43ab	17,22 \pm 1,26ab	9,66 \pm 0,41a
NEA18	10,39 \pm 0,91cde	28,13 \pm 2,78cd	6,06 \pm 0,7cde	20,69 \pm 0,66ab	17,13 \pm 0,9de	52,97 \pm 1,14ab	17,24 \pm 0,41ab	8,01 \pm 0,41abcd
NT	14,26 \pm 0,79a	83,78 \pm 14,72a	8,19 \pm 0,37a	16,69 \pm 1,63bcd	27,5 \pm 2,04ab	57,91 \pm 0,95a	18,48 \pm 0,32ab	7,72 \pm 0,19abcd

Annexes

- Analyse descriptif des caractères quantitatifs étudiés pour site de Nord (Alger) (Moyenne ± ES).(Suite)

Genotype	IF	LEV	Brg	Flr	Gos	mtV	MCP
NEA1	4,08±0,47	6±0b	80,75±0,75bc	94,67±2,66ab	97,67±3,06ab	82±0de	120,5±4,56ab
NEA3	3,93±0,33	6±0b	79±2,04bcde	98,33±4,19abe	103±4,95ab	110±0,41a	115,42±5,89abc
NEA4	3,86±0,34	6±0b	73,25±3,61cdef	87,25±7,51bcd	90,25±7,56bcd	103,67±8,27abc	101,61±7,74bcd
NEA5	3,77±0,28	6±0b	70,25±1,89def	78,5±2,99cde	81±2,92cde	94,25±3,38bcd	98,96±1,51cd
NEA6	6,03±0,66	6,75±0,25ab	59±0,58g	65,75±1,93ef	68,5±2,1 ^e	79±1,29de	90,21±2,36d
NEA7	4,62±0,74	6±0b	68±3,37gf	75,75±2,14def	78±2,38de	89,5±3,18cde	102,46±2,28bcd
NEA8	4,65±0,4	6,75±0,25ab	-	-	-	-	-
NEA10	4,01±0,29	6±0b	80±1bcd	104,25±0,25ade	107,25±0,25a	118,25±0,85a	120,5±4,56ab
NEA12	3,77±0,36	6,75±0,25ab	89,25±2,93ab	101±0,41abde	110,5±0,65a	115,25±0,75a	125,5±0,87a
NEA13	3,71±0,24	6±0b	66,75±1,89gf	77,5±2,4def	81±1,96cde	92,25±2,56bcd	103,07±2,63bcd
NEA15	5,36±0,56	7±0a	-	-	-	-	-
NEA16	4,91±0,23	6,75±0,25ab	98,67±2,05a	100,25±1,11abde	102,25±0,85ab	112,25±0,85a	127,25±1,38a
NEA17	5,85±0,34	6,75±0,25ab	-	-	-	-	-
NEA18	5,24±1,24	6±0b	69,5±2,53ef	89,75±2,29abc	96,33±5,04abc	106,33±4,84ab	124,48±3,25a

Annexes

NT	4,69±0,75	6,25±0,25ab	58±0g	62,5±0,29f	66,75±1,11 ^e	76,25±1,31e	88,91±1,02d
----	-----------	-------------	-------	------------	-------------------------	-------------	-------------

Genotype	LP	NMBR gousses	Poids gousses	NMBR OV	NMBR GR	NMBR OV AV
NEA1	29,4±5,13ab	21,23±0,78de	23±0,81b	13,52±0,24ab	10,76±0,77	1,3±0,06ab
NEA3	27,4±0,74abc	26,46±5,01de	33,63±3,66b	13,5±0,47ab	10,9±1,43	1,01±0,13b
NEA4	28,06±0,63abc	32,38±10,47cde	33,91±11,48b	14,05±0,54ab	10,73±1,6	1,09±0,09ab
NEA5	26,66±2,78abc	139,74±17,37a	131,82±19,26a	13,81±0,35ab	11,77±0,36	1,75±0,28ab
NEA6	22,65±2,31abc	78,74±11,96bc	160,96±32,22a	15,26±0,47a	12,59±0,32	2,5±0,21a
NEA7	23,25±1,71abc	87,51±21,19b	127,74±28,87a	13,09±0,58b	10,56±1,17	1,15±0,23ab
NEA10	29±0,52ab	22,78±8,31de	24,86±9,02b	13,77±0,4ab	11,27±0,85	1,41±0,32ab
NEA12	21,4±1,51bc	6,48±2,35 ^e	9,39±3,27b	14,4±0,67ab	6,94±3,02	1,66±0,7ab
NEA13	34,1±1,81a	181,53±21,81a	179,02±13,16a	14,23±0,56ab	12,72±0,41	1,51±0,31ab
NEA16	25,88±2,89abc	7,06±0,37 ^e	13,07±2,44b	13,63±0,47ab	8,34±2,39	1,83±0,39ab
NEA18	17,03±0,93c	19,65±3,4 ^e	21,06±5,94b	14,85±0,54ab	8±2,88	1,9±0,3ab
NT	23,87±2,49abc	68,88±11,58bcd	133,83±26,97a	14,95±0,52ab	12,53±0,37	2,33±0,19ab

Annexes

Accessions	LG	IG	LGR	IGR	NEA100	RDT
NEA1	11,25±0,09bcd	0,67±0,03c	6,49±0,08cd	4,97±0,06c	9,66±0,02c	2,98±0,11b
NEA3	11,25±0,12bcd	0,69±0,04c	6,54±0,1cd	5,08±0,12c	9,95±0,06 ^e	4,36±0,47b
NEA4	11,47±0,42bcd	0,77±0,09bc	6,7±0,1cd	5,07±0,09c	10,02±0,04e	4,4±1,49b
NEA5	10,92±0,16d	0,66±0,03c	6,17±0,06cd	4,85±0,04c	8,79±0,03h	17,09±2,5a
NEA6	17,38±0,4a	0,95±0,01a	8,71±0,72ab	6,58±0,12a	19,94±0,03b	20,87±4,18a
NEA7	13,49±0,48b	0,87±0,03ab	8,49±0,07b	6,52±0,15a	17,37±0,03d	16,56±3,74a
NEA10	11,2±0,31cd	0,69±0,02c	6,66±0,07cd	5,16±0,06c	9,54±0,02g	3,22±1,17b
NEA12	11,85±0,45bcd	0,8±0,01bc	7,22±0,09c	5,95±0,11b	8,85±0,02h	1,22±0,42b
NEA13	11,05±0,22d	0,67±0,03c	6,02±0,1d	4,9±0,06c	8,12±0,03i	23,21±1,71a
NEA16	13,43±1,13bc	0,84±0,03ab	8,82±0,07ab	6,6±0,07a	18,92±0,03c	1,69±0,32b
NEA18	13,03±0,5bcd	0,79±0,02bc	6,84±0,07cd	5,06±0,03c	9,74±0,02f	2,73±0,77b
NT	17,88±0,31a	0,95±0,02a	9,67±0,2a	6,77±0,1a	22,35±0,02a	17,35±3,5a

Annexes

Annexe 2-J: Matrice de corrélation entre variables quantitatives d'essai expérimental du Nord (Alger) (Moyenne ± ES).

	LEV	Brg	flr	gos	mtV	MCP	P100	LF	IF	Chlr	TN	H2O	T	LP	SF	DM 46 (mm)	HP 46 (cm)	HP 77 (cm)	NRAM	NMBR gousse	poid gousses	NMBR OV	NMBR GR	NMBR AV	LG	IG	LGR	IGR	RDT	
LEV	1,000																													
Brg	0,315	1,000																												
flr	0,006	0,865	1,000																											
gos	0,040	0,870	0,995	1,000																										
mtV	0,077	0,732	0,857	0,863	1,000																									
MCP	0,092	0,845	0,937	0,934	0,751	1,000																								
P100	0,491	0,273	0,560	0,560	0,481	0,451	1,000																							
LF	0,583	0,274	0,206	0,212	0,210	0,362	0,565	1,000																						
IF	0,465	0,318	0,377	0,400	0,348	0,203	0,703	0,651	1,000																					
Chlr	0,455	0,557	0,686	0,676	0,397	0,636	0,761	0,403	0,725	1,000																				
TN	0,542	0,517	0,661	0,654	0,509	0,570	0,791	0,478	0,836	0,950	1,000																			
H2O	0,525	0,248	0,216	0,167	0,183	0,040	0,470	0,651	0,643	0,533	0,622	1,000																		
T	0,268	0,045	0,068	0,065	0,238	0,044	0,116	0,155	0,248	0,150	0,197	0,196	1,000																	
LP	0,361	0,094	0,057	0,038	0,055	0,114	0,322	0,554	0,605	0,354	0,400	0,736	0,427	1,000																
SF	0,394	0,160	0,390	0,384	0,372	0,294	0,932	0,581	0,584	0,573	0,595	0,488	0,273	0,303	1,000															
DM 46 (mm)	0,313	0,634	0,779	0,768	0,654	0,643	0,844	0,374	0,680	0,817	0,840	0,626	0,041	0,434	0,720	1,000														
HP 46 (cm)	0,056	0,513	0,537	0,551	0,681	0,586	0,506	0,065	0,326	0,438	0,550	0,204	0,152	0,095	0,411	0,599	1,000													
HP 77 (cm)	0,078	0,559	0,619	0,598	0,569	0,562	0,648	0,297	0,342	0,623	0,628	0,505	0,168	0,191	0,567	0,833	0,774	1,000												
NRAM	0,343	0,538	0,766	0,758	0,569	0,680	0,696	0,075	0,547	0,662	0,651	0,327	0,198	0,378	0,591	0,706	0,188	0,308	1,000											
NMBR gousse	0,282	0,594	0,664	0,672	0,501	0,651	0,037	0,650	0,145	0,193	0,079	0,330	0,174	0,418	0,173	0,193	0,008	0,053	-0,351	1,000										
poid gousses	0,062	0,773	0,891	0,891	0,715	0,847	0,346	0,392	0,198	0,527	0,453	0,003	0,132	0,201	0,207	0,553	0,265	0,336	-0,651	0,896	1,000									

Annexes

Annexe 2-H: Heritabilités des variables quantitatives dans chaque site expérimental du Nord (Alger) et sud (Tamanrasset)

Site d'Alger (2020/2021)																									
Caractères	Brg	NJF	NJN	NJMV	NJMC	LEV	PCG	LF	IF	Chlr	TN	LP	SF	DI46	HP46	HP77	NRAM	NGP	PGP	NGrG	LG	LaG	LGr	LaGr	RDT
Héritabilité	0.97	0.96	0.96	0.95	0.68	0.81	1	0.84	0.39	0.71	0.76	0.73	0.88	0.93	0.91	0.95	0.65	0.97	0.95	0.46	0.81	0	0.8	0.93	0.95
Site 1 Tamanrasset (2018/2019)																									
Caractères	DI 46	HP 46	HP77	DI 77	NJF	NJN	NJM	NGP	PGP	LG	LaG	NOG	NGrG	LGr	LaGr	PCG	RDT								
Héritabilité (H²)	0.34	0.65	0.84	0.76	0.7	0.63	0.64	0.54	0.54	0.9	0.73	0.83	0.82	0.76	0.7	0.67	0.54								
Site 2 Tamanrasset (2019/2020)																									
Héritabilité (H²)	0.4	0.51	0.65	0.79	0.91	0.91	0.91	0.73	0.69	0.95	0.91	0.97	0.75	0.06	0.7	0.83	0.69								

IF : Largueur de la foliole terminale , LEV : nombre de jours à la levée , Brg : Nombre de jours à l'apparition des bourgeons floraux , NJF : Nombre de jours à l'apparition des fleurs , NJN : Nombre de jours à la nouaison , NJMV : Nombre de jours à la maturité en vert , NJMC : Nombre de jours à la maturité complète , NGP : Nombre de gousses par plant , PGP : Poids de gousses par plant , TN : teneur azote dans la feuille , SF : surface foliaire, NRAM : nombre de ramification , LP : longueur de pédoncule , NGrG : nombre de graines par gousses , LG : longueur de la gousse , LaG : largueur de la gousse , LGr : longueur de la graine , LaGr : largueur de la graine , NGrG : Nombre de graine par gousses

Annexe 2-H : Analyse de la variance des caractères quantitatifs étudiés pour l'essai d'Alger campagne 2020/2021 (le degré de liberté entre parenthèse).

Hauteur de la plante au 46 jours (HP46) et hauteur de la plante aux 77 jours du semis (HP77)

HP46						HP77			
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	60.873	20.91	24.194	0.0000	1553.85	517.95	8.7036	0.0001
Accessions	14	121.643	8.689	10.360	0.0000	16749.99	1196.43	20.1048	0.0000
Residual	42	35.225	0.839			2499.41	59.51		
Total	59	217.741				20803.25			
C.V. (%)	6%					11%			

Diamètre de la tige au 46ème jour après semis (DM46) et nombre de ramifications (NRAM)

DM46						NRAM			
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	23.171	7.724	36.64	0.0000	58.08	19.36	5.785	0.0021
Accessions	14	43.548	3.111	14.75	0.0000	383.23	27.37	8.180	0.0000
Residual	42	8.855	0.211			140.55	3.35		
Total	59	75.574				581.86			
C.V. (%)	7%					5%			

Surface foliaire de la foliole centrale (SF) et teneur en chlorophylle (Chlr)

SF						Chlr			
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	95.6	31.87	3.831	0.0163	93.2	31.1	1.602	0.2032
Accessions	14	1341.27	95.8	11.519	0.0000	828.9	59.2	3.054	0.0025
Residual	42	349.32	8.32			814.1	19.4		
Total	59	1786.19				1736.1			
C.V. (%)	7%					4%			

Annexes

Teneur d'azote dans la feuille (TN) et le taux d'eau dans la feuille (H₂O)

Source de variation	TN					H ₂ O			
	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	13.94	4.65	3.23	0.0317	0.2564	0.0855	21.91	0.0000
Accessions	14	50.49	3.61	2.51	0.0108	0.0635	0.0045	1.16	0.3378
Residual	42	60.41	1.44			0.1639	0.0039		
Total	59	124.84				0.4838			
C.V. (%)		3%				3%			

La température du couvert végétale (T) et longueur de la foliole terminale (LF)

Source de variation	T					LF			
	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	48.57	16.19	13.76	0.0000	9.960	3.287	4.359	0.0092
Accessions	14	6.7	0.48	0.41	0.9645	78.299	5.593	7.417	0.0000
Residual	42	49.42	1.18			31.671	0.754		
Total	59	104.69				119.830			
C.V. (%)						6%			

Nombre de jours à la levée (LEV) et largeur de la foliole terminale (IF)

Source de variation	LEV					IF			
	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	0.133	0.044	0.43	0.7343	3.540	1.180	0.980	0.4111
Accessions	14	8.833	0.631	6.07	0.0000	33.813	2.415	2.006	0.0413
Residual	42	43.67	0.0104			50.558	1.204		
Total	59	13.333				87.911			
C.V. (%)		2%				10%			

Nombre de jours à l'apparition des bourgeons floraux (Brg) et Nombre de jours à l'apparition des fleurs (Flr)

Source de variation	Brg					Flr			
	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	106.5	35.5	2.04	0.1276	250.8	83.6	2.56	0.0718
Accessions	11	6201.5	563.8	32.36	0.0000	8795.3	799.6	24.47	0.0000
Residual	33	574.9	17.4			1078.1	32.7		
Total	47	6882.9				10124.1			
C.V. (%)		3%				3%			

Annexes

Nombre de jours à la nouaison (NJN) et Nombre de jours à la maturité en vert (mtV)

NJN						mtV			
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	331.4	110.5	2.671	0.0635	224.2	74.7	1.93	0.1446
Accessions	11	9776.5	888.8	21.488	0.0000	9459.7	860.0	22.16	0.0000
Residual	33	1364.9	41.4			1280.7	38.8		
Total	47	11472.8				10.964.6			
C.V. (%)	3%					2%			

Nombre de jours à la maturité complète (NJM) et longueur du pédoncule (LP)

NJM						LP			
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	40.8	13.6	0.224	0.8791	25.65	8.55	0.377	0.7702
Accessions	11	8523.2	774.8	12.762	0.0000	867.24	78.84	3.475	0.0026
Residual	33	2003.5	60.7			748.75	22.69		
Total	47	10567.5				1641.64			
C.V. (%)	3%					8%			

Nombre de gousses par plant (NGP) et poids des gousses par plant (PGP)

NGP						PGP			
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	8374.7	2794.6	7.4721	0.0005	131994.7	4389.2	5.2080	0.0046
Accessions	11	137292.6	12481.1	33.4081	0.0000	189373.2	17215.7	20.3854	0.0000
Residual	33	12328.7	373.6			27869	844.5		
Total	47	157996				230436.9			
C.V. (%)	19%					21%			

Nombre des ovules par gousse (NMB OV) et Nombre de grains par gousse (NGrG)

NMBR OV						NGrG			
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	13.53	4.51	6.78	0.0010	112.250	37.417	4.7627	0.0072
Accessions	11	19.409	1.764	2.65	0.0149	157.7	14.336	1.8249	0.0894
Residual	33	21.952	0.665			259.253	7.856		
Total	47	54.891				529.203			
C.V. (%)	3%					14%			

Annexes

Nombre d'ovules avortés (NMB OV AV) et longueur de la gousse (LG)

Source de variation	NMBR OV AV					LG			
	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	2.5437	0.8479	2.4294	0.0827	3.928	1.309	1.593	0.2096
Accessions	11	9.8471	0.8952	2.5649	0.01798	257.534	23.412	28.493	0.0000
Residual	33	11.5175	0.3490			27.116	0.822		
Total	47	23.9083				288.577			
C.V. (%)	17%					3%			

Largeur de la gousse (LaG) et longueur de la graine (LGr)

Source de variation	LaG					LGr			
	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	0.08834	0.0294	9.217	0.0001	0.746	0.249	1.21	0.3223
Accessions	11	0.5102	0.04639	14.521	0.0000	65.499	5.954	28.91	0.0000
Residual	33	0.1054	0.0031			6.798	0.206		
Total	47	0.7040				73.042			
C.V. (%)	4%					2%			

Largeur de la graine (LaGr) et Poids de 100 grains (PCG)

Source de variation	LaGr					PCG			
	ddl	SCE	CM	F	Prob F	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	0.118	0.039	1.2	0.3257	0.036	0.12	3	0.0629
Accessions	11	27.07	2.461	74.9	0.0000	1199.024	109.002	24552	0.0000
Residual	33	1.084	0.033			0.147	0.004		
Total	47	28.272				1199.206			
C.V. (%)	1%					1%			

Rendement en grains (RDT)

RDTGr					
Source de variation	ddl	SCE	CM	F	Prob F
Bloc	3	221.721	73.907	5.2080	0.0046
Accessions	11	3182.197	289.291	20.3854	0.0000
Residual	33	468.306	14.191		
Total	47	3872.224			
C.V. (%)	21%				

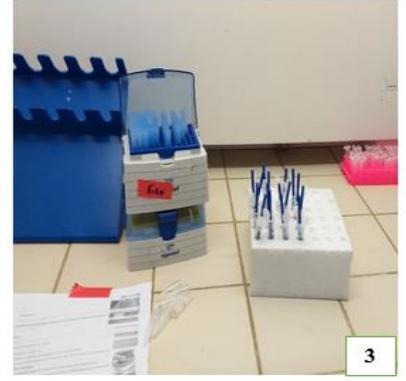
Annexe 2-I : Caractéristiques qualitatives des graines de niébé

Ecotypes	CGr	COE	FGr	TGr
NEA1	crème	verte	reniforme	lisse
NEA2	beige- olive	verte	reniforme	lisse
NEA3	rouge	verte	reniforme	lisse
NEA4	brune	verte	reniforme	lisse
NEA5	Noire	verte	reniforme	lisse
NEA6	blanche	Noire large	Arrondie	rugueux
NEA7	brune	brune	reniforme	lisse à rugueux
NEA8	blanche	verte	rhomboïde	rugueux
NEA9	crème	verte	reniforme	lisse
NEA10	brune	verte	reniforme	lisse
NEA11	crème	verte	reniforme	lisse
NEA12	Blanche tachete en brune	brune	reniforme	lisse à rugueux
NEA13	Noire	verte	reniforme	lisse
NEA14	crème	verte	reniforme	lisse
NEA15	crème	verte	reniforme	lisse
NEA16	blanche	brune large	rhomboïde	rugueux
NEA17	beige	verte	rhomboïde	lisse
NEA18	blanche	Noire	Rhomboïde	rugueux

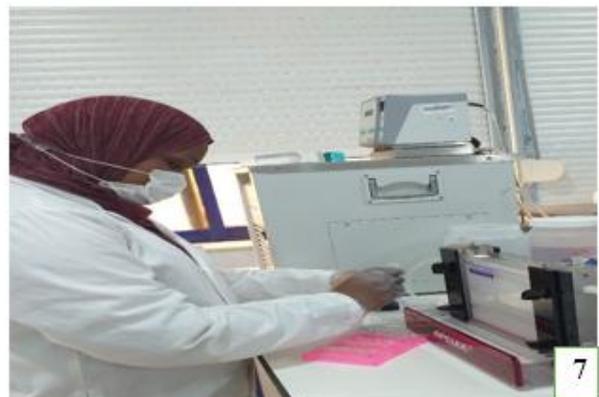
CGr : Couleur de graine, COE: Couleur, d'œil, FGr:forme de graine, TGr: texture de graine

Annexe 3: Etudes moléculaires des accessions de niébé.

Annexe 3 (a): Extraction d'ADN



Annexe 3 (b): Electrophorèse sur gel d'agarose (photo de 1 à 2) et gels polyacrylamides (photo de 3 à 4)



- **Annexe 3 (c): Profils genetiques de quelques marqueurs SSR utilisés.**

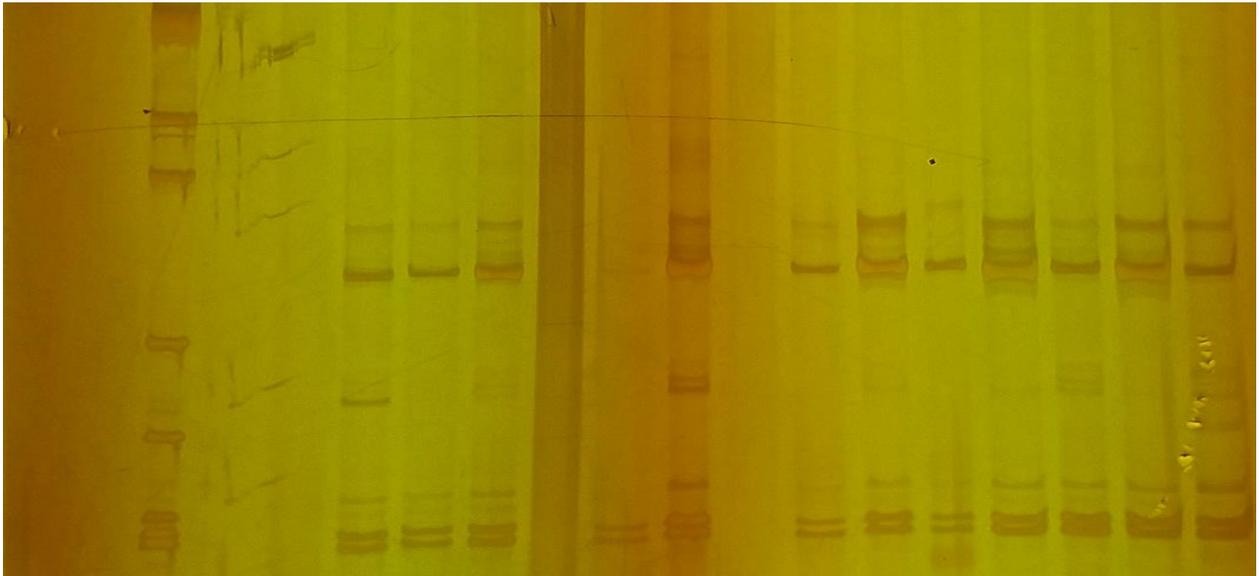


Figure 105 : Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accession de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM02 (de gauche à droite : Marqueur PUK19 DNA Ladder, NEA16, NEA15, NEA14, NEA13, NEA12, NEA11, NEA10, NEA9, NB8, NEA7, NEA6, NEA5, NEA4, NEA3, NEA2).

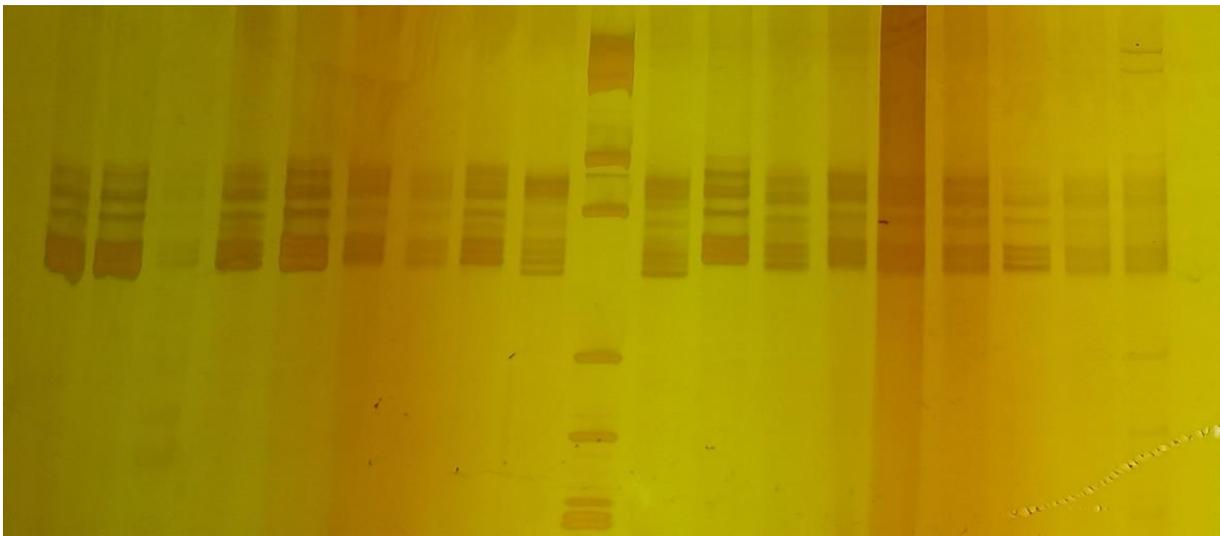


Figure 106: Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accessions de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM31 (de gauche à droite : NEA18 NEA17, NEA16, NEA15, NEA14, NEA13, NEA12, NEA11, NEA10, Marqueur PUK19 DNA Ladder , NEA9, NB8, NEA7, NEA6, NEA5, NEA4, NEA3, NEA2, NEA1).

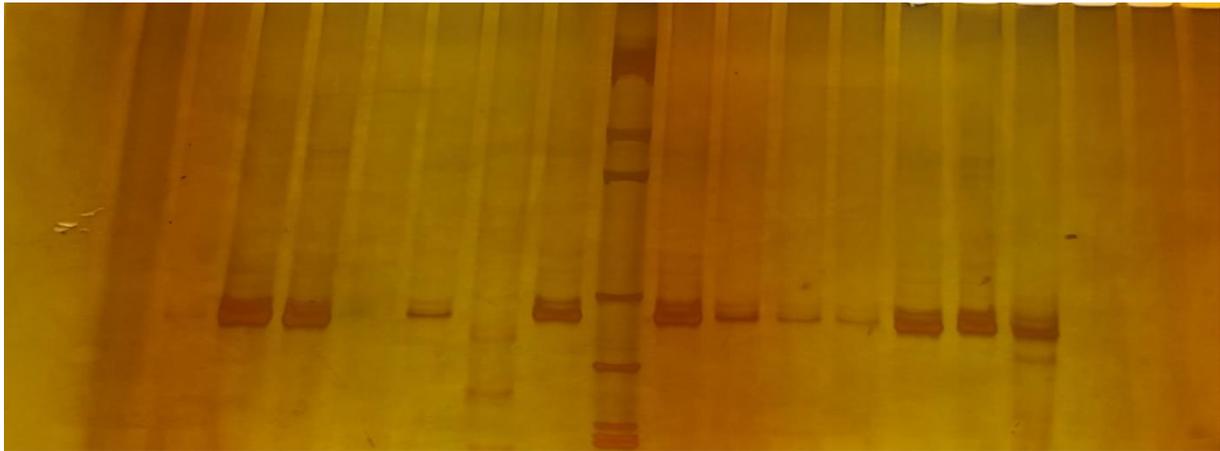


Figure 107: Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accession de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM35 (de gauche à droite : NEA2, NEA4, NEA5, NEA6, NEA7, NEA8, NEA9, NEA10, Marqueur PUK19 DNA Ladder NEA11, NEA12, NEA13, NEA14, NEA15, NEA16, NEA17).

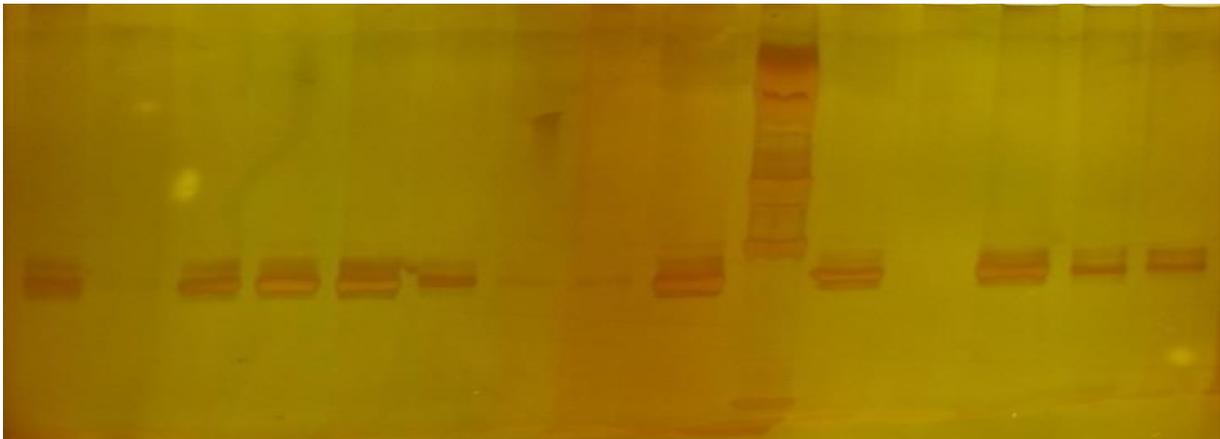


Figure 108: Profils d'amplification de l'ADN de quatorze accession de niébé par SSR obtenus avec l'amorce VM71 (de gauche à droite : NEA2, NEA3, NEA4, NEA5, NEA6, NEA7, NEA8, NEA9, NB10, Marqueur PUK19 DNA Ladder

NEA11, NEA12, NEA14, NEA15, NEA16.

Annexe 3 (d): Protocoles et préparation des solutions

➤ **Protocole d'extraction d'ADN (ICARDA)**

1. Préchauffer le mortier et le pastel à 65 °C;
2. Préchauffer la solution CTAB solution dans un bain marie à 65 °C;
3. Ecraser 50-100 mg des jeunes feuilles. Puis, ajouter 1500 µl de la solution CTAB et continuer à écraser.
4. Incuber le contenu dans un bain marie à 65 °C pendant 45 – 60 min.
MélangedouceMENT tous les 15 à 20 min;
5. Après incubation, ajouter 500 µl de chloroforme iso amyle-alcool. Mélanger vigoureusement pendant 15 min;
6. Centrifuger à 13000 tours pendant 15 min (à une température ambiante);
7. Prélever 1 ml de surnagent dans un autre tube eppendorf (capacité 1.5 ml);
8. Ajouter 666 µl of isopropanol et mélange bien. Laisser précipiter l'ADN pendant 30 min à une température ambiante;
9. Centrifuger à 13000 tours pour 10 min;
10. Récupérer le culot et jeter le surnagent;
11. Laver le culot avec 1 ml de 70% éthanol;
12. Centrifuger à 13000 tours pour 5 min;
13. Jeter le surnagent et sécher le culot;
14. Suspendre le culot dans 100 µl de 0.5 x TE solution et conserver le stock ADN à 4 ° C.

➤ **Protocole de coloration du gel polyacrylamide**

1. Fix Stop (15min)
2. Coloration +3ml Formaldéhyde à 37% (15min)
3. Eau de rinçage (10 second)
4. DevelloPMENT + 4ml Formaldéhyde à 37% (15min)
5. Eau de rinçage (10 second)
6. Fix Stop (6 à 8 min)

➤ **Solution de Coloration du gel au nitrat d'argent (à conserver au frigo)**

1. Solution fix STOP (non colorée 2L)

Placer moind de 2L dans un erlenmayer jugé (2L)

Ajouter 200ml d'ethanol absolu

10ml d'acide acétique

Completet au trait de 2L

2. Solution de coloration

Peser 2g de Nitrate d'qrgent

Mettter dans l'eau ultra pure

Ajouter, ajuster avant utilisation 3ml de Formaldéhyde à 37%

3. Solution de developpement

Dissoudre 30g de NAOH dans 2L

Ajouter, ajuster avant l'utilisation 4ml Formaldéhyde à 37%

➤ **Gel poly acrylamide 6%**

TBE 10× _____ 40 ml

A+B 40% _____ 60ml

H2o (ultra pure) _____ 300ml

➤ **Solution Stock A+B (100 ml)**

Acrylamide _____ 38g

Bisacrylamide _____ 2g