



Analyse de la diversité génétique d'une collection de blé dur par les marqueurs agro-morphologiques et biochimiques Genetic diversity analysis of durum wheat collection by agro-morphological and biochemical markers

L. Amallah^{1*}, R. Hassikou¹, K. Rhrif², F. Gaboun³, J. Ennadir¹, F. Bouazza¹,
A. Rochdi⁴, M. Arahou¹, G. Diria³, M. Taghouti²

¹ Laboratoire de Botanique, Mycologie et Environnement, Université Mohamed V,
4, Avenue Ibn Battouta B.P. 1014 RP, Maroc.

² Unité de recherche en amélioration, conservation et valorisation des ressources phylogénétiques, Institut national de
recherche agronomique (INRA), Avenue Mohamed Belarbi Alaoui, B.P. 6356, Rabat, Maroc.

³ Unité de biotechnologie, Institut national de recherche agronomique (INRA), Avenue Mohamed Belarbi Alaoui, B.P. 6356,
Rabat, Maroc.

⁴ Département de biologie, Université Ibn Tofail, B.P. 133 Av. Université, 14000, Kénitra, Maroc.

Received 27 Nov 2015, Revised 09 May 2016, Accepted 12 May 2016

*Corresponding author. E-mail: lamallah@hotmail.com (L. Amallah); Phone: +212 610 348 754

Abstract

Characterizing genetic resources is a main component of breeding. In this study, analysis and structuring of the genetic diversity of 294 durum wheat accessions, including Mediterranean landraces, international lines from CIMMYT and ICARDA, and Moroccan cultivars, was achieved through the use of both new agro morphological descriptors and biochemical markers. Evaluation of the genetic diversity of glutenin subunits is based on the electrophoresis technique on polyacrylamide gel in presence of sodium dodecyl sulfate (SDS-PAGE). Descriptive analysis showed significant phenotypic differences for all traits and, therefore, significant genetic variability. The principal component analysis showed one group representing late and tall landrace plants and two early and semi dwarf plants groups in contrast with international lines and Moroccan varieties. These two last groups were characterized by higher values of yield related-traits. These data confirm the effectiveness of breeding program to improve wheat production. The analysis of the protein composition confirms the richness of the genetic diversity of local populations, by the presence of certain high molecular weight glutenins sub-units, type 13+16 and 17+7+9, recognized for high gluten strength. High genetic polymorphism is detected in the studied durum wheat germoplasm. Breeding strategies have not markedly decreased diversity. However, durum wheat landraces remain a reservoir of genetic diversity and possess desirable characters related with adaptation and technological quality exploitable in breeding program.

Keywords: durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *durum*), genetic diversity, glutenines, agro-morphological characters, landraces, international lines

Résumé

La caractérisation des ressources génétiques est une étape clé pour la sélection. Une analyse de la diversité génétique a été effectuée à partir de 294 accessions de blé dur composée de populations locales méditerranéennes, de lignées internationales du CIMMYT et de l'ICARDA, et de variétés modernes marocaines. La structuration de ce germoplasme a été réalisée en utilisant des descripteurs agro morphologiques et de marqueurs biochimiques basés sur la technique d'électrophorèse sur gel de polyacrylamide en présence du dodécyl sulfate de sodium (SDS-PAGE). Les résultats de l'analyse descriptive ont montré des différences phénotypiques importantes pour tous les caractères étudiés témoignant d'une variabilité génétique importante. L'analyse en composante principale a permis de bien distinguer le groupe des populations locales de blé dur tardifs et de grande taille en opposition avec les deux groupes de lignées internationales et des variétés marocaines. Ces derniers groupes se caractérisent par des accessions précoces, de taille réduite et dotés de valeurs plus élevées de l'ensemble des composantes du rendement. Ceci montre l'efficacité du processus d'amélioration génétique vis-à-vis du rendement. L'analyse de la composition protéique confirme la richesse de la diversité génétique des populations locales, et ce par la présence de certaines SG-HPM, de type 13+16 et 7+17+9, reconnues pour une force de

gluten élevée. Ces résultats révèlent un grand polymorphisme génétique au sein du germoplasme de blé dur étudié et confirment aussi que les stratégies d'amélioration génétique n'ont pas réduit la diversité. Néanmoins, Les populations locales de blé dur demeurent un réservoir de diversité génétique à exploiter, étant donné leurs caractères déjà connus en matière d'adaptation et de qualité technologique.

Mots clés: blé dur (*Triticum turgidum* L. var. *durum*), diversité génétique, gluténines, caractères agro-morphologiques, populations locales, lignées internationales

1. Introduction

Le blé dur (*Triticum turgidum* ssp. *durum*) est une culture de base dans le bassin méditerranéen. Elle a reçu depuis toujours une attention particulière, en raison de son adaptation à des environnements semi-arides [1], de sa qualité technologique unique, par rapport aux autres céréales, et de sa structure génétique qui varie entre les populations locales, les lignées internationales et les variétés modernes [2]. Le secteur céréalier sera amené à relever des défis importants et sa pérennité passe par une orientation différenciée des productions vers des applications technologiques et industrielles à haute valeur ajoutée.

Selon les statistiques de la FAO [3], il y aura toujours un besoin continu d'échange de ressources phylogénétiques. En effet, même si de nombreux pays possèdent une grande diversité phylogénétique dans leurs banques de gènes et dans les exploitations des agriculteurs, à longue échéance, ils auront probablement besoin d'une diversité supplémentaire provenant de centres de diversité des espèces végétales. Plus particulièrement, les agro écosystèmes traditionnels génétiquement diversifiés, contenant des populations locales adaptées, lesquelles évoluent au cours du temps, face aux différents stress biotiques et abiotiques (inondation, sécheresse, ravageurs, maladies, ...) et développent, grâce à la sélection naturelle, des systèmes d'adaptation aux environnements défavorables [4]. Ces ressources phylogénétiques constituent, en effet, la base biologique de la sécurité alimentaire mondiale [3]. Étant donné que la population mondiale va encore fortement augmenter et passer de 7,2 milliards d'hommes en 2013 à 9,6 milliards en 2050. Pour satisfaire la demande de l'humanité, selon la FAO, il faut augmenter d'au moins 60 % la quantité des produits agricoles disponibles, entre 2005 et 2050 [5]. Cependant, la disparition rapide des populations locales et le développement et la diffusion de nouvelles variétés cultivées de blé dur, accélèrent les risques d'érosion génétique chez cette espèce ce qui limite les recherches dans le domaine de l'amélioration génétique de cette culture [6]. De ce fait, les ressources génétiques représentent un patrimoine qu'il est nécessaire de préserver et de mieux explorer afin de mieux l'exploiter. Ainsi, pour assurer une agriculture durable, l'étude de la diversité et la caractérisation de ces ressources génétiques sont indispensables pour créer de nouvelles variétés ayant une bonne qualité, un rendement élevé, adaptées aux variations climatiques et résistantes aux maladies [7]. À ce propos, de nombreuses procédures permettant de quantifier et d'analyser la diversité génétique existent. Parmi ces techniques, la quantification et la caractérisation phénotypique des différentes ressources génétiques constituent une étape préliminaire et indispensable pour l'évaluation de l'érosion génétique dans le temps. Ces marqueurs ont déjà été appliqués avec succès dans l'étude de la diversité morphologique du blé [8-10].

Les marqueurs protéiques également appelés « marqueurs biochimiques » sont aussi appropriés pour des études de la diversité génétique. En effet ces marqueurs sont étroitement liés au patrimoine héréditaire et particulièrement pour leur relation étroite avec la force du gluten [11]. En effet, les sous-unités de gluténines de haut poids moléculaires « SG-HPM » et les sous-unités de gluténines de faible poids moléculaires « SG-FPM », de par les liaisons disulfures qui sont engagées entre ces sous-unités, ont une forte influence sur la taille des polymères et, par conséquent, un effet additif majeur sur la force et la ténacité de la pâte [12, 13]. Ces marqueurs biochimiques sont largement utilisés pour l'identification du polymorphisme génétique au sein des différentes variétés de blé [14-16]. Ces outils servent donc à mieux valoriser la diversité génétique pour sa conservation et son utilisation.

L'objectif de cette étude est d'évaluer et de comparer la diversité des traits d'adaptation, des composantes du rendement ainsi que le polymorphisme protéique des sous-unités gluténines de haut et de faible poids moléculaire des accessions de blé dur mises en production.

2. Matériel et méthodes

2.1. Matériel végétal

Dans cette étude, un germoplasme de blé dur (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) composé de 294 accessions provenant de différentes origines, à savoir : des populations locales issues de plusieurs pays méditerranéens dont 36 sont d'origine marocaine, des lignées provenant du centre international pour l'amélioration du maïs et du blé

(CIMMYT) et du centre international de recherche agricole dans les régions arides (ICARDA) en plus des variétés nationales marocaines.

2.2. Caractérisation agro-morphologique

Les essais ont été réalisés durant la campagne agricole 2010-2011 dans le domaine expérimental de Sidi Allal Tazi ((34°31'N, 6°19'W) appartenant à L'institut National De Recherche Agronomique (INRA). Le site expérimental se caractérise par un sol de type argileux et par une moyenne pluviométrique annuelle de 520 mm. Les essais ont été conduits selon un dispositif expérimental en bloc incomplet appelé « augmented design » composé de 7 blocs à raison de 4 témoins par bloc ; 'Isly', 'Tomouh', 'Marzak' et 'Karim'. Le concept de base de cette méthode est d'établir un dispositif dans lequel seuls les témoins ayant des quantités suffisantes de semences sont répétés dans chaque bloc [17]. Ce qui permet à la fois de maintenir un champ d'expérimentation suffisamment petit pour éviter les effets d'hétérogénéité du terrain et l'évaluation simultanée d'un nombre élevé de génotypes. A l'intérieur de chaque bloc les positions de chaque témoin et chaque accession non-répétée ont été randomisées, et ce afin de servir à l'estimation de l'erreur expérimentale et l'effet bloc. Chaque accession est semée en deux lignes de 2,5 m de long espacées de 30 cm. Une fertilisation sous forme NPK a été appliquée pendant la préparation du sol à la dose de 150 kg.ha⁻¹.

Les mesures ont été effectuées selon des descripteurs internationaux établis par « *Bioversity* » et ont porté sur : le nombre de jours à l'épiaison, le nombre de jours à la maturité, la hauteur de la plante, la longueur de la barbe, la longueur de l'épi, la taille du grain, le nombre de grains par épi, le poids de 1000 grains ainsi que le poids spécifique.

2.3. Analyse des sous unités gluténines

Cinq grains par accession choisis aléatoirement ont été utilisés pour l'extraction des protéines de réserve suivant des protocoles combinés de Singh *et al.* [18]. Après centrifugation à 10000 tours.min⁻¹, le surnageant obtenu est utilisé pour la séparation des différentes sous unités gluténines par électrophorèse sur gel polyacrylamide en présence du sodium dodecyl sulfate (SDS-PAGE) selon le protocole de Laemmli [19]. La révélation des gluténines s'est faite selon les procédures décrites par Payne *et al.* [20]. L'identification des sous unités gluténines de haut poids moléculaire a été réalisée en utilisant la nomenclature proposée par Payne et Lawrence [21], où des numéros ont été attribués à chaque type de sous unité gluténine selon sa mobilité. Des témoins dont la constitution en sous unité gluténines est déjà connue ont été utilisés : *Karim* (7 + 8), *Marzak* (6+8), *Nassira* (17+18), *Liberio* (14+15), *Duramba* (13+16) et *Oued Zenati* (20).

2.4. Analyse statistique

L'indice de Shannon-Weaver [22], défini par Jain *et al.* [23], a été calculé comme suit : $H' = - \sum p_i \ln p_i$. Où n est le nombre de classes pour un caractère donné et P_i la fréquence ou la proportion d'une classe i par rapport au total : Les données enregistrées ont été dans une première phase soumises à une analyse descriptive. Les moyennes, les écarts types, les coefficients de variation et les analyses de la variance ont été déterminés pour l'ensemble des traits quantitatifs en utilisant le logiciel SAS (Statistical Analysis System), version 9.00 (SAS Institute, 2002, Cary, Etats-Unis). L'évaluation de la structuration de la diversité morphologique a été faite par une analyse en composantes principales (ACP) à l'aide du logiciel Genstat, version 15.

3. Résultats et discussion

3.1. Diversité du germoplasme de blé dur selon les caractères agro-morphologiques

L'indice de diversité moyenne H' du germoplasme total est de 0,78 variant de 0,36 pour le nombre de jours à l'épiaison jusqu'à 0,93 pour la taille du grain (Tableau 1), indiquant une variabilité très importante. L'indice de diversité H' pour les neuf traits a été calculé pour chacun des cinq types de blé dur selon leur origine (populations locales marocaines et méditerranéennes, lignées internationales de CIMMYT et ICARDA et les variétés marocaines (Tableau 1).

Les résultats révèlent une supériorité de la diversité au sein du groupe des populations locales méditerranéennes ($H' = 0,87$), suivi de variétés marocaines (0,85) et puis des populations locales marocaines (0,83) alors que les lignées internationales ont marqué un indice de diversité relativement faible par rapport aux populations locales et variétés nationales, lignées internationales du CIMMYT (0,78) et de l'ICARDA (0,81). Chez les populations locales Marocaines, le maximum et le minimum de diversité sont respectivement observés pour le nombre de jours à la maturité (1,08) et la hauteur de la plante (0,99). De même, au sein des populations locales

méditerranéennes, une forte variabilité a été observée pour la hauteur de la plante ($H' = 0,98$), tandis que pour les variétés marocaines, l'indice de diversité H' est compris entre 1,02 pour le nombre de jours à l'épiaison et 0,92 pour la longueur de la barbe et le poids spécifique. Ces résultats montrent que les populations locales sont plus diversifiées par rapport aux lignées internationales ; à l'exception des caractères du poids spécifique et du poids de 1000 grains (lignées internationales du CIMMYT = 0,90 et 0,87 ; lignées internationales de l'ICARDA = 0,97 et 0,90, respectivement).

Tableau 1 : Indice de diversité (H') global, selon l'origine des accessions.

Caractères	$H' G$	$H'(PLMED)$	$H'(PLM)$	$H'(LIC)$	$H'(LII)$	$H'(VM)$
Nombre de jours à l'épiaison	0,36	0,95	0,66	0,63	0,64	0,88
Nombre de jours à la maturité	0,78	0,69	1,08	0,62	0,61	1,02
Hauteur de la plante (cm)	0,74	0,98	0,99	0,88	0,84	0,88
Poids spécifique (kg.hL ⁻¹)	0,82	0,88	0,88	0,90	0,97	0,92
Poids de 1000 grains (g)	0,84	0,69	0,87	0,87	0,90	0,78
Nombre de grains par épi	0,83	0,88	0,98	0,85	0,83	0,67
Longueur de l'épi (cm)	0,88	0,88	0,80	0,87	0,68	0,88
Longueur de la barbe (cm)	0,85	0,88	0,88	0,70	0,86	0,92
Taille du grain (mm)	0,93	0,66	0,69	0,93	0,67	0,68
Moyenne	0,78	0,83	0,87	0,81	0,78	0,85

H' , indice de Shannon; LIC, lignées internationales du CIMMYT; LII, lignées internationales de l'ICARDA; PLMED, populations locales méditerranéennes; PLM, populations locales marocaines; MV, variétés marocaines

L'indice de Shannon-Weaver a été utilisé pour estimer la diversité sur la base des traits agro-morphologiques dans de nombreuses études [24-26]. L'indice de Shannon-Weaver obtenu dans cette étude est supérieur à celui avancé par d'autres chercheurs [24, 27, 28], mais inférieur à celui rapporté par Jain *et al.* [23] et Negassa [29]. La comparaison des H' des différents groupes de germoplasmes a montré que les populations locales et les variétés marocaines révèlent les valeurs les plus élevées du H' , ce qui suppose l'existence d'une forte diversité génétique. Des résultats similaires ont été obtenus par plusieurs auteurs [30, 28, 31, 10]. En effet, la variabilité au sein des populations locales peut être attribuée à des flux de pollen entre les plantes d'un même champ ou de champs voisins ou à l'apparition de mutations accumulées au cours du temps qui ont évolué avec la sélection naturelle au fil des générations et qui se sont adaptées aux différents environnements pour leur développement [32, 33]. Ce germoplasme local constitue un grand réservoir de gènes utiles pour des programmes de sélection conventionnelle [34]. Cependant, Tanksley & McCouch [35] considèrent que moins de 15 % de ces ressources locales ont été utilisées. Les lignées internationales présentent un indice de diversité Shannon-Weaver le plus faible. Cela est principalement dû à leur caractère très homogène et pur, condition nécessaire pour atteindre des performances de productivité supérieures.

En passant des populations locales aux lignées internationales, une diminution de diversité est en général observée. En effet, il y a eu certainement une élimination des allèles défavorables, mais aussi sans doute une perte d'allèles favorables ; le plus important est qu'il y a eu « fixation » d'allèles favorables qui aurait été perdus sans le développement de nombreuses variétés à base étroite et assez indépendantes entre elles. La sélection peut ainsi être vue comme une forme de gestion de la diversité génétique [36]. Ainsi, Dans la même optique, Khodadadi *et al.* [37] rapportent également que les stratégies d'amélioration génétique n'ont pas extrêmement réduit la diversité.

3.2. Analyse statistique descriptive

Les valeurs moyennes, minimales, maximales et les coefficients de variation des variables quantitatives sont regroupés dans le tableau 2. Des écarts importants sont observés entre les minima et les maxima pour les caractères agronomiques importants comme le nombre de jours à l'épiaison, la hauteur de la plante, le nombre de grains par épi, le poids spécifique, le poids de 1000 grains, ces données donnent une idée de la variabilité brute du germoplasme caractérisé.

L'analyse de la variance a révélé des différences hautement significatives pour la plupart des caractères étudiés (Tableau 2).

Tableau 2 : Variabilité des descripteurs morphologiques quantitatifs évalués : coefficient de variabilité (CV%), moyenne, gamme de valeurs (maximum et minimum) et signification statistique.

Caractères	minimum	moyenne	maximum	SD	CV%	MS
Nombre de jours à l'épiaison	98	104,0	122	5,31	1,52	277,98***
Nombre de jours à la maturité	157	162,5	167	0,68	0,7	63,27***
Hauteur de la plante (cm)	70	101,23	187	0,71	6,74	14301,26***
Poids spécifique (kg.hL ⁻¹)	64,64	82,41	93,63	4,6	4,82	103***
Poids de 1000 grains (g)	20,75	33,98	66	0,23	7,05	163,25***
Nombre de grains par épi	5	58,49	118	0,33	16,82	2673,84***
Longueur de l'épi (cm)	4,8	7,18	9,6	0,025	9,35	25,70***
Longueur de la barbe (cm)	13,8	18,37	24	0,06	8,17	201,39***
Taille du grain (mm)	5	6,2	7	0,02	10,53	4,99***

SD déviation standard, MS moyenne des carrés. *P < 0,05, ** P < 0,01 et P < 0,001

En moyenne, les accessions ont un cycle d'épiaison de $104 \pm 0,401$ jours. La plus précoce démarre le stade de l'épiaison à partir de 98 jours après semis et la plus tardive à 122 jours (Tableau 3). Les lignées internationales de l'ICARDA (102,82 j), de CIMMYT (103,27 j) ainsi que les variétés nationales marocaines (102,18 j) ont tendance à donner des épis plus rapidement que les populations locales qui se sont montrées tardives avec une moyenne globale de 109,75 chez les accessions méditerranéennes et 110,21 jours chez les accessions marocaines, (Tableau 3). Le nombre de jours à la maturité varie entre 157 et 167 j avec une moyenne globale de l'ordre de 162,5 j (Tableau 3). Les populations locales (164,69 et 164,3 j) se sont montrées tardives, comparées aux lignées internationales de l'ICARDA, les lignées internationales de CIMMYT et les variétés nationales qui ont tendance à atteindre le stade de la maturité bien avant que les populations locales et les lignées de l'ICARDA, avec une moyenne globale de 163,47, 161,57 et 161,14 j, respectivement (Tableau 3).

Tableau 3 : Résultats des tests de l'analyse de la variance (ANOVA) selon le type des génotypes.

Group	Nombre de jours à l'épiaison	Nombre de jours à la maturité	Hauteur de la plante (cm)	Longueur de l'épi (cm)	longueur de la barbe (cm)	Nombre de grains par épi	Taille du grain (mm)	Poids de 1000 grains (g)	Poids spécifique (kg.hL ⁻¹)
Populations locales Méditerranéennes	109,75 ^b	164,69 ^a	133,28 ^a	7,23 ^b	20,27 ^a	52,36 ^e	6,45 ^a	30,46 ^f	76,80 ^d
Populations locales marocaines	110,21 ^{bc}	164,3 ^a	131,54 ^a	6,44 ^d	19,94 ^a	56,12 ^{dc}	6,01 ^c	34,09 ^{de}	80,34 ^{cd}
Lignées internationales du CIMMYT	103,27 ^a	161,57 ^c	94,98 ^{cd}	7,3 ^b	17,72 ^d	60,7 ^{ab}	6,17 ^b	32,95 ^e	83,12 ^{abc}
Lignées internationales de l'ICARDA	102,82 ^a	163,47 ^b	94,53 ^d	7,35 ^b	18,24 ^{cd}	59,64 ^b	6,33 ^a	34,89 ^{cd}	82,74 ^{abc}
Variétés marocaines	102,18 ^c	161,14 ^c	99,62 ^c	7,05 ^c	18,59 ^b	54,27 ^e	6,07 ^{bc}	34,44 ^{cd}	82,08 ^{bc}
CV%	1,58	0,74	6,74	9,35	8,17	16,82	10,53	7,05	1,57
df	8	8	8	8	8	6	8	8	8
MS	23,48 ***	120,78 ***	260,22 ***	3,3 ***	14,57 ***	499,38 ***	3,19 ***	66,87 ***	19,36 ***

a, b, c, d Les moyennes avec la même lettre ne sont pas significativement différentes, d'après le test de Tukey's Student. *P < 0,05, ** P < 0,01 et *** P < 0,001.

Des résultats similaires ont été notés dans les travaux de Chentoufi *et al.* [10] sur la précocité à l'épiaison et celle à la maturité sont souvent utilisées par les agriculteurs comme critère de sélection, étant donné que ce sont

des paramètres de tolérance et d'adaptation aux contraintes climatiques [38, 39]. En effet, au niveau des zones sèches du Sud de la méditerranée, la précocité permet l'esquive aux conditions défavorables du milieu (sécheresse, stress hydrique, hautes températures...) [40, 41]. Toutefois, les variétés tardives, comme c'est le cas des populations locales, sont plus adaptées aux zones à printemps froid [42].

La hauteur des plantes varie de 70 cm à 187 cm avec une moyenne globale de 101,23 cm. La valeur de la hauteur des plantes permet d'individualiser trois groupes différents ; les populations locales sont les plus hautes (133,28 cm pour les populations locales méditerranéennes et 131,54 pour les populations locales marocaines), les lignées internationales originaires de l'ICARDA et de CIMMYT se caractérisent par une taille réduite (94,53 cm pour les lignées internationales de l'ICARDA et de 94,98 cm pour les lignées internationales du CIMMYT) (Tableau 3). Les variétés marocaines ont une hauteur moyenne des plantes de 99,62 cm. Les valeurs de longueur des barbes oscillent entre 13,8 cm et 24 cm. Les moyennes les plus élevées sont obtenues chez le groupe des populations locales d'origine méditerranéenne (20,27 cm) et celles d'origine marocaine (19,94 cm), tandis que la moyenne la plus faible (17,72 cm) est observée chez le groupe des lignées internationales de CIMMYT. Le groupe des variétés nationales marocaines présente une moyenne intermédiaire. L'analyse de la variance du germoplasme montre une différence très hautement significative pour ce paramètre (valeur du Carré moyen à $\alpha = 0,05$). Les résultats confrontés à la comparaison des moyennes réalisée par le test de Duncan révèle l'existence de trois groupes distincts : le groupe des populations locales méditerranéennes et marocaines dont les valeurs sont les plus élevées, le groupe des lignées internationales qui présente les longueurs les plus courtes (Tableau 2) et le groupe des variétés nationales avec des valeurs de longueur d'épi intermédiaires.

Le nombre de grains par épi varie entre 34,2 et 99,4 avec une moyenne globale de l'ordre de 58,66. Les valeurs les plus élevées sont notées chez les lignées internationales de CIMMYT et l'ICARDA avec 60,7 et 59,64 grains par épi, respectivement, suivies des populations locales et variétés nationales marocaines avec des valeurs de l'ordre de 56,12 et 54,27 grains par épi, respectivement. La plus basse moyenne est enregistrée chez les populations locales d'origine méditerranéennes avec 52,36 grains par épi.

Du point de vue rendement, Novaro *et al.* [43] et Iftikhar *et al.* [44] rapportent que le poids de 1000 grains et le poids spécifique constituent les meilleurs prédicteurs du rendement de la semoule. D'après Hamada (2002) [45], le nombre de grains par épi explique 75 % des variations du rendement. Des résultats similaires de corrélation entre ces trois caractères ont été signalés [46, 47]. Nos résultats ont montré une augmentation des valeurs du poids de 1000 grains et du poids spécifique, depuis les populations locales (34,09 g et 80,34 Kg.hL⁻¹, 30,46 g et 76,8 Kg.hL⁻¹, respectivement), les lignées internationales, CIMMYT et ICARDA, (34,89 g et 83,12 Kg.hL⁻¹ ; 34,44 g et 82,74 Kg.hL⁻¹, respectivement) et jusqu'aux variétés modernes (34,44 g et 82,08 Kg.hL⁻¹), ce qui confirme l'efficacité du processus de sélection vis-à-vis du rendement. De plus, les lignées étudiées offrent de grandes opportunités pour réaliser, par sélection, des gains appréciables pour plus d'un caractère. Ces résultats sont en accord avec ceux trouvés par plusieurs auteurs [48-50]. Cependant, d'autres chercheurs ont rapporté que les variétés modernes se caractérisent par des poids de 1000 grains et des poids spécifiques faibles par rapport aux populations locales. Cette différence peut être due aux variations des génotypes étudiés ou aux conditions de l'environnement [51].

3.3. Analyses en composantes principales

Une analyse en composantes principales est effectuée sur une matrice de données de cette collection de 294 génotypes et ce, en fonction des neuf variables considérées dans l'étude (Figure 1).

Les axes 1, 2 et 3 expliquent respectivement 22,96 %, 21,33 % et 14,48 %, soit 58,77 % de la variabilité totale. D'après la figure 1, l'axe 1 est expliqué principalement par la longueur de de l'épi, le nombre de grains par épi, le poids de 1000 grains et le poids spécifique. Cet axe peut être défini comme l'axe des composante du rendement. Tandis que les variables suivantes : le nombre de jours à l'épiaison, le nombre de jours à la maturité et la hauteur de la plante concourent le plus à la formation du second axe. Cet axe peut donc être décrit comme l'axe de la précocité et de la croissance végétative. Deux variables, la longueur de la barbe et la taille du grain expliquent le troisième axe.

L'analyse en composante principale a permis de structurer cette diversité morphologique en trois groupes qui discriminent les accessions selon le cycle végétatif (la durée de maturité et la durée d'épiaison), l'architecture de la plante (hauteur de la plante, la longueur de l'épi et la longueur de la barbe avec l'épi) et les composantes du rendement (le poids de 1000 grains et le poids spécifique). On distingue ainsi le groupe de blé dur tardif et de haute taille avec des valeurs du poids de 1000 grains et du poids spécifique relativement faibles caractérisant les populations locales, le groupe d'accessions précoces et de taille réduite avec des valeurs du poids de 1000 grains

et du poids spécifique relativement élevées formé par les lignées internationales, et un troisième groupe intermédiaire de variétés nationales composé d'un mélange de variétés qui partagent les mêmes caractéristiques des deux premiers groupes.

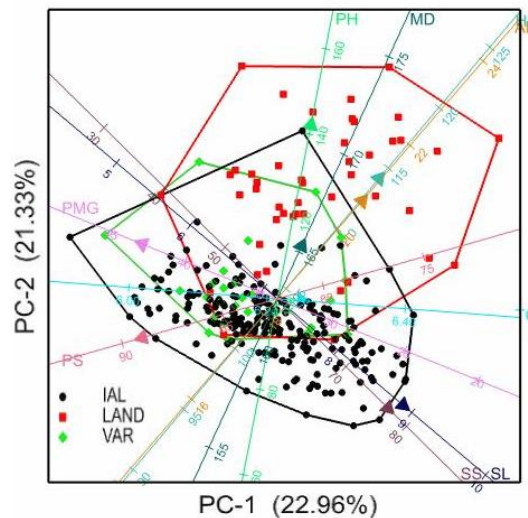


Figure 1: Projection de 294 accessions de blé dur sur le plan formé par les deux axes de l'ACP.

PS, poids spécifique; PMG, le poids de 1000 grains; SS, nombre de grains par épi; TG, taille du grain; HD, nombre de jours à l'épiaison; MD, nombre de jours à la maturité; PH, hauteur de la plante; SL, longueur de l'épi; AL, longueur de la barbe; IAL, lignées internationales; LAND, populations locales; VAR, variétés marocaines.

La disposition des variétés marocaines peut être expliquée en se basant sur l'historique du matériel génétique de base utilisé pour leur création. En effet, 72 % des variétés marocaines réalisées durant la période 1988-1993 sont issues de croisements entre des lignées provenant du CIMMYT et de l'ICARDA [52-55] contre les 28 % possédant un des parents de la provenance du CIMMYT ou l'ICARDA [56]. Par la suite, ces mêmes centres de recherche ont entrepris avec le Maroc des programmes d'amélioration de blé dur en se basant sur les populations locales, à base génétique large, afin d'identifier des génotypes dotés de caractères d'adaptation aux conditions locales et de résistances aux maladies pour les incorporer dans les programmes de sélection au Maroc [57].

3.4. Analyse de la diversité des sous unités gluténines

L'analyse du polymorphisme des gluténines de la collection du blé dur permet d'affiner les résultats de l'analyse de la variabilité phénotypique. Les résultats de l'analyse de la composition des différentes sous unités gluténines montrent un polymorphisme biochimique protéinique assez important chez les différentes accessions (Tableau 5). Ainsi, au niveau du locus Glu-A1, toutes les accessions analysées se caractérisent par la présence de l'allèle nul. Nazco *et al.* [58] ont confirmé que ce type d'allèle est généralement le plus répandu dans les collections de blé dur à travers le monde. En effet, au cours du temps, la composition allélique a été caractérisée par la perte des sous-unités 1 et 2 au niveau de ce locus chez le blé dur et qui ont été remplacées par l'allèle silencieux *c*, pratiquement fixé dans le matériel génétique moderne dans le monde entier [59]. Le plus grand nombre d'allèles dans l'ensemble des accessions a été trouvé au niveau du locus Glu-B1. Parmi les formes alléliques les plus abondantes, on retrouve les sous unités 7+8, 6+8 et 20 avec des fréquences relativement élevées pour les sous unités 7+8, au sein des différents types de germoplasme, plus particulièrement les lignées internationales (61,71 %). Ces sous unités ont été largement associées à un gluten fort et, par conséquent, à une bonne qualité de pâtes alimentaires [60, 61]. Cependant, la sous-unité monomorphe 20, qui caractérise un gluten faible, est plus fréquente chez les variétés nationales (17,39 %) par rapport aux populations locales et aux lignées internationales (10,20 % et 15,77 %, respectivement).

Les populations locales utilisées dans ce travail constituent toujours un énorme potentiel de gènes encore sous-exploités, ils ont montré une large variabilité génétique au niveau du chromosome 1B par rapport aux variétés nationales et lignées internationales améliorées, exprimant des allèles rares liés à une force de gluten élevée tels que les sous unités 13+16 et 7+17+9. De même, des études récentes ont confirmé l'existence d'une importante variabilité des caractères qualitatifs chez les populations locales méditerranéennes de blé dur [15, 30, 62, 63].

Tableau 5 : Fréquence (%) des sous unités gluténines codées au niveau des loci Glu-A1, Glu-B1 et Glu-B3 au sein des différents géotypes de la collection du blé dur.

Locus	Allèles	Sous unités gluténines	Populations locales	Lignés internationales	Variétés marocaines	Germoplasme total
Glu-B1	a	7	4,08	-	8,70	1,36
	b	7+8	24,49	61,71	26,09	52,72
	c	7+9	-	3,60	-	2,72
	d	6+8	30,61	14,41	13,04	17,01
	e	20	10,20	15,77	17,39	14,97
		20+9	10,20	0,90	17,39	4,08
	f	7+9+17	20,41	3,15	17,39	7,14
	g	13+16	2,04	-	-	0,34
		Total	100	100	100	100
Glu-B3	LMW-1		22,45	8,11	30,43	12,25
	LMW-2		77,55	91,89	69,57	87,75

Par complémentarité, la qualité pastière peut aussi être enrichie en intégrant des sous unités gluténines de faible poids moléculaire de type 2 (LMW-2). En effet, plusieurs études confirment l'interaction importante entre les sous unités gluténines, de haut poids moléculaire (SG-HPM) et celles de faible poids moléculaires (SG-FPM), avec la force du gluten [58, 64, 65, 66]. En conséquence, au niveau des lignées internationales, l'absence de certaines sous unités gluténines de haut poids moléculaire (13+16, 7+17+9) a été compensée par la présence en fréquences élevée des sous unités 7+8 (61,71 %), combinées aux sous unités gluténines de faible poids moléculaire de type LMW-2 (91,89 %) par rapport aux populations locales et aux variétés nationales. Cependant, chez les variétés nationales, la fréquence des LMW-2 est faible alors que la sous unité de type 20 est relativement plus abondant par rapport aux deux autres groupes de blé dur (17,39 %). Cela serait principalement dû aux objectifs fixés lors de la création de ces variétés orientées essentiellement vers l'amélioration de la productivité. En effet, les méthodes classiques de sélection par le phénotype qui combinent un criblage visuel à une analyse statistique sont généralement très efficaces et peu coûteuses pour un grand nombre des caractères recherchés principalement pour l'amélioration du rendement. Cependant, le blé dur doit aussi continuellement être amélioré de manière à s'adapter aux préférences changeantes des consommateurs et aux nouvelles technologies de transformation tout en assurant un rendement élevé et stable ; vu la complexité de la notion de qualité technologique et le nombre de gènes impliqués, le choix des géniteurs dans le programme de sélection est primordial à un stade relativement précoce. Etant donné que les tests physico-chimiques nécessitent une certaine quantité de grains, qui n'est disponible qu'à partir de la génération F6, l'utilisation des techniques de SDS-PAGE est fortement recommandée pour une exploitation judicieuse de cette diversité afin d'offrir aux industriels et consommateurs une qualité uniforme répondant au mieux aux exigences liées à la qualité technologique.

Conclusion

Les résultats préliminaires sur la diversité et la structuration morphologique du blé dur montrent clairement que les accessions analysées présentent une variation pour l'ensemble des caractères utilisés, en particulier ceux liés à la phénologie, à l'architecture et aux composantes du rendement. Cette variabilité génétique observée entre accessions constitue un atout pour les travaux de sélection permettront de continuer d'apporter un soutien à notre agriculture en favorisant la sélection pour l'adaptation spécifique qui valorise les différents terroirs au détriment de l'adaptation générale plus difficile à obtenir. Ceci exige une sélection continue, les variétés qui seront nécessaires en 2030 doivent déjà être planifiées cette année et les premiers croisements effectués l'année prochaine [67]. Ainsi, il serait intéressant de combiner les caractères adaptatifs avantageux des populations locales, et leur richesse au niveau des gluténines, conjuguée à la stabilité du rendement chez lignées internationales et des variétés nationales.

Remerciements-Les auteurs remercient infiniment Mr Kamar Mustapha (l'INRA de Rabat, Maroc) et Mr EL Haila Mohamed pour leur assistance technique.

Références

1. Nazco R., Peña R. J., Ammar K., Villegas D., Crossa J., Moragues M. and Royo C., *J. Agric. Sci.* 152 (2013) 379.
2. Bozzini A., Corazza L., D'Egidio M. G., Di Fonzo N., La Fiandra D., Pogna N. E., Poma I. Durum wheat (*Triticum turgidum* spp. durum), In Italian contribution to plant genetics and breeding, University of Tuscia, (1998).
3. FAO, Rapport sur l'état de ressources phytogénétiques dans le monde, Conférence technique international sur ressources phytogénétiques, (1996).
4. Jaradat A. A., *J. Food Agric. Environ.* 4 (2006) 186.
5. Gallais A., Comprendre l'amélioration des plantes. Enjeux, méthodes, objectifs et critères de sélection, Quae, (2015).
6. Rawashdeh N. K., Haddad N. I., Al-Ajlouni M. M., Turk M. A., *Genet. Resour. Crop Ev.* 54 (2007) 129.
7. Aguiriano E., Ruiz M., Fite R., Carrillo J. M., *Genet. Resour. Crop Ev.* 53 (2006) 1543.
8. Salem K. F. M., El-Zanaty A. M., Esmail R. M., *World J. Agric. Sci.* 4 (2008) 538.
9. Ali A., Ali N., Ali I., Adnan M., Ullah N., Swati Z. A., *Int. J. Adv. Res. Technol.* 2 (2013) 186.
10. Chentoufi L., Sahri A., Arbaoui M., Birouk A., Roumet P., Muller M. H., Belqadi L., *Rev. Mar. Sci. Agron. Vét.* 2 (2014) 30.
11. Feillet, P., Autran, J. C. and Icard, C., *J. Cereal Sci.* 32 (2000) 215.
12. Branlard G., *Cah. Agr.* 18 (2009) 506.
13. Gobaa S., Bancel E., Branlard G., Kleijer G., Stamp S., *J. Cereal Sci.* 47 (2008) 610.
14. Amieur N., Jahiert J., Tanguyt A. M., Chiront H., Branlard G., *J. Cereal Sci.* 35 (2002) 149.
15. Moragues M., Zarco-Hernandez J., Moralejo M. and Royo C., *Genetic Resour. Crop Ev.* 53 (2006) 993.
16. Mondini L., Farina A., Porceddu E., Pagnotta M. A., *Ann. Appl. Biol.* 156 (2010) 211.
17. Nokoe S., *J. Trop. For.* 15 (2000) 93.
18. Singh K. B., Bejiga G., Saxena M. C., Sinh M., *Int. Chick. News.* 24 (1991) 19.
19. Laemmli U. K., *Nature* 277 (1970) 680.
20. Payne P. I., Holt L. M. and Law C. N., *Theor. Appl. Genet.* 60 (1981) 229.
21. Payne, P. I., Lawrence G. J., *Cereal Res. Commun.* 11 (1983) 29.
22. Shannon C. E., Weaver W. The mathematical theory of communication, University of Illinois Press, (1948).
23. Jain S. K., Qualset C. O., Bhatt G. M., Wu K. K., *Crop Sci.* 15 (1975) 700.
24. Eticha F., Bekele E., Belay G., Börner A., *Plant Genet. Resour.* 3 (2005) 35.
25. Al Khanjari S., Filatenko A. A., Hammer K., Buerket A. *Genet. Resour. Crop Ev.* 55 (2008) 1185.
26. Sourour A., Chahine K., Youssef T., Olfa S., Hajer S., *Afr. Crop Sci. J.* 18 (2010) 35.
27. Teklu Y., Hammer K., *Plant Genet. Resour.* 7 (2008) 1.
28. Sourour A., Amara-Hajer S., *Afr. Crop Sci. J.* 16 (2009) 219.
29. Negassa M., *Hereditas* 104 (1986) 41.
30. Taghouti M., Gaboune F., Nsarellah N., Rhrib K., Nachit M.M., Saïdi S., Boujnah M., Maataoui F., *Al Awamia* 120 (2006) 74.
31. Zarkti H., Ouabbou H., Udupa S. M., Gaboun F., Hilali A., *Aust. J. Crop Sci.* 6 (2012) 1172.
32. Myers N., *Biodivers. Conserv.* 3 (1994) 411.
33. Hamon C., Mise en place d'un indicateur de diversité cultivée à l'échelle territoriale. Cas de la diversité du blé tendre au cours du XX^e siècle. Mémoire de fin d'études, Agrocampus Ouest, Rennes, (2007).
34. Cherdouh A., Khelifi D., Carrillo J. M., Nieto-Taladriz M. T., *Plant Breeding* 124 (2005) 338.
35. Tanksley S. D., Mccouch S. R., *Science* 277 (1997) 1063.
36. Gallais A., *Le Sélectionneur Français* 61 (2010) 61.
37. Khodadadi M., Fotokian M. H., Miransari M., *Aust. J. Crop Sci.* 5 (2011) 17.
38. Ali Dib T., Monneveux P., Araus J. L., *Agronomie* 12 (1992) 381.

39. Wardlaw I. F., Moncur L., *Aust. J. Plant Physiol.* 22 (1995) 391.
40. Monneveux P. H., *Cah. Sécheresse* 8 (1997) 29.
41. Megherbi A., Mehdadi Z., Toumi F., Moueddene K., Bouadjra S. E. B., *Acta Bot. Gall.* 159 (2012) 137.
42. Oudjani W., Diversité de 25 géotypes de blé dur (*Triticum durum* Desf.) : étude des caractères de production et d'adaptation. Thèse Magistère. Université Mentouri, (2009).
43. Novaro P., Colucci F., Venora G., D'Egidio M. G., *Cereal Chem.* 78 (2001) 217.
44. Iftikhar R., Khaliq I., Kashif M., Ahmad A. M., Smiullah., *Middle East J. Sci. Res.* 11 (2012) 19.
45. Hamada Y., Evaluation de la variabilité génétique et utilisation des espèces tétraploïdes du genre *Triticum* en amélioration génétique de la tolérance au déficit hydrique chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.). Thèse Magistère, Université Mentouri, (2002).
46. Shahid M., Fida M., Tahir M., *Sarhad J. of Agr.* 18 (2002) 383.
47. Saleem U., Khaliq I., Tariq M., Rafique M., *J. Agr. Res.* 44 (2006) 1.
48. Tesfaye T., Getachew B., Worede M., *Hereditas* 114 (1991) 171.
49. Masood S., Javaid A., Rabbani A., Anwar R., *Pakistan J. Bot.* 37 (2005) 949.
50. Koksal Y., *Pakistan J. Bot.* 41(2009) 745.
51. Slafer G. A., Miralles D. J. J., *Agron. Crop Sci.* 170 (1993) 251.
52. Smale M., Reynolds M. P., Warburton M., Skovmand B., Trethowan R., Singh R. P., Ortiz-Monasterio I., *Crop Sci.* 42 (2002) 1766.
53. Roussel V., Analyse de la diversité et de la structuration génétique d'une collection de blés tendres à l'aide de marqueurs agro-morphologiques, biochimiques et moléculaires. Ph.D. Thesis, Ecole Nationale Supérieure Agronomique de Rennes, (2005).
54. Jlibène M., Amélioration génétique du blé tendre au Maroc à l'aube du 21^{ème} siècle, INRA, (2009).
55. Rolland B., Le Champion A., Oury F. X., *Courr. Environ. INRA* 62 (2012) 71.
56. Mehdiabadi S., Mohammadi R., Etmiran A. R., Shooshtari L., *Biol. Forum Int. J.* 7 (2015) 236.
57. ICARDA (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas), Morocco and ICARDA: Collaboration since 1977, ICARDA, (2005).
58. Nazco R., Villegas D., Ammar K., Pena J. R., Moragues M., Royo C., *Euphytica* 185 (2012) 1.
59. Subira J., Peña R. J., Álvaro F., Ammar K., Ramdani A., Royo C., *Crop Pasture Sci.* 65 (2014) 16.
60. Sissons M. J., Ames N. P., Hare R. A., Clarke J. M., *J. Sci. Food Agr.* 85 (2005) 2445.
61. Gregová E., Medvecká E., Jómová K., Šliková S., *J. Microbiol. Biotechnol. Food Sci.* 1 (2012) 610.
62. Zarkti H., Ouabbou H., Taghouti M., Hilali A., Udupa S. M., *Plant Omics* 3 (2010) 154.
63. Babay E., Hanana M., Mzid R., Ben haj-salah H, Rodriguez-quijano M, Ghorbel A, Slim-Amara H., *J. New Sci.* 12 (2014) 21.
64. Payne P. I., Holt L. M., Jackson E.A., Law C.N., Damania A.B., *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.* 304 (1984) 359.
65. Pogna N. E., Autran J. C., Mellini F., and Lafiandra D., *J. Cereal Sci.* 11 (1990) 15.
66. Ruiz M., Carrillo J. M., *J. Cereal Sci.* 21 (1995) 137.
67. Stamp P., Fossati D., Mascher F. et Hund A., *Rech. Agron. Suisse* 5 (2014) 286.

(2016) ; <http://www.jmaterenvironsci.com/>