



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
وزارة البحث العلمي و التعليم العالي  
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE  
SCIENTIFIQUE  
جامعة باجي مختار عنابة-  
UNIVERSITE BADJI MOKHTAR -ANNABA



FACULTE DES SCIENCES  
DEPARTEMENT DE BIOLOGIE

THESE EN VUE DE L'OBTENTION DU DIPLOME DE DOCTORAT  
Spécialité : BIOLOGIE VEGETALE ET ENVIRONNEMENT  
Option : Protection des milieux naturels

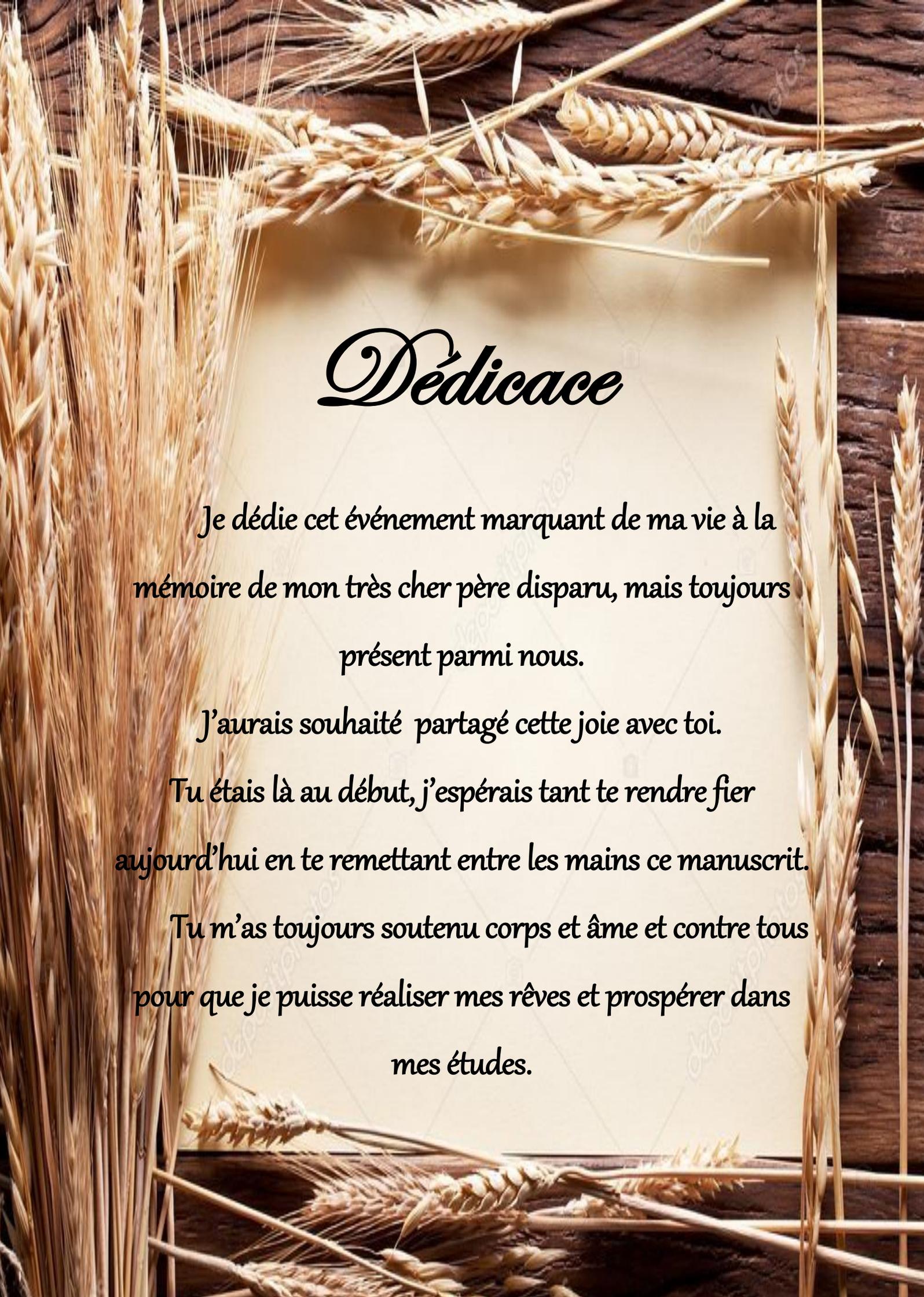
**Amélioration Génétique de la  
Résistance à la Rouille jaune de  
Variétés Locales de Blé Tendre,  
Utilisant la Sélection Assistée par  
Marqueurs Moléculaires**

Présentée par : ZAIDI Chaneze Amira

Devant la commission de Jury :

TAHAR Ali	Professeur	Université d'Annaba	Président
BRINIS Louhichi	Professeur	Université d'Annaba	Rapporteur
BENBELKACEM A.E.Kader	Directeur de Recherche	INRAA Constantine	Co-rapporteur
BEKHOUCHE Fatiha	Professeur	Université d'Annaba	Examinatrice
BENMAHAMMED Amar	Professeur	Université de Sétif	Examineur
SLIMANI Ali	Maitre de Conférences	Université d'El-Tarf	Examineur

Année universitaire 2016/2017



# *Dédicace*

Je dédie cet événement marquant de ma vie à la  
mémoire de mon très cher père disparu, mais toujours  
présent parmi nous.

J'aurais souhaité partagé cette joie avec toi.

Tu étais là au début, j'espérais tant te rendre fier  
aujourd'hui en te remettant entre les mains ce manuscrit.

Tu m'as toujours soutenu corps et âme et contre tous  
pour que je puisse réaliser mes rêves et prospérer dans  
mes études.



# Remerciements

Enfin ! Est arrivé le moment pour exprimer ma gratitude et mes remerciements à toutes les personnes qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce modeste travail, et sans lesquelles ce travail n'aurait jamais pu voir le jour.

Je tiens tout d'abord, à remercier de manière très particulière et à exprimer ma profonde reconnaissance à Monsieur **BRINIS Louhichi**, Professeur à l'Université Badji Mokhtar et Directeur de thèse, qui malgré les prérogatives qui sont siennes à accepter de diriger ce travail avec dévouement, ainsi que pour sa disponibilité, son soutien indéfectible et sa patience durant toutes ces longues années.

Les mots ne peuvent exprimer toute ma gratitude à Monsieur **BENBELKACEM Abdelkader**, Directeur de recherche à l'INRAA de Constantine et Co-Directeur de cette thèse, pour ses précieux conseils, la grande attention qu'il a porté à ce sujet. J'apprécie fortement ses hautes qualités scientifiques et valeurs humaines. Merci de m'avoir donné cette immense chance de travailler avec vous et d'associer votre nom à ce travail.

Mes remerciements vont aussi à Monsieur **TAHAR Ali**, Professeur à l'Université Badji Mokhtar et responsable de cette formation doctorale, non seulement pour avoir bien voulu me faire l'honneur de présider le jury, je le remercie également pour son aide dans l'interprétation et l'analyse statistique de mes données et son soutien dans les moments de doute.

Je ne manquerais pas non plus de remercier les membres du jury qui ont accepté, sans réserve aucune, d'évaluer cette thèse et de me faire part de leurs remarques sûrement pertinentes qui, contribueront, sans nul doute, au perfectionnement du présent travail. J'adresse mes vifs remerciements à Madame et Messieurs :

- **BEKHOUCHE Fatiha**
- **BENMAHAMMED Amar**
- **SLIMANI Ali**

J'adresse aussi mes remerciements à l'ensemble du personnel de la Station de Recherche Mehdi Boualem (INRA-Alger), particulièrement Mesdames **DJENADI Chafika** et **AMRI Wahiba**, les premières personnes à m'avoir encouragé et soutenu dans la mise en place de mes premiers essais. Qu'elles trouvent ici l'expression de ma profonde sympathie.

Mes vifs remerciements vont au personnel de l'ITGC de Guelma, l'ITCMI d'El-Kous et Mr **HANNOUN**, de d'avoir mis à ma disposition tous les moyens nécessaires pour la concrétisation de ce travail.

Je ne peux trouver les mots justes et sincères pour dire mille mercis à Mr **LABAR Sofiane**, pour tout ce qu'il ma prodigué comme conseils et encouragements et pour sa patience. Quelque soit la formulation adoptée ça sera en dessous de la réalité.

Mes remerciements s'étendent également à mes amis et collègues du laboratoire d'amélioration génétique des plantes et de la Direction des Services Agricoles d'El-Tarf, j'ai nommé, **Asma, Wassila, Kamel BENSEGHIR, Mr BOUTAMINE** et **Mr KOURD** pour leur aide et soutien morale.

Je saisis aussi cette occasion pour prononcer un mot de gratitude à l'égard des professeurs de l'Unité de Génétique du Département de Biotechnologie -Biologie Végétale de l'Université Polytechnique de Madrid, et particulièrement : Dr **Patricia GIRALDO CARBAGO**, Dr **RODRIGUEZ DE QUIJANO URQUIAGA Marta** et Dr **VAZQUEZ MUÑIZ José Francisco** pour leurs qualités scientifiques, pédagogiques, mais surtout humaines. Merci de m'avoir accueillie au sein de votre laboratoire et de m'avoir assisté tout le long de mon stage.

Enfin à ma famille : Ma chère **mère**, à celle qui est toujours présente et continue de l'être pour faire mon bonheur. Merci de trimer sans relâche, malgré les péripéties de l'âge, de la santé, de la vie, à notre bien-être. Tu m'as accompagné sans relâche, tu as suivie de tout près et pas à pas la progression de ce travail. Enfin ! Merci tout simplement d'être... la mère que tu es. Cette réussite est la tienne.

A l'unique sœur que j'ai au monde, **Samia**, merci d'être toujours à mes côtés. A mes chers frères : **Salim, Mohamed** et **Brahim**, sans vous ma vie n'aurait pas été la même, à travers vous mon père continu d'être présent parmi nous.

A ma petite sœur et cousine **Bouthaina**, à mes adorables neveux et nièces, particulièrement à toi **Ania** merci d'être à mes côtés pour me soutenir, pour m'aider dans la mesure du possible, mais surtout pour me donner du bonheur et de la tendresse. Un coucou tout particulier à **Houria**, à mon beau-frère et mes belles sœurs, pour votre compréhension et soutien, avec qui je partageais une partie de cette belle expérience.

Enfin, j'espère du fond du cœur que toutes personnes que je connais, trouve ici un mot de reconnaissance, et que chacun se reconnaisse en ce qui le concerne.

## ملخص

في الجزائر، ثبت أن أصناف القمح اللين (*Triticum aestivum* L.) الأكثر استخداماً عرضة لمرض الصدأ الأصفر مما يتسبب في خسائر تتراوح بين 70% و 100% من الإنتاج خلال فترات الأوبئة الشديدة. هذا العمل سمح لنا مقارنة 06 هجائن F2 من القمح اللين (*Triticum aestivum* L.) المتحصل عليها مع أباؤها خلال سنة 2013. وقد تم تقييم هذه المعينات في إطار الكتل الكاملة العشوائية و هذا من أجل اختيار الهجائن 7\*03333 من خلال تقدير قوة الهجين (Heterosis) تمت تقديراتنا على أساس القياسات المتعلقة بالخصائص المورفولوجية، الفسيولوجية والبيوكيميائية. كما حاولنا إيضاح وجود جينات مقاومة للصدأ (*Puccinia striiformis*) في بعض السلالات الأبوية، لاستخدامها في برنامج للانتقاء باستخدام واسمات جزئية (MAS). تمت دراسة ثلاثة أصناف 'S' Avocet \*Yr18/3 و Hiddab 1220 و Ciano 79. يعتبر HD أساس للتكيف الجيني مع الظروف المحلية. أصناف 'S' Avocet \*Yr18/3 et Ciano 79 هي سلالات مع الجينات الرئيسية Yr18 و Yr27 المقاومة والمختارة في CIMMYT. بصورة عامة تتجلى قوة الهجين (Heterosis) في ارتفاع النبات، الطول الأخير بين العقد، عدد الحبوب في السنبل، مساحة الورقة، وعدد السنبلات في المتر ومردود الحبوب. خمس (05) هجائن تقدم قيم فوق المتوسط الأبوي. هكذا على ضوء هذه النتائج، تظهر القوة الهجينية بصورة واضحة من خلال المتغيرات التي شملتها الدراسة. هذه الهجائن اكتسبت وتحافظ على قوة الهجين في F2 بمستوى أعلى من المتوسط الأبوي. وهكذا، نسطح استنتاجات العديد من المؤلفين الذين يربطون استخدام F2 أو F3 الهجينة على نطاق واسع، مقابل صعوبة الحصول على الهجينة F1 وتكلفتها العالية. بناء على هذه الدراسة، Ciano 79 حاملة الجين Yr27 أظهرت تحسين مقاومة للصدأ الأصفر في الظروف المحلية مع نوعية تكنولوجية أفضل، نظر الوجود تحت وحدات + 5 HMW glutenins مكان 10-D1. وبالتالي فإنه يمكن أن تستخدم في إنتاج أصناف جديدة من القمح اللين ذات جودة تكنولوجية عالية ومقاومة وجيدة. أظهرت الجينات Yr18 مستوى متوسط من المقاومة، وهذا الجين يمكن استخدامها مع pyramiding الجين الآخر، حيث يتم دمج جينات مقاومة رئيسية محددة لإنتاج أصناف مقاومة للصدأ أكثر دواما. نتائج هذه الدراسة، سيتم تعميقها وتعزيزها عن طريق التوصيف بواسطة الواسمات الجزيئية وتحليل مكونات تحت وحدات غلوتينين عالية الوزن الجزيئي (HMW)، للسلالات التي تم الحصول عليها من أجل تحديد السلالات الأولية لاستخدامها بعد ذلك في برنامج تحسين مقاومة الصدأ الأصفر.

**الكلمات المفتاحية:** القوة الهجينة، القمح اللين، جينات مقاومة، الصدأ الأصفر، غلوتينين (HMW).

## **Résumé**

*En Algérie, les variétés de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) les plus utilisées se sont avérées sensibles à la rouille jaune, entraînant des pertes qui peuvent atteindre 70% à 100 % de la production, durant les périodes de fortes épidémies. Le présent travail a permis de comparer 06 hybrides  $F_2$  de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) obtenus au cours de l'année 2013 avec leurs parents respectifs. Ce matériel a été évalué dans un dispositif en blocs complets randomisés et ce afin de sélectionner les hybrides par l'estimation de l'hétérosis. Les mesures ont porté sur des caractères morphologiques, physiologiques et biochimiques. Nous avons également essayé de mettre en évidence l'existence de gènes de résistance à la rouille jaune (*Puccinia striiformis*) dans quelques lignées parentales, pour les utiliser ensuite dans un programme de sélection assistée par marqueurs moléculaires (SAM). Trois cultivars, Hiddab 1220, Yr18/3\* Avocet 'S' et Ciano 79, ont été étudiés. HD1220 est considérée comme une base génétique d'adaptation aux conditions locales. Les variétés Yr18/3\* Avocet 'S' et Ciano 79, sont des lignées avec des gènes majeurs de résistance Yr18 et Yr27, choisies dans du matériel du CIMMYT. Globalement l'hétérosis se manifeste au niveau de la hauteur de la plante, longueur du dernier entre nœud, nombre de grains par épi, surface foliaire, nombre d'épis par mètre et le rendement grain. Cinq (05) hybrides présentant des valeurs supérieures au parent moyen. A la lumière des résultats obtenus, la vigueur hybride apparaît d'une manière nette en ce qui concerne les variables étudiées. Ces hybrides ont acquis et gardent un niveau de vigueur hybride en  $F_2$  supérieur au parent moyen. Ainsi, nous rejoignons les conclusions de plusieurs auteurs qui veulent utiliser à grande échelle des hybrides  $F_2$  ou  $F_3$ , vu la difficulté rencontrée pour l'obtention des hybrides  $F_1$  et leur coût élevé. Sur la base de cette étude Ciano 79 portant le gène Yr27, a montré une meilleure résistance à la rouille jaune dans les conditions locales et une meilleure qualité technologique, vu la présence de sous-unités de gluténines à HMW 5+10 du locus *Glu-D1*. De ce fait il peut être utilisé dans la production de nouvelles variétés de blé tendre résistantes et de bonne qualité technologique. Le gène Yr18 a montré un niveau de résistance modéré ; ce gène pouvant être utilisé avec d'autres gènes par pyramidage, qui consiste à l'incorporation des gènes de résistance spécifiques majeurs pour produire des variétés présentant une résistance plus durable aux rouilles. Les résultats de cette étude, seront approfondis par la caractérisation par marqueurs moléculaires et analyse de la composition des sous-unités de gluténines à haut poids moléculaire (HMW), des descendances obtenues, afin d'identifier des pré-lignées qui seront utilisées dans un programme d'amélioration de résistance à la rouille jaune.*

**Mots clé :** Hétérosis, Blé tendre, gènes de résistance, rouille jaune, gluténine à HWM, SAM.

## **Abstract**

*In Algeria, the most widely used varieties of soft winter wheat (*Triticum aestivum* L.) have been found to be susceptible to yellow rust; leading to production losses that can reach between 70% to 100% during severe epidemic periods. This work focussed on the comparison between six F<sub>2</sub> bread wheat (*Triticum aestivum* L.) crosses obtained during 2013 with their respective parents. This material has been laid out and evaluated in a randomized complete block. The main goal was to select hybrids according to their heterosis estimations. Morphological, physiological and biochemical parameters have been measured. In this present work, we demonstrate the existence of yellow rust resistant genes (*Puccinia striiformis*) in some parental lines, with the goal of using them in a selection program involving molecular markers (MAS). Three cultivars, Hiddab 1220, Yr18/3 \* Avocet 'S' and Ciano 79, were studied. HD is considered a genetic adaptation basis for local conditions. The Yr18/3 \* Avocet 'S' and Ciano 79 varieties are lines with major Yr18 and Yr27 resistant genes, selected from CIMMYT material. Data showed that overall heterosis was noticed for plant height, extrusion length, number of grains per spike, leaf area, number of spikes per m<sup>2</sup> and grain yield. Five hybrids had values above the midparent average. In the light of these results, hybrid vigor displayed a marked trend with regard to the variables studied. These hybrids have acquired and maintained a level of higher hybrid vigor in F<sub>2</sub> than the average parent. Thus, we agreed with the conclusion of several authors that want to use large-scale F<sub>2</sub> or F<sub>3</sub> hybrids, given the difficulties and high cost in obtaining F<sub>1</sub> hybrids. On the basis of this study, Ciano 79 carrying the Yr27 gene showed better resistance to yellow rust under local conditions and better technological quality, given the presence of HMW 5 + 10 glutenin subunits of *Glu* locus -D1. As a result, it can be used in the production of new soft wheat varieties that are yellow rust resistant and of good technological quality. The Yr18 gene showed a moderate level of resistance, indicating that this gene can be used with other genes by pyramidization, which consists of the incorporation of major specific resistance genes to produce varieties with more durable resistance to rusts. The results of this study will be further explored by molecular marker characterization and composition analysis of obtained progenic or off-spring high molecular weight (HMW) glutenin subunits in order to identify predecessors that might be used in a Yellow rust resistance improvement program.*

**Keywords:** *Heterosis, bread wheat, genes of resistance, yellow rust, gluténine HMW, MAS.*

## LISTE DES TABLEAUX

N°	Titre	Page
<b>01</b>	Dates des principales preuves archéologiques liées à la culture des blés et trouvées au Levant (d'après Feldman, 2001).	<b>5</b>
<b>02</b>	Caractérisation génétique des différentes sous-espèces de blé hexaploïde, <i>T. aestivum</i> (d'après Feldman, 2001)	<b>12</b>
<b>03</b>	Nomenclature des blés cultivés actuels et de leurs espèces apparentées les plus directes (d'après Van Slageren, 1994)	<b>13</b>
<b>04</b>	Variétés de blé tendre homologuées en Algérie (CNCC, 2015)	<b>17</b>
<b>05</b>	Composition minérale du grain de blé	<b>63</b>
<b>06</b>	Gènes pour la résistance à la rouille jaune [ <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> ], des exemples de génotypes de blé contenant les gènes, leurs emplacements chromosomiques, types de résistance et références	<b>85</b>
<b>07</b>	Origine des lignées parentales Ciano 79, Yr 18/3* Avocet 'S' et Hiddab.	<b>91</b>
<b>08</b>	Table de croisement semis diallèle	<b>92</b>
<b>09</b>	Liste des lignées parentales, des populations F <sub>2</sub> et leur randomisation en plein champ durant la première année d'expérimentation.	<b>94</b>
<b>10</b>	Liste des lignées parentales, des hybrides F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> et F <sub>3</sub> et leur randomisation en plein champ durant la deuxième année d'expérimentation au champ.	<b>94</b>
<b>11</b>	Principales caractéristiques des essais durant les deux campagnes	<b>95</b>
<b>12</b>	Fiche d'indentification des échantillons	<b>109</b>
<b>13</b>	Composition des solutions utilisées dans l'extraction séquentielle des gluténines	<b>113</b>
<b>14</b>	Composition des gels de séparation et de concentration	<b>114</b>
<b>15</b>	Marqueurs moléculaires utilisés et programme d'amplification PCR recommandé	<b>116</b>
<b>16</b>	Données climatiques de l'année 2015, station de Guelma	<b>119</b>
<b>17</b>	Dosage séquentiel de la chlorophylle pour les F <sub>2</sub> et leurs parents respectifs	<b>128</b>
<b>18</b>	Moyennes des composantes de rendement et des paramètres morphologiques et physiologiques analysés	<b>135</b>
<b>19</b>	Matrice de corrélation entre les composantes du rendement	<b>137</b>
<b>20</b>	Liste des corrélations significatives, hautement significatives et très hautement significatives	<b>137</b>
<b>21</b>	Hétérosis par rapport au parent moyen et au parent supérieur, pour les caractères étudiés	<b>143</b>
<b>22</b>	Conditions climatiques de la campagne 2015/2016, station ITCMI El kous	<b>149</b>
<b>23</b>	Paramètres de résistance des cultivars étudiés, le PMG et le rendement obtenu	<b>151</b>
<b>24</b>	Matrice de corrélation des paramètres analysés	<b>152</b>
<b>25</b>	Loci codifiant les sous-unités des gluténines (HMW) des lignées analysées	<b>153</b>
<b>26</b>	Composition allélique des sous-unités de gluténines HMW des lignées parentales étudiées	<b>153</b>

## LISTE DES FIGURES

N°	Titre	Page
<b>01</b>	Principaux pays producteurs de blé dans le monde (Map source: FAO - Shutterstock)	<b>6</b>
<b>02</b>	Carte de la diffusion de la culture du blé (Alain Bonjean)	<b>10</b>
<b>03</b>	Phylogénie des blés (Liao <i>et al.</i> , 2008)	<b>11</b>
<b>04</b>	Epis de différents <i>Triticum</i>	<b>12</b>
<b>05</b>	Caractéristiques botaniques d'une plante de blé et les pièces florales.	<b>19</b>
<b>06</b>	Schéma histologique d'une coupe longitudinale d'un grain de blé	<b>20</b>
<b>07</b>	Stades de développement des céréales. Échelles de Zadoks, (1974)	<b>26</b>
<b>08</b>	Stade d'utilisation des herbicides	<b>33</b>
<b>09</b>	Protéines de la farine de blé (d'après Debiton, 2010)	<b>62</b>
<b>10</b>	Localisation chromosomique des principaux gènes codant pour les gluténines et les gliadines chez le blé	<b>70</b>
<b>11</b>	Aires de développement du blé où la rouille jaune cause des problèmes	<b>74</b>
<b>12</b>	Cycle biologique de <i>Puccinia striiformis</i> f.sp. <i>tritici</i> (d'après Caron <i>et al.</i> , 1993)	<b>80</b>
<b>13</b>	Dispositif expérimental	<b>93</b>
<b>14</b>	Echelle de Cobb modifiée	<b>117</b>
<b>15</b>	Type d'infection	<b>118</b>
<b>16</b>	Nombre d'épis par plant des F2 et leurs parents respectifs	<b>120</b>
<b>17</b>	Moyenne du nombre de grains par épi des F <sub>2</sub> et leurs parents respectifs	<b>121</b>
<b>18</b>	Poids de Mille Grains (PMG) des F2 et de leurs parents respectifs (g)	<b>121</b>
<b>19</b>	Rendement moyen en grain des populations F2 et de leurs parents respectifs (qx/ha)	<b>122</b>
<b>20</b>	Le rendement et ses composantes chez les parents géniteurs et les F2	<b>123</b>
<b>21</b>	Longueur de l'épi des F2 et de leurs parents respectifs (cm)	<b>124</b>
<b>22</b>	Hauteur des tiges des F2 et de leurs parents respectifs (cm)	<b>124</b>
<b>23</b>	Longueur du dernier entre nœud des F2 et de leurs parents respectifs (cm)	<b>125</b>
<b>24</b>	Cycle phénologique des populations F2 et leurs parents respectifs	<b>126</b>
<b>25</b>	Surface foliaire des F2 et leurs parents respectifs (cm <sup>2</sup> )	<b>127</b>
<b>26</b>	Relation entre la surface foliaire (cm <sup>2</sup> ) et le nombre de grain par épi (G/E) des F2 et leurs parents respectifs	<b>127</b>
<b>27</b>	Teneur moyenne en chlorophylle (a) des F2 et leurs parents respectifs (µg/gMF)	<b>128</b>
<b>28</b>	Teneur moyenne en chlorophylle (b) des F2 et leurs parents respectifs (µg/g MF)	<b>129</b>
<b>29</b>	Teneur en chlorophylle (a+b) chez les lignées parentales (µg/g MF)	<b>130</b>
<b>30</b>	Teneur en chlorophylle (a+b) chez les croisements F2 (µg/g MF)	<b>130</b>
<b>31</b>	Teneur en chlorophylle (a+b) des F2 et leurs parents respectifs (µg/g MF)	<b>131</b>
<b>32</b>	Teneur moyenne en proline pour les F2 et leurs parents respectifs (µg/gMF)	<b>132</b>
<b>33</b>	Teneur moyenne en sucres solubles des F2 et leurs parents respectifs (µg/g MF)	<b>134</b>
<b>34</b>	Teneur moyenne en protéines totale des F2 et leurs parents respectifs (µg/g MF)	<b>134</b>
<b>35</b>	Histogramme des valeurs propres en fonction des rangs des axes principaux pour l'ensemble des variables étudiées	<b>138</b>
<b>36</b>	Représentation graphique des 15 variables à l'intérieur du cercle de corrélations du plan factoriel 1-2	<b>139</b>
<b>37</b>	Dendrogramme du regroupement des 10 génotypes étudiés à l'aide de la méthode du lien simple et la distance carrée de Pearson	<b>140</b>
<b>38</b>	Dendrogramme de regroupement des 15 variables physiologiques, chimiques et morphologiques	<b>141</b>

## LISTE DES PHOTOS

N°	Titre	Page
<b>01</b>	Symptômes de rouille jaune sur blé tendre (cv. HD1220, 2016)	<b>76</b>
<b>02</b>	Mise en place de l'essai sous serre et stades de développement des plantes	<b>91</b>
<b>03</b>	Méthode d'hybridation artificielle adoptée	<b>92</b>
<b>04</b>	Traçage de la parcelle élémentaire et semis	<b>93</b>
<b>05</b>	Site expérimental ITCMI El-Kous (Googel Earth).	<b>96</b>
<b>06</b>	Comptage et pesage du PMG	<b>97</b>
<b>07</b>	Mesure de la surface foliaire	<b>98</b>
<b>08</b>	Dosage de la chlorophylle	<b>98</b>
<b>09</b>	Dosage de la proline	<b>99</b>
<b>10</b>	Dosage des sucres solubles	<b>101</b>
<b>11</b>	Extraction et dosage des protéines totales	<b>101</b>
<b>12</b>	Echantillon de feuilles de blé contaminées pour analyser la race de rouille	<b>107</b>
<b>13</b>	Extraction de la farine pour analyser les gluténines à HWM	<b>111</b>
<b>14</b>	Montage des plaques pour électrophorèse et le coulage des gels	<b>113</b>
<b>15</b>	Dépôts des échantillons, dépôt, migration dans l'électrophorèse et rinçage du gel	<b>114</b>
<b>16</b>	csLV34 PCR amplification des génotypes HD, Var1 Var2 et Mo. M est le marqueur ( $\lambda$ , 1 KB)	<b>154</b>
<b>17</b>	Xbarc92, PCR amplification des génotypes HD, Var1 Var2 et Mo. M est le marqueur ( $\lambda$ , 1 KB)	<b>154</b>

## LISTE DES ABREVIATIONS

AFLP	Polymorphisme de longueur des fragments amplifiés
ADN	Acide désoxyribonucléique
CIMMYT	Centre International d'Amélioration du Maïs et du Blé
CNCC	Centre National du contrôle de la certification
CNIS	Centre National de l'Informatique et des Statistique des Douanes
HMW	Gluténines à haut poids moléculaire
kDa	Kilodalton
LMW	Gluténines à faible poids moléculaire
pb	Paire de bases
PCR	Réaction en chaîne par polymérase
QTL	Locus de caractères quantitatifs
RAPD	Amplification aléatoire d'ADN polymorphe
RFLP	Polymorphisme de longueur des fragments de restriction
RGA	Recensement Général de l'Agriculture
SAM	Sélection Assistée par Marqueurs
SAU	Superficie agricole utile
SDS-PAGE	Electrophorèse sur gel de polyacrylamide
SG- HMW	Sous-unités gluténines à haut poids moléculaire
SG- LMW	Sous-unités gluténines à faible poids moléculaire

DEDICACE	
REMERCIEMENTS	
ABSTRACT	
RESUME	
LISTE DES TABLEAUX	
LISTE DES FIGURES .....	I
LISTE DES PHOTOS .....	II
LISTE DES ABREVIATIONS .....	III
	IV
INTRODUCTION .....	1

## PARTIE I. SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

### Chapitre I. Importance, origine et caractéristiques du blé

1.1 Importance économique et distribution .....	5
1.1.1 La culture du blé dans le monde .....	5
1.1.2 Situation céréalière en Algérie .....	7
1.1.3 Catégorie des blés .....	9
1.2 Origine et classification du blé tendre .....	9
1.2.1 Origine géographique .....	9
1.2.2 Origine génétique .....	10
1.2.3 Classification botanique .....	13
1.2.4 Principales variétés de blé tendre cultivées en Algérie .....	14
1.3 Caractères botaniques des blés .....	17
1.3.1. Appareil racinaire .....	17
1.3.2. Tige et feuille .....	18
1.3.3. Epi .....	18
1.3.4. Epillets .....	18
1.3.5. Fleurs .....	18
1.3.6. Graines .....	18
1.4. Structure histologique du grain de blé tendre .....	19
1.4.1 Les enveloppes .....	20
1.4.2 Le germe ou embryon .....	20
1.4.3 L'endosperme ou albumen .....	21

### Chapitre II. Biologie du blé et exigences de la culture

2.1 Le cycle physiologique du blé .....	22
2.1.1 Période végétative .....	22
2.1.2 Période reproductrice .....	24
2.2 Exigences du blé .....	27
2.2.1 Climat .....	27

2.2.2 Exigences édaphiques.....	28
2.3 Itinéraires techniques.....	29
2.3.1 Précédent cultural.....	29
2.3.2 Choix variétal.....	29
2.3.3 Travail du sol.....	30
2.3.4 Date et dose de semis.....	30
2.3.5 Fertilisation.....	31
2.3.6 Désherbage.....	32
2.3.7 Lutte contre les maladies fongiques .....	32
2.4. Elaboration du rendement en grain .....	36
2.4.1 Le rendement et ses composantes.....	36
2.4.2 La biomasse aérienne et la hauteur du chaume.....	38
2.4.3 La durée du cycle de croissance-développement .....	38

### **Chapitre III. Sélection variétale et amélioration génétique du blé tendre**

3.1 La sélection des céréales.....	40
3.2 La sélection pour la productivité.....	42
3.3 La sélection pour l'adaptabilité.....	47
3.4 La sélection assistée par marqueurs moléculaires (SAM).....	49
3.4.1 Intérêt de la sélection assistée par marqueurs moléculaires.....	49
3.4.2 Principaux types de marqueurs moléculaires.....	51
3.5. Amélioration génétique pour la résistance aux maladies.....	54
3.5.1. Contrôle génétique de la résistance.....	54
3.5.2. Amélioration de la résistance.....	55
3.6. Choix des parents pour concilier productivité et adaptation.....	56

### **Chapitre IV. Evaluation de la qualité du blé tendre**

4.1 Classification des protéines de réserve du blé.....	59
4.2 Composition biochimique du grain de blé tendre.....	60
4.2.1 Eau.....	61
4.2.2 Glucides.....	61
4.2.3 Protéines.....	61
4.2.4 Matières minérales.....	62
4.2.5 Vitamines.....	63
4.2.6 Enzymes.....	63
4.3 Les protéines de réserve du blé .....	63
4.3.1 Gluténines.....	64
4.3.2 Gliadines.....	66
4.4 Extraction et séparation des protéines.....	67
4.5 Utilisation de la technique d'électrophorèse.....	68
4.5.1 Identification variétale.....	68

4.5.2 Visualisation de la diversité et étude du déterminisme génétique des protéines du gluten.....	68
4.6 Génétique et localisation chromosomique.....	69

### **Chapitre V. La rouille jaune du blé (*Puccinia striiformis*)**

5.1 Classification de la rouille jaune.....	72
5.2 Répartition dans le monde de la rouille jaune.....	72
5.3 Intérêt scientifique et économique du pathosystème.....	74
5.4 Description et biologie du pathogène.....	75
5.4.1 Symptômes et dégâts.....	75
5.4.2 Plantes hôtes.....	77
5.4.3 Conditions de développement.....	78
5.4.4 Cycle biologique de <i>Puccinia striiformis</i> f.sp. <i>tritici</i> .....	79
5.4.5 Dispersion du pathogène.....	80
5.4.6 Potentialités adaptatives du pathogène et ses interactions avec l'environnement.....	81
5.4.7. Régime de reproduction : clonalité et recombinaison.....	82
5.5 Contrôle de la maladie.....	82
5.5.1 Contrôle de la rouille jaune en utilisant les plantes résistantes.....	83
5.5.2 Contrôle de la rouille jaune, utilisant les fongicides.....	86
5.6 Mutation du pathogène et contournement des gènes de résistance.....	87

## **PARTIE II. ETUDE EXPERIMENTALE**

### **Chapitre VI. Matériel et méthodes**

#### **VI.1 Comparaison entre les lignées parentales et leurs croisements : Niveau d'hétérosis et composantes du rendement**

Intérêt de l'étude.....	90
6.1.1 Matériel végétal.....	91
6.1.2 Méthode de croisement.....	91
6.1.3 Protocole expérimental.....	92
6.1.4 Sites expérimentaux.....	95
6.1.4.1 Présentation de la station de l'ITGC de Guelma.....	95
6.1.4.2 Présentation de la station de l'ITCMI d'El-Kous.....	96
6.1.5 Paramètres étudiés.....	96
6.1.5.1 Composantes du rendement.....	96
6.1.5.2 Paramètres Morphologiques des plantes.....	97
6.1.5.3 Paramètres Physiologiques.....	97
6.1.5.4 Paramètres Biochimiques.....	99
6.1.6 Etude de l'hétérosis.....	102
6.1.7 Méthodes d'analyse statistique.....	102

6.1.7.1 Méthodes Statistiques Univariées.....	103
6.1.7.2 Méthodes Statistiques Bivariées .....	104
6.1.7.3 Méthodes Statistiques Multivariées .....	105

## **VI.2. Analyse des races de rouille jaune existantes**

6.2.1 Méthode d'échantillonnage .....	107
6.2.2. Fiche d'identification des échantillons.....	105

## **VI.3. Etude des lignées parentales utilisées dans un programme d'amélioration génétique pour la résistance à la rouille jaune assistée par marqueurs moléculaires**

6.3.1 Matériel végétal.....	110
6.3.2 Conduite de l'expérimentation.....	110
6.3.2.1 Analyse de gluténines à haut poids moléculaire (HWM).....	110
6.3.2.2 Caractérisation moléculaire.....	115
6.3.2.3 Dépistage de la maladie au champ.....	117

## **Chapitre VII. Résultats et discussion**

### **VII.1. Comparaison entre les lignées parentales et leurs croisements : Niveau d'hétérosis et composantes du rendement**

7.1.1 Conditions climatiques de l'expérimentation.....	119
7.1.2 Paramètres étudiés.....	119
7.1.2.1 Composantes du rendement.....	119
7.1.2.2 Paramètres Morphologiques des plantes .....	123
7.1.2.3 Paramètres Physiologiques.....	125
7.1.2.4 Paramètres Biochimiques .....	131
7.1.3 Analyse statistique.....	135
7.1.3.1 Corrélation entre les composantes du rendement.....	135
7.1.3.2 Analyse des composantes principales ACP.....	138
7.1.4 Etude de l'hétérosis.....	141
7.1.4.1 Cas de dominance .....	141
7.1.4.2 Cas de superdominance.....	143
7.1.4.3 Conclusion.....	145

### **VII.2 Analyse de la race de rouille jaune existante**

7.2.1 Race de rouille collectée.....	147
7.2.2 Conclusion.....	148

**VII.3. Etude de lignées parentales de blé tendre utilisées dans un programme d'amélioration génétique pour la résistance à la rouille jaune assistée par marqueurs moléculaires**

7.3.1 Conditions climatiques.....	149
7.3.2 Dépistage de la maladie au champ.....	148
7.3.3 Analyse électrophorétique des sous-unités de gluténines à haut poids moléculaire SG-HWM.....	151
7.3.4 Caractérisation moléculaire.....	153
7.3.5 Discussion.....	154
<b>Conclusion générale.....</b>	<b>156</b>
<b>Références bibliographiques.....</b>	<b>159</b>
<b>Annexes</b>	

# INTRODUCTION



## INTRODUCTION

La domestication et l'introduction des céréales dans l'alimentation humaine sont étroitement liées à la sédentarisation de l'espèce humaine. La domestication est le résultat d'une succession de choix qui touchent les caractéristiques de la plante et les besoins immédiats de l'homme (Harlan, 1975). A ses débuts cette domestication se limitait au tri des plantes dans les parcelles des agriculteurs. La sélection consciente, des génotypes plus performants que les variétés mises en culture, a commencée dès le XIX<sup>ième</sup> siècle. Le concept de lignées pures ne datait, en fait que dès 1860 (Harlan, 1975), s'appuyant sur les progrès apportés par la recherche scientifique dans ce domaine, les techniques biologiques et les outils de mesure (Reynolds et *al.*, 2012). Cette évolution a été accompagnée par une amélioration soutenue des rendements.

En Algérie, selon les résultats du RGA (2001), les céréales occupent annuellement une superficie de 3,5 millions d'hectares, soit 60% de la SAU. Parmi les principales céréales cultivées, on cite, les blés et l'orge, qui occupent respectivement 63% et 33% de la superficie agricole utile (MADR, 2014). Les céréales constituent l'essentielle de la ration alimentaire quotidienne de la population. Selon Chehat (2007), la consommation des produits céréaliers se situe à un niveau d'environ 205 kg /hab/an. En effet, les céréales loin devant toutes les protéines animales, constituent la plus importante ressource en protéines et en hydrates de carbone.

Cependant, la productivité nationale demeure assez faible, le rendement est à peine aux environs de 15 q/ha (Benbelkacem, 2013). En 2016, la production de blé en Algérie a atteint 3 500 000 tonnes (FAO, 2016). Les faibles niveaux de rendement sont souvent expliqués par l'irrégularité de la pluviométrie et la sensibilité de la majorité des cultivars aux maladies fongiques. Afin de combler les écarts de production l'Algérie a recours aux importations. L'Algérie reste parmi les premiers pays importateurs de blé dans le monde, selon le CNIS (2016), les importations des blés en 2015 ont été de l'ordre de 13,67 million de tonnes.

Depuis longtemps la sélection du blé en Algérie, s'est faite en puisant des variétés introduites des centres internationaux de la recherche agronomique, en l'occurrence le CIMMYT et l'ICARDA, en se basant le plus souvent sur leur niveau de rendement, négligeant de peu les traits adaptatifs aux différents milieux de culture.

Par ailleurs, l'introduction de nouvelles variétés de blé plus productives, reste faible et le peu de matériel introduit s'est avéré rapidement instable. Ces alternatives n'ont pas jusqu'à présent donné les résultats attendus. Alors que, la progression rapide des rendements, dans les pays développés, est le résultat d'une recherche variétale active et efficace, d'un itinéraire technique performant et d'un taux d'adoption appréciable de nouvelles obtentions (Austin *et al.*, 1980). Ainsi, l'amélioration génétique des variétés cultivées pour une meilleure adaptation aux contraintes environnementales reste prometteuse.

Le rendement est un trait complexe, résultant des caractères impliqués directement et/ou indirectement dans sa formation, tels que le poids du grain, le nombre de grains par épi, le nombre d'épis par unité de surface et la biomasse. Les sélectionneurs se tournent alors vers d'autres caractères potentiels et moins fluctuant qui peuvent être utilisés en parallèle ou indépendamment du rendement dans une approche multi-caractères (Annicchiarico et Innacci, 2008 ; Banmahammed *et al.*, 2003). Parmi la multitude de caractères morpho-physiologiques possibles figurent la précocité d'épiaison, la biomasse aérienne, la hauteur du chaume, le nombre et le poids des épis et l'indice de récolte (Annicchiarico *et al.*, 2005; Reynolds *et al.*, 2005; Slafer *et al.*, 2005). La performance de rendement est déterminée par les composantes de rendement alors que la tolérance l'est par les caractéristiques morpho-physiologiques (Lopes *et al.*, 2012). Pour que la sélection, pour de tels caractères, soit efficace, il est nécessaire de connaître leur déterminisme génétique, leur degré de transmission d'une génération à l'autre ou héritabilité et la variabilité présente dans les populations en ségrégations.

Vu la difficulté d'expliquer le comportement des génotypes en situation de stress due aux maladies cryptogamiques, nous avons donc envisagé une étude plus complète des mécanismes d'adaptation, incluant en plus des paramètres phénologiques et morphologiques parmi ceux décrits par Austin (1987), Clarke (1987) et Monneveux (1991), des paramètres physico-chimiques qui ont été étudiés et utilisés comme critères de criblage dans le processus classique d'amélioration des plantes. Les paramètres morpho-physiologiques et biochimiques d'adaptation permettent de mettre en évidence les phénomènes de tolérance liés à l'activité de photosynthèse, et à l'accumulation des osmorégulateurs.

En plus des différents stress environnementaux que les plantes doivent affronter, les maladies cryptogamiques, sont considérées comme l'une des contraintes qui causent certainement des dégâts considérables dans les productions agricoles. Parmi les maladies fongiques les plus néfastes chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) en Algérie, on note la rouille jaune (*Puccinia striiformis* f.sp. tritici).

En Algérie, la rouille jaune avait affecté durant la campagne agricole 2003/2004 la région Est jusqu'au centre, provoquant des dégâts considérables sur le blé tendre et surtout sur la variété Hidhab, où il y a eu même une incidence de 70 à 100% sur le rendement des cultures touchées (Benbelkacem,2005; Ouffroukh et *al.*, 2011). Malgré que sa fréquence est plus faible que d'autres maladies foliaires, ses conséquences sont extrêmement dommageables (<http://www.agro.basf.fr/>).

Parmi les mesures à suivre pour limiter les dégâts causés par les maladies fongiques, l'adaptation d'un itinéraire technique adéquat peut être efficace pour limiter les pertes dues aux maladies et particulièrement l'utilisation des pesticides. Bien que plusieurs fongicides efficaces soient disponibles pour la lutte contre la rouille jaune, leur utilisation systématique a engendré des phénomènes de résistance chez certains agents pathogènes, ainsi que des problèmes importants de pollution (Robinson et Sutherland, 2002; Geiger *et al.*, 2009; Isenring, 2010) et augmente le coût de production.

Dès lors, le développement de nouvelles variétés présentant des résistances durables à la rouille jaune est devenu un enjeu majeur pour les sélectionneurs de blé, pour faire face à cette épidémie. Le développement et l'utilisation de gènes de résistance dans la production du blé est l'approche la plus efficace, la plus économique et la plus respectueuse de l'environnement pour la lutte contre la rouille jaune du blé (Chen, 2005). Parmi toutes les mesures de contrôle de cette maladie, la résistance génétique est la seule mesure de contrôle économique et pratique, qui n'entraîne aucun coût supplémentaire à l'agriculteur (Singh *et al.*, 2004).

Toutefois, des cas de contournement sont apparus à grande échelle dès le début de son utilisation, avec la perte d'efficacité concomitante (Samborski, 1985 ; Parlevliet, 2002). Ces contournements résultent d'une adaptation du pathogène, facilitée par l'homogénéité du paysage variétal. En raison de la coévolution de l'hôte et du pathogène, la plupart des cultivars de blé avec des gènes spécifiques à la race sont devenus inefficaces dans une période de temps où ils ont été largement utilisés en raison de l'émergence de nouvelles races de rouille

virulentes (Wang et *al.*, 1996 ; Wu et *al.*, 2000 ; Ali et *al.*, 2010 ; Fu et *al.*, 2009). Le pathogène fongique évolue rapidement en nouvelles races par mutation et hybridation somatique (Stubbs, 1985). La gestion de ce type de résistance peut être décrite comme une « course aux armements », entre d'une part les sélectionneurs qui introduisent de nouveaux gènes majeurs de résistance dans les variétés, et d'autre part les populations pathogènes, dont les isolats virulents sont fortement sélectionnés, générant des cycles de « boom-and-bust » (Wolfe, 1973 ; Brown & Tellier, 2011).

La pérennité d'une variété est d'autant mieux assurée si elle donne, d'abord, des rendements régulièrement élevés, qu'elle possède une qualité boulangère satisfaisante, voire excellente et un niveau acceptable de résistance aux maladies. Cependant, dans le blé algérien l'information sur l'existence de source de résistance à la rouille jaune n'est pas disponible. Ainsi, il est donc utile d'introduire dans nos variétés locales des sources de résistance à la rouille jaune.

L'objectif principal de notre étude est de mettre en évidence l'efficacité de la résistance à la rouille jaune, la productivité et la qualité technologique des lignées parentales de blé tendre et des populations ségregantes obtenues, dans un programme d'amélioration assistée par marqueurs moléculaires. Pour atteindre cet objectif principal, il était nécessaire de développer quatre volets complémentaires, qui sont :

- i. Sélection sur la base du rendement et de ses composantes.
- ii. Sélection en utilisant de marqueurs biochimiques et physiologiques.
- iii. Sélection sur la base de la composition du grain en protéines de réserve.
- iv. Sélection sur la base des indices de tolérance aux stress dus au pathogène.

# **PARTIE I**

---

# **SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE**



## Chapitre I. Importance, origine et caractéristiques botaniques du blé

L'histoire du blé accompagne celle de l'homme et de l'agriculture; sa culture précède l'histoire et caractérise l'agriculture Néolithique, née en Europe il y a 8000 ans. Domestiqué au Proche-Orient à partir d'une graminée sauvage il y a environ 10000 ans. La plus ancienne culture semble être le blé dur dans le croissant fertile de la Mésopotamie (Feillet, 2000). Le blé compte actuellement quelque 30000 formes cultivées. Aujourd'hui, Le blé est la céréale la plus cultivée et la plus consommée dans le monde. La production mondiale est en progression constante, et les échanges qui se multiplient entre les régions du monde font de cette céréale l'un des principaux acteurs de l'économie mondiale.

**Tableau 1.** Dates des principales preuves archéologiques liées à la culture des blés et trouvées au Levant (d'après Feldman, 2001).

<b>Dates par rapport à aujourd'hui</b>	<b>Période archéologique</b>	<b>Principaux événements concernant les blés</b>
<b>13000 - 10300</b>	Fin de l'Épipaléolithique (civilisation natufienne)	- Collecte de formes sauvages d'engrain et d'amidonier. - Apparition des premières techniques agricoles.
<b>10300 - 9500</b>	Néolithique pré-potier A (PPNA)	- Cultures de formes à rachis fragile d'engrain et d'amidonier.
<b>9500 - 7500</b>	Néolithique pré-potier B (PPNB)	- Apparition d'engrain et d'amidonier à rachis solide, de blé tétraploïde nu et de blé hexaploïde nu.
<b>- 7500 - 6200</b>	Néolithique potier	- Expansion de la culture du blé en Asie centrale, Europe du Sud et Égypte

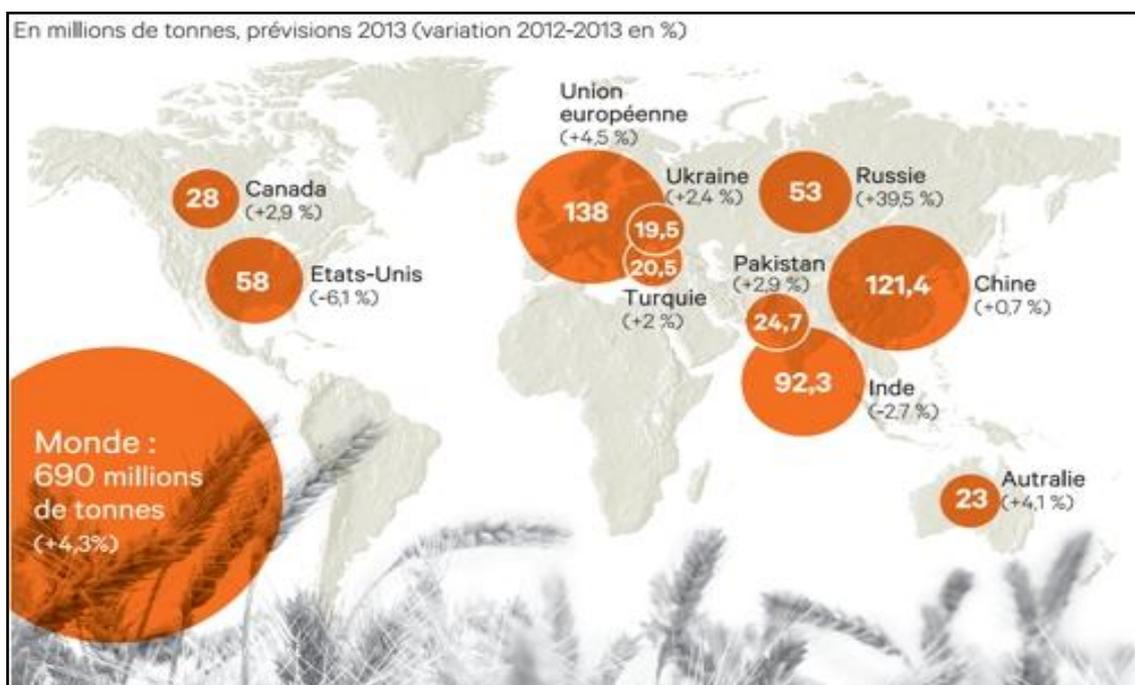
### 1. 1. IMPORTANCE ECONOMIQUE ET DISTRIBUTION

#### 1.1.1. La culture du blé dans le monde

Les céréales occupent à l'échelle mondiale une place primordiale dans le système agricole. Elles sont considérées comme une principale source de la nutrition humaine et animale (Slama *et al.*, 2005). En 2014, la production mondiale du blé a atteint 729,012 millions de tonnes, dont la Chine est placée comme principal pays producteur avec 126,215 millions de

tonnes (FAOSTAT, 2014). La production annuelle du blé représente 30% de la production totale des céréales, devant le maïs et le riz. Le blé est la céréale qui occupe le premier rang en termes de zone de production géographique et climatique. Cette ample adaptation à diverses conditions environnementales est due grâce à la grande variabilité génétique existante. Actuellement on cultive plus de 2 500 variétés distinctes (Shewry et al., 2003). Comme source de nourriture pour les populations humaines, il assure 15% de ses besoins énergétiques (Bajji, 1999). Les deux espèces de blé les plus cultivées au monde sont le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) qui représente plus de 90% de la production mondiale et le blé dur (*Triticum durum* Desf.) qui constitue 5% de celle-ci et qui est traditionnellement cultivé dans le bassin méditerranéen (Gooding, 2009).

Durant le développement de la civilisation indo-européenne, le blé est devenu la principale céréale des peuples occidentaux sous climat tempéré (Henry et De Buyser, 2001). Mais cette production est très localisée dans le bassin méditerranéen d'une part (Europe du Sud, Moyen orient, Afrique du Nord), et en Amérique du Nord d'autre part (Canada central et Nord des USA), où est produit le quart du blé dur mondial (blé dur de printemps dans cette région continentale froide). En fin, on trouve un peu de blé dur en Europe centrale (ex U.R.S.S), ainsi qu'en Argentine (Ferret, 1996).



**Figure1.** Principaux producteurs de blé dans le monde (source: FAO/ Photo Shutterstock).

La production globale des céréales au début des années 1990 montre bien la nature des changements intervenus. La Chine vient au premier rang avec 14,6 % de la production mondiale, devant l'Inde (11,7 %), les États-Unis (9,4 %), la Russie (7 %), la France (5 %) et le Canada (4 %). Depuis trente ans, les conditions de la production ont été profondément modifiées, tandis que la consommation augmentait. La Chine et l'Inde ont multiplié par trois les surfaces consacrées au blé. Mais le plus significatif reste l'élévation des rendements mondiaux moyens : de 12 q en 1960 à plus du double en 1990 (25,8 q /ha). Si les pays de l'Amérique du Sud demeurent stables avec 20 q /ha, et l'Afrique et le Proche-Orient avec 10 q, l'Égypte et l'Arabie Saoudite ont atteint, en culture irriguée, 35 à 40 q.

Il existe différents types de blé, aussi bien du point de vue génétique que morphologique. Néanmoins, le blé tendre reste la principale céréale de l'alimentation humaine à l'échelle mondiale. Le blé tendre est largement cultivé dans le monde entier grâce à son adaptation à un large éventail de climats (Xiaojie et *al.*, 2012). Il représente environ 21% de la production alimentaire mondiale. Les produits à base de céréales représentaient, en 2000, 25% des dépenses alimentaires des ménages (Jean-Louis Rastoin et *al.*, 2014).

### **1.1.2. Situation céréalière en Algérie**

En Algérie, la culture des céréales, apparait comme la spéculation la plus dominante, elle est pratiquée par la majorité des exploitations agricoles, soit 60% de l'effectif global (RGA, 2001). La superficie emblavée annuellement en céréales se situe entre 3 et 3,5 millions d'hectare. Ce qui représente 63% des superficies totales récoltées (Djermoun, 2009). Les blés et l'orge occupent respectivement 63% et 33% des terres arables (Ministère de l'Agriculture, 2014). Présentes dans tous les étages bioclimatiques, y compris dans les zones sahariennes.

Néanmoins, la majeure partie de ces emblavures se fait dans les régions de Sidi Bel Abbés, Tiaret, Sétif et El Eulma. Ces grandes régions céréalières sont situées dans leur majorité sur les hauts plateaux. Ceux-ci sont caractérisés par des hivers froids, un régime pluviométrique irrégulier, des gelées printanières et des vents chauds et desséchants (Belaid, 1996 ; Djekoun *et al.*, 2002), engendrant une production irrégulière et des rendements très bas.

La productivité nationale est faible puisqu'elle avoisine les 15 q/ha et ceci se répercute sur l'écart qui s'est creusé entre l'offre et la demande (Selmi, 2000). Leur faible niveau est souvent expliqué par l'influence des mauvaises conditions pédoclimatiques.

Cependant, à ces conditions, nous pouvons associer entre autres, une faible maîtrise des techniques culturales (Chabi *et al.*, 1992). Les tendances socio-économiques qui marquent l'agriculture ne sont pas négligeables. Ainsi, l'exode rural, la priorité donnée à l'industrie durant les années 70 ont marqué durablement la céréaliculture algérienne (Selmi, 2000).

Toutefois, les progrès technico-économiques, s'ils ne parviennent pas à stabiliser la production du secteur, ont permis de l'augmenter significativement : la moyenne décennale a ainsi presque doublé entre 1981-1990 (18,2 millions de quintaux) et 2001-2010 (34,9 millions de quintaux), avec une progression régulière qui a permis d'accompagner la progression démographique (FAOSTAT, 2012). Le total de la production nationale en céréales est de 3,6 millions de tonnes, soit 2 millions de tonnes de blé dur, 1 million de tonnes d'orge et 636 185 tonnes de blé tendre (ONFAA, 2015).

La consommation des produits céréaliers se situe à un niveau d'environ 205 kg/hab/an (Chehat, 2007). Elles fournissent plus de 60% de l'apport calorifique et 75 à 80 % de l'apport protéique de la ration alimentaire. On observe cependant une progression rapide du blé tendre (pain, biscuiterie, pâtisserie) avec l'occidentalisation du modèle de consommation. L'orge et le maïs sont destinés principalement à l'alimentation animale. Selon l'ONS (2002), on enregistre une prépondérance de la semoule (38% des achats de produits céréaliers en 2000) et du pain (30%), les produits industriels (couscous, pâtes, biscuits et pâtisserie, 21%) sont en hausse et la farine en déclin (11%).

En relation avec le marché mondial, les produits céréaliers représentent plus de 40% de la valeur des importations des produits alimentaires (Djermoun, 2009). Les produits céréaliers occupent le premier rang (39,22 %), devant les produits laitiers (20,6%), le sucre et sucreries (10%) et les huiles et corps gras (10%).

Actuellement, l'Algérie est un grand importateur de blé et se trouve dépendante du marché international. Cette situation risque de se prolonger à plusieurs années, faute de rendements et des besoins de consommation sans cesse croissants, devant une forte évolution démographique (Chellali, 2007). En 2011, l'Algérie a importé plus de 2,1 millions de tonnes de blé tendre de la France en 2011, suite à la baisse de la production nationale.

### 1.1.3. Catégories des blés

Il existe un très grand nombre de variétés de blé, ce sont les cultivateurs et les producteurs qui essaient d'adapter au mieux ces variétés en fonction des conditions pédoclimatiques de la région, afin d'obtenir le meilleur rendement possible. Toutes les différentes variétés de blé sont classées en deux grandes catégories.

- **Les blés tendres:** les grains sont arrondis, les enveloppes sont épaisses, sans transparence. Ils se prêtent particulièrement bien à la mouture. En effet, lors du passage entre les cylindres, les enveloppes s'aplatissent et s'ouvrent sans se broyer, libérant l'amande et donnant une très forte proportion de son. Les blés tendres permettent d'obtenir une farine de bonne qualité, contenant environ 8 à 10 % de gluten, ayant de bonnes aptitudes pour la panification.

- **Les blés durs:** cette catégorie de blé est cultivée dans les pays de climat chaud et sec. Les grains de blés durs sont allongés, souvent même pointus, les enveloppes sont assez minces et légèrement translucides. Ils donnent moins de son que les blés tendres, et la farine obtenue bien que contenant plus de gluten (12 à 14 %), se prêtent moins bien à la panification.

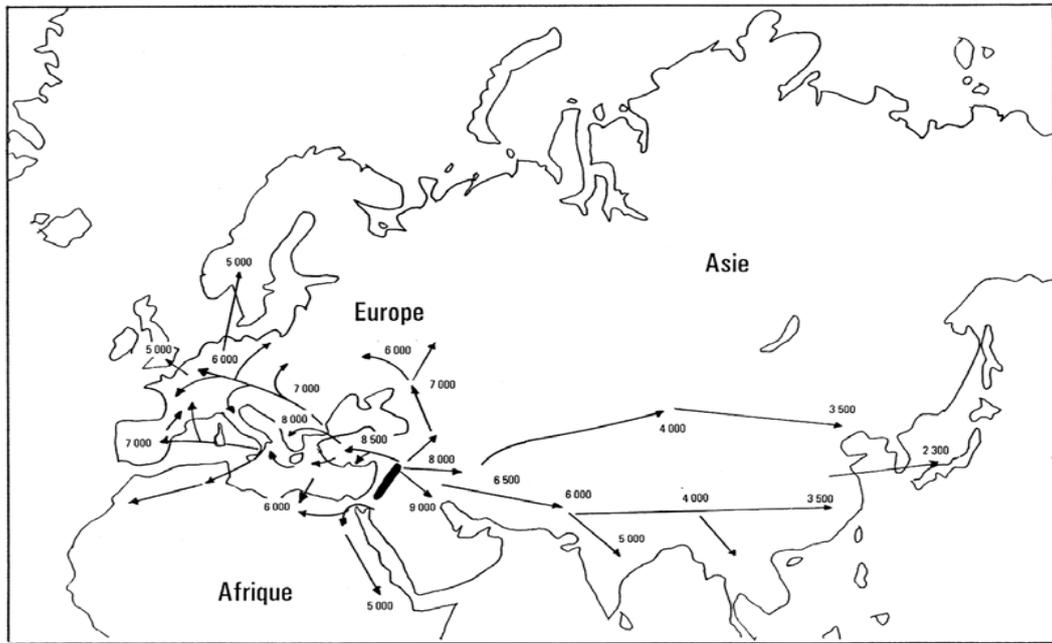
## 1.2. ORIGINE ET CLASSIFICATION DU BLE TENDRE

### 1.2.1. Origine géographique

Rechercher l'origine du blé tendre, revient à évoquer l'ensemble des blés historiquement cultivés, diploïdes, tétraploïdes et hexaploïdes, et à identifier leurs ascendants sauvages ainsi que leurs sites de domestication. Toutefois, cette question n'est pas facile car, d'une part, il existe de considérables modifications morpho-physiologiques entre les blés cultivés actuels et leurs ancêtres, et, d'autre part, seul un petit nombre d'entre eux est actuellement cultivé dans les mêmes territoires que ceux où ils ont été domestiqués.

Le blé tendre est apparu entre 5000 et 6000 ans avant Jésus-Christ dans le croissant fertile puis s'est dispersé en Europe à partir de la Grèce (Doussinault *et al.*, 1992). C'est à partir de cette zone que les blés ont été diffusés vers l'Afrique, l'Asie et l'Europe. La route la plus ancienne de diffusion des céréales vers les pays du Maghreb fut à partir de la péninsule italienne et de la Sicile (Bonjean, 2001 *in* Boulal *et al.*, 2007).

Diverses découvertes archéologiques ont permis d'établir une carte assez détaillée incluant diverses étapes de l'expansion de la culture des blés à partir du croissant fertile au cours du huitième et septième millénaires avant l'an 2000 (figure 2).



**Figure 2.** Carte de la diffusion de la culture du blé (Alain Bonjean, 2001)

### 1.2.2. Origine génétique :

Le blé hexaploïde, *T. aestivum* à génome (BBAADD), est très vraisemblablement apparu uniquement après la domestication des blés diploïdes et tétraploïdes. On ne connaît pas d'ancêtre sauvage au blé hexaploïde cultivé : il existe bien une forme dite « semi-sauvage » de blé hexaploïde vêtu et à rachis fragile au Tibet, connue comme la ssp. *tibetanum*, qui est une forme adventice présente localement dans certains champs d'orge et de blé, mais, comme on ne connaît pas en Chine de formes de blés tétraploïdes sauvages cultivées ou ayant été cultivées, on considère que ce type de blé est issu d'un blé hexaploïde conventionnel par une mutation en retour à épi fragile.

La filiation génétique des blés est complexe et incomplètement élucidée. Le croisement naturel *Triticum monococcum* (génome A) X *Aegilops (bicornis, speltoides, longissima ou searsii)* (génome B) a permis l'apparition d'un blé dur sauvage de type AABB (*Triticum turgidum ssp. dicoccoïdes*), qui a ensuite progressivement évolué vers *Triticum turgidum ssp. Dicocccum*, puis vers *Triticum durum* (blé dur cultivé).

Le génome du blé tendre (*Triticum aestivum* L.) est constitué de trois génomes A, B et D et résulte de l'hybridation successive de génomes diploïdes et tétraploïdes avec des génomes diploïdes. La première hybridation s'est faite entre *Triticum urartu* Thum. Ex. Gandil. ( $A^uA^u$ ,  $2n=14$ ) et *Aegilops speltoides* de la section Sitopsis (BB,  $2n=14$ ) (Dvorak *et al.*, 1998). Cette hybridation est à l'origine de l'apparition du blé tétraploïde, *Triticum turgidum* L. ( $2n= 28$ , AABB), dont la diversification a donné naissance à plusieurs groupes variétaux distincts dont *Triticum turgidum* var. durum et *Triticum turgidum diccocoïdes*.

Très probablement, le blé hexaploïde, a pour origine géographique le Nord-Ouest de l'Iran et/ou le Nord-Est de la Turquie et résulte de l'hybridation entre blé tétraploïde cultivé - vraisemblablement ssp. *parvicoccum* ou ssp. *diccon* à génome (AABB) et la graminée sauvage, *Aegilops tauschii* à génome (DD), suivie de doublement chromosomique spontané (McFadden et Sears, 1946). Le croisement naturel entre *Triticum turgidum diccocoïdes* (AABB) et l'espèce sauvage *Aegilops tauschii* (DD) donna naissance au blé tendre (figure 3).

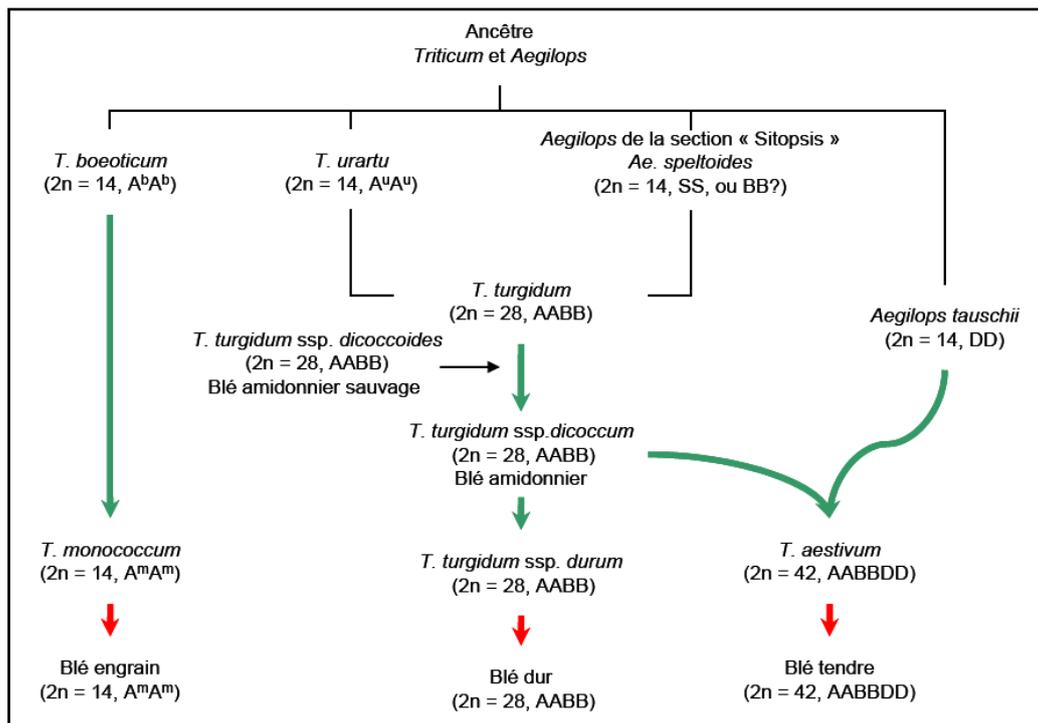
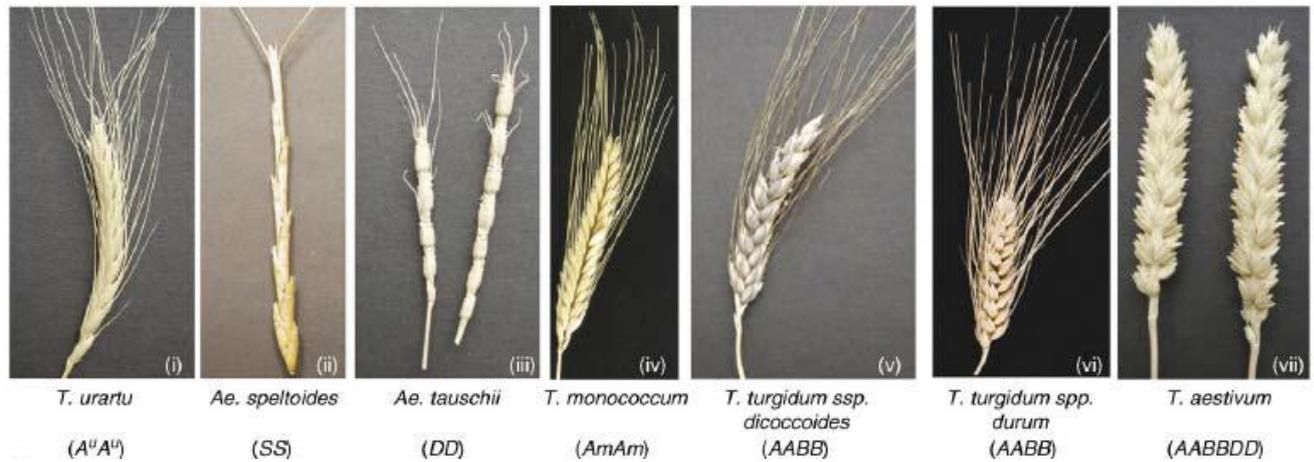


Figure 3. Phylogénie des blés (Liao *et al.*, 2008).

La figure 4 illustre respectivement les épis des *Triticum* décrites et le schéma évolutif des blés.



**Figure 4.** Epis de différents *Triticum*

Il existe une grande variabilité des formes de *T. aestivum*, qui regroupe plusieurs sous-espèces à grain nu ou vêtu, du fait que l'espèce aurait une origine polyphylétique, résultant d'un nombre incertain de croisements indépendants entre divers génotypes de blés tétraploïdes et plusieurs formes d'*A. tauschii*.

**Tableau 2.** Caractérisation génétique des différentes sous-espèces de blé hexaploïde, *T. aestivum* (d'après Feldman, 2001).

Sous-espèces	Génotypes *	Phénotypes
<i>spelta</i>	TgTgqqccSS	épi à épillets solides (vêtus) ; épi et grains normaux
<i>vavilovii</i>	TgTgQQccSS	épi à épillets solides (vêtus) ; épi et grains normaux
<i>macha</i>	TgtgqqccSS	épi à épillets solides (vêtus) ; épi et grains normaux
<i>aestivum</i>	TgtgQQccSS	épi facilement battable ; épi et grains normaux
<i>compactum</i>	TgtgQQCCSS	épi facilement battable ; épi compact et grains normaux
<i>sphaerococcum</i>	TgtgQQccss	épi facilement battable ; épi normal et grains sphériques

\*Gènes concernés : Tg (glumes adhérentes au grain – 2DL) ; Q (épi facilement battable à la récolte – 5 AL) ; C (épi compact – 2DL) ; S (grain sphérique – 3DS).

Le génome de *Triticum aestivum* a une taille de 16 milliards de paires de bases d'ADN. Les 42 chromosomes sont organisés en trois séries de 7 chromosomes appartenant aux génomes A, B et D. Sears et Sears (1978) identifient et décrivent les différents chromosomes du blé tendre par monosomie, produisant un stock d'aneuploïdes de la variété chinese spring, très utilisée pour la cartographie génique.

Les chromosomes des génomes A, B et D présentent une similitude génétique (synthénie) malgré leurs origines différentes. Les paires d'un même groupe sont homéologues, mais ne s'apparient pas entre eux à la méiose, seuls les chromosomes homologues s'apparient (AA vs BB vs DD). Ce phénomène est contrôlé génétiquement essentiellement par le gène *Phi*, situé sur le bras long du chromosome 5B (Gill *et al.*, 1993). De ce fait le blé tendre se comporte, au moment de la méiose, comme un diploïde.

### 1.2.3. Classification botanique

Les principales espèces de céréales cultivées appartiennent à la famille des poaceae : blé tendre, blé dur, maïs, riz, avoine, seigle, millet, sorgho (Molinié *et al.*, 2005). Le blé tendre est une monocotylédone de la famille des Poaceae, de la tribu des Triticées.

<b>Règne</b>	Plantae
<b>Sous-règne</b>	Tracheobionta
<b>Division</b>	Magnoliophyta
<b>Classe</b>	Liliopsida
<b>Sous-classe</b>	Commelinidae
<b>Ordre</b>	Cyperales
<b>Famille</b>	Poaceae
<b>Sous-famille</b>	Pooideae
<b>Tribu</b>	Triticeae
<b>Genre</b>	<i>Triticum</i>
<b>Nom binominale</b>	<i>Triticum aestivum</i> L. 1753

**Tableau 3.** Nomenclature des blés cultivés actuels et de leurs espèces apparentées les plus directes (d'après Van Slageren, 1994).

Espèces et sous-espèces	Noms communs
<i>Triticum monococcum</i> L. ssp. <i>aegilopoides</i> (Link) Thell. ssp. <i>monococcum</i>	Engrain sauvage Engrain cultivé ou Petit Épeautre
<i>Triticum urartu</i> Tum ex. Gand.	Pas de nom commun (forme sauvage)

<i>Triticum timopheevii</i> (Zhuk.) Zhuk.	
ssp. <i>armeniicum</i> (Jakubz.) van Slageren	T. <i>timopheevii</i> sauvage
ssp. <i>timopheevii</i>	T. <i>timopheevii</i> cultivé
<i>Triticum turgidum</i> L. (Thell.)	
ssp. <i>dicocoides</i> (Körn ex. asch. & Graebn.) Thell.	Amidonnier sauvage
ssp. <i>dicoccon</i> (Shrank) Thell.	Amidonnier cultivé
ssp. <i>paleocolchicum</i> (Men.) A. Löve & D. Löve	Blé de Géorgie
ssp. <i>parvicoccum</i> * Kislev	Pas de nom commun
ssp. <i>durum</i> (Desf.) Husn.	Blé dur
ssp. <i>turgidum</i>	Blé poulard
ssp. <i>polonicum</i> (L.) Thell.	Blé de Pologne
ssp. <i>turanicum</i> (Jakubz.) A. Löve & D. Löve	Blé Korassan
ssp. <i>carthlicum</i> (Nevski.) A. Löve & D. Löve	Blé de Perse
<i>Triticum zhukovskyi</i> Men & Er.	Pas de nom commun
<i>Triticum aestivum</i> L.	
ssp. <i>spelta</i> (L.) Thell.	Grand Épeautre
ssp. <i>macha</i> (Dek. & Men.) MK	Pas de nom commun
ssp. <i>aestivum</i>	Blé tendre ou Froment
ssp. <i>compactum</i> (Host) MK	Blé compact ou Blé hérisson
ssp. <i>sphaerococcum</i> (Percival) MK	Blé sphérique ou blé indien

\* Cette espèce, décrite par Kislev en 1980, serait aujourd'hui éteinte.

#### 1.2.4. Principales variétés de blé tendre cultivées en Algérie

Les principales variétés de céréales cultivées en Algérie sont issues de la sélection généalogique effectuée à partir d'individus prélevés dans les populations locales, d'introduction ou créés par hybridation. Cependant, malgré la grande richesse des ressources génétiques, les variétés connues actuellement présentent un spectre assez réduit au regard de la diversité des conditions agro climatiques de l'Algérie pour plusieurs raisons, dont quelques unes sont liées à une méthodologie d'amélioration empirique, d'autres à l'introduction précipitée de matériel végétal présentant des caractéristiques d'adaptation spécifique (Ait kaki, 2007).

Selon le bulletin des variétés des céréales autogames du Centre National de Contrôle et de Certification des semences et plants (CNCC, 2015), il existe en Algérie une large gamme de variétés de blé tendre, parmi les plus utilisées on note :

- **Ain Abid**, blé originaire d'Espagne, à port demi-dressée, à précocité moyenne. Présente un épi pyramidal et lâche, à grains ovoïdes et roux. Variété à haut rendement, résistante à l'oïdium, à la fusariose et à la séptoriose.
  
- **Mahon Démias**, blé introduit par les colons français en Algérie. Il est rustique et tardif. Doté d'une paille haute, à pilosité. Cette variété est à semer en zones sèches et sur les sols légers.
  
- **Akhamokh**, originaire du Mexique (CIMMYT), sélection du croisement Irena/Badax//Pastor CMSS96 M05638T-040Y-010S-010M-00S-4M-0Y. Plante à port demi-dressé à demi-étalé, à tige moyenne. Epi de forme fusiforme, demi-lâche à demi-compact, grain blanc, allongé. Variété à rendement élevé, résistant à la rouille jaune et à la fusariose.
  
- **Arz**, variété introduite du Mexique (CIMMYT). Pédigrée : Mayo 54 ILR64/ 'TAC S'. Plante à port dressé et longue tige. Epi de forme pyramidale, coloré et lâche à grain roux et de forme ovoïde, à rendement élevé, résistant à l'oïdium sur épi, à la rouille jaune, fusariose et septoriose.
  
- **Boumerzoug**, originaire du Mexique (CIMMYT), sélection du croisement : CMSS93B00255S-48Y-010M-010Y-010M-7Y-0M-4KBY-0KBY-0M. Port au tallage demi-dressé à paille courte. Epi pyramidale, demi-lâche à demi-compact, à grain ovoïdes et roux. Variété à rendement élevé et présente une résistance à l'oïdium sur épi, à la rouille brune et jaune et à la fusariose.
  
- **Massine**, obtenue de la sélection : Pastor CM85295-001TOPY-2M-0Y-0M-3Y-0M-0SY, originaire du Mexique. Port au tallage demi-dressé, tige moyenne. Epi lâche à bords parallèles. Grain blancs de forme allongée. Variété à rendement élevé et présente une résistance à l'oïdium sur épi, à la rouille jaune, la fusariose et à la septoriose.
  
- **Tidis**, obtenue de la sélection du croisement ERENACM91575-OM-0Y-2M-0Y, obtenteur le CIMMYT. Plante à port dressé, tige courte. Epi à bords parallèles et lâche. Les grains sont ovoïdes et blancs. Variété hautement productive et résistante à la rouille brune et jaune et à la fusariose.

- **Hodna**, originaire de la Syrie, obtenteur Acsad. Plante à port dressé, tige à hauteur moyenne, épi de forme pyramidale à grains ovoïdes et roux. Présente un rendement élevé et résistante à l'oïdium sur feuille et sur épi, à la rouille brune et jaune, à la fusariose et à la septoriose.
  
- **Florence Aurore**, originaire de Tunisie, sélection du croisement FLORENCE x AURORE 588, obtenteur INRA Tunis. Port au tallage dressé, tige longue, épi blanc, fusiforme, très lâche. Grain ovoïde et blanc. Variété à haut rendement et résistante à l'oïdium sur feuille, à l'oïdium sur épi, à la rouille brune et jaune, à la fusariose et à la septoriose.
  
- **Anza**, d'origine américaine (Californie), introduite depuis 1978, sélection du croisement Lr/N10B//3\*Ane II8739-4R-1M-1R, connue en Algérie sous le nom de Ghriss 75. Variété précoce et très productive, grâce à son tallage-épi élevé.
  
- **Hidhab1220**, est une variété précoce à paille moyenne et à épi long. Elle est résistante à la verse et à la rouille brune. Hidhab présente de bonnes caractéristiques technologiques pour la panification (Fellahi et *al.*, 2013).
  
- **Anapo**, originaire d'Italie, pedigree: EG-52x BEL 118. Plante à port au tallage demi-dressé, tige moyenne. À maturité l'épi est blanc à bords parallèles, demi-lâche à demi-compacte. Les grains sont ovoïdes et blancs. Variété à rendement élevé et résistante à l'oïdium sur feuille, à l'oïdium sur épi, à la rouille brune à la rouille jaune, à la fusariose et à la septoriose.
  
- **Rmada**, originaire d'Algérie (ITGC Sétif), pedigree: Acsad 885. Variété à haut rendement, port au tallage dressé et tige moyenne. Epi lâche de forme pyramidale. Résistante à l'oïdium sur feuille, et sur épi, à la rouille brune à la rouille jaune, à la fusariose et à la septoriose.

**Tableau 4.** Variétés de blé tendre homologuées en Algérie (CNCC, 2015)

Nom	Origine	Année d'inscription	Nom	Origine	Année d'inscription
Ain Abid	Espagne	1998	Hodna	Syrie	1998
Akhamokh	Mexique	2014	MahonDemias	Espagne	1998
Almirante	France	2002	Massine	Mexique	2014
Anapo	France	2009	Mezghana	France	2010
Andana	Italie	2012	Mimouni	Mexique	1998
Anforeta	Italie	2011	Nesser	Syrie	1998
Anza	USA	1998	Orion	France	2002
ARZ	Mexique	1998	Pinzon	Espagne	2009
Bonpain	France	2007	Rmada	Algérie	2011
Boumerzoug	Mexique	2014	Salama	France	2007
Buffalo	france	2002	Sensas	France	2009
Djanet	Algérie	2012	Sidi Okba	Syrie	2001
Djemila	Algérie	2012	Tamezghida	France	2011
El Wifak	Algérie	2011	Tessalah	Mexique	1998
Florence Aurore	Tunisie	1998	Tidis	Mexique	2014
Guadalupe	France	2007	Ziad	France	1998
Hidhab	Mexique	1998	Zidane	Syrie	1998

### 1.3. CARACTERES BOTANIQUES DES BLES

Les blés sont des plantes herbacées annuelles, monocotylédones, dont l'appareil végétatif se caractérise par :

#### 1.3.1. Appareil racinaire

L'appareil racinaire des céréales est du type fasciculé peu développé, 55% du poids total des racines se trouvent entre 0 et 25 cm de profondeur, 17,5% entre 25 et 50 cm, 14,9% entre 50 cm et 75%, 12% au-delà. En terre très profond (sols de limon), les racines descendent jusqu'à 1,50 mètre.

### **1.3.2. Tige et feuille**

La tige ne commence vraiment à prendre son caractère de tige qu'au début de la phase végétative, la tige en quelque sorte télescopée à partir d'un massif cellulaire qui forme le plateau de tallage. La tige elle-même ou chaume s'allonge considérablement à la montaison, et porte 7 ou 8 feuilles rubanées, engainantes sur toute la longueur d'un entre nœud. Les feuilles ont des nervures parallèles et sont terminées en pointe.

### **1.3.3. Épi**

Lorsque le développement de la tige est terminé, l'épi apparaît enveloppé dans la dernière feuille, et après quelques jours on peut étudier sa structure en détail, c'est l'épiaison. L'épi comporte une tige pleine (ou rachis) coudée et étranglée à intervalles réguliers et portant alternativement à droite et à gauche un épillet.

### **1.3.4. Épillets**

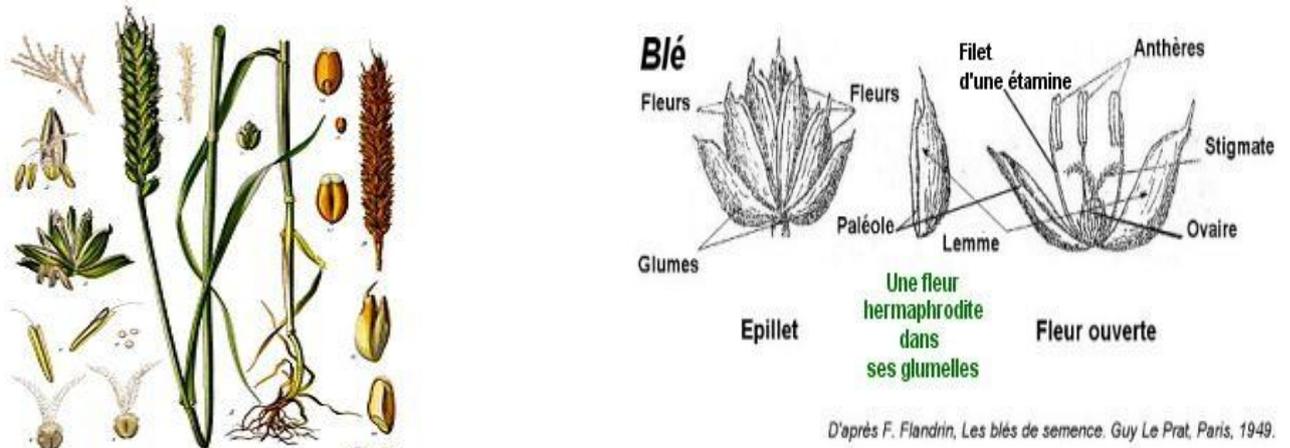
Ne comportent pas de pédoncule ils sont attachés directement sur le rachis. Les épillets sont nombreux (jusqu'à vingt-cinq). Ils représentent de petits groupes de fleurs, inséré sur l'axe de l'épi. Ils sont protégés à leur base par deux glumes (bractées), les fleurs sont protégées par des glumelles et des glumellules.

### **1.3.5 Fleurs**

Un épillet regroupe trois fleurs à l'intérieur de deux glumes. Chaque fleur est dépourvue de pétales, et est entourée de deux glumelles (pièces écailleuses non colorées). Elle contient trois étamines (pièces mâles), un ovaire surmonté de deux styles plumeux (les pièces femelles). La fleur du blé est dite cléistogame, c'est-à-dire que le pollen est relâché le plus souvent avant que les étamines ne sortent de la fleur. Le blé est une plante presque strictement autogame. En espaçant les variétés de seulement 2,5 m, on constate une pollinisation croisée limitée à 0,03 % (Silvan et *al.*, 2011) . En effet, à cause du caractère cléistogame de la fleur, l'autofécondation est le mode de reproduction le plus fréquent chez les blés.

### **1.3.6 Graines**

Après la fécondation, la fleur donne naissance à un fruit unique, le caryopse ou grain, qui comporte un embryon ou germe plaqué sur les réserves (M. clément, 1971). Dans le cas du blé, le grain est à la fois le fruit et la graine. En effet, Les enveloppes du fruit sont soudées à celles de la graine. Les grains du blé se détachent rapidement de leurs enveloppes au battage.



**Figure 5.** Caractéristiques botaniques d'une plante de blé et les pièces florales (d'après F.Flandrin, 1949)

#### 1.4. STRUCTURE HISTOLOGIQUE DU GRAIN DE BLE

Sur le plan morphologique, la forme du grain varie de sphérique à allongée et est caractérisé par la présence d'un sillon longitudinal qui s'étend sur toute la longueur de la face ventrale dont la profondeur atteint près de la moitié de l'épaisseur du grain (Paul, 1984). Sur la face dorsale, le germe s'étend du pôle basal jusqu'au tiers de la longueur du grain, et à l'opposé, sur le pôle apical le grain est coiffé d'une brosse à peine visible à l'œil nu.

La taille du grain est de : 5 à 7 mm de long, de 2,5 à 4 mm de large et de 2,5 à 3,5 mm d'épaisseur et son poids entre : 20 et 50 mg (Surget & Barron, 2005). Ce sont des caractéristiques variétales qui peuvent varier en fonction des conditions de culture et de la position du grain sur l'épi. En général, les gros grains sont localisés au centre de l'épi (Calderini *et al.*, 2000, Evers & Millar, 2002). Chez les espèces avec de multiples tailles, la taille moyenne des grains diminue progressivement de la tige principale vers les autres (Evers & Millar, 2002). La couleur des blés varie du roux au blanc, en rapport avec le pays d'origine, le sol, la culture, et le climat (Calvel, 1984). L'examen d'un grain de blé révèle:

- Une face dorsale plus ou moins bombée.
- Une face ventrale, comportant un sillon profond.
- à sa partie supérieure, de courts poils forment la brosse.
- à sa partie inférieure, le germe est visible sur la face dorsale.

Histologiquement, le grain de blé est formé de trois types de tissu : le germe (3%), les enveloppes (13-16% du grain) et l'albumen (80-85% du grain) (Kent & Evers, 1994, Barron *et al.*, 2007). Un grain de blé est formé de trois régions (Debiton, 2010) :

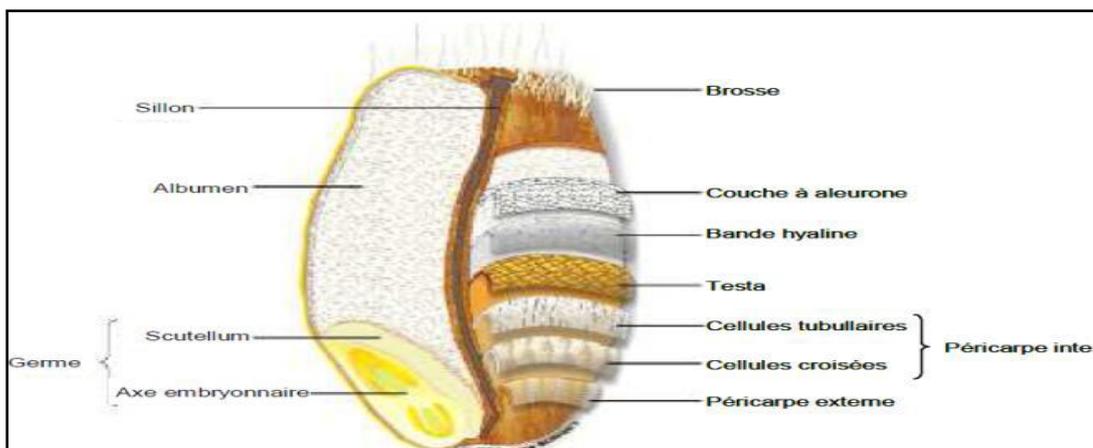
### 1.4.1. Les enveloppes

Représentent 14 à 15% du poids du grain. Composées de cinq tissus superposés, chacun de ces tissus possède une épaisseur et une nature différente (Barron *et al.*, 2007). De la surface externe vers le centre du grain se trouvent successivement : le péricarpe externe (épicarpe) enveloppe du fruit, le péricarpe interne constitué par le mésocarpe et l'endocarpe (figure 6). Viennent ensuite la testa et l'épiderme du nucelle (ou couche hyaline) (Surget & Barron, 2005). Ces tissus sont essentiellement constitués de cellules vides dont les parois sont riches en fibres et en composés phénoliques (Hemery *et al.*, 2007).

### 1.4.2. Le germe ou embryon

Résulte de la fusion des gamètes mâles et femelles. À maturité, le grain comprend l'axe embryonnaire et le scutellum, qui est considéré comme homéologue à un cotylédon. Dans les céréales le germe a la plus forte teneur en lipides et en vitamines liposolubles. Il a également la plus forte teneur en humidité dans le grain mature (Song *et al.*, 1998) et représente 2,5% du grain. Le germe comprend:

- Le cotylédon ou scutellum riche en lipides et protéines.
- La plantule plus ou moins différenciée.
- La radicule ou racine embryonnaire protégée par le coléorhize.
- La gemmule comportant un nombre variable de feuilles visibles, enfermées dans un étui protecteur : la coléoptile (Feuillet, 2000).



**Figure 6.** Schéma histologique d'une coupe longitudinale d'un grain de blé (Surget & Barron, 2005).

### **1.4.3. L'endosperme ou albumen**

Représente 83 à 85% du poids du grain, est composé de 70% d'amidon et d'environ 7% de gluten. Chez le blé dur l'albumen est corné vitreux. Il est constitué de l'albumen amylicé et des cellules de la couche à aleurone. L'albumen amylicé est décrit comme la masse centrale, composée de cellules compactes remplies de grains d'amidon enchâssés au sein d'une matrice protéique plus ou moins dense. Ces éléments nutritifs sont mobilisés pour soutenir la croissance de l'axe embryonnaire au début de la germination.

Les cellules de l'albumen amylicé sont entourées de la couche à aleurone, aussi appelée assise protéique. Elle est formée d'une seule couche de cellules cubiques de 50 µm à paroi épaisse et au contenu dense, où les noyaux sont au premier plan. Contrairement à l'albumen amylicé, les cellules de l'aleurone ne contiennent pas d'amidon mais ont une forte teneur en protéines et en lipides. Ces cellules sont d'une extrême importance, d'une part pour le développement du grain car elles se divisent pour former les cellules de l'albumen amylicé, et d'autre part pour la germination car elles sont le siège de la synthèse d'enzymes hydrolytiques responsables de la solubilisation des réserves (Kent & Evers, 1994).

## Chapitre II. Biologie du blé et exigences de la culture

### 2.1. CYCLE PHYSIOLOGIQUE DU BLE

Qu'elle soit vivace ou annuelle, toutes les graminées ont un rythme de végétation et de fructification annuel. Afin de caractériser le cycle de développement du blé, différentes échelles de notation ont été développées, portant soit sur des changements d'aspect externe, soit sur les modifications d'aspect interne des organes reproducteurs.

- L'échelle de Jonard et Koller, (1950) utilisée pour reconnaître les stades par des changements d'aspect externe (Levée - Montaison).
- L'échelle de Zadoks *et al.*, (1974) utilisée pour reconnaître les stades par des modifications d'aspect interne (Différentiation de l'épi : Stade épi 1 cm) (Gate, 1995).

Le cycle biologique du blé est une succession de périodes subdivisées en phases et en stades. Trois phases peuvent être retenues, ils s'agit de la phase : Levée-début Montaison, Montaison-Floraison et Floraison-Maturation, chacune d'elles coïncidant avec les phases d'élaboration du rendement caractérisées par l'une des composantes : épis/plant, grains/épis et poids du grain (Gate *et al.*, 1997). Dans ce cycle annuel, une série d'étapes séparées par des stades repères, permettent de diviser le cycle évolutif du blé en deux grandes périodes: Période végétative et période reproductrice (figure 7).

#### 2.1.1. Période végétative

Elle se caractérise par un développement strictement herbacé et s'étend de la germination jusqu'à fin tallage. Elle se divise en deux stades :

##### 2.1.1.1. Phase germination – levée

La germination est le passage de la semence de l'état de vie lente à l'état de vie active. Durant cette phase le grain de blé absorbe au moins 30% de son poids en eau. La germination de la graine se caractérise par l'émergence du coléorhize donnant naissance à des racines séminales et du coléoptile qui joue un rôle protecteur et mécanique pour percer le sol. Le coléoptile protège la sortie de la première feuille fonctionnelle, la deuxième et la troisième feuille suivent bien après. La levée se fait réellement dès la sortie des feuilles à la surface du sol.

Au sein d'un peuplement, la levée est atteinte lorsque la majorité des lignes de semis sont visibles (Gate, 1995). On parlera de levée lorsque 50% des plantes seront sorties de la terre (Chabi *et al.*, 1992). Pendant cette période, l'alimentation de la plante dépend uniquement de son système racinaire primaire et des réserves de la graine. A ce stade, les jeunes plantes sont sensibles au manque d'eau qui provoque une perte des plantes, et au froid qui provoque le déchaussage (Karou *et al.*, 1998).

Les principaux facteurs édaphiques qui interviennent dans la réalisation de cette phase sont, la chaleur, l'aération et l'humidité (Eliard, 1979). Les caractéristiques propres à la graine comme la faculté germinative et la quantité de réserves (taille des graines) jouent aussi un rôle déterminant. En effet, les plus grosses graines lèvent les premières et donnent des plantules plus vigoureuses (Masle-Meynard, 1980). De plus la composition des réserves (teneur en protéines) agit favorablement sur la vitesse de la germination-levée (Evans et Rawson, 1975).

#### **2.1.1.2. Phase levée-tallage**

Le début du tallage est marqué par l'apparition de l'extrémité de la première feuille de la talle latérale primaire. Il est caractérisé par trois caractéristiques :

- Formation du plateau de tallage
- Emission des talles.
- Sortie de nouvelles racines.

La production de talles commence à l'issue du développement de la troisième feuille (Moule, 1971). L'apparition de ces talles se fait à un rythme régulier à celui de l'émission des feuilles. A partir des bourgeons situés à l'aisselle des talles primaires initiées à la base du maître brin, les talles secondaires peuvent apparaître et être susceptibles d'émettre des talles tertiaires. Le nombre de talles produites dépend de la variété, du climat, de l'alimentation minérale et hydrique de la plante, ainsi que de la densité de semis (Masle-Meynard, 1980). Le facteur nutritionnel peut modifier la vitesse du tallage herbacé, la durée du tallage et le nombre de talles (Austin et Jones, 1975). Quand le tallage est excessif, les besoins en eau sont très importants, alors que la plupart des talles restent stériles. La fin du tallage, représente la fin de la période végétative, elle marque le début de la phase reproductive, conditionnée par la photopériode et la vernalisation qui autorisent l'élongation des entre-nœuds (Gate, 1995).

### **2.1.2. Période reproductrice**

Elle comprend la formation et la croissance de l'épi ; elle se caractérise par :

#### **2.1.2.1. Phase montaison – gonflement**

La montaison débute à la fin du tallage, et la tige principale ainsi que les talles les plus âgées commencent à s'allonger suite à l'élongation des entre-nœuds, auparavant emplies sous l'épi (Belaid, 1996). Elle se manifeste à partir du stade épi à 1 cm. Il est suivi du stade 1 à 2 nœuds, ici les nœuds sont aisément repérables sur la tige. Elle est caractérisée par la différenciation des pièces florales. A cette phase, un certain nombre de talles herbacées commence à régresser alors que, d'autres se trouvent couronnées par des épis. Pendant cette phase de croissance active, les besoins en éléments nutritifs notamment en azote sont accrus (Clement-Grancourt et Prats, 1971). Ce stade est sensible aux basses températures variant entre +4°C et 0°C. Selon Baldy (1984), la montaison constitue la phase la plus critique du développement du blé. Tout stress thermique ou hydrique au cours de cette phase réduit le nombre d'épis par unité de surface. La montaison s'achève à la fin de l'émission de la dernière feuille et des manifestations du gonflement que provoquent les épis dans la gaine.

#### **2.1.2.2. Phase épiaison – floraison**

Elle est marquée par la méiose pollinique et l'éclatement de la gaine avec l'émergence de l'épi de la gaine de la feuille étendard. C'est au cours de cette phase que s'achève la formation des organes floraux (l'anthèse) et s'effectue la fécondation. Durant la floraison, les fleurs demeurent généralement fermées. La floraison dure de trois à six jours, selon les conditions météorologiques. Elle débute au centre de l'épi, puis se poursuit vers les deux extrêmes de l'épi. La durée de réceptivité du stigmate du blé dépend de la variété et des conditions du milieu, mais se situe entre 3 à 13 jours. Une fois fécondé, l'ovaire grossit rapidement. Au bout de deux semaines après la fécondation, l'embryon est physiologiquement fonctionnel et peut produire une nouvelle plantule (Bozzini, 1988). Cette phase est atteinte quand 50 % des épis sont à moitié sortis de la gaine de la dernière feuille (Gate, 1995). Elle correspond au maximum de la croissance de la plante qui aura élaboré les trois quarts de la matière sèche totale et dépend étroitement de la nutrition minérale et de la transpiration qui influencent le nombre final de grains par épi (Masle-Meynard, 1980). Les basses températures au cours de cette phase réduisent fortement la fertilité des épis (Abbassenne et *al.*, 1998).

### **2.1.2.3. Phase grossissement du grain**

Cette phase marque la modification du fonctionnement de la plante qui sera alors orienté vers le remplissage des grains à partir de la biomasse produite. Il correspond à la croissance de l'ovaire. Il s'agit d'une phase d'intense activité de la photosynthèse. Au début, le grain s'organise, les cellules se multiplient, les besoins des grains sont inférieurs à ce que fournissent les parties aériennes (plus de 3/4 de la matière sèche sont stockés au niveau des tiges et des feuilles). Par la suite, les besoins augmentent et le poids des grains dans l'épi s'élève, alors que la matière sèche des parties aériennes diminue progressivement. Seulement 10% à 15% de l'amidon du grain peut provenir de réserves antérieures à la floraison (Boulelouah, 2002). A la fin de cette phase 40 à 50% de réserves se sont accumulées dans le grain qui, ayant bien sa taille définitive, reste mou et de couleur verte. C'est le stade « grain laiteux » (Chabi *et al.*, 1992). L'autre partie des réserves se trouve encore dans les tiges et les feuilles qui commencent à jaunir. Les réserves du grain proviennent en faible partie de la photosynthèse nette qui persiste dans les dernières feuilles vertes. Chez les variétés tardives, cette quantité est de 12 % contre 25 % chez les précoces. La majeure partie des réserves accumulées vient des tiges et les feuilles jaunissantes, mais non encore desséchées (Boulelouah, 2002).

### **2.1.2.4. Phase maturation du grain**

La phase de maturation succède au stade pâteux. Elle correspond à la phase au cours de laquelle le grain va perdre progressivement son humidité en passant par divers stades (Gate, 1995), à ce stade le grain contient 45 % d'humidité. Cette phase débute à la fin du palier hydrique marqué par la stabilité de la teneur en eau du grain pendant 10 à 15 jours. Au-delà de cette période, le grain ne perdra que l'excès d'eau qu'il contient et passera progressivement aux stades « rayable à l'angle » (20 % d'humidité) puis, « cassant sous la dent » (15-16 % d'humidité) (Gate, 1995).

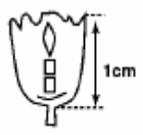
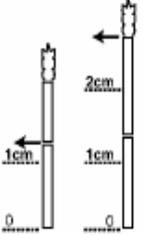
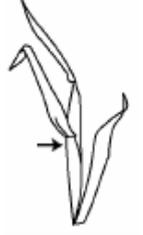
Stade	ZADOCKS	Caractéristiques
 <b>LEVEE</b>	7	Sortie du coléoptile
	<b>10</b>	<b>1ère feuille traversant le coléoptile</b>
	11	1ère feuille étalée
	12	2ème feuille étalée
	13	3ème feuille étalée
 <b>DEBUT TALLAGE</b>	<b>21</b>	<b>Apparition de la 1ère talle</b> et de la 4ème feuille
	<b>22</b>	2 à 3 talles
	<b>23</b>	
	<b>24</b>	
<b>25</b>		
 <b>EPI à 1 cm</b>	<b>30</b>	<b>Sommet de l'épi distant de 1 cm</b> du plateau de tallage
 <b>1-2 NŒUDS</b>	<b>31</b>	<b>1 nœud</b> Elongation de la tige
	<b>32</b>	<b>2 nœuds</b>
 <b>GONFLEMENT</b> L'épi gonfle la gaine de la dernière feuille	37	Apparition de la dernière feuille (pointante)
	<b>39</b>	<b>Ligule juste visible (méiose mâle)</b>
	45	Gaine de la dernière feuille sortie
 <b>EPIAISON</b>	49-51	Gaine éclatée
	53	¼ épiaison
	<b>55</b>	<b>½ épiaison</b>
	57	¾ épiaison
	59	Tous les épis sont sortis
 <b>FLORAISON</b>	61	Début floraison
	<b>65</b>	<b>Mi-floraison</b>
	69	Floraison complète
<b>FORMATION du GRAIN</b>	71	Grain formé
	75	Grain laiteux
	85	Grain pâteux
	91	Grain jaune
	92	Grain mûr

Figure 7. Stades de développement des céréales. Échelles de Zadoks, (1974)

## 2.2. EXIGENCES DU BLE

Pour assurer un bon comportement de la culture durant tout son cycle de développement il est nécessaire de réunir certains facteurs qui conduisent à l'observation d'un meilleur rendement, parmi ces facteurs limitant on peut citer :

### 2.2.1. Climat

Les facteurs climatiques ont une action prépondérante sur les différentes périodes de la vie du blé (Clement et Prats, 1970).

#### 2.2.1.1. Température

La température conditionne à tout moment la physiologie du blé selon le zéro de végétation et de germination. La température à partir de laquelle un blé germe et pousse, est de 0°C cependant l'optimum se situe entre 20 et 22°C entre ces deux extrêmes, une température élevée sera favorable au développement et à la croissance (Simon *et al*, 1989). D'après Jeferes (1978), il est généralement admis que la température agit de manière positive sur la croissance optimale. Baldy (1993a) ajoute que les fortes températures provoquent une levée trop rapide et parfois un déséquilibre entre la partie aérienne et la partie souterraine : Les températures entre 25 et 32°C défavorisent l'allongement racinaire l'optimum se situe entre 5 et 12 °C. Mekhlouf *et al.*, (2001) situent les exigences en température pour les stades suivants:

- Stade levée: La somme des températures = 120°C.
- Stade tallage: La somme des températures = 450°C.
- Stade plein tallage : La somme des températures = 500°C.
- Stade épi 1cm : La somme des températures = 600°C.

Le zéro de végétation du blé est de 0°C, mais ses exigences globales en chaleur sont assez importantes. Clement et Prats (1970), voient que la température journalière intervient à divers moments du cycle du blé de plusieurs manières :

- Elle détermine la rapidité de la germination, et du début du développement de la jeune plante.

- Elle intervient au moment de la montaison dans l'élaboration de la quantité de matière sèche, mais elle a un effet défavorable sur l'évolution des talles vers l'épiaison (conditions de déficit hydrique).

- En excès et au cours de la maturation du grain, elle peut conduire à l'échaudage (Mekhlouf *et al.*, 2001).

#### **2.2.1.2. Eau**

Selon Soltner (1990), l'eau a une grande importance dans la croissance de la plante. L'eau en plus de son rôle dans la constitution des cellules et dans les synthèses glucidiques catalysées par la chlorophylle, l'eau est le véhicule des éléments minéraux solubles de la sève brute. A cet égard, Clement et Prats (1970), voient qu'il est intéressant de définir le coefficient de transpiration du blé, c'est-à-dire la quantité d'eau qui doit traverser la plante pour l'élaboration d'une certaine quantité de matière sèche. Pour le blé, suivant les variétés, la valeur du coefficient de transpiration varie de 450 à 550 grammes d'eau pour un gramme de matière sèche.

#### **2.2.1.3. Eclairage**

Selon Clement et Prats (1970), le blé est une plante de pleine lumière. Le tallage herbacé s'achève pour une valeur précise du photopériodisme valable suivant les variétés. L'écartement des lignes aux semilles permet de placer le blé dans des conditions d'éclairage optimales, garantissant un bon tallage. Soltner (1990), voit qu'une certaine durée de jour (photopériodisme) est nécessaire pour la réalisation du stade B précédant la montaison. Et Simon *et al.*, (1989), ajoutent que le stade B dépendrait principalement de la durée du jour, il faut en effet que la durée de l'éclairage soit d'environ 12 heures pour que l'épi commence à monter dans la tige, d'autres part il convient d'éviter l'ombrage et les cultures trop denses qui vont favoriser l'apparition de maladies cryptogamiques.

### **2.2.2. Exigences édaphiques**

#### **2.2.2.1. Caractéristiques physiques**

Le blé exige un sol à texture fine, limono argileuse qui assurera aux racines une grande surface de contact, d'où une bonne nutrition. Il exige également une structure stable du sol,

résistante à la dégradation par les pluies d'hiver, ce qui évite au blé l'asphyxie et permet une bonne nitrification au printemps. Une bonne profondeur et une richesse suffisante en colloïdes, afin d'assurer la bonne nutrition est nécessaire aux grands rendements (Soltner, 1990 ; Baldy ,1993a). Le blé réussit mieux dans les terres neutres profondes et de texture équilibrée avec une porosité suffisante. Le complexe absorbant important permet à la plante de se nourrir à partir des réserves chimiques du sol. Les terres très argileuses, très calcaires ou trop sableuses (acides) sont déconseillées pour cette culture (Clément, 1971).

#### **2.2.2.2. Caractéristiques chimiques**

Le blé craint les sols tourbeux contenant de fortes teneurs en sodium, magnésium ou fer. Le pH optimal se situe dans la gamme de 06 à 08. La culture de blé est modérément tolérante à l'alcalinité du sol dont la C.E. ne doit pas dépasser 04 mmhos/cm (Clément, 1971).

### **2.3 ITINERAIRE TECHNIQUE**

#### **2.3.1. Précédent cultural**

Malgré l'utilisation des techniques les plus appropriées du travail du sol, l'application rationnelle de la fertilisation et des traitements phytosanitaires, les différentes plantes laissent le sol après leur récolte dans un état modifié (Dotchev et Belaid, 1990; Kribaa *et al.*, 2001). L'absence d'une rotation ou blé sur blé favorise les proliférations des parasites (Nématodes, champignons, insectes) et des mauvaises herbes, ce qui engendre fréquemment une baisse des rendements.

#### **2.3.2. Choix variétal**

Les qualités recherchées dans une variété dépendent de l'objectif que s'est fixé l'agriculteur et des conditions climatiques et pédologiques locales. Les principales caractéristiques recherchées chez une variété sont les suivantes:

- **Productivité** : Sans aucun doute, la capacité de production de la variété est un facteur fondamental qui doit orienter notre choix. Cependant, selon les particularités agro climatiques, la production peut être plus ou moins régulière.

- **Qualité** : Le critère de qualité est complexe et recouvre plusieurs facteurs dont, les caractéristiques technologiques ; certaines variétés peuvent ainsi mieux répondre que d'autres à une spécificité recherchée par le sélectionneur et l'industrielle.

- **Précocité** : Les variétés modernes présentent une période de floraison- maturité plus courte que les anciennes, ce qui permet de concilier beaucoup plus facilement les deux facteurs; floraison tardive pour éviter les gelées et maturité précoce pour éviter le dessèchement.

- **Résistance** : Il est indispensable que la variété possède une résistance suffisante aux maladies et aux accidents les plus fréquents dans la région.

- **Pouvoir de multiplication** : Non seulement la multiplication naturelle des plantes permet d'économiser beaucoup de graines, ce qui n'est pas négligeable, mais en plus elle permet de compenser une naissance déficiente si peu de plantes parviennent à émerger (Ait kaki, 1993).

- **Alternativité** : C'est une caractéristique variétale; le degré d'alternativité est fonction du besoin en vernalisation. Il devrait être déterminé par la date limite à partir de laquelle la montée ne se produit plus.

- **Qualité de récolte** : En ce qui concerne les blés tendres, les minoteries recherchent des lots ayant des rendements élevés en farine.

### 2.3.3. Travail du sol

Les labours profonds d'été (25 à 30 cm) permettent d'assurer l'accumulation de l'eau des pluies d'automne (Clement et Prats, 1970), la destruction des mauvaises herbes, le maintien et l'amélioration de la structure du sol, l'enfouissement des engrais et des résidus de récolte et la réalisation de lit de semences. On utilise généralement une charrue à socs ou à disques (Belaid, 1996). La terre doit être affinée en surface par passage de pulvérisateur à disques ou de herse, et retassée au rouleau croskill avant le semis et au rouleau lisse après semis (Clement et Prats, 1970 ; Kribaa et *al.*, 2001).

### 2.3.4. Date et dose de semis

La date de semis dépend de chaque variété. Elle permet de maîtriser la période optimale de floraison pour éviter les gelées tardives et les siroccos précoces. Elle permet aussi de profiter, pour le semis tardif, de l'action favorable des pluies sur les structures du sol ; mais un semis tardif provoque une diminution du nombre de racines primaires (Chabi *et al.*, 1992) et limite le tallage herbacé. Selon Clement et Prats (1970), l'époque la plus favorable est comprise entre le 01 novembre et le 15 décembre.

### 2.3.5. Fertilisation

La fertilisation est l'ensemble des apports d'engrais (substances chimiques apportant des éléments minéraux à une plante cultivée), et la fumure (désignant l'apport de fumier). Henry et De Buyser (2000), notent qu'il est préférable que la fumure soit apportée lors de la culture sarclée, précédent le blé. Plusieurs recherches et démonstrations menées pratiquement dans tous les pays ont montrées que les engrais minéraux contribuent jusqu'à plus de 50% des augmentations de rendement par unité de surface, la fertilisation est donc un facteur très important de production (Kribaa *et al.*, 2001). Les effets des engrais sur les rendements sont aussi grandement influencés par l'amélioration des autres facteurs de production tels que l'irrigation, les techniques culturales, sans oublier la qualité de l'assolement-rotation des systèmes de cultures (Chahrour, 2004). La fertilisation est raisonnée sur le principe de la restitution au sol des quantités d'éléments (NPK) fertilisants prélevés par les récoltes.

Le blé a besoin de ces trois éléments essentiels et le rôle de chaque élément sur le plant de blé est décrit ci-dessous :

- **L'azote (N) :**
  - Facteur déterminant du rendement.
  - Permet la multiplication et l'élongation des feuilles et des tiges.
  - A pour rôle l'augmentation de la masse végétative.
  
- **Phosphore (P) :**
  - Facteur de croissance qui favorise le développement des racines.
  - Facteur de précocité qui favorise la maturation.
  - Accroît la résistance au froid et aux maladies.
  - Facteur de qualité.
  
- **Potassium (K) :**
  - Régule les fonctions vitales de la croissance végétale.
  - Nécessaire à l'efficacité de la fumure azotée.
  - Permet une économie d'eau dans les tissus de la plante.
  - Assure une meilleure résistance contre la verse et contre les maladies.

### **2.3.5.1. Fumure de fond**

Celle-ci doit être apportée au labour. La potasse paraît en aidant à une meilleure utilisation de la fumure azotée. Les quantités à apporter au labour sont de 80 à 100 unités de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> et de 100 à 200 unités de K<sub>2</sub>O, suivant la richesse des sols.

### **2.3.5.2. Fumure azotée**

Selon Clement et Prats (1970), les meilleurs résultats sont obtenus, soit avec des apports de 80 unités au début du tallage, soit mieux 40 unités au début du tallage (fin janvier, début février) plus 40 unités au début de la montaison. Les apports au semis semblent peu favorables, entraînant un trop grand allongement du premier entre-nœud et favorisant la verse. L'apport avant la montaison paraît le plus marquant, mais à la condition que le sol ne soit pas trop sec. Selon Bahloul, 1989 une bonne alimentation en eau après la floraison permet aussi une assimilation tardive de l'azote qui peut améliorer la teneur en protéines du grain.

Une insuffisance en azote, en présence d'une fourniture correcte en phosphore, entraîne une maturation précoce pouvant modifier la qualité, en augmentant par exemple le taux de matière sèche. Des excès d'azote conduisent à un retard de la maturité et une humidité élevée de la récolte, en particulier si le temps est humide au moment de la moisson.

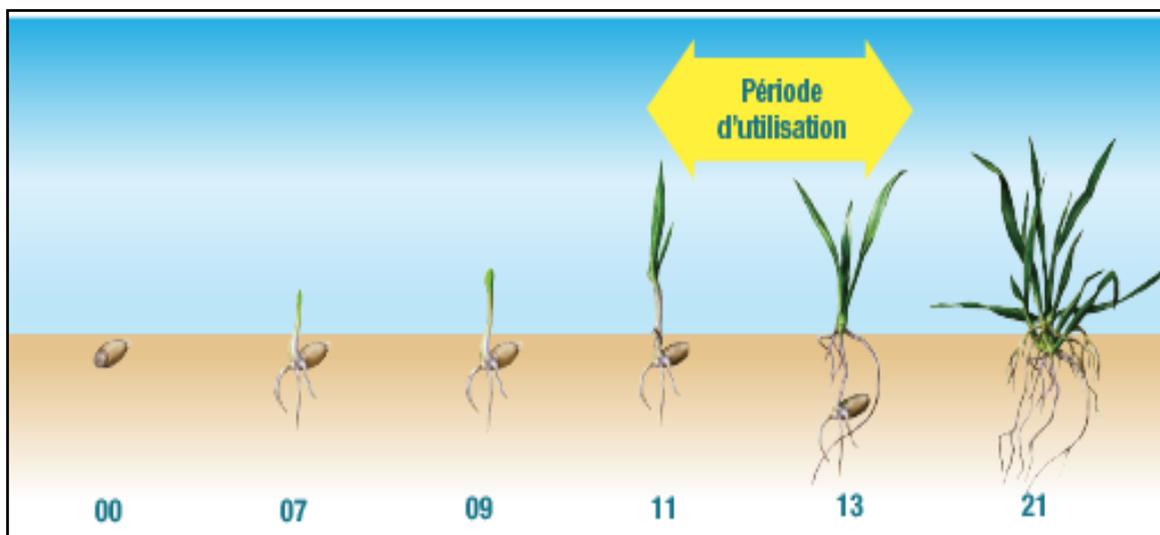
La composition minérale de la plante est influencée directement par l'équilibre des éléments nutritifs, à ce titre un excès de potassium réduit l'absorption de calcium et de magnésium. Une déficience en oligo-élément provoque une baisse de rendement et de défauts de qualités très divers. Par conséquent la qualité dépend aussi des caractéristiques du sol, comme l'acidité.

### **2.3.6. Désherbage**

La stratégie de désherbage doit se raisonner dans un premier temps en termes de cycle de la culture. Il est souvent recommandé de désherber le plus tôt possible, en l'occurrence dès l'automne. En effet, les produits sont plus efficaces sur des plantules que sur des plantes adultes. En outre, à cette période, les adventices n'ont pas encore bénéficié d'apports azotés qui les rendent plus robustes et moins sensibles au désherbage. Cependant, les conditions d'application varient en fonction des cultures et des types d'herbicides.

Il est commandé de procéder au désherbage avant le semis, le labour est aussi un bon outil de désherbage. Un blé bien implanté est moins sensible à la concurrence des mauvaises herbes. La plupart des adventices finissent de lever quand le blé atteint le stade 3 feuilles, en particulier le ray-grass (Bouzid, 2008).

L'efficacité des herbicides est bien supérieure quand l'air est humide (+ de 60%) et la température minimale supérieure à 0°C. Deux périodes réunissent ces conditions : la fin d'automne et le début de printemps, un climat sec et froid, est souvent défavorable (Bouzid, 2008).



**Figure 8.** Stade d'utilisation des herbicides (<http://www.bayer-agri.fr>)

### **2.3.7. Lutte contre les maladies fongiques**

Le développement des méthodes de lutte contre les maladies fongiques accroît la quantité et améliore la qualité de la production des plantes. Les méthodes de lutte varient considérablement d'une maladie à une autre en fonction du pathogène, de la plante hôte, de leur interaction et des conditions de l'environnement (Bouzid, 2008). Ces méthodes peuvent être culturales, biologiques, génétiques, physiques et chimiques. L'intégration de toutes ces méthodes aboutit à la lutte intégrée.

#### **2.3.7.1. Méthodes de lutte culturale**

Les méthodes culturales de lutte contre les maladies concernent toutes les actions culturales qui peuvent créer des conditions défavorables au développement des pathogènes. Parmi ces actions, la destruction des repousses et des hôtes alternatifs qui peuvent former des réservoirs

de pathogènes durant la saison où la culture est absente, est une action importante qui réduit le niveau d'inoculum. L'interruption du cycle biologique de certains pathogènes est possible par la destruction de leurs hôtes secondaires comme dans le cas des rouilles. Les pathogènes transmis par le sol et les débris des plantes hôtes dans le sol peuvent être réduits lorsqu'on cultive des espèces végétales avec une rotation de trois à quatre ans. Une lutte efficace par l'intermédiaire d'une rotation des cultures est donc possible, en particulier contre les pathogènes spécifiques à certains types de plantes hôtes.

Quelques autres opérations culturales sont aussi utilisées pour réduire le niveau d'inoculum. Ainsi, le labour profond retournant les débris d'hôtes infectés après la récolte permet d'enterrer l'inoculum dans le sol et le détruire. D'autre part, en labourant pendant l'été, la haute température du sol due à la chaleur du soleil, inactive beaucoup de champignons transmis par le sol et par conséquent diminue le niveau d'inoculum (Bouزيد, 2008).

D'autres méthodes permettent aux plantes d'éviter les pathogènes. De telles activités incluent l'utilisation des semences indemnes de pathogènes, le choix des dates et sites de plantation adéquats, l'application d'une fertilisation équilibrée, l'utilisation de sols bien drainés, l'application de programmes appropriés de lutte contre les insectes et les mauvaises herbes.

Avec la désinfection des sacs, containers, parois des lieux de stockage et autres outils, les niveaux d'inoculum et les infections qui en résultent peuvent aussi être réduits considérablement. Par exemple, un champ soupçonné d'être infesté, doit être labouré, traité et récolté après les champs non infestés; ceci évite la propagation de l'inoculum par l'intermédiaire du matériel lourd utilisé.

### **2.3.7.2. Méthodes de lutte biologique**

Les pathogènes peuvent être biologiquement contrôlés par l'utilisation d'autres micro-organismes antagonistes qui se trouvent normalement dans la nature. Ces micro-organismes peuvent détruire totalement ou partiellement des populations de pathogènes (Bouزيد, 2008). Le mode d'action peut être par parasitisme direct, par concurrence pour la nourriture ou par effet toxique. Pour accroître l'efficacité des micro-organismes antagonistes, l'homme essaie d'introduire de nouvelles populations de ces micro-organismes dans le milieu et/ou apporte des amendements au sol qui stimulent le développement des antagonistes existants (Bouزيد, 2008).

### **2.3.7.3. Méthodes de lutte génétique**

Pour induire ou améliorer la résistance dans les plantes hôtes à plusieurs pathogènes, la résistance génétique a été introduite et augmentée à travers le croisement des variétés résistantes. En plus de la génétique conventionnelle en usage depuis longtemps, la technologie du génie génétique a commencé à être de plus en plus utilisée. Cette technologie rend possible l'isolement des gènes de résistance individuels à partir d'espèces de plantes résistantes et le transfert de ces gènes dans d'autres espèces de plantes sensibles dans lesquelles ils induisent la résistance. L'utilisation des variétés résistantes est l'un des moyens les plus efficaces dans la lutte contre les maladies des plantes. C'est aussi un moyen facile, sûr et relativement peu cher. La culture de variétés résistantes élimine les pertes dues aux maladies et permet d'éviter les autres méthodes de lutte qui sont généralement chères et polluantes.

### **2.3.7.4. Méthodes de lutte physique**

Plusieurs agents physiques peuvent être utilisés pour lutter contre les maladies des plantes. Ces agents sont la température (haute ou basse), l'air sec, la lumière à longueurs d'onde défavorables, la radiation, etc. Dans le cas des céréales, pour lutter contre le charbon nu, les semences sont trempées dans l'eau chaude à 52 °C pendant 11 min (Bouزيد, 2008).

### **2.3.7.5. Méthodes de lutte chimique**

Les fongicides appliqués en pulvérisation ou en saupoudrage sur les plantes sont utilisés pour lutter contre les maladies fongiques. Nombreux fongicides doivent être présents sur la surface des plantes avant le pathogène dans le but d'assurer une protection contre les infections (lutte préventive). Ces fongicides généralement de contact sont qualifiés de protecteurs. Ils inhibent la germination des spores et tuent les spores en germination. D'autres fongicides relativement plus récents sont éradiquant. Ils sont partiellement ou totalement systémiques. Ceci signifie qu'ils sont absorbés par les plantes et transportés intérieurement dans tous les espaces, surtout foliaires, et ils agissent directement sur les pathogènes envahissant les tissus des plantes (lutte curative). Actuellement, à cause de leur efficacité, longue durée d'activité et nombre réduit de traitements, les fongicides systémiques sont progressivement en train de remplacer beaucoup de fongicides de contact. Leur inconvénient reste cependant la possibilité de développer des souches fongiques résistantes. Les fongicides sont également utilisés en traitement des semences et en traitement du sol.

### **2.3.7.6. Lutte intégrée**

La lutte intégrée contre les maladies fongiques des plantes est basée sur l'utilisation de tous les types possibles de méthodes de lutte. Ceci est réalisé par l'élimination ou réduction de l'inoculum initial et son efficacité, par l'accroissement de la résistance de l'hôte, par le retardement de l'installation de la maladie et par le ralentissement des cycles secondaires du pathogène. Dans le cas des blés, comme pour beaucoup d'autres types de cultures, il est nécessaire de commencer avec des semences saines ou, au moins, des semences traitées. Les champs, dans la mesure du possible, doivent être indemnes de champignons de sol, par exemple en labourant profondément le sol pendant l'été. La destruction des repousses, des plantes hôtes secondaires et spontanées contribue à la réduction de l'inoculum fongique et l'interruption du cycle biologique du champignon. La rotation des cultures doit être appliquée avec des cultures autres que les céréales et le sol doit être bien drainé. La fertilisation doit être bien équilibrée. Lorsque des variétés résistantes ne sont pas disponibles, il est indispensable de traiter les cultures pendant la végétation par les fongicides appropriés, particulièrement quand le climat est favorable aux maladies. Après la récolte, les lieux de stockage et les outils utilisés doivent être nettoyés et désinfectés.

## **2.4. ELABORATION DU RENDEMENT EN GRAINS**

### **2.4.1. Le rendement et ses composantes**

Le rendement grain s'élabore par étape au cours des différentes phases de développement de la plante. Les différentes composantes du rendement sont : le nombre d'épis produit par unité de surface, le nombre de grains porté par épi et le poids d'un grain moyen exprimé le plus souvent sous la forme de poids de 1000 grains (PMG). En région méditerranéenne, les meilleurs rendements sont essentiellement déterminés par le nombre d'épis et surtout par le nombre de grains produit par unité de surface du sol qui est le produit des épis par le nombre de grain par épi.

Le nombre d'épis s'élabore au cours de la montaison, il est immédiatement suivi du nombre de grains par épi qui se détermine au stade épiaison. Le poids du grain s'élabore au cours de la phase active du remplissage. La formation des composantes est étalée dans le temps, elle est donc soumise à différentes conditions de croissance, comme elle subit aussi les effets de compensation entre composantes (Gallagher et *al.* 1976 ; Gate, 1995 ; Abbassenne et *al.*

1998). L'effet de compensation entre les composantes du rendement est un mécanisme de développement important qui est à même de reconstituer le rendement en grain lors de la reprise après stress (Blum, 1996). Cette compensation, entre le nombre et la taille, est le résultat des ressources limitées du milieu de production (Simane et *al.* (1993).

Bendjemaa (1977), note que l'augmentation du nombre d'épis, produit par unité de surface, se traduit par une diminution de leur fertilité. Blum et Pnuel (1990), remarquent qu'il n'y a aucune relation entre la capacité de tallage herbacé et le nombre d'épis montant par unité de surface. Abbassenne et *al.*(1998) soulignent que les meilleurs rendements en grain de blé dur en zones semi-arides sont le résultat de la capacité génétique à produire plus d'épis par unité de surface associée à une bonne fertilité. Bouzerzour et *al.* (1998), montrent qu'en milieu semi aride, les différences génotypiques du point de vue contribution du nombre de grains/m<sup>2</sup> au rendement viennent plus du nombre de grains/épi que du nombre épis/m<sup>2</sup> qui se forment en période favorable, chez l'orge. Simane et *al.* (1993), remarquent que le nombre de grains par épis contribue plus directement au rendement en grain chez le blé dur, conduit en conditions semi-arides. Ledent (1978), trouve que la fertilité est la composante de rendement la plus importante.

Couvreur (1981), note que le poids moyen du grain, composante formée la plus tardivement, est associée négativement au nombre de grains formés par unité de surface. Le poids du grain contribue très peu à la variation du rendement en grains des variétés locales sous stress, probablement à cause de la hauteur élevée de ces variétés qui supportent la croissance du grain par le transfert des réserves des tiges, en conditions de stress (Blum et *al.*, 1989). Nachit et Malik (1993), affirment par contre, que le poids moyen du grain joue un rôle important dans la détermination du rendement grain dans les environnements secs.

Selon Wardlaw (2002), c'est la durée du remplissage du grain qui a le plus grand effet sur le poids moyen du grain. Le taux de remplissage par grain explique mieux les différences de poids moyen du grain que les différences de durée des phases (Abbassenne et *al.*, 1998). Simane et *al.* (1993), trouvent que tous les effets directs des composantes du rendement sont positifs, suggérant que quand les autres composantes du rendement sont maintenues, chaque effet direct aboutit à une augmentation du rendement.

#### **2.4.2. La biomasse aérienne et la hauteur du chaume**

Selon Richards et *al.* (1997), une biomasse élevée est une caractéristique désirable en milieux semi-arides. Siddique et *al.* (1989), soulignent que la biomasse élevée est la cause principale des rendements élevés enregistrés chez les variétés récentes. Un long cycle de développement est plus favorable à la production d'une biomasse aérienne élevée.

Les résultats obtenus par Abbassenne et *al.* (1998), indiquent que le poids de la matière sèche de l'épi ou celui des épis/m<sup>2</sup>, au stade épiaison, n'est souvent d'aucune utilité dans la prévision du rendement grain final. Dakheel et *al.* (1993), notent que l'indice de récolte est positivement corrélé avec le rendement grain sous tous types d'environnements.

Dakheel et *al.* (1993), notent que la hauteur du chaume présente une corrélation modérée avec le rendement en grains sous stress sévère. Cette liaison s'affaiblit à mesure que le stress s'amointrit, pour changer de signe lorsque la plante est conduite sous irrigation. Une paille relativement haute devient une caractéristique désirable sous stress hydrique. Elis et Brown (1986), notent que les variétés à paille longue deviennent plus productives dans les zones affectées par la sécheresse, comparativement avec les variétés naines. Nachit et Jarrah (1986), affirment qu'en condition de stress hydrique, une paille haute est plus apte à stocker plus de réserves glucidiques, qui sont susceptibles d'être transférées vers le grain, au cours de la phase de remplissage.

#### **2.4.3. La durée du cycle de croissance-développement**

De nombreux travaux ont montré l'existence d'une relation positive entre la longueur du cycle de croissance de la plante et le potentiel de rendement. Donmez et *al.* (2001), suggèrent que les composantes du rendement qui se forment au cours de la phase végétative sont celles qu'il faut améliorer.

Lafitte et Courtois (2002), mentionnent parmi d'autres caractères, la durée de la phase végétative comme une source de l'interaction génotype x environnement du rendement en grains du blé. Les génotypes précoces sont les plus productifs sous conditions de contrainte hydrique et thermique de fin de cycle.

Les paramètres phénologiques d'adaptation, ou paramètre de précocité, définissent le calage du cycle de la plante vis-à-vis des contraintes de l'environnement ; en effet en intervenant sur ces paramètres, il est possible parfois d'éviter la coïncidence entre les stades critiques du développement et les dates d'occurrence maximale de certains accidents. Néanmoins la recherche d'une plus grande précocité a été, évoquée par plusieurs auteurs: réduction de la productivité (Laing et Fischer, 1977), risques accrus de gels tardifs (Single et Fletcher, 1979), réduction du développement racinaire (Derera et *al*, 1969).

## **Chapitre III. Sélection variétale et amélioration génétique du blé tendre**

### **3.1. LA SELECTION DES CEREALES**

Le but principal de tout programme de sélection est la production de variétés possédant un rendement élevé et stable. L'environnement dans lequel se fait la sélection joue un rôle important. Tous les milieux n'ont pas la même aptitude à révéler les différences génotypiques. L'existence d'une interaction génotype x environnement complique les efforts de la sélection (Sanchez-Garcia *et al.*, 2012). Le processus de sélection est différent, selon qu'on cherche l'adaptation spécifique ou l'adaptation générale (Annichiarico *et al.*, 2006). Bouzerzour *et al.* (1998), mentionnent qu'en milieux variables, l'efficacité de la sélection sur la seule base du rendement grain est très fluctuant, suite à l'effet de l'environnement qui fait varier le niveau de ce caractère et ses relations avec les autres, d'une année à l'autre.

L'objectif de la sélection est l'identification de nouvelles lignées qui portent un ensemble de caractéristiques désirables leur permettant d'être adoptées comme variétés agricoles, sans de grands risques pour les producteurs. Elles doivent produire plus, pour réduire les coûts de production au niveau de l'exploitation et surtout doivent se distinguer par une meilleure régularité des rendements et une nette amélioration de la qualité du produit récolté (Bonjean et Picard, 1990). Les sélectionneurs de blé mettent l'accent sur l'amélioration simultanée du comportement agronomique, de la résistance aux maladies et des caractères qualitatifs. Les caractères agronomiques sont représentés par le rendement et ses composantes, la hauteur de la plantes, la biomasse aérienne produite aux stades végétatifs, épiaison et maturité.

La phylogénie du blé, nous montre le chemin parcouru pour aboutir au blé que nous cultivons aujourd'hui. L'évolution génétique, liée à la polyploïdisation et la domestication, a assuré le développement des formes actuellement cultivées. La découverte de loi de Mendel a permis vers la fin du XIX siècle un essor certain de l'amélioration des céréales. La sélection, jusque là principalement massale allait entrer dans une ère nouvelle en utilisant les techniques d'hybridation. Ce passage d'une sélection contemplative à une sélection guidée par des objectifs exploitant au mieux les études de descendance a révolutionné le savoir faire et le métier de sélectionneur.

- ***L'hybridation, la base de l'amélioration des plantes***

L'hybridation est la principale avancée dans l'amélioration des plantes. Utilisée pour combiner des caractères favorables, elle est la base de la sélection des céréales. Le produit de cette hybridation, appelé F1, manifeste très souvent un avantage parfois très important par rapport à ses parents selon un phénomène qualifié d'hétérosis. L'hybridation avec suivi de descendance, a ainsi permis de réaliser des études génétiques précises sur le déterminisme des caractères étudiés, avec tantôt des caractères gouvernés par des gènes majeurs comme le nanisme en blé, mais aussi et souvent des caractères polygéniques plus complexes à analyser et à sélectionner.

L'hybridation a connue des réussites diverses selon les espèces de céréales. Si elle a fait ses preuves pour le maïs, le sorgho et si elle tend à se développer de façon significative en riz, par contre son développement est très controversé en blé tendre et en orge par exemple.

- ***La création d'une nouvelle variété***

Pour qu'une variété puisse être commercialisée, il faut compter 10 à 12 ans de sélection et d'évaluation. Les premières années seront nécessaires pour affiner les choix individuels et repérer les plantes les plus prometteuses. L'aspect phénotypique mais souvent également les premières évaluations qualitatives guideront les choix du sélectionneur. Enfin et parallèlement la multiplication des semences conformes aux règlements de production et permettant d'obtenir des semences certifiées débute.

La sélection des plants possédant les caractères recherchés commence en F2, elle peut se poursuivre jusqu'en F7-F8, lorsque la descendance devient uniforme. Cette sélection précoce se fait sur la base des caractères dont l'expression dépendra peu des conditions du milieu, telles que la hauteur, la précocité, la sensibilité aux maladies. La sélection pour des caractères complexes, comme le rendement et la qualité du grain, s'effectue plus tardivement sur un matériel plus génétiquement homogène, en utilisant des dispositifs plus rigoureux pour maîtriser la variation environnementale (Anonyme, 2006).

### 3.2. LA SÉLECTION POUR LA PRODUCTIVITE

La productivité est définie comme la capacité de produire plus. En sélection, elle désigne souvent le rendement grain. Le rendement grain est un caractère génétiquement complexe et son amélioration passe par la sélection conjointe de la productivité et des caractères adaptatifs aux milieux biotiques et abiotiques.

L'amélioration génétique du rendement se fait de manière progressive et continue, suite à la modification de ses composantes (Mekhlouf et Bouzerzour, 2000). L'amélioration du rendement grain est généralement abordée de manière directe ou indirecte. La sélection directe utilise le rendement lui-même qui est mesuré après la maturité de la plante. La sélection indirecte utilise les composantes du rendement et les caractères morpho-physiologiques (Reynolds et *al.*, 2007 ; Adjabi et *al.*, 2007).

Olmeda-arcega et *al.* (1995), mentionnent que depuis la domestication des céréales, l'amélioration du rendement en grain est le plus vieux problème posé à la recherche agronomique. Ils notent que de grands efforts ont été accomplis dans la sélection des variétés avec une meilleure amélioration de la résistance aux maladies, une nette amélioration de la tendance à la verse, et une précocité accrue pour échapper aux effets de la sécheresse et des hautes températures de fin de cycle. Ils font remarquer que l'amélioration du rendement en grain s'est faite souvent de manière directe, sans de grandes préoccupations sur comment ce rendement en grain a été obtenu, ni les changements réalisés sur les caractères non concernés par la sélection.

La connaissance des liaisons qui existent entre les composantes et le rendement permet d'identifier les composantes à utiliser comme critères de sélection. Ces informations permettent d'orienter le processus de sélection de manière à promouvoir les caractères capables d'engendrer une amélioration du rendement (Mekhlouf et Bouzerzour, 2000). La sélection sur la base du rendement en grain, pratique généralisée en sélection, n'est efficace que si les conditions du milieu qui ont permis la réalisation d'un rendement en grain donné, se répète de façon régulière (Ceccarelli et *al.*, 1998). En milieu relativement plus stable, les progrès de la sélection directe sont, donc plus évidents qu'ils ne le sont en milieux variables où les interactions génotype x environnements amenuisent le gain génétique réalisé (Bouzerzour et Djekoun, 1996; Cattivelli et *al.*, 2002).

Dans les environnements à climat variable, la sélection directe a été très peu efficace (Ceccarelli et *al.*, 1992; Sharma, 1993; Benmahammed, 1995; Bouzerzour et *al.*, 1998). L'inefficacité de la sélection directe est expliquée par les interactions génotypes x lieux qui réduisent la variance génotypique et le coefficient de l'héritabilité (Sharma, 1993; Pecetti et Annicchiarico, 1993; Bouzerzour et Djekoun, 1996). Bouzerzour et Dekhili (1995), montrent que la sélection directe sur la base des données d'une seule année, n'est pas efficace en milieux très contrastés, suite au faible coefficient de l'héritabilité du rendement en grain et sa variation selon les environnements.

Ceci amène certains auteurs à proposer d'autres caractères comme critère de sélection (Acevedo et *al.*, 1991; Ali Dib et Monneveux, 1992). Yap et Harvey (1972), préconisent l'utilisation des composantes de rendement en grains comme critères de sélection. Ils justifient cette pratique par le fait que les composantes du rendement en grains sont sous un contrôle génétique simple et de nature additive.

Rasmusson et Cannel (1990) ainsi que Grafius (1978), font remarquer pour que la sélection indirecte soit efficace, il faut que le caractère étudié utilisé comme caractère de sélection soit fortement lié au rendement en grains. O'Brien et *al.* (1978), rapportent qu'une corrélation positive et significative entre les lignées sélectionnées et leurs descendances est une condition nécessaire pour que la sélection soit efficace. Ils notent aussi que l'efficacité de la sélection est meilleure lorsque la variabilité d'origine génétique est plus importante.

Mac Neal et *al.* (1978), sélectionnent pour chacune des composantes du rendement : le nombre de grains par épi, le poids moyen du grain, le nombre d'épis par unité de surface, le nombre de grains par épillets et le rendement en grains, au cours de sept générations (F2-F8). Ils obtiennent une réduction du rendement en F8. La sélection du poids moyen du grain améliore le poids de 1000 grains de la F4 à la F8, alors que la sélection du nombre de grains par épi aboutit à peu d'amélioration de ce caractère en F8, mais engendre des effets positifs sur le rendement en grains et sur le poids de 1000 grains, dès la F6. La sélection du nombre d'épis améliore ce caractère en F4 et F5 puis devient inefficace de la F6 à la F8. Seule la sélection du nombre d'épillets par épi améliore ce caractère et le nombre d'épis par unité de surface en F5 et F6 où ils se stabilisent. Ces auteurs conclurent que l'amélioration du rendement en grains ne peut venir que de l'amélioration obtenue simultanément sur plusieurs composantes à la fois.

Busch et Kofoed (1982), mènent une sélection récurrente pour améliorer le poids moyen du grain chez le blé tendre. Après 4 cycles de sélection, à l'intérieur d'un croisement diallèle de dix parents, ils obtiennent un gain moyen de 7% par cycle de sélection. Olmeda-arcega *et al.* (1995), effectuent une sélection récurrente sur blé dur, ils n'observent pas d'effets indirectes indésirables. La variance génétique restait stable, après deux cycles de sélection, le poids moyen de 1000 grains et le nombre de grains par épi augmentent avec l'amélioration du rendement en grains. Le poids moyen du grain, exprimé sous forme de poids de 1000 grains ne semble pas influencer sur le rendement. Cette composante reste peu maîtrisée suite aux effets combinés de la compensation avec le nombre de grains par épi et ceux des stress de fins de cycle (Benbelkacem et Kellou, 2001).

Le nombre de grains produit par unité de surface, résultante du produit du nombre des épis et du nombre de grains par épi, est le caractère le plus fortement lié au rendement. De ce fait, la sélection concomitante pour les épis et le nombre de grains par épi débouchent forcément à l'amélioration de la productivité. Bahlouli *et al.* (2005), notent un effet de compensation négative entre ses deux composantes sous conditions semi-arides. L'amélioration de l'une de ces composantes, réduit l'autre, avec des effets incontrôlés sur le rendement grain. Cet effet de compensation est d'autant plus important que ces deux composantes s'élaborent au cours de périodes différentes, subissant les stress à des intensités différentes.

Blum et Pnuel (1996), trouvent que sous stress hydrique et thermique, c'est la variation du nombre d'épis/m<sup>2</sup> qui est la cause de l'instabilité du rendement en grains. Ils observent que les variétés qui possèdent la capacité de compenser la variation du nombre d'épis/m<sup>2</sup> par le nombre de grains /épi sont plus stables et mieux adaptées sous stress. Fellah *et al.* (2002), montrent que la productivité sous stress comme sous conditions favorables est conditionné par le nombre de grains produits par unité de surface.

Le rendement grain est la résultante de la matière sèche produite durant la pré- et la post-anthèse. L'indice de récolte représente la proportion de la biomasse aérienne produite à maturité qui est le grain. Il mesure la capacité de la répartition de la biomasse produite entre la partie économique, qui est le grain et le reste de la plante représenté par la paille. Berger et Planchon (1990), estiment que la sélection de l'indice de récolte se traduit par des changements de l'architecture de la plante qui rendent cette dernière très sensible à la

variation environnementale en milieu erratique suite à la réduction de la hauteur de la paille au profit du nombre de grains par m<sup>2</sup>.

Sharma et Smith (1986), notent également que la sélection en F<sub>3</sub> d'un meilleur indice de récolte s'accompagne d'une réduction de la hauteur des plantes, de la durée semis-épiaison, et de la biomasse aérienne produite au stade maturité. Ils signalent une faible corrélation génétique entre l'indice de récolte et le rendement en grains. Ces auteurs concluent que l'utilisation de l'indice de récolte seul, comme critère de sélection est peu efficace pour améliorer indirectement le rendement en grains. Bouzerzour et *al.* (1998), étudient l'efficacité de la sélection sur la base de la biomasse aérienne et celle de l'indice de récolte chez l'orge. Ils notent que cette sélection n'est pas efficace à cause des effets dus à la variation de la durée semis-épiaison. Ils observent une variation des caractères et de leur niveau de contribution à la réalisation de la biomasse aérienne. Ainsi certaines années, les épis/m<sup>2</sup> contribuent le plus à la biomasse aérienne, en année favorable, alors qu'en années sèches, ce rôle est plutôt dévolu à la hauteur de la paille. El-Mourid (1988) et Sharma (1992), rapportent une relation positive et significative entre la biomasse aérienne accumulée au stade anthèse et le rendement.

De ce fait la biomasse présente un intérêt majeur en sélection au même titre que le rendement vu qu'elle apparaît comme un facteur limitant du rendement (Mekhlouf et Bouzerzour, 2000). Lofler et Busc (1982), trouvent une corrélation positive entre le rendement et la biomasse aérienne et entre le rendement et l'indice de récolte. Ils observent que la biomasse aérienne était positivement corrélée à une longue durée de la phase levée-épiaison. Ceci indique que la sélection de la biomasse aérienne améliore le rendement en grain mais allonge la durée du cycle de la plante. L'allongement de la durée levée-épiaison, n'est souvent pas désirable, lorsqu'on cherche à échapper aux stress de fin de cycle.

Dans cette biomasse, le poids de l'épi au stade épiaison est un bon indicateur du rendement potentiel à espérer lorsque le remplissage du grain se fait dans des conditions de croissance assez favorable. Selon Abbassene *et al.* (1998), la cinétique d'accumulation de la matière sèche de l'épi, du grain et de la tige, après l'épiaison, chez des variétés conduites en conditions semi-aride, laisse apparaître que le génotype productif se caractérise par une vitesse de remplissage des épis/m<sup>2</sup> assez élevée.

Bahlouli (1998), étudie l'efficacité de la sélection sur la base de la durée au stade épiaison. Il observe que l'efficacité de cette sélection reste soumise à la variation climatique interannuelle. Abbassenne et *al.* (1998), préconisent de sélectionner, pour les zones semi-arides d'altitudes, des géotypes tardifs à l'épiaison, précoces à maturité, qui se caractérisent par une bonne production d'épis par unité de surface et une bonne fertilité de l'épi ces deux composantes induisent un bon indice de récolte. De tels géotypes arrivent à compenser la courte phase de remplissage, induite par la tardivité au stade, par une meilleure vitesse de remplissage de grains produit par unité de surface et réussissent à donner des rendements acceptables.

Kervalla et *al.* (1991), font remarquer qu'ils existent peu de cas où le caractère sélectionné ne soit pas corrélé à aucun autre caractère. De ce fait la sélection multi-caractères est la seule capable de contrôler un ensemble de caractères et d'obtenir un progrès généralisé sur plus d'un caractère à la fois.

La biomasse aérienne, les composantes du rendement et l'indice de récolte apparaissent comme des caractéristiques associées à la productivité et de ce fait ils peuvent être utilisés comme critères de sélection pour améliorer indirectement le rendement grain en zones semi-arides. Cependant de nombreux travaux aboutissent à la conclusion que la sélection pour le rendement ou ses composantes est peu efficace en conditions environnementales défavorables, vu que la variance génétique et l'héritabilité sont, sous ces conditions, peu élevées (Mansouri, 2002). L'inefficacité du rendement grainier comme critère de sélection sous conditions environnementales difficiles conduit à définir et à mettre en œuvre une véritable stratégie de sélection permettant l'identification, la description, et la validation des caractères de tolérance, leur étude génétique, et la recherche de marqueurs moléculaires qui leurs sont associés (Eagles et *al.*, 2001 ; Hospital , 2001).

L'idéotype mono épi, proposé par Donald (1968), a stimulé la recherche sur la capacité de tallage herbacé (Winward et *al.*, 1983). Duggan et *al.* (2005), ont conclu que les cultivars mono talle se comportent mieux sous stress hydrique. Une capacité de tallage élevée est reconnue comme un bon critère dans les environnements semi-arides, où les géotypes à haut tallage produisent plus (Hadjichristodoulou, 1985). Une forte capacité de tallage herbacée peut être une source de surconsommation d'eau, laissant la phase de remplissage du grain se dérouler sous stress, ce qui réduit le rendement grain (Duggan et *al.*, 2000 ; Wang et *al.*,

2005). Une meilleure compréhension de la contribution du maître brin et des talles primaires au rendement grain peut aider dans le choix d'une architecture génotypique adaptée et productive (Elhani et *al.*, 2007).

Puri et *al.* (1982), font remarquer que la sélection sur la base des composantes est peu efficace à cause des phénomènes de compensation entre composantes. Ils mentionnent aussi le fait que la variation environnementale favorise l'expression d'une composante une année puis celle d'une autre composante, l'année suivante, ce qui réduit l'efficacité de la sélection. Ils mentionnent qu'à cause des variations des conditions de croissance d'une année à l'autre les corrélations phénotypiques sont très peu fiables pour être utilisées dans l'identification des caractères clés qui déterminent le rendement en grains sous climats variables. Ils suggèrent d'utiliser l'analyse des effets directs et indirects pour identifier les caractères qui sont à privilégier dans la sélection.

La sélection directe comme la sélection indirecte, sur la base des composantes et des caractères phéno-morphologiques, peut se révéler efficace dans certaines situations et pas dans d'autres, lorsque les interactions génotype avec l'environnement de sélection sont présentes. La sélection multi-caractères se révèle souvent plus efficace que celle basée sur un seul caractère. Parce qu'elle contrôle mieux la variation des caractères d'intérêt qui aide à une meilleure adaptation du génotype à la variabilité climatique de l'environnement de production. L'aspect adaptation doit être pris en compte dans le processus de sélection en milieu variable.

### **3.3. LA SÉLECTION POUR L'ADAPTABILITE**

L'adaptation fait suite à l'action modificatrice des facteurs extérieurs qui influencent le comportement et la structure de la plante. L'adaptation est définie aussi comme la capacité de la plante à croître et à donner des rendements satisfaisants dans des zones sujettes à des stress de périodicité connue (Papadakis, 1938). La notion d'adaptation se confond avec celle de résistance et de tolérance au stress. En fait, l'adaptation n'est que la résultante de la tolérance aux contraintes. Une plante adaptée est donc celle qui tolère ou résiste à un stress donné et réussie à produire à un niveau satisfaisant par rapport à une plante qui sera dite non adaptée (Ceccarelli, 1987).

Pour le sélectionneur une bonne variété doit être stable dans le temps et adaptée dans l'espace. La stabilité dans le temps la rend attractive pour l'agriculteur dont l'objectif est d'obtenir un haut rendement régulièrement. Par contre le semencier cherche une variété qui soit adaptée à une large zone de production pour intéresser le plus grand nombre d'agriculteurs (Witcombe *et al.*, 2004). Cependant, adaptabilité, stabilité et haut rendement grainier ne sont pas toujours positivement corrélées (Sinebo *et al.*, 2005).

Les variétés stables et adaptées sont les moins productives. Elles répondent moins à la fertilité du milieu (Menad *et al.*, 2009). Dans ce contexte, l'adaptabilité est liée à la tolérance des stress (Annichiarico *et al.*, 2002). De ce fait, la sélection pour l'adaptabilité reste basée sur les caractères indicateurs de la tolérance des stress.

Une croissance active en début du cycle nécessite une moindre sensibilité aux basses températures (Canterro-Martinez *et al.*, 1995). Elle améliore l'utilisation de l'eau et permet une production de biomasse aérienne plus importante. Par ailleurs, une moindre sensibilité à la photopériode permet à la variété d'épier plus tôt, et donc d'être moins exposée aux stress abiotiques de fin de cycle (Ceccarelli *et al.*, 1998). À l'opposé, les variétés ayant des besoins en vernalisation ou en longueur de jour élevée ont une croissance végétative importante qui ne s'exprime que tardivement lorsque leurs besoins photopériodiques et en froid sont satisfaits. Ces variétés sont, en général, assez tardives, ce qui leur permet d'esquiver les périodes de gel tardif ; en revanche, elles subissent les effets de la sécheresse et des hautes températures de fin de cycle (Mekhlouf *et al.*, 2006). La sélection pour la tolérance induit, certes, une baisse des rendements sous contrainte, mais cette baisse est cependant moins importante chez les génotypes tolérants comparativement à celle notée chez les génotypes sensibles (Fellah *et al.*, 2002; Bahlouli *et al.*, 2005).

L'utilisation optimale de l'humidité du sol, par la culture, est liée à l'indice foliaire qui s'établit au cours du cycle et à sa modulation en fonction de l'intensité des stress prévalant (Simane *et al.*, 1993; Tardieu, 2003). Les critères physiologiques restent très difficiles pour une utilisation sur un grand nombre de lignées comme il est de coutume en sélection. De ce fait les sélectionneurs restent très attachés aux caractères dont la mesure est facile et possible sur des centaines de sujets.

### **3.4. LA SÉLECTION ASSISTÉE PAR MARQUEURS MOLECULAIRES (SAM)**

#### **3.4.1. Intérêt de la sélection assistée par marqueurs moléculaires**

Le développement des marqueurs moléculaires durant ces dernières années offre la possibilité d'établir de nouvelles approches pour améliorer les stratégies de sélection (Gupta *et al.*, 1999). En sélection classique, chaque lignée est examinée à travers son aspect phénotypique qui est la résultante de l'expression des gènes dans un milieu donné.

Il est important pour le sélectionneur de connaître l'aspect purement génétique du caractère étudié, indépendamment de son expression. Lorsqu'un gène mutant contrôlant un caractère d'intérêt est identifié, il est immédiatement localisé sur la carte génétique, après une série de croisements qui permettent d'établir le taux de recombinaison du gène d'intérêt avec les gènes qui lui sont liés. Ce gène mutant devient à son tour un marqueur pour les gènes qui lui sont liés. L'utilisation des gènes marqueurs pour sélectionner des caractères d'intérêts désirables est dite sélection indirecte (Kotzamanidis *et al.*, 2008). Dans ce contexte de nombreux marqueurs biochimiques ou moléculaires ont été développés.

Ce type de sélection est particulièrement avantageux lorsque le caractère étudié est difficile, coûteux à évaluer ou influencé par les conditions climatiques. Lorsque le sélectionneur cherche à anticiper les problèmes, par exemple pour améliorer la résistance contre des maladies dans des régions où le pathogène n'existe pas encore, l'emploi de la SAM est incontournable (Feuillet *et al.*, 2003).

En effet, les marqueurs moléculaires deviennent un outil essentiel dans les programmes de sélection des blés. L'apparition des marqueurs moléculaires a permis l'élaboration de méthodologie pour localiser des gènes chez les blés, ceci devrait aboutir à l'établissement des cartes de marqueurs moléculaires qui permettent de localiser les loci contrôlant le rendement, la qualité et la tolérance aux principaux stress abiotiques, ce qui améliore l'efficacité de la sélection (Gupta *et al.*, 1999). Son application débute dans les programmes d'amélioration des plantes pour la détection de lignées résistantes aux maladies, pour « pyramider » les gènes et pour l'identification des QTL d'intérêt à déterminisme génétique simple (Feuillet *et al.*, 2003). La SAM, peut également aider à accumuler dans une plante des gènes de résistance complémentaires pour une même maladie, de façon à obtenir une résistance multigénique qui sera potentiellement plus stable car plus difficile à contourner par le pathogène.

La SAM, devient de plus en plus un complément nécessaire aux schémas de sélection classique d'amélioration des céréales (Hospital, 2001). L'utilisation des marqueurs moléculaires renforce la sélection classique. Cette technique a été utilisée de manière avantageuse dans l'amélioration de la résistance aux maladies et aux insectes (Langridge et al., 2001). Les marqueurs sont, en effet, considérés comme des caractères liés au caractère principal à sélectionner. Elle identifie et étiquette les gènes d'intérêts. Elle améliore la gestion et la manipulation de la variabilité génétique pour construire des génotypes cumulant des gènes favorables.

Grâce aux marqueurs nucléaires, il devient, en effet possible, d'une part, de mieux lire le génotype à travers le phénotype et, d'autre part, de contrôler les recombinaisons entre loci ciblés (Jones et al., 1997 ; Bartels et Sunkar, 2005). Ceci est d'autant plus intéressant que les marqueurs moléculaires sont relativement peu influencés par la fluctuation environnementale. Ils sont aussi indépendants de l'organe mesuré ou analysé et du stade de développement du sujet concerné (Eagles et al., 2001 ; Najimi et al., 2003).

La SAM, présente encore un grand intérêt dans les programmes d'introgression destinés à modifier de manière ciblée un matériel génétique existant, en remplaçant un segment chromosomique initial par un segment porteur de caractéristiques favorables provenant d'un autre matériel. Cette approche suppose de croiser deux lignées, l'une considérée comme le parent donneur, l'autre comme le parent receveur, puis d'éliminer progressivement par rétro-croisements successifs (*back-cross*) le génome du parent donneur, tout en conservant de façon ciblée le segment d'intérêt. Les marqueurs moléculaires sont basés sur le polymorphisme naturel qui a pour origine l'ADN lui-même et les mécanismes qui lui sont associés dont les phénomènes de délétions, substitutions, additions et patterns (Lamkeya et al., 1993).

Les marqueurs moléculaires sont utilisés pour élaborer des cartes génétiques où chaque chromosome est représenté sous forme d'un ensemble de marqueurs moléculaires dont l'ordre et l'espacement sont déterminés en comparant les individus de la descendance d'un croisement. Les caractères mono-géniques sont transmis de façon simple à la descendance d'un croisement. Il suffit que le gène responsable soit transmis à une partie de la descendance pour que celle-ci ait le caractère désiré. Même si la séquence du gène responsable du phénotype intéressant n'est pas connue, ce gène peut être localisé sur une carte génétique et entouré de marqueurs moléculaires.

A l'opposé, les caractères correspondant à la combinaison de l'action de plusieurs gènes sont dits «quantitatifs». Les régions chromosomiques impliquées dans l'expression de ces caractères quantitatifs (QTL: *Quantitative Trait Loci*) peuvent être localisées sur une carte génétique à l'aide de méthodes statistiques, et repérées par des marqueurs moléculaires. Paterson *et al.* (1991), montrent l'existence de QTL spécifiques pour l'adaptation à certains milieux. Lorsque les QTL sont identifiés, le sélectionneur peut repérer les plantes intéressantes dans la descendance d'un croisement en se basant sur la présence des marqueurs moléculaires proches des gènes contrôlant les caractères recherchés.

Grâce aux marqueurs génétiques, il devient possible d'une part d'établir l'empreinte génétique d'un individu, et de suivre les gènes impliqués dans l'expression de caractères d'intérêt agronomique ou technologique (Langridge *et al.*, 2006).

### **3.4.2. Principaux types de marqueurs moléculaires**

Un marqueur moléculaire est un locus polymorphe qui renseigne sur le génotype de l'individu qui le porte. Un bon marqueur doit être à hérédité simple, multi-allélique et co-dominant. Les marqueurs moléculaires correspondent donc au polymorphisme révélé au niveau de l'ADN. L'analyse de ce polymorphisme par les techniques de biologie moléculaire s'adresse à l'ensemble du génome, qu'il soit ou non traduit en protéines, et est indépendante des conditions de l'environnement.

De nombreuses techniques de marquage moléculaire sont aujourd'hui disponibles, et de nouvelles sont régulièrement publiées (Gupta *et al.*, 2001; Langridge *et al.*, 2001; Rafalski, 2002 a, b). Ces techniques de marquage peuvent être regroupées en deux grandes catégories : les marqueurs de type RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisme) et les marqueurs basés sur la méthode PCR (Polymerase Chain Reaction). Le choix du système de marquage dépend de l'objectif précis fixé, des moyens et des compétences disponibles au laboratoire.

#### **3.4.2.1. Marqueurs RFLP**

La technique RFLP développée par Botstein *et al.*(1980) repose sur la mise en évidence de la variabilité de la séquence nucléotidique de l'ADN génomique après digestion par des enzymes de restriction. Une multitude de fragment d'ADN de tailles variables est générée par digestion enzymatique puis séparée sur gel d'agarose et transférée par capillarité sous forme

dénaturée sur une membrane de nylon. Cette membrane est mise en contact avec une solution contenant un fragment d'ADN ou sonde qui permet de repérer par hybridation moléculaire, des fragments d'ADN génomique qui lui sont homologues. La différence entre deux génotypes est révélée par autoradiographie.

Le polymorphisme détecté est dû à des mutations au niveau des sites de restriction de l'enzyme (polymorphisme du site de restriction) et/ou des délétions/insertions d'un fragment d'ADN au voisinage de la zone génomique reconnue par la sonde. C'est le couple sonde/enzyme qui constitue le marqueur. Bien que cette technique soit co-dominante et permet une analyse génétique complète, elle est lente et laborieuse. Les étapes de transfert et d'hybridation empêchent une automatisation du travail.

### **3.4.2.2. Marqueurs de type PCR**

Le développement de la technique PCR offre l'avantage d'analyser les marqueurs moléculaires en un temps court tout en utilisant des concentrations faibles d'ADN. Les marqueurs basés sur la technique PCR tendent à remplacer les systèmes classiques (les marqueurs morphologiques, iso-enzymatiques et RFLP) et deviennent très nombreux. Les plus largement utilisés chez le blé sont les microsatellites ou SSR (Simple Sequence Repeat) ; l'AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) et la RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA).

#### **3.4.2.2.1. Les microsatellites ou SSR**

Ils sont constitués de séquences de di-, tri- ou tétra- nucléotides répétés en tandem. Ces éléments sont uniformément répartis en plusieurs exemplaires sur l'ensemble du génome d'une espèce et présentent un taux de polymorphisme élevé. Ce polymorphisme repose sur la variation du nombre d'unités de répétition constituant le microsatellite.

L'analyse des produits amplifiés s'effectue sur gel d'acrylamide. C'est la paire d'amorces spécifiques des bordures droite et gauche du microsatellite qui constitue le marqueur. Si les SSR constituent de bons marqueurs moléculaires (reproductibles, co-dominants et aisés d'utilisation), leur caractérisation initiale est toutefois assez lourde. En effet, leur production doit passer d'abord par le clonage et le séquençage des ces éléments répétés (Morgante et Olivieri, 1993).

#### **3.4.2.2.2. La technique AFLP**

Elle est fondée sur la mise en évidence conjointe de polymorphisme de sites de restriction et d'hybridation d'amorces arbitraires. Cette technique utilise à la fois les enzymes de restriction et l'amplification PCR. L'ADN génomique est clivé par deux enzymes de restriction. Des adaptateurs de séquences connues et spécifiques des enzymes de restriction utilisées sont ajoutés aux extrémités des fragments de restriction générant ainsi une matrice pour l'amplification. Une première amplification, dite pré-amplification, est réalisée à l'aide d'amorces de séquences complémentaires à la séquence des adaptateurs et des sites de restriction. La deuxième amplification, dite sélective, utilise des amorces identiques aux premières mais prolongées à l'extrémité 3' de quelques nucléotides arbitraires (de 1 à 3 nucléotides). Ainsi, seuls sont amplifiés les fragments possédant les bases complémentaires de ces bases arbitraires.

Ces amorces sélectives permettent de réduire le nombre de fragments amplifiés à une centaine. Ces fragments sont séparés par électrophorèse sur gel d'acrylamide dénaturant puis visualisés par coloration au nitrate d'argent ou révélés grâce à un marquage radioactif ou fluorescent réalisé lors de l'amplification sélective. C'est la combinaison enzyme de restriction/amorce qui permet de révéler le polymorphisme entre les individus et constitue donc le marqueur AFLP.

Cette technique est puissante, stable et rapide. En outre, l'AFLP ne nécessite aucune connaissance préalable des séquences du génome de la plante étudiée ni la construction des banques génomiques ou cDNA, à l'encontre des SSR ou des RFLP. Toutefois, la dominance, le coût élevé et les difficultés techniques liées au marquage par AFLP limitent son utilisation à grande échelle pour des applications comme la sélection assistée par marqueurs (Vos et *al.*, 1995).

#### **3.4.2.2.3. La technique RAPD**

Elle consiste à l'amplification par PCR de fragments de l'ADN génomique en utilisant des amorces arbitraires de taille courte (10 pb). Une amorce RAPD permet généralement l'amplification d'une dizaine de fragments correspondant à des locus dominants. Les produits d'amplification sont généralement visualisés par électrophorèse sur gel d'agarose.

Le polymorphisme décelé est dû à des mutations soit dans les régions amplifiées soit au niveau des sites de fixation des amorces. Le polymorphisme révélé est un polymorphisme de sites d'hybridation d'amorce (Williams et *al.*, 1990). Les amorces constituent donc les marqueurs. Cette technique est simple, rapide et ne nécessite ni un marquage radioactif ni une connaissance préalable de la séquence nucléotidique. Néanmoins, la RAPD manque de reproductibilité puisqu'elle est très sensible à la concentration de l'ADN et aux conditions d'amplification.

L'analyse des variations des séquences de l'ADN est aujourd'hui abondamment exploitée pour la cartographie génétique, l'étiquetage de gènes ou encore l'analyse des populations (analyse de diversité génétique, étude d'évolution, etc.).

Parmi ces marqueurs, les microsatellites ou les SSR sont réputés être les plus performants pour des analyses de diversité dans de vastes collections de ressources génétiques. Ce sont des séquences de quelques nucléotides (1 à 6) répétés en tandem, abondamment dispersées à travers tout le génome, multi-alléliques, co-dominants et facilement amplifiables par PCR.

### **3.5. AMELIORATION GENETIQUE POUR LA RESISTANCE AUX MALADIES**

La résistance aux maladies porte sur les rouilles (*Puccinia tritici*), la septoriose (*Septoria tritici*) et la tâche bronzée (*Pyrenophora tritici*). Les sélectionneurs tentent aussi de maintenir une résistance stable aux taches foliaires, aux maladies transmises par les semences et à la fusariose de l'épi. Il existe des gènes de résistance aux ravageurs, notamment à la cécidomyie orangée du blé (*Sitodiplosis mosellana*), au cèphe du blé (*Cephus cinctus*) et à la mouche de hesse (*Mayetiola destructor*) (Lamb et *al.*, 2002; Clarke et *al.*, 2002).

#### **3.5.1. Contrôle génétique de la résistance**

Bien que certains cas paraissent intermédiaires, les mécanismes de résistance se répartissent en deux groupes : une résistance complète et une tolérance qui se manifeste surtout par un ralentissement de la prolifération du parasite et par des symptômes moins graves. Le contrôle génétique est surtout étudié pour les rouilles et autres infections disséminées dans l'atmosphère, mais les mécanismes se sont souvent révélés comparables pour d'autres cryptogames, des virus, insectes, nématodes et même angiospermes parasites.

- **Résistance spécifique :** Cette résistance, appelée aussi verticale, est en principe totale, mais n'est efficace qu'à l'égard de certaines souches du parasite. Elle s'explique par une interaction entre molécules des deux partenaires. Cette interaction se traduit généralement par une réaction d'hypersensibilité impliquant la destruction presque immédiate des cellules végétales autour du site d'infection et la mort de l'agent pathogène. Souvent sont impliqués des phytoalexines, antibiotiques de nature généralement phénolique, dont la synthèse est induite localement par des « éliciteurs » émis par le parasite. Cette faculté de réaction de la plante dépend d'un gène, le plus souvent dominant.

La résistance verticale disparaît si le parasite devient virulent, c'est-à-dire s'il ne produit plus, à la suite d'une mutation, le signal qui déclenche la réaction de la plante. La résistance verticale ne protège que temporairement une plante de grande culture contre des agents pathogènes endémiques, polymorphes et qui possèdent une grande capacité de dissémination.

- **Résistance non spécifique:** ou horizontale cette forme de résistance se manifeste par une inhibition variable, mais partielle, de l'infection par les différentes souches d'un parasite. Elle est contrôlée par un nombre indéterminé de gènes dont l'action exacte est diverse, mais pour une bonne part inexpliquée. Cette résistance est stable, parce que le parasite ne s'y adapte pas. Lorsqu'une population végétale reste en présence d'un parasite, sa résistance s'accroît progressivement par accumulation de gènes horizontaux. Au contraire, ceux-ci tendent à disparaître si le parasite est absent ou si la population est protégée par un pesticide ou par un gène vertical.

### 3.5.2. Amélioration de la résistance

La résistance spécifique étant contrôlée par des gènes majeurs dominants, l'amélioration est facile. L'introduction d'un gène de résistance à l'égard d'une souche de l'agent pathogène à partir d'une espèce ou d'une variété résistante se fait par backcross. Il faut toutefois se souvenir que cette introgression n'a pas d'intérêt si le parasite est capable de s'adapter rapidement.

Dans certains cas, on a pu protéger des variétés de façon durable en y accumulant préventivement deux ou trois gènes de résistance; ces gènes représentent, pour le parasite, un obstacle qui ne peut être surmonté que par la mutation de deux ou trois de ses propres gènes.

L'amélioration de la résistance non spécifique est souvent indispensable, mais elle est plus difficile, à cause de la difficulté d'identifier les gènes. On peut espérer trouver ces gènes dans des populations d'origines diverses, soumises à l'action du pathogène et non protégées par des gènes majeurs. Les populations hybrides seront cultivées en présence de cet agent pathogène, de façon à accumuler les gènes de résistance. La sélection récurrente est aussi possible.

### **3.6. CHOIX DES PARENTS POUR CONCILIER PRODUCTIVITE ET ADAPTATION**

Vu que les parents transmettent leurs gènes à leurs descendances et que le comportement de la descendance est lié aux différents gènes qu'elle porte, plusieurs études ont tenté de prédire le comportement de la descendance en fonction de celui des parents. Ces tentatives ont été couronnées de succès dans le domaine du transfert de la résistance aux maladies cryptogamiques et de la qualité technologique, mais elles ont été peu concluantes en ce qui concerne le rendement et d'une manière générale tous les caractères à hérédité complexe.

Selon Murphy et *al.* (1982), lorsque l'objectif est d'améliorer le rendement en grain, le choix des lignées parentales à croiser doit tenir compte des caractéristiques suivantes :

- La diversité génétique ;
- La diversité géographique ;
- L'aptitude générale à la combinaison ;
- La valeur propre pour les caractères d'intérêt.

Une différence phénotypique élevée entre les parents pour le ou les caractères d'intérêt est indicatrice d'un contrôle polygénique. La descendance du croisement entre de tels parents montre une plus grande variabilité phénotypique, ce qui rend la sélection plus aisée (He Zhong, 1991). La caractérisation des géniteurs potentiels est donc nécessaire pour aider au choix des parents à croiser.

La diversité génétique est déterminée par des analyses multi-variées, comme l'analyse en composantes principales, l'analyse factorielle discriminante ou l'analyse en grappe (Cluster analysis) qui mesurent la distance phénotypique entre les différentes lignées ou groupe de génotypes utilisables comme géniteurs (Bhatt, 1973; He Zhong, 1991). He Zhong (1991), compare la performance de la descendance des parents divergents, choisis parmi les groupes issus de l'analyse multi-variée faite sur 12 caractères mesurés, sur les caractères jugés comme

étant essentiels par le sélectionneur, et sur la base des caractères qui ont un coefficient d'héritabilité élevé. Il note que la descendance des parents qui se distinguent par de bonnes valeurs agronomiques et qui sont bien adaptés produit une hétérosis très élevée malgré une distance génétique assez faible. Le degré d'expression de l'hétérosis est donc plus dépendant, dans certaines situations de la combinaison hybride que de la distance génétique qui sépare les parents croisés.

Bhatt (1973), compare quatre méthodes du choix des parents. Dans la première, un parent est choisi sur la base de ses performances et le second le complète pour l'adaptation au milieu de production. Dans la seconde, le choix est basé sur la distance génétique mesurée par le  $D^2$  de Malahanobis. Les parents dans la troisième méthode sont géographiquement très divergents et dans la quatrième ils sont sélectionnés au hasard parmi les géniteurs potentiels. Il observe que les parents très distants génétiquement donnent une descendance qui se distingue par une large variabilité phénotypique et produisent des lignées F5 transgressives au meilleur parent. Murphy et *al.*(1982), suggèrent l'aptitude générale à la combinaison des parents à choisir au fin de croisement, doivent être significative, ou à la limite leur somme doit être significative et dans le sens désiré de l'amélioration du caractère. Sampson (1976), note que la valeur propre du parent moyen prédit suffisamment celle de la descendance et de ce fait, il suggère que cette caractéristique doit être utilisée pour choisir les parents à croiser.

Pour améliorer le rendement en grains, le choix des parents est généralement fait sur la base des composantes du rendement. Pour améliorer l'adaptation, le choix est plus complexe, suite au nombre des paramètres phéno-morpho-physiologiques qui semblent intervenir dans ce phénomène. L'adaptation est associée à la performance de rendement en grains sous stress. Sayre et *al.*(1997), trouvent qu'un haut rendement en grains sous stress est associé avec une nette précocité à maturité et une moindre variation de la hauteur des plantes en fonction des environnements. Pour tenter d'améliorer le niveau de la régularité du rendement en grains, le choix des parents doit être fait sur la base de plusieurs caractéristiques dont le rendement en grains, la phénologie, la hauteur de la paille, l'efficacité de l'utilisation de l'eau, le nombre de grains par épi et la vitesse de remplissage du grain.

Les caractères qualitatifs concernent surtout le grain et englobent le poids spécifique, le taux d'extraction, la teneur protéique, la force du gluten et les propriétés meunières de la farine. L'analyse des protéines de réserve du blé devrait aussi permettre d'obtenir des blés ayant des

propriétés technologiques nouvelles ou répondant à une valeur alimentaire spécifique. Ainsi, l'étude des collections d'origine très diversifiée a permis de découvrir dans l'espèce blé tendre des allèles nuls (absence de synthèse protéique) pour la plupart des locus codant pour les protéines de réserve. L'introduction de plusieurs de ces allèles nuls au sein d'un même génotype donnera un blé partiellement (ou totalement) dépourvu d'une famille de protéines (gluténines LMW, ou HMW ou  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\omega$  ou  $\omega$ -gliadines). Ces blés, obtenus en utilisant la variabilité génétique naturelle, devraient posséder des propriétés technologiques originales, puisque, pour le moins, leur rapport gliadines/gluténines sera fortement changé. De plus ces protéines sont aussi impliquées dans l'allergie au gluten (maladie cœliaque notamment). Mais il est peu probable que le grain (sans gluten) ainsi obtenu soit viable, car il serait alors dépourvu de sa réserve en acides aminés indispensables à la germination. Les sélectionneurs utilisent dans le cas de blé tendre les marqueurs de six locus (*Glu-A1*, *Glu-B*, *Glu-D1*, et *Gli-A1*, *Gli-B*, *Gli-D1*) pour :

- L'identification des allèles présents dans les collections de blé ;
- Le choix des blés à retenir comme parents des croisements en vue d'améliorer la qualité technologique ;
- La sélection des génotypes dans les descendants ;
- La recherche et l'identification des hybrides.

Le processus de création d'une nouvelle variété commence par la production d'hybrides F1 par croisement de deux parents ou plus. Les sélectionneurs doivent veiller à ce que tous les parents servant au croisement possèdent collectivement la majorité des caractères recherchés pour la nouvelle variété. Dans le cas des populations autogames, la génération F2 dérivée de l'autofécondation des sujets F1 affiche une grande variabilité génétique.

## Chapitre IV. Evaluation de la qualité du blé tendre

### 4.1. CLASSIFICATION DES PROTEINES DE RESERVE DU BLE

Depuis 250 ans, les protéines de réserve composant le grain des céréales, ont attiré l'attention de nombreux chercheurs, quand Beccari en 1745 s'est intéressé aux protéines du gluten du blé (Bailey, 1941). La première classification, caractérisation et nomenclature des différentes protéines qui se trouvent dans l'endosperme du grain de blé a été proposée par Osborne, qui avec une extraction séquentielle, les a classées selon leur solubilité. Les albumines solubles dans l'eau, les globulines solubles dans les solutions salines, les gliadines solubles dans une solution eau/éthanol et les gluténines partiellement solubles dans les solutions diluées d'acide et dans certains détergents ou dissociant (Osborne, 1907). Cette première classification a été la base pour la classification moderne de ces protéines de réserve.

Le gluten, composé de prolamines, glutamines et gliadines, constitue la fraction la plus importante des protéines de farine du blé, jusqu'à 80% -85% des protéines de l'endosperme du grain, et lui confère les propriétés de viscoélasticité et cohésion qui donnent tout l'intérêt à la pâte pour la fabrication industrielle et artisanale d'un nombre extraordinaire diversifié d'aliments : pain, biscuits, couscous, pâtes alimentaires et autres produits dérivés. Ce qui fait du blé l'une des céréales les plus importantes économiquement.

Selon les propriétés de ce réseau protéique et les interactions qui se mettent en place avec l'amidon, certains blés seront particulièrement aptes à la fabrication du pain ou des biscuits (blés tendres); d'autres conviendront mieux à la fabrication de pâtes alimentaires (blés durs). La farine du blé est obtenue par mouture du grain, elle constitue 60% de son poids total. Elle est constituée principalement d'amidon, eau, protéines, avec une quantité minime de polysaccharides et lipides. La qualité de la farine dépendra aussi bien de la quantité que des caractéristiques des composées qui la constituent.

Les blés sont généralement classés en catégories de valeurs technologiques, en fonction des utilisations auxquelles ils sont aptes. On distingue :

- Les blés de force;
- Les blés de bonne valeur boulangère;
- Les blés courants;

- Les blés présentant quelques défauts corrigibles ;
- Les blés biscuitiers ;
- Les blés fourragers.

Selon l'année et le lieu de culture, les blés de chacune de ces catégories peuvent passer d'une classe à l'autre. Les blés de force ont une teneur en protéines généralement plus élevée que les blés ordinaires (13-14% contre 11-12%) de part l'antagonisme entre le rendement et la teneur en protéines du grain, les blés de force ont une productivité généralement moins élevée.

#### **4.2. COMPOSITION BIOCHIMIQUE DU GRAIN DE BLE TENDRE**

A maturité les principales substances que contient le grain de blé sont: les glucides, les lipides, les sels minéraux, les vitamines, les enzymes et autres substances susceptibles de jouer un rôle dans l'alimentation humaine (Cheriet, 2000). Le grain est constitué principalement de glucides (amidon et fibres, 65-75%) et de protéines (8-17%), selon les variétés et les conditions de culture, mais aussi de lipides (2-6%), d'eau (12-14%) et de micronutriments (Pomeranz, 1988; Kent & Evers, 1994). Ces constituants se répartissent de manière inégale au sein des différentes fractions histologiques du grain.

Les différentes variétés de blé peuvent être classées d'un point de vue technologique selon la texture de leur albumen et leur teneur en protéines, caractéristiques qui conditionnent le rendement en farine lors de la première transformation et la qualité culinaire des produits de seconde transformation. Ces critères de classification sont sous l'influence, à la fois, de facteurs génétiques et environnementaux (Kent & Evers, 1994). La composition chimique d'un grain de blé, est influencée par un certain nombre de facteurs tels que: le climat, la variété, la nature du sol, les amendements et les techniques culturales (Selselet, 1991).

La dureté, propriété mécanique qui se réfère à la texture, traduit la cohésion du grain. Chez le blé tendre, elle est génétiquement contrôlée par le gène Ha (Symes, 1965; Baker, 1977). Ce gène est localisé sur le bras court du chromosome 5D (Chowdhury & Wardlaw, 1978). Les allèles du gène de la dureté sont également présents sur les chromosomes 5A et 5B du blé hexaploïde, mais ne sont pas exprimés. C'est pour cette raison que les blés durs tétraploïdes dépourvus du génome D sont plus durs que les blés hexaploïdes. Il existe trois classes de dureté qui séparent les espèces et les variétés de blé : soft et hard pour les hexaploïdes et dur pour les tétraploïdes.

#### **4.2.1. Eau**

L'eau est un constituant instable et son taux est susceptible de varier dans le temps, suite aux échanges avec l'atmosphère, ou entre les particules constituant le produit (I.T.C.F, 1995). Le taux d'humidité de la graine est un facteur important de conservation et de stockage. Un taux d'humidité inférieur à 14 %, prolonge la durée de conservation du grain et diminue les risques de son altération par les micro-organismes (Bouleghie *et al.*, 2002).

#### **4.2.2. Glucides**

Les glucides sont pondéralement, les constituants majeurs du grain de blé. Ils représentent environ 80% de la matière sèche totale répartie en polysaccharides (Godon *et al.*, 1994). L'amidon constitue 70 % du grain, il se présente sous forme de poudre blanche, il est composé de deux molécules ; l'amylopectine A1 et l'amylose A2. Lorsque l'amidon est chauffé à 60°C, il se présente sous la forme d'une masse gélatineuse transparente et collante. L'amidon ne se dissout pas dans l'eau froide, ni dans l'alcool ni dans l'éther. L'amidon se retrouve en totalité dans l'albumen amylicé, les protéines et les lipides dans le germe et la couche à aleurone (Hemery *et al.*, 2007). L'amidon est hydrolysé par les enzymes ( $\alpha$  et  $\beta$  amylase).

On estime que les pentanes interfèrent dans la structuration du complexe de gluten alors au pétrissage, ils contribuent à l'expansion du pain (Allen *et al.*, 1974). Ils se lient, non seulement aux protéines, mais aussi à des lipides (Glycoliques), et les grandes molécules ainsi créées sont fixatrices d'eau. Les pentoses solubles et insolubles, n'ont pas exactement les mêmes effets, les premiers ont un effet positif en panification et les autres ont un effet inverse (Bouleghie *et al.*, 2002).

#### **4.2 3. Protéines**

Le blé a généralement une teneur en protéines de l'ordre de 11 à 14 % (FAO, 1990). Les protéines du blé sont divisées selon leurs caractéristiques biologiques et leur localisation dans le grain, on distingue ainsi deux classes de protéines : les protéines métaboliques avec les albumines et les globulines (15-20% des protéines) et les protéines de réserve avec les gliadines et les glutamines (80-85% des protéines) (Wrigley & Bietz, 1988).

Les albumines-globulines, encore appelées protéines solubles, sont constituées d'un grand nombre de protéines se différenciant par leurs propriétés physico-chimiques (poids moléculaire, point isoélectrique, acides aminés) et fonctionnelles (activités enzymatiques :  $\alpha$  et  $\beta$  et amylase, protéases, oxydoréductases ; inhibiteurs enzymatiques, pouvoir émulsifiant et moussant). On les retrouve dans l'ensemble des différents compartiments de la graine.

Les gliadines et les glutamines, aussi appelées prolamines en raison de leur richesse en proline et en glutamine, représentent une source d'acides aminés pour la germination et pour le développement de la graine (Richard et *al.*, 1996). Ces protéines de réserve sont majoritairement localisées au sein de l'albumen amyloacé, ce sont les fractions les plus importants quantitativement et qualitativement du point de vue technologique.

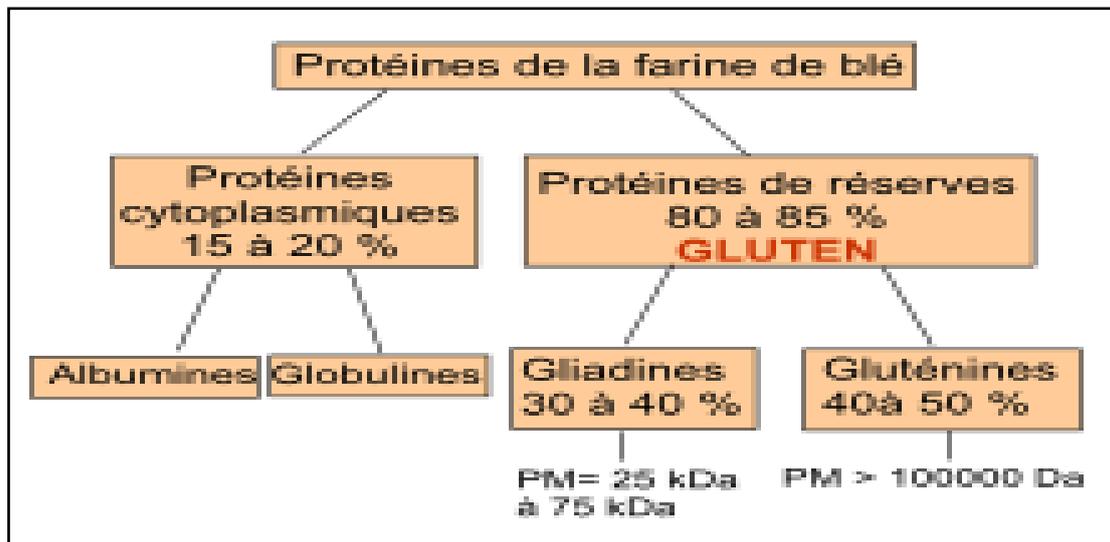


Figure 9 Protéines de la farine de blé (d'après Debiton, 2010).

#### 4.2.4. Matières minérales

La teneur de la farine du grain en minéraux est peu importante 0,45 à 0,60 %. Les matières minérales de la farine sont : potassium, phosphore, magnésium et soufre. Environ 95 % des sels minéraux des céréales sont à base du phosphore et du potassium (tableau 5). La pureté de la farine se juge d'après sa teneur en résidu minéral. Comme les matières minérales existent en plus grande quantité dans les enveloppes, on conclut qu'après calcination de la farine moins il y a de cendres, plus la farine est pure.

**Tableau 5:** composition minérale du grain de blé.

<b>Matière minérale</b>	<b>g/100g de M.S</b>
Potassium	0.45
Phosphore	0.43
Magnésium	0.18
Calcium	0.04

#### 4.2.5. Vitamines

Le grain de blé tendre contient principalement, les vitamines du groupe B (B1 et B2) et l'acide nicotinique (Chardouh, 1999). La totalité des vitamines initialement présentes dans le grain se trouve au niveau de la farine environ : 20 % de la vitamine (B6), 25 % de biotine, 30 % d'acide nicotinique (B1), 55 % de l'acide pantothénique (B12) et 70 % de la vitamine E (Bornet, 1992).

#### 4.2.6. Enzymes

Les enzymes sont présentes en petites quantités. Les plus courantes sont les  $\alpha$  et  $\beta$  amylase, les protéases, les lipases, les lipoidoses, les amylases, les peroxydases et les catalases (Cheftel, 1977).

### 4. 3. LES PROTEINES DE RESERVE DU BLE

Les protéines de réserve du riz et du blé constituent la principale base alimentaire à travers le monde. Ces protéines sont synthétisées et accumulées dans l'endosperme au cours du développement de la graine pour leur utilisation dans la germination éventuelle de la graine. Elles sont composées de 10% d'albumine et de globuline et de 90% de gluten (Schofield et Bottomley, 1983).

A l'état natif le gluten est un polymère formé de gliadines et de gluténines (Shewry et *al.*, 1984). Les gliadines et les gluténines confèrent les propriétés viscoélastiques à la pâte du blé. L'élasticité et la ténacité du gluten sont généralement des propriétés attribuées à la présence des gluténines, alors que sa viscosité est associée à celle des gliadines (Tatham et Shewry, 1985). De ce fait, la structure, les propriétés et la génétique de ces protéines ont fait l'objet de plusieurs travaux afin de déterminer la base biochimique et moléculaire de ses propriétés fonctionnelles, et l'améliorer par des méthodes d'amélioration conventionnelle, des méthodes d'optimisations agronomiques, des procédures de transformation et le génie génétique.

Les prolamines sont caractérisées par leur composition riche en résidus proline et glutamine, dont la proportion cumulée de ces deux résidus varie entre 30 et 70 % selon les différentes céréales (Shewry et *al.*, 2003). Actuellement, les protéines du gluten sont classées, selon leur fonctionnalité, en gliadines monomériques et gluténines polymériques (MacRitchie et Lafiandra, 1997). Ces dernières se différencient en sous-unités de glutamines de haut poids moléculaire (HMW) et sous-unités de glutamines de faible poids moléculaire (LMW).

Une autre façon de classer les protéines a été réalisée par Shewry et *al.* (1986), qui divisent les prolamines en trois groupes: les protéines pauvres en S- (protéines monomériques,  $\omega$ -gliadines), les protéines riches en S- (comprennent les  $\alpha$ - et  $\gamma$ -gliadines monomériques et les polymériques gluténines de faible poids moléculaire) et les protéines gluténines de haut poids moléculaire (HMW).

Les gliadines (40% des protéines totales) sont subdivisées en quatre groupes selon leur mobilité électrophorétique à pH acide :  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$ - et  $\omega$ - gliadines (Woychik et *al.*, 1961), sont des protéines monomériques dont les ponts disulfures sont intramoléculaires (MacRitchie, 1985). Les  $\alpha$ - et  $\beta$ - gliadines (44-60% des gliadines totales) sont très souvent assimilées à une seule catégorie car elles sont assez proches d'un point de vue génétique mais aussi structural (Wieser et *al.*, 1994). Les  $\gamma$ - gliadines (30-45%) ont une composition en acides aminés très proche de celle des  $\alpha/\beta$ - gliadines. Alors que, les  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$ -gliadines contiennent moins de glutamine et de proline. Mais elles sont riches en acides aminés soufrés avec des poids moléculaires variant de 30kDa à 60kDa. Les  $\omega$ - gliadines (6-20%) se différencient des autres gliadines par moléculaire (55-75 kDa), leur teneur très élevée en résidus glutamine (40-53%) et proline (20-30%) et par l'absence de cystéine (Wieser et *al.*, 1994). Elles sont séparées, selon leur mobilité électrophorétique et leur liaison N-terminale en  $\omega_1$ - et  $\omega_2$ - gliadines ( $\omega$  lentes) et  $\omega_5$ - gliadines ( $\omega$  rapides) (Kasarda et *al.*, 1983).

#### **4. 3.1. Gluténines**

En plus de représenter 40 à 50% des protéines de réserve totale du grain, elles jouent un rôle déterminant dans la qualité de la farine du blé (Gupta et *al.*,1990; Payne et *al.*, 1987; Wrigley et Bietz, 1988). Les gluténines sont des polymères de protéines qui comprennent de grandes molécules hétérogènes, formées par l'agrégation de 20 sous-unités liées par des ponts bisulfures.

Les ponts bisulfures intra et intermoléculaires jouent un rôle majeur dans l'établissement de la structure tridimensionnelle des sous-unités de gluténines et de leur degrés de polymérisation (Shewry *et al.*, 1995). Ces liaisons sont rompues en contact avec des agents réducteurs, donnant lieu à différentes sous-unités, qui peuvent être classées en quatre groupes selon leur mobilité électrophorétique en SDS-PAGE : le groupe A correspond aux gluténines à haut poids moléculaire (HMW), avec un poids moléculaire entre 80 000-120 000 (Payne et Corfiel, 1979), le groupe B et C correspond aux gluténines à faible poids moléculaire (LMW) avec un poids moléculaire de 40 000-55 000 et 30 000-40 000, respectivement (Payne *et al.*, 1985) et le groupe D correspond aux sous-unités de gluténines de faible poids moléculaire qui sont liées avec les  $\omega$ -gliadines (Jackson *et al.*, 1983).

#### 4. 3.1.1. Gluténines à faible poids moléculaire (LMW)

Les gluténines à faible poids moléculaire représentent 40% des protéines du gluten. Malgré son abondance dans l'endosperme des graines, ces protéines ont fait l'objet de moins d'études que les glutines HMW, à cause des difficultés de son identification par électrophorèse SDS-PAGE monodimensionnel. Les gluténines à LMW sont des sous-unités solubles en milieu acide ou dans 70% en présence d'agents réducteurs (Payne *et al.*, 1987). Ces prolamines sont riches en acides amines soufrés, ayant la capacité de se polymériser. Les sous-unités de gluténines à LMW constituent un important groupe de polypeptides représentant 60 à 70% des gluténines, impliquées dans les propriétés rhéologiques du gluten (Seilmeier *et al.*, 1991) dont les poids moléculaires sont compris entre 30 kDa et 75 kDa (MacRitchie *et al.*, 1990).

Les sous unités de glutines LMW se divisent en trois groupes, D-, B- et C-, selon leur mobilité électrophorétique dans les gels SDS-PAGE (Jackson *et al.*, 1983) :

- **Groupe B**: le groupe majeur, qui correspond à des sous-unités très basique ayant une faible mobilité en SDS-PAGE que les  $\omega$ -gliadines;
- **Groupe C** : il est mal défini car il correspond à la même mobilité que les  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\gamma$ -gliadines en SDS-PAGE.
- **Groupe D**: ses constituants présentent les plus fortes mobilités en SDS-PAGE. Ce groupe représente les protéines les plus acides de l'endosperme.

Possèdent de petits domaines N-terminal de 14 résidus, un domaine central répétitif riche en proline et 75 résidus et un domaine C-terminal non répétitif pauvre en proline de 190 résidus (Tatham *et al.*, 1987). L'étude des séquences des acides aminés N-terminal des sous unités des glutines B-LMW et C-LMW ont montré qu'il existe différents groupes : m-LMW, s-LMW et i-LMW, qui sont appelés ainsi pour le premier résidu d'acide aminé de la séquence de protéine (méthionine, serine et isoleucines, respectivement) (Kasarda, 1989; D'Ovidio et Masci, 2004).

#### **4.3.1.2. Gluténines à haut poids moléculaire (HMW)**

Les gluténines à haut poids moléculaire (HMW) représentent seulement 10% des protéines du gluten. Cependant, elles sont les prolamines les plus caractérisées car de nombreuses études ont établi des corrélations entre la présence de certaines HMW et la qualité boulangère des farines. Les séquences des HWM montrent un domaine répétitif très important. La structure primaire des gluténines HWM est formée de trois domaines. Une séquence d'acides aminés centrale répétitive, de 480 à 700 résidus délimités par deux domaines terminaux courts N et C-terminal, de 81 à 104 résidus et 42 résidus respectivement (Shewry *et al.*, 1992). Sa composition en acides aminées présente un haut contenu en glutamine, glycine et prolamine et peu de lysine (Shewry et Tathan, 1990; Gianibelli *et al.*, 2001).

Les gluténines HMW se classent en deux types sur la base de la séquence de son domaine central et la valeur de sa mobilité relative : les deux domaines répétitifs des sous unités de type -x sont composés de tri-peptides, hexa-peptides et mono-peptides alors que les sous unités de type -y seulement par hexa- et mono-peptide.

La distribution des résidus des cystéines, a une grande importance à l'heure de déterminer la structure et propriété des polymères des gluténines, car c'est grâce à elles que s'établissent les ponts de bisulfates entre les sous unités (Shewry *et al.*, 1992; Wrigley *et al.*, 1996).

#### **4.3.2 Gliadines**

Comme les autres composantes du gluten, les gliadines sont caractérisées par leur insolubilité dans l'eau. Ce sont des protéines monomères solubles dans l'éthanol 70% dont les ponts disulfures sont intramoléculaires (Kasarda, 1989).

L'analyse par électrophorèse a montré que les gliadines forment un groupe de prolamines hautement hydrogène formé de plus de 100 composantes (Anderson et *al.*, 1997; Payne, 1987). Leur polymorphisme est si important qu'il sert de moyen d'identification variétale (Evans et *al.*, 1972). La facilité d'extraction des gliadines est à la source de plusieurs travaux sur leur structure et leur relation avec la qualité de la pâte (Coulson et Sirn, 1964; MacRichie et *al.*, 1990). Les effets des gliadines sur la qualité de la pâte ont été attribués à l'association de ces dernières avec les gluténines à faible poids moléculaire LMW (Payne et *al.*, 1987).

#### **4.4. EXTRACTION ET SEPARATION DES PROTEINES**

Depuis la séparation d'Osborne basée sur la solubilité des protéines, les méthodes et les techniques d'extraction et de séparation des ces dernières ont beaucoup évoluées. Des techniques de haute résolution ont été employées comme la chromatographie (Bietz, 1986; Bean et Lookhart, 1997) et l'électrophorèse (Payne et *al.*, 1979; Branlard et *al.*, 1992a) pour avoir plus d'information et de détails sur les protéines.

Parmi l'ensemble des techniques de fractionnement, l'électrophorèse semble la mieux adaptée aux problèmes du sélectionneur en matière de qualité des blés en raison de ses possibilités de révéler les protéines à faible coût sur les grandes séries et avec une faible quantité d'échantillons. Deux types d'électrophorèse ont été utilisés pour la séparation des protéines de réserve du blé :

- L'électrophorèse sur gel de polyacrylamide en milieu acide (PAGE) est utilisée pour la séparation des gliadines qui sont des protéines monomériques (ce qui les différencie des gluténines, de type polymérique) associées par des liaisons hydrogène et des interactions hydrophobes. L'électrophorèse des gliadines s'est avérée être un moyen très efficace d'identification variétale (Autran et *al.*, 1973; Bushuk et Zillman, 1978) car elle présente une très grande diversité.

- L'électrophorèse en présence de Sodium Dodécyl Sulfate (SDS-PAGE): utilisée pour la séparation des gluténines. Ces polymères de gluténines sont réduits par un agent réducteur (2-mercaptoéthanol ou dithiothreitol) en sous-unités de 25 à 130 kDa. Après séparation par SDS-PAGE, deux groupes de gluténines sont distingués: les sous-unités gluténines de haut poids moléculaire (SG-HMW) de 70 à 120 kDa et les sous-unités de faible poids moléculaire (SG-LMW) de 25 à 50 kDa. Ces protéines présentent une diversité moins importante que celles des gliadines.

## **4.5. UTILISATION DE LA TECHNIQUE D'ELECTROPHORESE**

### **4.5.1. Identification variétale**

La catégorie de protéines dont les électrophorogramme présentent chez les céréales le polymorphisme inter variétal le plus élevé reste, à l'heure actuelle, celui des prolamines (gliadines chez le blé). Dans la plupart des cas, on obtient des diagrammes spécifiques, véritables « empreintes digitales » de la variété.

### **4.5.2. Visualisation de la diversité et étude du déterminisme génétique des protéines du gluten:**

Les protéines du blé sont, comme toutes les protéines naturelles, constituées d'un ensemble complexe de polypeptides. Dans le cas des protéines de réserve, gliadines et gluténines, la diversité des constituants est cependant exceptionnellement élevée, probablement en raison:

- De l'origine polyploïdique des blés,
- Des processus de duplication des gènes, suivis de modifications par mutation ponctuelle ou crossing-over asymétrique,
- Et peut être aussi d'une tolérance aux mutations plus élevée chez ces protéines de réserve que chez des protéines enzymatiques.

L'analyse de la descendance F1 et F2 de croisement intervariétaux a ainsi permis de préciser l'hérédité de la plupart des constituants gliadines et gluténines détectés par électrophorèse. L'introduction d'une électrophorèse davantage résolutive, notamment électrophorèse bidimensionnelle, a en effet permis, dans plusieurs cas, de subdiviser une bande de deux constituants eux même contrôlés par des gènes différents.

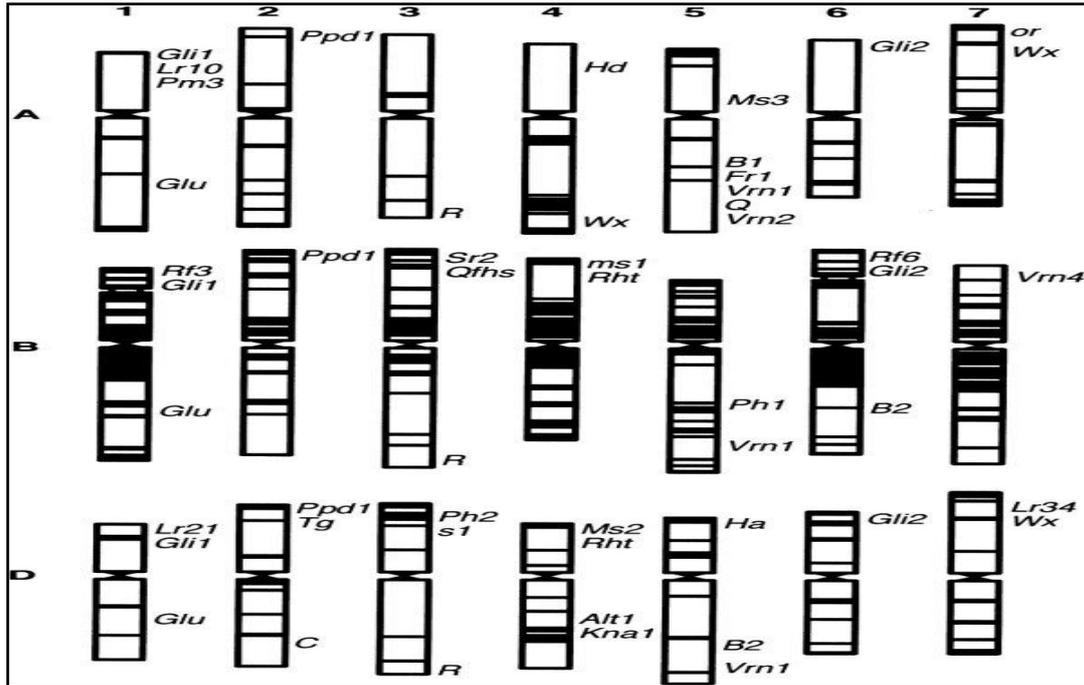
A la suite des travaux de Sozinov, de Branlard et de Payne, on considère actuellement que ces différentes protéines de réserve du grain sont codées par des gènes situés en 9 loci complexes au sein du génome du blé. Comme il a été suggéré que certaines différences de qualité technologique du grain pouvaient être dues à la présence ou à la combinaison de certains de ces allèles et que, d'autre part, certains gènes codant pour les protéines de réserve sont des marqueurs d'autres caractères (résistance à la rouille jaune, restauration de la stérilité mâle, etc.), pourquoi il est fondamental de pouvoir analyser la diversité de ces protéines.

Il convient toutefois d'être conscient des limites de la technique électrophorétique. En particulier, tout diagramme ne constitue qu'une image très partielle de la diversité génétique des protéines, car la plupart des différences portant des acides aminés non chargés ne sont pas détectées. D'autres techniques complémentaires peuvent, à cet égard, être d'un grand intérêt dans la connaissance de cette diversité : électrofocalisation, chromatographie liquide à haute performance (HPLC), etc.

#### **4.6. GENETIQUE ET LOCALISATION CHROMOSOMIQUE**

L'une des avancées les plus importantes dans la science du blé était l'établissement dès les années 70, de la localisation chromosomique des gènes codant pour les protéines du gluten (Sears, 1966; Payne, 1987). Un gène peut exister sous différentes formes et coder des protéines différentes: on parle d'allèles. Il arrive que plusieurs gènes soient très proches les uns des autres et soient, de ce fait, transmis ensemble de génération en génération: ils forment un bloc de gène au sein desquels des recombinaisons de gènes sont très rare: on parle de blocs, ou de groupes alléliques (Feuillet, 2000). Il existe un multi allélisme important au niveau des loci des SG- HMW mais surtout au niveau des gliadines et des SG- LMW, d'où un polymorphisme important en analyse électrophorétique, (figure 10).

L'analyse génétique de ces protéines est aujourd'hui bien avancée. Ainsi, sur les vingt et une paires de chromosomes du génome du blé tendre, six d'entre elles sont responsables de la synthèse des gliadines et trois de celle des gluténines. Chez le blé tendre (*T. aestivum*), ces protéines sont codées par des gènes situés sur douze principaux loci complexes (car pouvant être formés de plusieurs gènes très liés) (Branlard, 1994).



**Figure 10 :** Localisation chromosomique des principaux gènes codant pour les gluténines et les gliadines chez le blé (Bikram S. Gill *et al.*, 2004)

Les loci Glu-1, Glu-3 codant respectivement pour les SG- HMW et SG- LMW, et Gli-1 pour les  $\omega$ -gliadines, sont situés sur les chromosomes 1A, 1B et 1D, tandis que les loci Gli-A2, Gli-B2 et Gli-D2 codant pour les  $\alpha$ - $\beta$ -et  $\gamma$ -gliadines sont sur les bras courts des chromosomes 6A, 6B et 6D. Chacun de ces douze locus est complexe puisque la traduction de ses acides ribonucléiques (ARN) transcrits peut donner jusqu'à une douzaine de protéines différentes par leur séquence primaire (Branlard, 2009).

Sur les deux dernières décennies, l'analyse de la diversité des gliadines et des gluténines a été conduite dans la plupart des pays où le blé est cultivé. L'analyse des gliadines de 939 blés tendres provenant de 28 pays (Metakovsky *et al.*, 2006) permet de dénombrer au total 174 variants alléliques aux locus Gli-1 et Gli-2. L'origine de cette imposante diversité génétique réside d'une part dans le fait que ces protéines correspondent à des familles multigéniques (Branlard, 2009).

Selon Payne *et al.* (1980); Lawrence et Shepherd (1981), le contrôle génétique des sous-unités de gluténines est assuré par des gènes situés sur les chromosomes du groupe 1. Les SG-HMW sont contrôlées par des gènes localisés sur les bras longs (Glu-A1, Glu-B1, Glu-D1). Au niveau de chaque locus se trouve associé deux gènes dénommés x et y fortement liés qui codent chacun pour un type de sous-unités ayant une mobilité électrophorétique différente.

Forde et *al.*(1985), ont démontrés que les SG- HMW de type x étant les plus lentes, suivant les chromosomes (1A, 1B), un des deux gènes peut ne pas être exprimé et ils parlent alors d'allèle nul. Le peptide y du Glu-A1 ne s'exprime jamais chez le blé hexaploïde malgré que le gène de structure est présent. Selon Lawrence et Shephred (1981), de rares recombinaisons ont été détectées entre les gènes codant les sous-unités x et y sur le Glu-A1, sur le Glu-B1 (Payne et *al.*,1984) et sur le Glu-D1 (Singh et Shephred, 1988). L'ensemble des trois chromosomes du groupe 1 permet l'expression de 3 à 5 SG- HMW. Certains allèles sont plus exprimés que d'autres. La diversité des SG- HMW est beaucoup moins importante que celle des gliadines (environ 40 allèles), on a pu dénombrer respectivement 22, 56 et 66 allèles aux locus Glu-A1, Glu-B1 et Glu-D1 (McIntosh et *al.*, 2003).

## Chapitre V. La Rouille jaune du blé

### 5.1. CLASSIFICATION DE LA ROUILLE JAUNE

- **Nom commun:** Stripe rust; yellow rust
- **Nom scientifique:** *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*
- **Synonymes:** *Dicaeoma glumarum*, *Puccinia glumarum*, *Puccinia rubigo-vera*, *Puccinia straminis*,
- *Puccinia striiformis*, *Trichobasis glumarum*, *Uredo glumarum*
- **Taxonomie:**
  - Règne: Fungi;
  - Phylum: Basidiomycota;
  - Classe: Urediniomycetes;
  - Ordre: Uridenales;
  - Famille: Pucciniastraceae

### 5.2. REPARTITION DE LA ROUILLE JAUNE DANS LE MONDE

La rouille jaune du blé, causée par *Puccinia striiformis* Westend. f.sp. *tritici* Erick (PST), est l'une des maladies fongiques les plus répandues et dévastatrices du blé à travers le monde, est peut être aussi dommageable que la rouille brune *Puccinia graminis* f. sp. *Tritici*. Cependant, la rouille jaune se manifeste surtout dans les régions au climat frais et humide (de Vallavieille-Pope *et al.*, 2000 ; Hau et de Vallavieille-Pope, 2006). L'infection peut survenir à tout moment pendant le cycle de développement de la plante, à partir du stade une feuille jusqu'à maturité.

La rouille jaune se produit dans toutes les zones de production du blé et sur tous les continents, sauf l'Antarctique (figure 11). En Amérique du Nord, la rouille jaune a été un problème majeur aux États-Unis et au Canada (Chen, 2005). Avant 2000, les épidémies de rouille se sont produites principalement dans l'Ouest canadien et la région du Pacifique Nord-Ouest des États-Unis; après 2000, la maladie s'est répandue dans l'est du Canada et le centre des États-Unis (Chen, 2005).

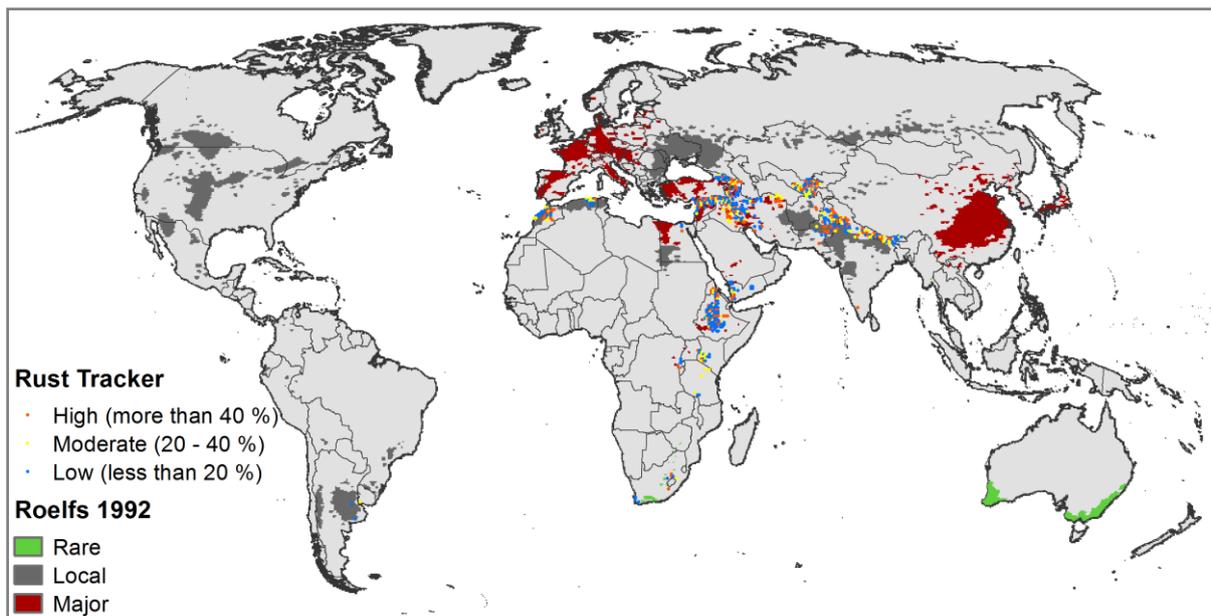
Les raisons de ce changement dans la distribution spatiale ne sont pas claires. Certains ont proposé que la rouille a subi une évolution rapide avant de pouvoir envahir les États du sud les plus chauds (Chen, 2005; Milus et Seyran, 2006; Wellings et *al.*, 2009). Cependant, les conditions climatiques dans le sud des États-Unis correspondent étroitement à celles des zones natives de *P. striiformis* en Eurasie.

Une autre explication pour le retard de l'invasion, au moins aux États-Unis, est que la rouille devait se disperser contre les vents dominants. En Amérique du Sud, au Chili, la rouille jaune provoque des pertes de rendement fréquentes (Germàn et *al.*, 2007).

En Europe, la rouille jaune est la rouille du blé la plus commune dans toute la France, les Pays-Bas, l'Allemagne, le Danemark et le Royaume-Uni; dans la région Asie centrale et occidentale et en Afrique du Nord, région (CWANA), au moins trois grandes épidémies ont eu lieu depuis les années 1970; et en Asie de l'Est et du Sud, la rouille jaune est un problème grave en Inde, le Pakistan et la Chine (Solh et *al.*, 2012). La rouille jaune a été introduite en Australie en 1979 (O'Brien et *al.*, 1980; Wellings, 2007) et s'est ensuite propagée en Nouvelle-Zélande en 1980, probablement dispersée par les vents du sud-est de l'Australie (Wellings et McIntosh, 1990; Viljanen et al-Rollinson, 2002).

En Afrique, la rouille jaune a été signalée pour la première fois en Zambie en 1958 (Angus, 1965, cité dans Chen, 2005). Il a fallu plus de 30 années pour être signalés en Afrique du Sud. Elle est maintenant répandue dans toute l'Afrique du Sud et les régions de l'Afrique du Nord, où il y a un climat méditerranéen, et les zones de haute altitude de l'Afrique orientale qui se caractérise par un climat tempéré chaud (rusttracker.cimmyt.org). La dernière grande épidémie a touché toute la région WANA (west asia & North Africa) c'est-à-dire de l'Afghanistan jusqu'à l'Algérie en passant par l'Iran, la Turquie, plusieurs pays d'Europe et l'Égypte (Benbelkacem, 2005). Cette nouvelle race identifiée comme étant la Yr27 a été dénommée « Warrior ». Elle a été agressive même sur les variétés de triticales pourtant indemne de cette maladie auparavant.

Jusqu'à aujourd'hui, PST continue à provoquer des épidémies notamment au nord de la France (dernière recensée en hiver 2007 et 2008). Ainsi, mieux caractériser les modalités évolutives de ce parasite s'avère nécessaire pour augmenter l'efficacité et la durabilité des méthodes de lutte.



**Figure 11:** Aires de développement du blé où la rouille jaune cause des problèmes (Reproduit en se basant sur Roelfs et *al.*, 1992 et rusttracker.cimmyt.org).

### 5.3. INTERET SCIENTIFIQUE ET ECONOMIQUE DU PATHOSYSTEME

Du fait de leur importance économique, les agents pathogènes des plantes cultivées, font partie des systèmes hôte/parasite les plus étudiés, même si les aspects évolutifs ne sont abordés que depuis peu. Parmi les champignons pathogènes les mieux décrits, les rouilles du blé (jaune/brune/noire) ont un rôle central, la rouille jaune du blé étant notamment à l'origine de la découverte de la ségrégation mendélienne des gènes de résistance spécifique (Biffen, 1905).

Décrite pour la première fois en 1777 (cf. Chen, 2005), la rouille jaune a été l'objet d'étude de nombreuses équipes de pathologistes en Europe, en raison de l'importance de ses épidémies dans le nord-ouest du continent. Cette maladie aérienne est causée par un champignon strictement biotrophe. Basidiomycète de l'ordre des Urédinales, interagit avec son hôte, le blé tendre, sur les bases de la relation gène pour gène. La dissémination est assurée par des urédospores dicaryotiques, aucune phase sexuée n'ayant été décrite à ce jour. Depuis la domestication du blé il y a 8 000 ans, on suppose que l'hôte et le parasite ont co-évolué dans un agrosystème influencé principalement par l'homme et le climat. En effet, l'extension de la culture du blé tendre à l'ensemble des continents au cours des millénaires, à partir de la Mésopotamie (la zone supposée d'origine du blé) s'est accompagnée de modifications génétiques et phénotypiques, sous le fait d'une sélection par les paysans et des adaptations

aux nouvelles conditions environnementales rencontrées. Actuellement, l'évolution de la composition génétique des blés cultivés s'est accélérée, grâce aux progrès de la génétique et les croisements variétaux réalisés par les sélectionneurs afin de regrouper les caractères agronomiques les plus avantageux dans des variétés élites. La rouille jaune a certainement bénéficié de cette croissance de la population hôte, et a pu s'adapter à l'évolution de sa structure génétique et des nouvelles aires de répartition.

Cependant il n'existe pas à ce jour de scénario ou de datation de l'émergence et de la spécialisation de la rouille jaune sur le blé, appuyée par des analyses génétiques *ad hoc*. Notons que malgré l'utilisation répétée ces dernières décennies de gènes de résistance issus des ressources génétiques disponibles dans l'espèce, ou issus de croisements interspécifiques, le champignon a jusqu'à présent contourné l'ensemble des résistances déployées largement sur le paysage agricole.

Le système blé tendre/PST présente des enjeux économiques capitaux. Le blé tendre, est une des céréales les plus cultivées au monde. Deuxième produit agricole le plus consommé dans le monde après le maïs et avec une production mondiale estimée à plus de 627 millions de tonnes, cette céréale présente une importance en nutrition humaine (production de farines panifiables), animale et en culture industrielle (utilisation en industries agroalimentaire, pharmaceutique et cosmétique). Parmi les nombreuses maladies fongiques qui attaquent le blé (la septoriose, l'oïdium, la fusariose, le piétin verse et les rouilles), la rouille jaune est considérée comme l'une des maladies les plus dommageables du blé, même si, l'utilisation de fongicides permet généralement de maintenir la maladie à un niveau de nuisibilité acceptable.

## **5.4. DESCRIPTION ET BIOLOGIE DU PATHOGENE**

### **5.4.1. Symptômes et dégâts**

La symptomatologie de la rouille jaune est singulière. Contrairement aux autres rouilles des céréales, la maladie se manifeste, chez la plante adulte, par des lésions linéaires semi-systémiques qui se développent parallèlement aux nervures des feuilles (photo 01). Celles-ci sont composées de pustules pulvérulentes jaunes, allongées et alignées entre les nervures. L'infection peut entraîner des rayures ou des taches nécrotiques caractéristiques, ce qui affaiblit les plantes en détournant l'eau et les éléments nutritifs de l'hôte (Chen, 2005).

Les feuilles, les tiges, les glumes et même parfois les grains peuvent être atteints, ce qui entraîne une baisse voire une absence de photosynthèse et des pertes de production conséquentes. Ces stries, caractéristiques de la maladie, justifient l'appellation : « *stripe rust* » et l'épithète latine *striiformis* du nom de l'espèce (Rapilly *et al.*, 1971).

La sévérité des attaques de la rouille jaune varie selon la sensibilité des cultivars et leur précocité. Sur des variétés sensibles, les pertes de rendement peuvent atteindre 40% à 70% (James et Clifford, 1983 ; McIntosh *et al.*, 1995), voire être totales (Solis-Moya *et al.*, 2007). Outre l'action sur le rendement, ce parasite a aussi des effets dépressifs sur la qualité des lots récoltés (Rapilly *et al.*, 1971). Les infections de la rouille jaune, peuvent se produire à n'importe quel stade du cycle de vie de la plante hôte, à partir du début du stade épiaison jusqu'à la fin du stade laiteux-pateux, entraînant des retards de croissance des plantes réduisant ainsi le rendement.

L'étape la plus critique est le début du stade laiteux, où les pertes de rendement augmentent rapidement (Murray *et al.*, 1994). Si une infection grave se produit très tôt dans le cycle de vie de l'hôte, la rouille jaune peut provoquer des pertes de rendement de 100% (Chen, 2005). Les attaques précoces au début du printemps, c'est-à-dire au début de la montaison, sont celles qui ont le plus d'impact sur le rendement (Rapilly *et al.*, 1971).

Parce que les faibles températures sont propices au développement de la rouille jaune, des températures plus élevées au cours du développement du grain entraînent une diminution des pertes de rendement attribués à la maladie (Murray *et al.*, 1994).



**Photo 1.** Symptômes de la rouille jaune sur blé tendre (cv. HD1220, 2016)

### 5.4.2. Plantes hôtes

*Puccinia striiformis* est un agent pathogène des graminées et des céréales: blé, orge, triticale et seigle. La rouille jaune est la seule rouille du blé qui se répand régulièrement au-delà du point d'infection initial. *Puccinia striiformis* a un cycle de vie complexe, dont la réalisation nécessite à la fois un hôte primaire et un hôte alternatif.

L'hôte primaire de la rouille jaune est le blé (*Triticum* spp.), quelques cultivars d'orge (*Hordeum vulgare*) et de triticale (*X tritocosecale*). Le seigle a souvent été signalé au cours du siècle dernier comme un foyer de rouille jaune, cependant plus récemment, le seigle a été rarement vu infecté par la rouille (Stubbs, 1985).

Des arbustes des espèces *Berberis* (*Berberis* spp.) ont été récemment découverts comme hôtes alternatifs (Jin et al., 2010). Le stade asexué (urédinien) de la maladie se produit sur l'hôte primaire, provoquant des épidémies à travers la diffusion des urédiniospores lorsque les conditions sont favorables. L'achèvement du stade sexuel (écidien), du cycle de vie de l'agent pathogène se produit sur l'hôte alternatif (Jin et al., 2010).

*Puccinia striiformis* a été séparé en différentes formes spéciales suivant les gammes d'hôte qu'elles touchent. Sur les 50 genres (320 espèces) d'hôtes sauvages capables d'être infectés par la rouille jaune, seulement quelques-uns peuvent multiplier *P. striiformis* f.sp. *tritici* (Stubbs, 1985). En effet, Boshoff et al. (2002), reportent la présence de cette forme spéciale sur *Hordeum murinum* L. et sur *Bromus catharticus* Vahl en Afrique du Sud. L'importance de ces hôtes sauvages, susceptibles de maintenir l'inoculum et d'induire des épidémies de rouille jaune sur blé, varie d'une région à une autre. Aux Etats-Unis, dans les montagnes du Pacifique Nord-Ouest et en Californie, les graminées sauvages qui assurent la survie de *P. striiformis* f.sp. *tritici* durant la période estivale sont considérées comme une importante source d'infection du blé dans les basses altitudes (Stubbs, 1985). L'importance des herbacées sauvages a également été reportée en Allemagne et en Asie centrale (Sud-Est du Kazakhstan). Au Nord-Ouest de l'Europe ou au Nord de la Chine l'importance de ces hôtes sauvages est supposée moindre (Stubbs, 1985), sans toutefois que ces considérations ne s'appuient sur des inventaires extensifs. En Australie, des espèces d'orges sauvages, *Hordeum leporium* Link et *H. glaucum* Steud, sont fortement attaquées par *P. striiformis* depuis son apparition dans le pays en 1979 (Calonnec, 1996).

### 5.4.3. Conditions de développement

Vu la forte spécificité d'hôte de PST, les repousses de blé jouent certainement un rôle majeur dans l'épidémie et la survie estivale du pathogène dans les régions où les précipitations estivales favorisent la levée précoce des repousses. Ainsi, certaines épidémies ont pu être reliées directement à une forte production d'inoculum par les repousses infectées. Cependant l'absence d'hôte écidien, et la rareté des repousses durant la période estivale entraîne une énorme perte d'inoculum aggravée par le fait que les spores sont très sensibles au rayonnement ultra-violet important en été (Caron, 1993). Elle se conserve, après la moisson, sur les repousses de céréales et sur certaines graminées sauvages (Rapilly *et al.*, 1971). Quelques rares études décrivent l'importance de graminées sauvages *Bromus spp*, *Hordeum murinum*, *Poa trivialis* et *Phalaris paradoxa* (Line, 1976 ; Nazari *et al.*, 1996, Boshoff *et al.*, 2002) essentiellement dans des zones où les conditions climatiques sèches sont fortement défavorables au développement des repousses lors de l'interculture du blé.

Au cours de l'hiver, la progression de la maladie est très lente. Si les conditions climatiques sont favorables (ciel couvert, températures fraîches, humidité élevée), la durée de latence du champignon n'est plus que de 14 jours en moyenne et jusqu'à 6 cycles peuvent se succéder au cours d'une saison culturale (Caron, 1993). C'est au printemps que la phase épidémique est déclenchée et, peut rapidement se généraliser.

La rouille jaune, se développe à des températures fraîches variant de -10°C à 25°C (Rapilly *et al.*, 1971 ; Hau et de Vallavieille-Pope, 2006). La température affecte la germination des spores et l'infection, la période de latence, la sporulation, la survie des spores, et la résistance de l'hôte (Chen, 2005). Les températures cardinales de germination sont basses chez PST (2°C, 10°C, 28°C), ce qui explique la répartition géographique de la maladie dans les zones à climat tempéré et dans les zones à hautes altitudes (Zadoks, 1961, Rapilly *et al.*, 1971; Massenet, 1985). L'optimum thermique du reste du cycle infectieux est de 15 à 18°C (de Vallavieille-Pope *et al.*, 1995). L'élévation des températures maximales au-dessus de 25°C freine ou stoppe la rouille jaune (Caron, 1993). Néanmoins, son extension à des régions plus chaudes a été reportée. Récemment, Milus *et al.* (2006) ont observé que l'épidémie de l'année 2000 reportée largement aux USA est due à l'apparition d'une nouvelle race agressive adaptée à des températures élevées.

Cette adaptation, qui semble conférer au champignon pathogène la capacité d'exploiter de nouvelles zones écologiques comme le sud des Etats Unis, s'avère très inquiétante.

De l'eau libre à la surface des feuilles, sous forme de rosée, est essentielle pour la germination des urédospores. L'humidité affecte la germination des spores, l'infection, et la survie (Chen, 2005), une période de rosée d'au moins trois heures est nécessaire pour la germination et l'infection (Rapilly, 1979).

#### **5.4.4. Cycle biologique de *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici***

L'agent causal présente un cycle comprenant les seuls stades urédien et télén (figure 12). Le champignon passe l'hiver sous forme d'urédospores sur les repousses de céréales ou les cultures à semis automnal précoce ou de mycélium en dormance. Sous cette dernière forme, moins exposée aux conditions hivernales hostiles, le champignon peut survivre à de très faibles températures (jusqu'à -10°C). Au printemps, lorsque le climat devient frais et humide, le champignon reprend son développement pour initier les contaminations secondaires via la production de nouvelles urédospores. Ces urédospores présentent la caractéristique d'être regroupées en amas appelés « unités de dissémination ». Des températures comprises entre 10 et 15°C et un taux d'humidité relative voisin de 100% sont les conditions optimales pour la germination des spores, la pénétration des tubes germinatifs dans l'hôte végétal et la production de nouvelles spores ensuite disséminées par le vent. La rouille jaune présente une très forte capacité de sporulation. Les spores sont agglomérées dans un mucilage par 2 à 10 spores quand les conditions sont humides.

Le cycle complet de la maladie, de l'infection à la production de nouvelles spores, peut être achevé en sept jours dans des conditions idéales et se répéter de nombreuses fois en une saison. La durée de sporulation sur une plante adulte est en moyenne de 3 semaines et une lésion peut produire jusqu'à  $10^5$  urédospores (Sache et de Vallavieille-Pope, 1993). Lorsque la surface verte (colonisable par la maladie) s'amenuise ou que la température s'élève, le champignon produit des téléospores noirs. Ces pustules indéhiscents, apparaissant lors de la maturation des grains, contiennent des téléospores dont la vocation, en dehors de la recombinaison génétique, est de survivre pendant l'intersaison, et de germer au printemps pour assurer la survie du parasite en infectant un hôte intermédiaire. Mais, sans cycle sexué complet (absence d'hôte écidien), la rouille jaune doit sa subsistance à son seul cycle végétatif à urédospores (Caron, 1993).

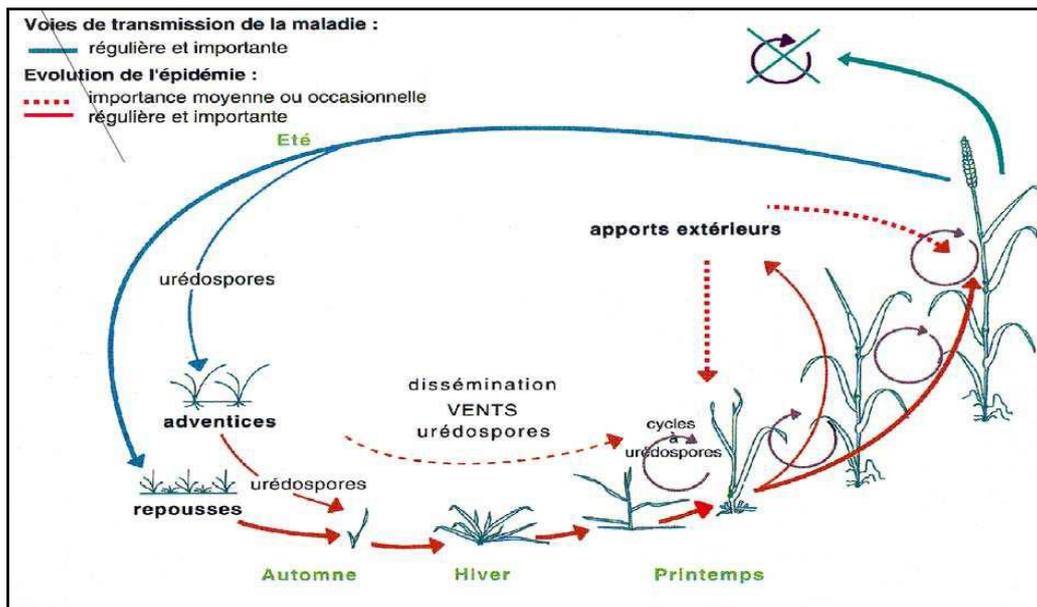


Figure 12: Cycle biologique de *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (d'après Caron *et al.*, 1993).

#### 5.4.5. Dispersion du pathogène

La dispersion des spores sur de longue distance se fait via les urédospores par le vent (Rapilly, 1979), bien que la dispersion à travers les océans est moins probable vu que les spores de la rouille jaunes sont sensibles au rayonnement UV (Roelfs *et al.*, 1992) dans ce cas la dispersion des spores se fait à travers l'homme (Wellings, 2011).

Au champ, la dispersion de la maladie se fait principalement à courte distance allant jusqu'à 25 cm de la source d'inoculum initial (Sackett et Mundt, 2005). Mais, grâce à leur légèreté facilitant le déplacement aérien, les spores peuvent également migrer sur de longues distances (Rapilly *et al.*, 1971). Les temps couverts sont donc plus favorables à une dissémination efficace de spores conservant une bonne viabilité (Caron, 1993). Ainsi, Zadoks (1961) reporte la présence de spores viables après une migration de plus de 800 km. De plus, plusieurs exemples de migration à longue distance de rouille jaune ont été reportés. Par ailleurs, l'action du vent a été évoquée pour expliquer le concept de « *Puccinia* paths » au niveau des suivis épidémiologiques annuels en Amérique du Nord (Roelfs, 1985), en Inde (Nagarajan et Singh, 1990) et en Chine (Wan *et al.*, 2004). Parmi les rouilles du blé, la rouille noire constitue l'exemple le plus cité pour ses capacités de dispersion sur de longues distances. En 1934, des migrations de spores de rouille noire (*Puccinia graminis* f.sp. *tritici*) sur de longues distances depuis le Nord du Mexique ou du Texas jusqu'au Canada ont été reportées.

La dissémination de la rouille jaune de l'Australie vers la Nouvelle Zélande, à une distance de 2000 km, s'est probablement faite par voie aérienne (Roelfs *et al.*, 1992 ; FAO, 2008 ; Pretorius *et al.*, 2000). Chen *et al.* (2002) ont également montré que les urédospores de rouille jaune (*P. striiformis* f sp *tritici*) migrent aussi du Sud des Etats-Unis au Canada pour y effectuer leur survie estivale. Ainsi, plusieurs exemples de migration de nouvelles virulences chez PST à l'échelle continentale ont été également reportées notamment en Europe du Nord et au Moyen Orient. C'est le cas de la virulence pour Yr17 apparue en Angleterre et qui a migré vers la France et le Danemark au cours d'une saison culturale (Bayles *et al.*, 2000 ; Hovmøller *et al.*, 2002). La virulence pour Yr9 apparue en Afrique de l'Est en 1986 a migré vers le Moyen Orient puis vers l'Asie du Sud (Singh et Huerta-Espino, 2000). L'homme a également contribué à l'introduction de nouveaux pathotypes de rouille jaune du blé, comme il a été supposé en Australie en 1979, date d'introduction de la maladie sur le continent, puis en 1996 et 2002 où des pathotypes exotiques ont été détectés (Wellings, 2007).

#### **5.4.6. Potentialités adaptatives du pathogène et ses interactions avec l'environnement**

La rouille jaune du blé sévit dans les régions à climat tempéré, particulièrement dans le nord-ouest de l'Europe (De Vallavieille-Pope *et al.*, 2000 ; Hovmøller *et al.*, 2002, Hau et De Vallavieille-Pope, 2006 ), les hauts plateaux de la Chine (Chen *et al.*, 2002), le nord des Etats-Unis, l'Asie Centrale et l'Inde ainsi qu'au Moyen Orient (Hakim et Mamluk, 1996) et en Australie (Welling et McIntoch, 1990) depuis la fin des années 1980. Cette maladie est depuis devenue récurrente dans les principales régions céréalières mondiales, notamment en Afrique de l'Est et du Sud (Boshoff *et al.*, 2002), au Chili (Becerra *et al.*, 2007) et au Mexique (Solis-Moya *et al.*, 2007).

Des épidémies de rouille jaune ont été ainsi reportées sur les 5 continents. L'extension de la maladie à des zones jusque là indemnes reflète ainsi l'impressionnante capacité du champignon pathogène à muter, migrer sur de longues distances et à s'adapter aux conditions environnementales. Ce champignon présente ainsi des caractéristiques biologiques qui lui procurent un potentiel adaptatif important face aux contraintes de ses environnements biotiques et abiotiques.

#### **5.4.7. Régime de reproduction : clonalité et recombinaison**

Les populations du Nord-Ouest européen (Hovmøller et *al.*, 2002), des Etats-Unis (Chen et *al.*, 2002), de l'Australie (Welling et *al.*, 2003) constituent les populations de rouille jaune du blé les plus étudiées. Toutes mettent en évidence l'évolution strictement clonale de PST ainsi que sa faible diversité génétique. L'absence d'hôte alternant rend la recombinaison sexuée impossible pour *P. striiformis*. Néanmoins, une étude récente sur une population chinoise de Gansu apporte des évidences de recombinaison chez ce champignon accompagnée d'une forte diversité génétique (Mboup et *al.*, in prep.a). Par ailleurs, des expériences de fusion de tubes germinatifs d'urédospores *in vitro* et des tests de co-inoculation de deux races différentes sur plante suggèrent une possibilité de recombinaison para sexuée (Little et Manners, 1969; Wright et Lennard, 1980 ; Kang et *al.*,1993 ; Ma et *al.*, 1993). L'existence d'une telle voie de recombinaison permettrait de générer de la diversité génotypique et ainsi d'augmenter le potentiel adaptatif du champignon.

#### **5.5. CONTRÔLE DE LA MALADIE**

Avant de commencer toute stratégie de contrôle d'une maladie, en particulier celle impliquant des mesures de contrôle cultural ou chimique, il est essentiel de comprendre l'épidémiologie de la maladie. Sans aucun doute, la combinaison de pratiques de contrôle cultural avec une résistance à la maladie et l'application de fongicides sera le moyen le plus efficace de contrôler la rouille des céréales.

En raison de la nature aéroportée de l'inoculum, la mise en quarantaine est une mesure qui permet seulement le retard de la dissémination de l'épidémie et n'empêche pas l'entrée de la maladie et / ou des combinaisons spécifiques de virulence. Cependant, il faut veiller à ne pas transmettre ou autoriser inconsciemment les urediniosporores à échapper à l'extérieur de leurs zones épidémiologiques. Des différences importantes dans la virulence, l'agressivité et l'adaptation existent dans les différentes populations pathogènes de ces champignons dans le monde entier.

### 5.5.1. Contrôle de la rouille jaune en utilisant les plantes résistantes

L'utilisation de cultivars résistants est la méthode de lutte contre les maladies la plus efficace, la plus économique et la plus respectueuse de l'environnement (Röbbelen et Sharp 1978; Line et Chen, 1995). Les cultivars avec une résistance spécifique deviennent souvent sensibles peu après leur sortie en raison de l'évolution rapide des nouvelles races (Line et Qayoum 1992; Line et Chen, 1995, 1996).

Actuellement beaucoup de cultivars de blé ont une résistance au stade adulte de la plante. Cependant, le défi consiste à incorporer plus efficacement cette résistance dans des cultivars sensibles qui présentent des caractéristiques de qualité et un potentiel de rendement élevé et de combiner cette résistance avec une résistance effective à tous les stades car elle est souvent contrôlée par des loci à caractère quantitatif (QTL) (Chen et Line 1995a, 1995b) et masqué par une résistance efficace durant tous les stades de développement de la plante. L'utilisation de la sélection assistée par marqueurs est une approche prometteuse pour relever ce défi. La combinaison de la résistance de la plante adulte avec une résistance effective à tous les stades est la meilleure approche pour le développement de cultivars de blé avec une résistance élevée et durable, car la résistance à tous les stades peut assurer un contrôle complet (Chen, 2005).

L'identification d'interactions différentielles entre génotypes de la plante et isolats du pathogène ont conduit à la proposition d'un modèle gène mineur-pour-gène mineur, comme base génétique de la résistance quantitative (Parlevliet & Zadoks, 1977; Niks & Marcel, 2009). Le niveau de résistance dépendrait, d'une part, de la capacité de la plante à reconnaître les effecteurs du pathogène et à mettre en place correctement, et en temps, des mécanismes de défense ; d'autre part, de la capacité du pathogène à émettre des effecteurs capables d'altérer les mécanismes de défense de la plante (Niks & Marcel, 2009). La résistance quantitative est, en pratique, plus durable que la résistance qualitative complète (Stuthman *et al.*, 2007 ; Parlevliet, 2002). La résistance à la rouille de type non spécifique est souvent associée à un accroissement du temps entre l'infection et la sporulation (périodes latentes plus longues), production de moins d'urédinées et de tailles urediniennes plus faibles (Drijepondt *et al.*, 1989; Rubiales *et al.*, 1995; Kolmer, 1996).

La résistance quantitative se traduit par un ralentissement de la progression et/ou une diminution de la sévérité des épidémies (Shaner & Hess, 1978 ; Shaner *et al.*, 1978). Contrairement à la résistance qualitative, caractérisée par une réponse en "tout ou rien", la

résistance quantitative présente un *continuum* de réponse qui va, selon le génotype hôte, d'un haut niveau de résistance à la sensibilité complète. Toutefois, des cas d'adaptation du pathogène à la résistance quantitative de l'hôte ont été obtenus expérimentalement, ou bien observés au champ (Mundt *et al.*, 2002).

De nombreuses études ont rapportés que le gène Yr18 comme étant associé à Lr34, gène de résistance à la rouille brune (*Puccinia triticina* Eriks), confèrent une résistance (slow rusting) à la rouille brune et jaune et sont connus pour être pléiotropes ou complètement liés l'un à l'autre (McIntosh, 1992 et Singh, 1992b). Bien que les gènes Lr34 et Yr18 ne puissent pas fournir une résistance adéquate en condition de maladie sévère (Ma *et al.*, 1996; Singh *et al.*, 1992c; Singh *et al.*, 1997), ils pourraient contribuer à atteindre des niveaux acceptables de résistance en combinaison avec d'autres gènes de résistance (Singh *et al.*, 1992; Singh *et al.*, 2001). Le locus Lr34/Yr18, est de grande valeur en raison de sa contribution à la résistance durable contre deux pathogènes de rouille (Krattinger *et al.*, 2009). Le gène de résistance Yr27, antérieurement connu sous le nom de gène de 'Selkirk' ou YrSk, est présent dans un certain nombre de blés produits et distribués par le CIMMYT (Wellings, 1992). Yr27 a été localisé dans le chromosome 2B du blé et s'est révélé étroitement lié aux gènes de résistance à la rouille brune Lr13 et Lr23. Bien que le gène Yr27 fût souvent difficile à identifier dans les populations ségréantes au stade plantule, il est apparemment très efficace pour conférer une résistance aux cultures dans des conditions de terrain (McDonald *et al.*, 2004).

L'utilisation de variétés portant des résistances de type qualitatif est un autre élément de l'itinéraire technique qui permet de contrôler efficacement les maladies. La résistance qualitative se caractérise par un arrêt, ou un dérèglement majeur, du cycle infectieux du pathogène, qui ne produit alors plus, ou très peu, de descendants. Le phénotypage de la résistance qualitative est facile, puisque qu'elle se traduit par une absence quasi-totale de symptômes. Cette résistance est basée sur des gènes majeurs, hérités selon un déterminisme mendélien simple. Très efficace et facile à sélectionner, la résistance qualitative a été, et est encore, largement utilisée. Jusqu'à ce jour plus de 70 gènes de résistance à la rouille ont été identifiés chez le blé (Cheng *et al.*, 2010) (Tableau 6). De nombreux marqueurs moléculaires liés à des gènes de résistance spécifiques à la rouille ont été caractérisés dans le blé et peuvent être utilisés dans la sélection assistée par marqueurs. Parmi les techniques les plus fiables, on note les microsatellites ou « SSR », vu leur abondance dans le génome elles présentent des niveaux plus élevés de polymorphismes par rapport aux autres marqueurs.

**Tableau 06.** Gènes pour la résistance à la rouille jaune [*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*], des exemples de génotypes de blé contenant les gènes, leurs emplacements chromosomiques, types de résistance et références

<i>Yr</i> gene	Example of wheat genotype	Chromosomal location	Resistance type <sup>a</sup>	Reference
<i>Yr1</i>	'Chinese 166'	2AL	RS, AS	Lupton and Macer 1966
<i>Yr2</i>	'Heines VII'	7B	RS, AS	Lupton and Macer 1966
<i>Yr3a</i>	'Cappelle Desprez'	1B	RS, AS	Lupton and Macer 1966
<i>Yr3b<sup>b</sup></i>	Hybrid 46		RS, AS	Lupton and Macer 1966
<i>Yr3c</i>	'Minister'	1B	RS, AS	Lupton and Macer 1966
<i>Yr4a</i>	'Cappelle Desprez'	6B	RS, AS	Lupton and Macer 1966
<i>Yr4b</i>	Hybrid 46	6B	RS, AS	Lupton and Macer 1966
<i>Yr5</i>	<i>Triticum aestivum</i> subsp. <i>spelta</i> 'Album'	2BL	RS, AS	Macer 1966
<i>Yr6</i>	'Heines Kolben'	7BS	RS, AS	Macer 1966
<i>Yr7</i>	'Lee'	2BL	RS, AS	Macer 1966
<i>Yr8<sup>c</sup></i>	'Compair'	2D (2A, 3D)	RS, AS	Riley et al. 1968
<i>Yr9<sup>d</sup></i>	'Clement'	1RS/1BL	RS, AS	Macer 1975
<i>Yr10</i>	'Moro'	1BS	RS, AS	Macer 1975
<i>Yr11</i>	'Joss Cambier'		RS, AP	McIntosh 1988
<i>Yr12</i>	'Frontier'		RS, AP	McIntosh 1988
<i>Yr13</i>	'Hustler'		RS, AP	McIntosh 1988
<i>Yr14</i>	'Kador'		RS, AP	McIntosh 1988
<i>Yr15</i>	<i>Triticum turgidum</i> var. <i>dicoccoides</i> G-25	1BS	RS, AS	Gerechter-Amitai et al. 1992
<i>Yr16</i>	'Bersee'	2D	NRS, AP	Worland and Law 1992
<i>Yr17<sup>e</sup></i>	VPM1	2AS	RS, AS	Bariana and McIntosh 1992
<i>Yr18</i>	'Jupateco 73R'	7DS	NRS, HTAP	Singh 1992
<i>Yr19</i>	'Compair'	5B	RS, AS	Chen et al. 1995b
<i>Yr20</i>	'Fielder'	6D	RS, AS	Chen et al. 1995b
<i>Yr21</i>	'Lemhi'	1B	RS, AS	Chen et al. 1995b
<i>Yr22</i>	'Lee'	4D	RS, AS	Chen et al. 1995b
<i>Yr23</i>	'Lee'	6D	RS, AS	Chen et al. 1995b
<i>Yr24</i>	Yr24/6*AVS	1BS	RS, AS	McIntosh et al. 1998
<i>Yr25</i>	'Strubes Dickkopf'	1D	RS, AS	McIntosh et al. 1998
<i>Yr26<sup>f</sup></i>	R55	1BS	RS, AS	McIntosh et al. 1998
<i>Yr27</i>	'Ciano 79'	2BS	RS, AS	McDonald et al. 2004
<i>Yr28</i>	Synthetic	4DS	RS, AS	Singh et al. 2000
<i>Yr29</i>	'Pavon F76'	1BL	NRS, AP	McIntosh et al. 2001
<i>Yr30</i>	'Opata 85'	3BS	NRS, AP	McIntosh et al. 2001
<i>Yr31</i>	'Pastor'	2BS	RS, AS	McIntosh et al. 2003
<i>Yr32</i>	'Carstens V'	2AS	RS, AS	Eriksen et al. 2004
<i>Yr33<sup>g</sup></i>	'Batavia'	7DL	RS, AS	McIntosh et al. 2004
<i>Yr34</i>	WAWHT2046	5AL	AP	McIntosh et al. 2004
<i>Yr35</i>	98M71	6BS	RS, AS	R.A. McIntosh 2004, personal communication
<i>Yr36</i>	'Glupro', RSL No. 65	6BS	NRS, HTAP	J. Dubcovsky 2004, personal communication
<i>Yr37</i>	S14	2DL	RS, AS	R.A. McIntosh 2004, personal communication
<i>YrH52</i>	<i>T. turgidum</i> var. <i>dicoccoides</i> H52	1BS	RS, AS	Peng et al. 2000
<i>Yrns-B1</i>	Lgst. 79-74	3BS	NRS, AP	Börner et al. 2000
<i>YrSP</i>	'Spaldings Prolific'	2BS	RS, AS	McIntosh et al. 1995
<i>YrA</i>	'Anza'		RS, AS	McIntosh et al. 1998
<i>YrCle</i>	'Clement'	4B	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrDru</i>	'Druchamp'	5B	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrDru2</i>	'Druchamp'	6A	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrDa1</i>	'Daws'	1A	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrDa2</i>	'Daws'	5D	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrH46</i>	Hybrid 46	6A	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrHVII</i>	'Heines VII'	4A	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrMin</i>	'Minister'	4A	RS, AS	Chen et al. 1998a

<i>YrMor</i>	'Moro'	4B	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrND</i>	'Nord Desprez'	4A	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrSte</i>	'Stephens'	2B	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrSte2</i>	'Stephens'	3B	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrTye</i>	'Tye'	6D	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrTr1</i>	'Tres'	6D	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrTr2</i>	'Tres'	3A	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrYam</i>	'Yamhill'	4B	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrV23</i>	'Vilmorin 23'	2B	RS, AS	Chen et al. 1998a
<i>YrJh1</i>	'Jinghe 8811'	2A	RS, AS	Zhang et al. 2001
<i>YrJh2</i>	'Jinghe 8811'	4D	RS, AS	Zhang et al. 2001
<i>YrGui1</i>	'Guinong 22'		RS, AS	Cao et al. 2004
<i>YrGui2</i>	'Guinong 22'		RS, AS	Cao et al. 2004
<i>YrGui3</i>	'Guinong 22'		RS, AS	Cao et al. 2004
<i>YrJu1</i>	'Jubilejna II'		RS, AS	Zhao et al. 2004
<i>YrJu2</i>	'Jubilejna II'		RS, AS	Zhao et al. 2004
<i>YrJu3</i>	'Jubilejna II'		RS, AS	Zhao et al. 2004
<i>YrJu4</i>	'Jubilejna II'		RS, AS	Zhao et al. 2004
<i>YrA1</i>	'Gaines', 'Nugaines'		NRS, HTAP	Chen et al. 1998a
<i>YrA2</i>	'Nugaines'		NRS, HTAP	Chen et al. 1998a
<i>YrA3</i>	'Luke'		NRS, HTAP	Chen et al. 1998a
<i>YrA4</i>	'Luke'		NRS, HTAP	Chen et al. 1998a
<i>YrA5</i>	'Druchamp'		NRS, HTAP	Chen et al. 1998a
<i>YrA6</i>	'Druchamp'		NRS, HTAP	Chen et al. 1998a
<i>YrA7</i>	'Stephens'	6BS	NRS, HTAP	Chen et al. 1998a
<i>YrA8</i>	'Stephens'		NRS, HTAP	Chen et al. 1998a

aAS, All-stage resistance (also called seedling resistance); AP, adult-plant resistance; HTAP, high-temperature, adult-plant resistance; RS, race-specific resistance; NRS, non-race-specific resistance.

### 5.5.2. Contrôle de la rouille jaune, utilisant les fongicides

La première utilisation à grande échelle et réussie de fongicides pour contrôler la rouille jaune en Amérique du Nord s'est produite en 1981 (Line, 2002). À ce moment-là, Line et ses associés ont démontré l'efficacité du triadimefon (Bayleton). La rouille jaune était exceptionnellement sévère durant l'année 1981, où les cultivars très susceptibles étaient totalement détruits, tels que le blé d'hiver « Omar », tandis que les cultivars à résistance modérée à la rouille jaune ont présentés des pertes de rendement de 50%. L'utilisation des fongicides a empêché des pertes de plusieurs millions de dollars (Line, 2002).

De nouveaux fongicides foliaires très efficaces pour le contrôle de la rouille jaune ont ensuite été enregistrés. Dans les années 1990, Cu et Line (1994) ont développé un système expert appelé MoreCrop (option de gestion pour un contrôle économique et raisonnable des rouilles et d'autres agents pathogènes) ont combiné l'information sur les pratiques de gestion et l'utilisation de fongicides et de cultivars résistants dans un programme intégré de gestion des maladies.

Au cours des dernières années, l'utilisation de fongicides a permis de réduire les dommages causés par la rouille. Néanmoins, l'utilisation de fongicides ajoute un énorme coût pour la production du blé, ce qui représente un fardeau pour de nombreux producteurs, en particulier dans les pays développés. L'utilisation de fongicides peut créer des problèmes de santé pour les utilisateurs, nuire à l'environnement et aboutir à la sélection de résistance aux fongicides. Pour éviter ces problèmes, cultiver des variétés avec un niveau adéquat de résistance durable est la meilleure stratégie pour contrôler la rouille jaune du blé.

## **5.6. MUTATION DU PATHOGENE ET CONTOURNEMENT DES GENES DE RESISTANCE**

Dans les principales régions touchées par la rouille jaune, l'utilisation de variétés résistantes, combinant aussi bien des gènes de résistance spécifique et une composante de résistance quantitative (polygénique), contribuent à réduire le développement de cette maladie. Mais, le déploiement inconsidéré sur de très grandes surfaces de cultivars à haut rendement et à haute qualité technologique, immunisés contre certaines maladies par un faible nombre de gènes de résistance spécifique, exerce une forte sélection directionnelle sur la population pathogène et favorise l'augmentation de la fréquence de variants virulents (Calonnec, 1996).

Les gènes de résistance ainsi déployés sont rapidement contournés, ce qui conduit à de sévères épidémies, à de fortes pertes de rendements et à l'abandon des variétés devenues sensibles. En effet, *P. striiformis* f.sp. *tritici*, est connue pour sa capacité à muter et à contourner régulièrement les résistances spécifiques introduites par les sélectionneurs dans les variétés cultivées (De Vallavieille-Pope et al., 2000). Les années de fortes épidémies de rouille jaune en France ont coïncidé avec des contournements de gènes spécifiques de résistance : 1975 (Yr11), 1981 (Yr7), 1987-1990 (Yr6), 1989-95 (Yr9), 1991-1995 (Yr6 et Yr9), 1997-2004 (Yr17), 2007-2011 (Yr32) et 2010-2011 (Yr6 et Yr32) (de Vallavieille-Pope et al., 2000 ; Bayles et al., 2000 ; Enjalbert et al., 2005). Il paraît donc indispensable d'introduire dans les programmes d'amélioration variétale des géniteurs de résistance adulte qui présentent des résistances partielles considérées comme plus durables que les résistances totales s'exprimant dès le stade jeune plante (Chen, 2005).

La virulence du pathogène est définie comme la capacité à surmonter les facteurs de résistance de la plante. Cette virulence porte le même numéro que le gène de résistance de la variété qu'elle contourne. Jusqu'alors, les nouvelles races provenaient de mutations des races précédentes. Ces événements très rares, permettaient à ces nouvelles formes du champignon de contourner les résistances spécifiques portées par les variétés.

Au cours des 30 dernières années, plusieurs épidémies de rouille jaune sont apparues. Ces épidémies se sont avérées les plus problématiques lorsque les conditions climatiques hivernales ont été clémentes et favorables à la multiplication de l'inoculum et lorsque ces épidémies ont coïncidé avec l'apparition d'une nouvelle race capable de contourner des gènes de résistance jusqu'alors efficaces. On donne alors, à cette race de rouille jaune, le nom d'une des variétés de céréales que la race a rendu sensible. On a vu ainsi défiler Brigadier (1998), Lynx (2002), Robigus (2007), Oakley (2009) et depuis 2011, on parle de Warrior en Europe Occidentale et de Kranich et Warrior pour les pays du nord de l'Europe (Guillaume *et al.*, 2016). La souche Warrior, apparue simultanément en Espagne, France, Royaume Unis, Allemagne et Scandinavie en 2011 (<http://www.agro.basf.fr/>).

La diversification du champignon en races physiologiques, est primordiale pour assurer son succès en tant que parasite, lui permet de contourner les gènes de résistance laborieusement introduits par les sélectionneurs (Fossati et Brabant, 2003; Johnson, 1992). Chaque race physiologique est généralement définie par les gènes de résistance qu'elle est capable de contourner. La référence expérimentale des gènes de résistance est constituée par des lignées différentielles de blé et d'espèces apparentées (McIntosh *et al.*, 1995). Selon la théorie de la relation «gène pour gène», l'hérédité de la résistance de l'hôte et la capacité du parasite à infecter l'hôte se basent sur des paires de gènes complémentaires (Manners, 1988). Dans le cas de la plante hôte, on parle de «gène de résistance» (R), alors que pour le parasite, on parle de gène d'«avirulence» (Avr). En pratique, cela signifie qu'une plante qui exprime un certain gène R est résistante envers un pathogène exprimant le gène Avr, qui lui permet de reconnaître le pathogène. Ainsi, une mutation ou l'absence d'un gène Avr permet au pathogène de contourner la résistance de la plante. Les lignées différentielles portent donc un ou plusieurs gènes R connus.

Une race de rouille est définie par l'ensemble des virulences qu'elle présente. Ainsi, par exemple, en 2007, apparaît la race Robigus que l'on définit par les virulences 1, 2, 3, 4, 9, 17, 25, 32. Elle différait des races précédentes par la virulence 32. Cette virulence supplémentaire lui a permis d'affecter la variété Toisondor jusqu'alors résistante. Cela a été possible car Toisondor comme d'autres variétés n'était protégée que par le gène de résistance Yr32 qui n'était dès lors plus efficace (Guillaume *et al.*, 2016). Depuis 2011, certaines variétés sont devenues très sensibles. L'arrivée de Warrior (1, 2, 3, 4, 6, 7, 9, 17, 25, 32) a fait « craquer » des variétés comme JB Asano, Matrix et Fairplay qui comptaient sur le gène Yr7 pour les protéger (Guillaume *et al.*, 2016). Les races Warrior et Kranich appartiennent à une famille distincte des races anciennement présentes en Europe. Elles appartiennent au même groupe génétique que les populations de la région Himalayenne qui est le foyer d'origine de rouille jaune.

Plusieurs scientifiques supposent aujourd'hui que Warrior serait capable de se reproduire sexuellement en Europe et d'induire ainsi une variabilité génétique beaucoup plus importante que par simple mutation clonale comme c'était le cas pour les anciennes races européennes. Cependant, cette reproduction sexuée ne se déroule pas sur les feuilles de céréales mais doit se réaliser sur l'épine vinette (*Berberis sp.*).

Cette course aux armements entre l'agent pathogène PST et son hôte le blé, sous l'influence des sélectionneurs, a engendré une population PST diversifiée et à large spectre de virulence. En effet, plus d'une dizaine de pathotypes ont été reportés depuis ces 20 dernières années (de Vallavieille-Pope *et al.*, 1990, 2000) avec une croissance du nombre de virulences. C'est d'ailleurs cette variabilité des facteurs de virulence qui a permis les premières études de populations de rouille jaune, suite à la classification du champignon en fonction de sa virulence sur une gamme différentielle mondiale qui présente différents gènes de résistance spécifique (Johnson *et al.*, 1972). En Europe, plusieurs vagues épidémiques ont correspondu au contournement successif de nouvelles résistances spécifiques introduites. Ces contournements rapides (après 2 à 5 années d'utilisation sur de grandes surfaces) des gènes de résistance constituent une contrainte importante pour le secteur semencier.

# **PARTIE II**

---

## **ETUDE EXPERIMENTALE**



**MATERIEL  
ET  
METHODES**



## Chapitre VI. MATERIEL ET METHODES

### 6.1. COMPARAISON ENTRE LES LIGNEES PARENTALES ET LEURS CROISEMENTS : NIVEAU D'HETEROSIS ET COMPOSANTES DU RENDEMENT

#### Intérêt de l'étude

La présente étude a été réalisée dans le but de mettre en évidence la variabilité phénotypique et le déterminisme génétique des caractères liés à la performance du rendement, chez des populations ségréantes de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) et leurs parents. La sélection des meilleures lignées est basée sur leur supériorité par rapport aux parents, estimée par l'hétérosis. Vu que le rendement est un caractère complexe, résultant de différents caractères impliqués directement et indirectement dans sa formation, tels que le poids du grain, le nombre de grains par épi, le nombre d'épis par unité de surface et la biomasse. La méthodologie adoptée au cours de cette étude a porté sur l'analyse de différents caractères morphologiques, physiologiques et biochimiques.

Nous avons donc essayé durant ces deux campagnes 2014/15 et 2015/16, d'étudier les populations ségréantes obtenues avec leurs parents respectifs sur la base de plusieurs critères :

- Paramètres Morphologiques des plantes : le tallage épi (TE) ; la hauteur de la tige (HT); la longueur de l'épi (LE) et la longueur du dernier entre nœud.
- Rendement grain et ses composantes : le nombre d'épis/m<sup>2</sup> (NE), le nombre de grains épi-1 (NGE), et le poids moyen de 1000 grains (PMG).
- Paramètres physiologiques: la durée de la phase végétative (DPV), la surface foliaire (SF) et le dosage de la chlorophylle (Chl).
- Paramètres biochimiques: les sucres solubles, les protéines totales et la proline.
- Etude de l'hétérosis.

### 6.1.1. Matériel végétal

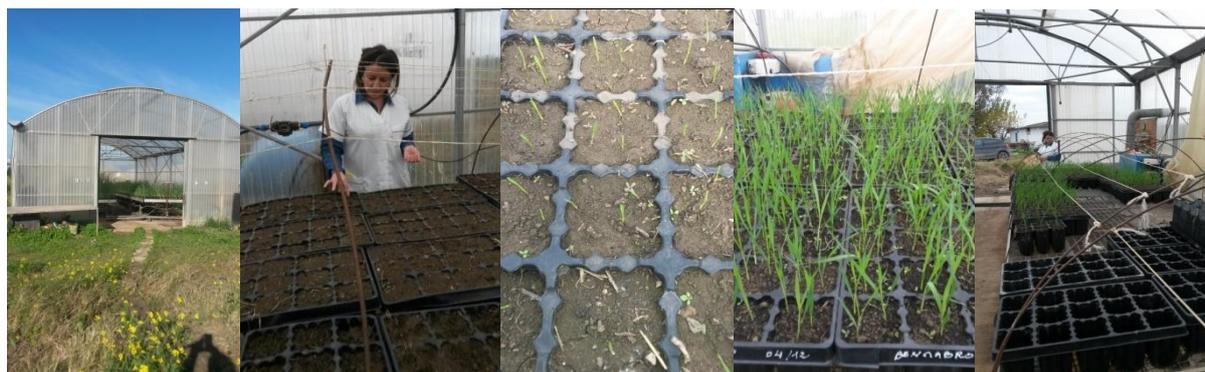
Quatre lignées parentales de blé tendre ont été utilisées dans les croisements afin d'obtenir une variabilité génétique, au cours des campagnes agricoles 2012/13, 2013/14 et 2014/15. La variété Hiddab ou HD1220, considérée comme une base génétique d'adaptation aux conditions locales et Morocco (Mo), lignée provenant du CIMMYT, ont été utilisées comme parents sensibles. Les lignées résistantes utilisées sont : Yr 18/3\* Avocet 'S' (Var 1) et Ciano 79 (Var 2), sont considérées comme une base génétique de résistance à la rouille jaune. Ce sont des lignées avec des gènes de résistance connus Yr18 et Yr27 respectivement choisies dans du matériel CIMMYT/ICARDA et fournies par l'INRAA, station d'El Khroub (tableau7).

**Tableau 7.** Origine des lignées parentales Ciano 79, Yr 18/3\* Avocet 'S' et Hiddab.

Lignées	Pédigrée	Origine	Gène de Résistance
Avocet	Yr 18/3* Avocet 'S'	5thIYRTN/46	Yr18
Ciano	Ciano 79	5thIYRTN/56	Yr27
Hidhab	HYBRID DELHI1220/3*KALYANSONA//NACUZARI F 76		

### 6.1.2. Méthode de croisement

Les semis sont répartis sur 3 dates successives échelonnées sur 15 jours, pour assurer la synchronisation des dates de floraison.



Serre

Semis

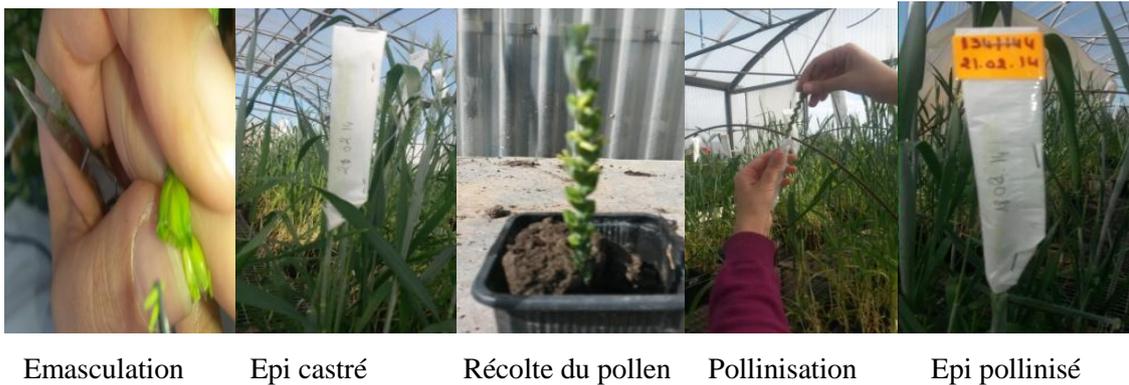
Stade levée

Stade 3 feuilles

Stade tallage

**Photo 2.** Mise en place de l'essai sous serre et stades de développement des plantes

Avant l’anthèse (méiose), nous avons procédé à la castration des épis qui consiste à sectionner la partie supérieure de l’épillet selon la méthode adoptée par l’Institut Technique des Grandes Culture (ITGC). Les anthères accessibles sont alors enlevées à l’aide d’une pince; les fleurs médianes et extrêmes sont éliminées. Les épis castrés sont ensachés par des sachets en cellophane, afin d’éviter une pollinisation accidentelle. Deux à trois jours plus tard, le pollen collecté sur l’épi mâle sert à polliniser les épillets castrés. Après la pollinisation, on remet le sachet protecteur afin d’éviter que le pollen étranger ne vienne s’ajouter au pollen choisi.



**Photo 3.** Méthode d’hybridation artificielle adoptée.

Les croisements sont réalisés selon la table de croisement semi-diallèle (tableau8). Les croisements réalisés sont Yr 18/3\*Avocet'S' / Ciano79 (Var1/Var2), HD/Ciano79 (HD/Var2), HD/Yr18/3\*Avocet'S' (HD/Var1), MO/ Ciano79 (Mo/Var2), MO/ Yr 18/3\*Avocet'S' (Mo/Var1), et MO/HD.

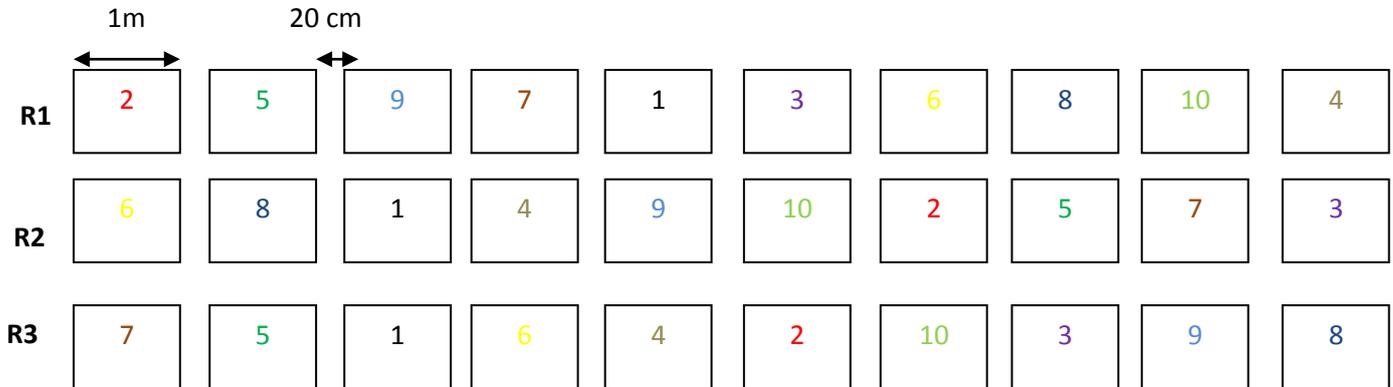
**Tableau 8.** Table des croisements semi diallèle.

♀ \ ♂	Var2	Var1	HD	MO
Var2				
Var1	<b>X</b>			
HD	<b>X</b>	<b>X</b>		
MO	<b>X</b>	<b>X</b>	<b>X</b>	

### 6.1.3. Protocole expérimental

Pour chacune des deux campagnes (2014/2015 et 215/216) et pour chacun des sites expérimentaux, le dispositif expérimental adopté était le bloc aléatoire complet ou bloc de Fisher ou bloc randomisé avec trois répétitions.

Pour la première année d'expérimentation au champ les géotypes étudiés ont été répartis au hasard dans chacun des blocs selon le dispositif expérimental ci-dessous (figure13).



**Figure 13.** Dispositif expérimental.

La parcelle élémentaire étant constituée de 6 lignes de 1m de long avec un écartement de 20 cm entre rangs adjacents. La première année l'expérimentation a concernée six combinaisons variétales et leurs parents respectifs (tableau 9), soit un total de 30 parcelles élémentaires.



**Photo 4.** Traçage des parcelles élémentaires et semis.

**Tableau 9.** Liste des lignées parentales, des hybrides F<sub>2</sub> et leur randomisation en plein champ durant la première année d'expérimentation au champ.

N°	Génotypes étudiés	Code utilisé
1	Hidhab	HD
2	Morocco	Mo
3	Yr 18/3* Avocet 'S'	Var1
4	Ciano 79	Var2
5	Morocco x Hidhab	Mo/HD
6	Morocco x (Yr 18/3* Avocet 'S')	Mo/Var1
7	(Yr 18/3* Avocet 'S') x (Ciano 79)	Var1xVar2
8	Hidhab x Ciano 79	HD/Var2
9	Hidhab x (Yr 18/3* Avocet 'S')	HD/Var1
10	Morocco x Ciano 79	Mo/Var2

La deuxième année, l'expérimentation a porté sur l'étude du comportement des lignées parentales, les hybrides F1 et les populations F2 et F3 (tableau 10), ce qui nous donne un total de 66 parcelles élémentaires (Annexe 05).

Ce genre d'expérience « multi locales et pluriannuelles » ont pour but de vérifier hors station le comportement des populations obtenues et leurs parents et avoir une idée sur la variation temporelle.

**Tableau 10.** Liste des lignées parentales, des hybrides F1, F<sub>2</sub> et F3 et leur randomisation en plein champ durant la deuxième année d'expérimentation au champ.

Génotypes étudiés	N°	Génotypes étudiés	N°
F1 : Mo/Var1	1	F2: Mo/Var1	12
F1 : Mo/Var2	2	F3: HD/Var1	13
F1 : HD/Var1	3	F3: Mo/Var1	14
F1 : HD/Var2	4	F2: Mo/HD	15
F3 : Var1/Var2	5	F3: Mo/Var2	16
F1: Var1/Var2	6	HD	17
F2: Var1/Var2	7	F3: HD/Var2	18
F2: Mo/Var2	8	F2: HD/Var2	19
Var2	9	F1: Mo/HD	20
F2: HD/Var1	10	F3: Mo/HD	21
Var1	11	Mo	22

#### 6.1.4. Sites expérimentaux

Le choix de la zone étude est une étape importante dans la culture du blé. Cette dernière conditionne en effet le niveau de rendement grain attendu, et la qualité du produit brut espéré.

Les deux sites choisis sont :

□ **Site 1:** Institut Technique des Grandes Cultures de Guelma (ITGC), pour la campagne : 2014/2015.

□ **Site 2:** Institut Technique des Cultures Maraichères et Industrielles (ITCMI) d'El Kous ( El-Tarf), pour la campagne : 2015/2016

**Tableau 11.** Principales caractéristiques des essais durant les deux campagnes

Caractéristiques des essais	Campagne	
	2014/2015	2015/2016
Précédent cultural	Pois chiches	Pépinière tomate
Date de semis	18/01/2015	19/12/2015
Dose de semis g/m <sup>2</sup>	15	20
Fertilisation azotée (Urée 46%)	1ql/ha	1ql/ha
Azote au tallage (Sulfazote)	1,30 ql/ha	1,30 ql/ha
Irrigation d'appoint	21/04/2015	-
Date de récolte	21/06/15	16/06/2016

##### 6.1.4.1. Présentation de la station expérimentale de l'ITGC de Guelma

Le site expérimental se situe au Nord ouest de la ville de Guelma, à une altitude de 272 m, aux coordonnées 36°5'Nord et 7°4' Est. Le sol de la parcelle est de texture lourde argilo-limoneux-sableuse à pH légèrement alcalin (7.1), et faible teneur en matière organique 2,2%.

La parcelle expérimentale se situe sur un étage bioclimatique subhumide à hiver doux où la pluviométrie moyenne est de 650 mm/an. Caractérisé par deux grandes saisons: un été sec et chaud et un hiver froid et pluvieux. La répartition pluviométrique est irrégulière, concentré pendant les saisons d'hiver, de printemps et d'automne et faible en été.

NB : A maturité, la récolte a été réalisée manuellement le: 21/06/2015. Les épis ont été battus à l'aide d'une batteuse à épi fixe. La récolte a été mise dans des sacs codifiés et stockés dans une chambre froide à 4°C.

#### 6.1.4.2. Présentation de la station expérimentale de l'ITCMI d'El-Kous

L'expérimentation a été conduite au cours de la campagne agricole 2015/2016, sur le site de la station expérimentale de l'ITCMI d'El-Kous (photo 05). La station est située à une altitude de 5 m, aux coordonnées géographiques 36°47'11.70"N et 7°51'59.24"E. Les terres sont caractérisées par un relief plat. Les sols, appartenant à la classe des sols argileux à limono- argileux.



Photo 5. Site expérimental ITCMI El-Kous (Googel Earth).

#### 6.1.5. Paramètres étudiés

Les notations ont concernées l'ensemble des combinaisons hybrides étudiés et leurs parents respectifs, et ont porté principalement sur :

##### 6.1.5.1. Composantes du rendement

Le rendement en grains peut être vu comme le contenu d'un parallélépipède dont les trois cotés sont le nombre d'épis, le nombre de grains par épi et le poids de 1000 grains (PMG).

**6.1.5.1.1. Nombre d'épis/m<sup>2</sup>:** Le nombre de talles épis par m<sup>2</sup> a été évalué à maturité.

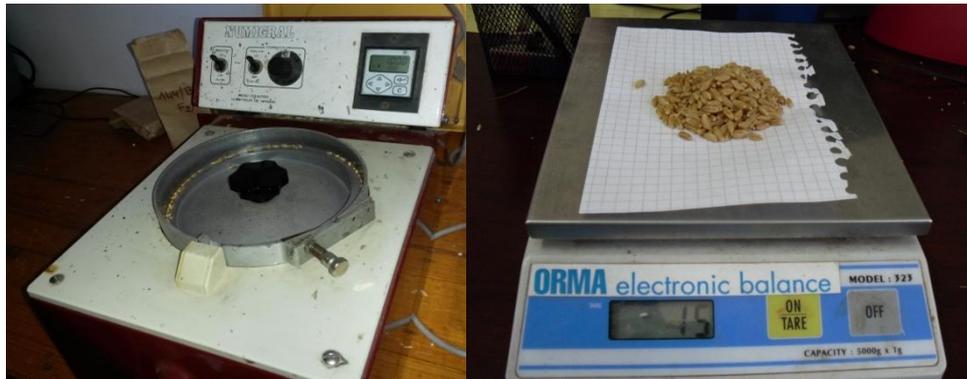
**6.1.5.1.2. Nombre de grains /épi:** évalué à la maturité au champ, après la récolte

**6.1.5.1.3. Poids de 1000 grains (PMG) :** déterminé par comptage et pesage de 1000 grains.

C'est un critère essentiellement variétal qui dépend beaucoup des conditions de culture qui l'influencent de façon très significative. C'est un bon indicateur du mode d'élaboration du rendement et des problèmes rencontrés par la plante lors de son développement: échaudage, attaques par les insectes ou certaines maladies cryptogamiques (Anonyme 2001).

**6.1.5.1.4. Rendement théorique (RDT) :** le rendement a été calculé à partir du nombre de grains épi-1 (NGE), le nombre d'épis/plant (NEP) et le PMG. Le rendement potentiel est estimé à partir de la formule suivante:

$$\text{Rendement (QX/ha)} = (\text{Nombre d'épi/m}^2) \times (\text{Nombre de grains /épi}) \times \text{PMG} / 10^3$$



**Photo 6.** Comptage et pesage du PMG

### **6.1.5.2. Paramètres Morphologiques des plantes**

**6.1.5.2.1 Longueur de l'épi (LE) :** mesurée en cm du col jusqu'à la pointe de l'épi, les barbes non incluses, évaluée au stade floraison.

**6.1.5.2.2 Hauteur de la tige (HT) :** mesurée au stade épiaison du sol à la base de l'épi (cm).

**6.1.5.2.3 Longueur du dernier entre-nœud (DEN):** mesurée du dernier nœud jusqu'à la base de l'épi.

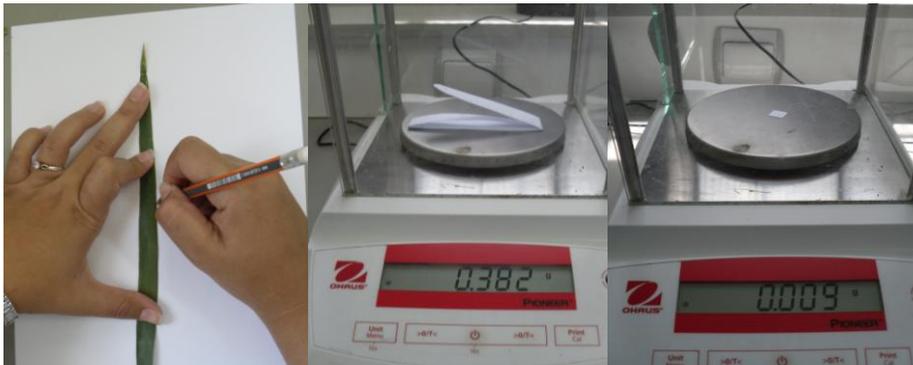
### **6.1.5.3. Paramètres physiologiques**

Celles-ci viennent compléter l'analyse des paramètres agronomiques, afin d'apporter des réponses auxquelles les observations effectuées au champ sont souvent incapables de mettre en évidence.

**6.1.5.3.1. Durée de la phase végétative (DPV) :** la durée de la phase végétative (DPV) est déterminée en nombre de jours calendaires comptée à partir de la levée à la date de réalisation de 50% de l'épiaison. La date d'épiaison est indiquée par la sortie des barbes de la gaine de la dernière feuille complètement développée. La durée de cette phase végétative est un indicateur du degré de précocité. Bouzerzour et *al.* (1998), rapportent une forte corrélation entre le rendement en grain et la durée de la phase végétative, plus cette dernière est longue, plus le niveau de rendement en grain escompté est élevé.

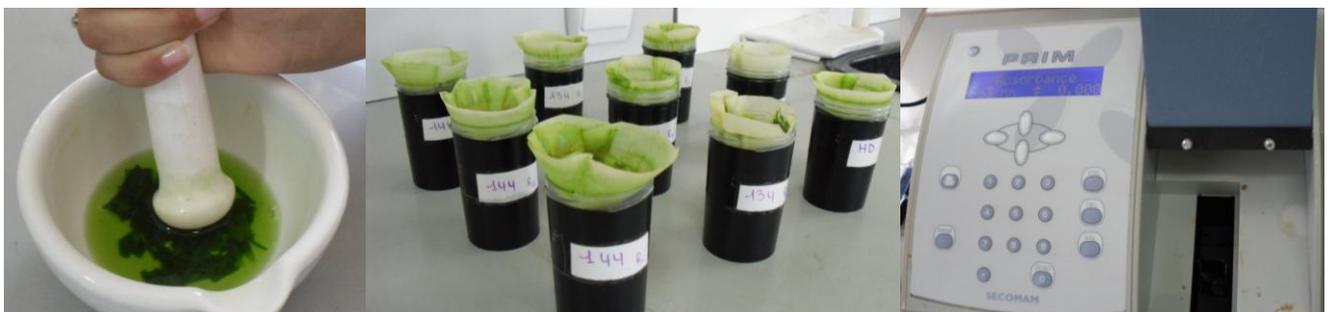
**6.1.5.3.2. Surface foliaire (SF) :** la surface foliaire a été déterminée par la méthode de Paul et *al.* (1979), qui consiste à reprendre la feuille de blé sur papier calque, puis découper les contours du papier, ce dernier est pesé (pf). Pour notre cas les mesures ont été effectuées sur la feuille étendard. On coupe un carré de 1cm de côté S [(1cm<sup>2</sup>)] de ce même papier qui est également pesé (photo 7). On en déduit la surface assimilatrice « S », selon la formule suivante :

$$SF \text{ (cm}^2\text{)} = Pf. S \text{ (1cm}^2\text{)} / P \text{ (1cm}^2\text{)}$$



**Photo 7.** Mesure de la surface foliaire

**6.1.5.3.3. Dosage de la chlorophylle (µg/gMF):** la méthode utilisée pour l'extraction de la chlorophylle des tissus foliaires est la méthode traditionnelle établie par Mackiney (1941) et améliorée par Holden (1975), qui consiste en une macération du végétale dans de l'acétone. On pèse un gramme de feuilles coupées du tiers médian, ces dernières sont coupées en petits morceaux et broyées dans un mortier avec 20 ml d'acétone (CH<sub>3</sub>COCH<sub>3</sub>) à 80% et une pincée de carbonate de calcium. Après broyage total, la solution est filtrée et récupérée dans des flacons noirs pour éviter l'oxydation de la chlorophylle par la lumière (photo 8). Le dosage se fait par prélèvement de 3 ml de la solution dans une cuve en verre à spectrophotométrie.



**Photo 8.** Dosage de la chlorophylle.

La lecture de la densité optique se fait à deux longueurs d'ondes ( $\lambda_1 = 645$  et  $\lambda_2 = 663$  nm), après étalonnage de l'appareil avec la solution témoin d'acétone à 80%. Les teneurs en chlorophylle sont estimées en  $\mu\text{g/g}$  de MF et sont obtenues à partir des formules suivantes (Arnon, 1949) :

\* Chl a:  $12,7 \text{ DO (663nm)} - 2,69 \text{ DO (645 nm)}$ .

\* Chl b:  $22,9 \text{ DO (645nm)} - 4,68 \text{ DO (663 nm)}$ .

\* Chl (a + b):  $8,02 \text{ DO (663nm)} + 20,20 \text{ DO (645 nm)}$ .

DO: densité optique (valeur donnée par le spectrophotomètre).

#### 6.1.5.4. Paramètres biochimiques

Les paramètres biochimiques consistent à mesurer les quantités des constituants des organes biologiques en général : sucres solubles, protéines totales, acides aminées, proline, lipides ...etc.

**6.1.5.4.1. Dosage de la proline ( $\mu\text{g/gMF}$ ):** la proline ou acide pyrrolidine-2-carboxylique, est l'un des vingt principaux acides aminés qui entrent dans la constitution des protéines. La proline est facilement oxydée par la ninhydrine ou tricetohydrindène. C'est sur cette réaction que se base le protocole de mise en évidence de la proline dans les échantillons foliaires (El Jaafari, 1993). La méthode suivie pour doser la proline est celle de Troll et Lindsley (1955), simplifiée et mise au point par Dreier et Goring (1974), est ensuite modifiée par Monneveux et Nemmar (1986).

Elle consiste à prendre Trois prélèvements de 100 mg de matière fraîche (1/3 médian de la feuille). Ces échantillons sont placés dans des tubes à essai, auxquels on ajoute 2 ml de méthanol à 40%, le tout est chauffé au bain marie à  $85^\circ\text{C}$  pendant 60 mn. Pour éviter la volatilisation de l'alcool, les tubes sont couverts de papiers aluminium pendant le chauffage. Après refroidissement on prélève 1 ml de l'extrait auquel on ajoute 1 ml d'acide acétique ( $\text{CH}_3\text{COOH}$ ), 25 mg de la ninhydrine ( $\text{C}_6\text{H}_6\text{O}_4$ ) et 1 ml de réactif contenant : 120 ml d'eau distillée, 30 ml d'acide acétique et 80 ml d'acide orthophosphorique ( $\text{H}_3\text{PO}_4$ ).



**Photo 9.** Dosage de la proline.

Le mélange est porté à ébullition à 100 °C durant 30 min. La solution vire au rouge. Après refroidissement on ajoute 5 ml de Toluène par échantillon. Deux phases se séparent après agitation : la phase supérieure qui contient la proline est colorée en rouge et la phase inférieure sans proline reste transparente. Après avoir récupéré la phase supérieure, on ajoute du sulfate de sodium ( $\text{Na}_2\text{SO}_4$ ), à l'aide d'une spatule pour éliminer l'eau qu'elle contient (photo 9).

On procède enfin à la lecture des densités optiques (DO) des échantillons à l'aide d'un spectrophotomètre à une longueur d'onde de 528 nm. Le zéro du spectrophotomètre est réglé grâce au blanc de gamme, composé de 1ml de méthanol à 40% ,1 ml d'acide acétique, 1 ml du mélange modifié et 25 mg de ninhydrine.

La quantification finale se fait d'après l'équation de la courbe d'étalonnage, préalablement établie à partir d'une série de solutions de concentration en proline connue. Cette courbe est utilisée pour déterminer les teneurs en proline dans les feuilles des plantes.

$$Y = 0,0322 X + 0,059$$

**6.1.5.4.2. Dosage des sucres solubles ( $\mu\text{g/gMF}$ ):** les sucres solubles totaux (saccharose, glucose, fructose, leurs dérivés méthyles et les polysaccharides) sont dosés par la méthode de Sheilds et Burent (1960). Le principe de cette méthode repose sur la condensation des produits de dégradation des sucres neutres. L'acide sulfurique concentré transforme à chaud les glucides en dérivés sulfuriques : les hexoses produisent des dérivés qui donnent avec l'anthrone une coloration verte présentant un maximum d'absorption à 585 nm. Elle consiste à mettre 100 mg de matière fraîche, coupée du tiers (1/3) médian de la feuille, dans un tube à essai puis on ajoute 3 ml d'éthanol à 80% pendant 48 heures à l'obscurité.

La solution à l'anthrone est préparée 4 heures avant les dosages avec les proportions suivantes : 0,2 mg d'anthrone pure dans 100 ml d'acide sulfurique concentré. Au moment du dosage les tubes sont placés dans l'étuve à 80°C pour faire évaporer l'alcool. Dans chaque tube on ajoute à l'extrait 20 ml d'eau distillée, c'est la solution à analyser.

Dans des tubes à essai propres, on met 2 ml de solution à analyser puis on ajoute 4 ml du réactif, le tout est maintenu à 0°C dans de la glace pendant l'opération. Après agitation, les tubes sont mis au bain marie à 90 °C pendant 8 minutes, puis refroidis pendant 30 minutes dans de la glace et à l'obscurité pour éviter l'oxydation des sucres (photo 10).



**Photo 10.** Dosage des sucres solubles

L'absorbance est alors lue au spectrophotomètre à une longueur d'onde de 585 nm. La lecture se fait d'après la courbe d'étalonnage établie avant le dosage. La quantité des sucres solubles a été déterminée à partir de la formule suivante:

$$Y = 0,0055 X + 0,009$$

Y : quantité de sucres

X : densité optique

**6.1.5.4.3. Dosage des protéines totales ( $\mu\text{g}/\text{gMF}$ ) :** la technique utilisée pour le dosage des protéines totales est basée sur la modification de la longueur d'onde maximale d'absorption du bleu de Coomassie, une fois fixé sur les protéines de 460 à 595 nm (Bradford, 1976).

On prend 100 mg d'échantillon, on rajoute 5ml d'eau distillée dans un mortier et on procède à leur broyage jusqu'à l'obtention d'une solution verte. La solution est filtrée sur papier Wattman, ensuite le filtrat est récupéré dans des tubes à essai. C'est la solution à analyser.

Puis dans des tubes à essai propre on prélève 0,2 ml de la solution précédente et 1,6 ml d'eau distillée (à l'aide d'une micro pipette). 5 minutes avant la lecture on ajoute 0,2 ml du réactif de Bradford : [(100 mg de BBC) bleu de brillant de coumassie (G 250) ; 50 ml d'éthanol à 95%. Agiter grâce à un agitateur, rajouter 100 ml d'acide ortho phosphorique à 85% et compléter à l'eau distillée jusque 1 litre] (photo 11)



**Photo 11.** Extraction et dosage des protéines totales

La lecture se fait au spectrophotomètre à la longueur d'onde 595 nm, après l'étalonnage de l'appareil par une solution témoin contenant 0,2 ml d'eau distillée ; 2 ml du réactif de Bradford. La quantification des protéines a été déterminée à partir de la formule :

$$Y = 0,02 X + 0,0413$$

X : quantité de protéines en (g/mg)

Y : densité optique

#### 6.1.6. ETUDE DE L'HÉTÉROISIS

L'estimation de l'hétérosis a été calculée par rapport au parent moyen, ou au meilleur parent, selon les formules suivantes :

- Selon le parent moyen :

$$\% \text{ d'hétérosis} = \frac{F2 - (P1 + P2)/2}{(P1 + P2)/2}$$

- Selon le meilleur parent :

$$\% \text{ d'hétérosis} = \frac{F2 - P_{\max}}{P_{\max}}$$

F2 : valeur de l'hybride

P1 : valeur du premier parent

P2 : valeur du second parent

Pmax : valeur du parent supérieur.

La référence au parent moyen met en évidence les effets de dominance donc l'écart à l'additivité. La référence au meilleur parent met en évidence les effets de superdominance (Lefort- Buson, 1985).

#### 6.1.7. METHODES D'ANALYSES STATISTIQUES

Toute étude statistique peut être décomposée en deux phases au moins : le rassemblement ou la collecte des données, d'une part, et leur analyse ou leur interprétation, d'autre part. L'analyse statistique, peut être décomposée en deux étapes, l'une déductive ou descriptive et l'autre inductive. La statistique descriptive a pour but de mesurer et de présenter les données observées d'une manière telle qu'on puisse en prendre connaissance aisément, par exemple sous la forme de tableaux ou de graphiques. L'inférence statistique permet d'utiliser ou de généraliser dans certaines conditions les conclusions ainsi obtenues à l'aide de tests statistiques en prenant certains risques d'erreur qui sont mesurés en utilisant la théorie des probabilités.

Concernant notre étude, tous les calculs ont été réalisés pour chaque variable, à l'aide du logiciel d'analyse et de traitement statistique des données Minitab version 16. La description des données a consisté à calculer certains paramètres statistiques usuels qui sont :

### **6.1.7.1. Méthodes Statistiques Univariées**

#### **6.1.7.1.1. Description des données**

Pour mieux décrire les différentes caractéristiques obtenues, nous avons calculé certains paramètres statistiques de base tels que la moyenne arithmétique ( $\bar{x}$ ), qui est un paramètre de position et de tendance centrale, l'écart-type ( $\delta$ ) qui mesure la dispersion des données autour de la moyenne, les valeurs minimales ( $x_{\min}$ ) et maximales ( $x_{\max}$ ) qui donnent toutes les deux une idée sur l'étendue des données, et enfin l'effectif ( $n$ ) qui nous renseigne sur l'importance des données traitées.

#### **6.1.7.1.2. Comparaison, entre génotypes, des caractéristiques moyennes : test t de Student pour échantillons indépendants**

Le test t de Student consiste à comparer les moyennes de deux populations à l'aide des données de deux échantillons indépendants (Dagnelie, 1970 et 2006). La réalisation du test t de Student a été faite soit en comparant la valeur observée  $t_{\text{obs}}$  avec la valeur théorique  $t_{1-\alpha/2}$  tirée à partir de la table t de Student pour un niveau de signification  $\alpha=0,05$ , et pour un certain nombre de degrés de liberté  $k$ , soit en comparant la valeur de la probabilité  $p$  avec le niveau  $\alpha=0,05$ .

Dans le premier cas on considère qu'il existe des différences significatives entre les deux moyennes si la quantité  $t_{\text{obs}}$  était supérieure ou égale à la valeur théorique  $t_{1-\alpha/2}$  et dans le deuxième cas on considère qu'il existe des différences significatives si la valeur de  $p$  est inférieur ou égale à la valeur  $\alpha=0,05$ . Les deux méthodes aboutissent aux mêmes résultats.

Ce test a été utilisé pour comparer les moyennes, entre les génotypes, pour chacune des 15 variables étudiées.

#### **6.1.7.1.3. Comparaison entre génotypes, des caractéristiques moyennes : test de l'analyse de la variance**

Pour comparer, entre les génotypes, les moyennes de chacun des 15 paramètres mesurés, nous avons utilisé le test d'analyse de la variance à un critère ou à un facteur de classification modèle fixe. Ce test consiste à comparer les moyennes de plusieurs populations à partir des données d'échantillons aléatoires, simples et indépendants (Dagnelie, 1970 et 2006).

La réalisation du test se fait, soit en comparant la valeur de  $F_{obs}$  avec la valeur théorique  $F_{1-\alpha}$  correspondante, extraite à partir de la table F de Fisher pour un niveau de signification  $\alpha=0,05$ ,  $0,01$  ou  $0,001$  et pour  $K_1$  et  $K_2$  degrés de liberté, soit en comparant la valeur de la probabilité  $p$  avec toujours les différentes valeurs  $\alpha=5\%$  ou  $1\%$  ou  $0,1\%$ .

Selon que cette hypothèse d'égalité des moyennes est rejetée au niveau  $\alpha=0,05$ ,  $0,01$  ou  $0,001$ , on dit conventionnellement que l'écart observé entre les moyennes est significatif, hautement significatif ou très hautement significatif. On remarque généralement ces écarts d'un, deux ou trois astérisques (Dagnelie, 1970 et 2006). Ce test a été utilisé pour comparer, d'une part, entre les 10 génotypes les moyennes de chacune des 15 paramètres. Les calculs sont réalisés à l'aide de la procédure GLM du logiciel Minitab 16 pour chacune des 15 variables des 10 génotypes.

#### **6.1.7.1.4. Recherche de groupes de génotypes homogènes : méthode de la plus petite différence significative (p.p.d.s)**

Il s'agit de rechercher quels sont les groupes de génotypes, pour telle ou telle caractéristique mesurée.

Le choix entre les différentes approches est très largement fonction de la nature quantitative ou qualitative, des facteurs considérés, et de l'objectif qui a été fixé, ou qui aurait dû être fixé, au moment où la collecte des données a été décidée. Parmi ces méthodes figure celle appelée la méthode de la plus petite différence significatives ou *p.p.d.s* qui s'applique en une seule étape et qui est, de ce fait, d'une utilisation très facile.

Les résultats obtenus sont généralement présentés sous forme de moyennes soulignées, les soulignements correspondant à des moyennes ou des groupes de moyennes (ou de génotypes) qui ne sont pas significativement différentes les unes des autres. En ce qui nous concerne, et ceci dans le cas uniquement de la matrices des données globale, chaque fois que l'égalité de plusieurs moyennes a été rejetée par l'analyse de la variance pour un facteur fixe, nous avons utilisé la méthode de *p.p.d.s* pour tenter de déterminer les groupes de moyennes qui sont identiques ou en d'autres termes les groupes de génotypes, qui sont aussi homogènes que possible (Dagnelie, 1970 et 2006).

#### **6.1.7.2 Méthodes Statistiques Bivariées**

La méthode statistique bivariée utilisée consiste essentiellement à calculer le coefficient de corrélation linéaire de Bravais-Pearson entre les variables prises deux à deux. Ce coefficient donne des indices sur l'évolution simultanée des variables considérées deux à deux (Dagnelie,

2006) Il est compris entre +1 et -1. Il est positif quand les deux variables augmentent en même temps ou diminuent en même temps, il est négatif quand l'une augmente et l'autre diminue et vice-versa. Les corrélations ont été calculées pour les moyennes des 15 variables mesurées pour l'ensemble des 10 génotypes, soit sur la matrice de données de dimensions  $n \times p$  (avec  $n=10$  génotypes,  $p=15$  vecteurs moyennes des variables). Le logiciel Minitab fournit chaque fois la valeur du coefficient de corrélation et la valeur de la probabilité  $p$  correspondante afin de tester la signification de la corrélation en question.

### **6.1.7.3 Méthodes Statistiques Multivariées**

#### **6.1.7.3.1. Comparaison, entre génotypes, pour l'ensemble des caractéristiques : test d'analyse de la variance multivariée MANOVA**

La comparaison des 10 génotypes, entre elles, pour l'ensemble des 15 paramètres mesurés, a été réalisée à l'aide de l'analyse de la variance multivariée. Cette méthode est une extension de l'analyse de la variance univariée, quand on a plusieurs variables qui ont été observées simultanément sur les mêmes individus (ou génotypes).

Nous avons utilisé la commande de MANOVA du logiciel Minitab, d'une part, aux données des 15 variables mesurées, afin de réaliser, chaque fois, le test d'analyse de la variance multivariée modèle fixe.

#### **6.1.7.3.2. Recherche de variétés similaires: Analyse en composantes principales**

L'analyse en composantes principales (ACP) est une méthode exploratoire et descriptive (Dagnelie, 1970,1986 et 2006; Palm, 1998). Elle est utilisée pour interpréter une matrice de données sans structure particulière ne comportant, à priori, aucune distinction, ni entre les variables, ni entre les individus. Elle a pour but de remplacer les  $p$  variables initiales fortement corrélées entre elles en  $p$  variables appelées composantes principales ou axes principaux synthétiques non corrélés entre elles, et de variance progressivement décroissante. Les premières composantes pouvant éventuellement faire l'objet d'une interprétation particulière et les dernières pouvant généralement être négligées (Dagnelie, 1970,1986 et 2006).

Cette méthode (ACP), a été appliquée à la matrice de données de dimension  $10$  (ou  $22$ )  $\times 15$ , avec  $n=10$  ou  $22$  vecteurs lignes représentant les génotypes et  $p=15$  vecteur colonnes représentant les vecteurs de moyenne des paramètres physiologiques, chimiques et morphologiques mesurées.

### **6.1.7.3.3 Recherche de classes de variétés homogènes : analyse hiérarchique ou classification hiérarchique**

La recherche de groupes ou de classes de variétés homogènes peut également se faire par ce qu'on appelle la classification hiérarchique. Plusieurs méthodes sont proposées par Dagnelie (1986) pour atteindre ce but.

Cependant, nous n'utiliserons que celle qui est proposée par Bouroche et Saporta (1980) et qui est reprise par Palm (2000) et Dagnelie (1986) et dont l'algorithme est programmé dans le logiciel Minitab (X, 2003).

Cette méthode permet de déterminer le niveau de similitude ou de divergence entre les individus ou génotypes et donne une répartition des individus ou génotypes en groupes ou classes homogènes. C'est une méthode hiérarchique agglomérative qui utilise la procédure du lien simple et la distance carré de Pearson (X, 2003) pour classer les 10 ou 22 génotypes en classes aussi homogènes que possible. Elle a été appliquée sur la matrice de données de dimension 10x15, avec n=10 vecteur lignes (génotypes) et p=15 vecteur colonnes représentant les 15 variables physiologiques, chimiques et morphologiques mesurées au cours de notre étude.

## VI.2. ANALYSE DES RACES DE ROUILLE JAUNE EXISTANTES

### 6.2.1. Méthode d'échantillonnage

Dans le but de déterminer les races de rouille existantes nous avons procédé au cours de l'année 2014 à la collecte des feuilles de blé atteintes de rouille jaune, sur 03 sites différents dans l'Est algérien : Guelma, Mila et Souk Ahras. Absence de rouille jaune au cours de cette année au niveau du site expérimentale. Les isolats ont été transmis à l'University d'Aarhus, Faculty of Agricultural Sciences, Dept. Of Integrated Pest Management, ForsØgsvej, Slagelse, au Denmark, pour analyser les races de rouille jaune prédominantes.

L'échantillonnage a été effectué au cours du mois de mai 2014. Une fois collectées, les feuilles sont conservées immédiatement dans des sacs en papier absorbants et gardées à température ambiante. Selon le protocole suivant :

- Pour chaque parcelle 3 à 5 feuilles étendards par tiges sont collectées. Les feuilles supérieures sont meilleures car elles sont généralement plus viables et plus vertes que les anciennes feuilles.
- Les feuilles sont pliées séparément et placées individuellement dans des sachets de glycine pour favoriser le séchage rapide et éviter l'enroulement des feuilles. Les pustules doivent être à l'intérieur de la feuille pliée (photo 12).
- Les feuilles sont placées sous un poids, pendant 24 heures à température ambiante. Les échantillons prélevés dans une même parcelle sont mis ensemble dans une enveloppe étiquetée avec un numéro d'identification unique.
- Après séchage, chaque enveloppe est scellée avec du ruban adhésif.
- Avant l'envoi des échantillons, l'ensemble des enveloppes sont placées dans deux enveloppes supplémentaires de taille supérieure.



**Photo12.** Echantillon de feuilles de blé contaminées pour analyser la race de rouille

### **6.2.2. Fiche d'identification des échantillons**

Les échantillons ont été transmis, accompagnés des informations suivantes:

- Type de maladie : Rouille jaune / Rouille brune / Rouille noire.
- Site de prélèvement des échantillons: Exploitation agricole/ Essai,...etc.
- Localisation du site.
- Longitude, latitude.
- Niveau par rapport à la mer.
- Date du prélèvement.
- Plante hôte (espèce) : Blé tendre / Blé dur / Triticale.
- Variété.
- Stade de développement de la plante.
- Type de culture.
- Région/ Département.
- Type d'infection (R/M/S).
- Sévérité de la maladie (%).
- Code d'identification (ID) indiqué sur l'enveloppe.

**Tableau 12.** Fiche d'indentification des échantillons

Pathogen	Survey site	Location	Latitude	Longitude	Elevation	Collection date	Host species (common name)	Host variety	Growth stage	Crop type	Dépt./ region	Infection type	Severity	Sample code
YR: <i>P. striiformis</i> SR: <i>P. graminis</i> tritici LR: <i>P. triticina</i>	Trial (T), Road Side (RS) Farmer field (FF), Grass Weed (GW)		Decimal degrees	Decimal degrees	Meters above sea level	dd.mm.yy	bread wheat/ durum wheat/ triticale/ rye/ barley	<name> or 'unknown'		Winter spring		R / M / S	%	unique ID as indicated on envelope/ tube
YR: <i>P. striiformis</i>	(T)	ITGC	36°27'34.99"N	7°26'57.94"E	308 m	12.05.14	Bread wheat	Sultan 95	Dough	winter	Guelma	M	50%	2
YR: <i>P. striiformis</i>	(T)	ITGC	36°27'34.47"N	7°26'59.49"E	308 m	12.05.14	Bread wheat	Konya	Dough	winter	Guelma	M	40%	3
YR: <i>P. striiformis</i>	(T)	ITGC	36°27'34.67"N	7°26'58.56"E	308m	12.05.14	Bread wheat	1-C-17631	Dough	winter	Guelma	M	30%	4
YR: <i>P. striiformis</i>	(T)	ITGC	36°27'34.67"N	7°26'58.56"E	308 m	12.05.14	Bread wheat	1-C-17644	Dough	winter	Guelma	M	50%	5
YR: <i>P. striiformis</i>	(T)	ITGC	36°27'34.67"N	7°26'58.56"E	308 m	12.05.14	Bread wheat	1-C-17677	Dough	winter	Guelma	M	20%	6
YR: <i>P. striiformis</i>	(T)	ITGC	36°27'35.57"N	7°26'55.96"E	308 m	12.05.14	Bread wheat	1-C-17748	Dough	winter	Guelma	M	50%	7
YR: <i>P. striiformis</i>	(FF)	Ferdjioua	36°13'04.95"N	6°00'18.72"E	488m	07.05.14	Bread wheat	Ascad	Dough	winter	Mila	M	20%	1
YR: <i>P. striiformis</i>	(FF)	El Ameria	36°7'12.07"N	7°32'25.49"E	653m	16.05.14	Durum wheat	Simeto	Dough	winter	Souk - Ahras	M	20%	3

### **VI. 3. ETUDE DE LIGNEES PARENTALES DE BLE TENDRE UTILISEES DANS UN PROGRAMME D'AMELIORATION GENETIQUE POUR LA RESISTANCE A LA ROUILLE JAUNE ASSISTEE PAR MARQUEURS MOLECULAIRES**

#### **6. 3.1. Matériel végétal**

L'étude a porté sur l'analyse des lignées parentales de blé tendre: HD 1220 (HD), Morocco (Mo), yr18/3\*Avocet (Var1) et Ciano 79 (Var2). Ce matériel a été utilisé dans les croisements, pour améliorer la résistance des variétés sensibles à la rouille jaune dans un programme de sélection assisté par marqueurs moléculaires. HD est considérée comme une base génétique d'adaptation aux conditions locales, elle est utilisée dans la majorité des étages bioclimatiques du pays, et elle est très appréciée par les agriculteurs. Néanmoins, elle présente une sensibilité élevée à la rouille jaune, son rendement chute fortement sous forte attaque de ce pathogène.

#### **6.3.2. Conduite de l'expérimentation**

L'analyse du matériel végétal a été effectuée au niveau du laboratoire de l'Unité de génétique à l'Ecole Technique Supérieure d'ingénierie Agronomique de l'Université Polytechnique de Madrid (Espagne). L'étude a porté sur l'analyse des sous unités de gluténines à haut poids moléculaire et la recherche de gènes de résistance à la rouille jaune.

##### **6.3.2.1. Analyse des gluténines à haut poids moléculaire (HWM)**

L'extraction des protéines est réalisée à partir de la farine d'un demi-grain (20 mg), obtenue après broyage au mortier d'un demi-grain et recueillie dans un Ependorff de 1,5 ml (photo13). L'analyse s'est effectuée sur 08 graines pour chaque variété. Cette farine a été utilisée pour réaliser l'électrophorèse SDS-PAGE, dans le but de:

- Déterminer l'homogénéité de chaque variété.
- Analyser la composition des gluténines pour chaque parent.



**Photo 13.** Extraction de la farine pour analyser les gluténines à HWM

#### **6.3.2.1.1. Principe de la SDS-PAGE**

Cette technique permet de séparer les protéines selon leur poids moléculaire. La matrice est créée par la polymérisation d'acrylamide et de bis-acrylamide. Le TEMED et le persulfate d'ammonium sont les agents de polymérisation. La grosseur des pores formés est fonction de la concentration d'acrylamide. Plus la concentration est élevée, plus les pores seront petits et les molécules les mieux séparées seront celles de petits poids moléculaires. Cette méthode de séparation, est une méthode dénaturante en raison de l'ajout de laurylsulfate de sodium (ou SDS pour dodécylsulfate de sodium).

Dans ce gel dénaturant, on retrouve le SDS qui se lie aux protéines selon un ratio constant (1 molécule de SDS pour 2 acides aminés). Le SDS est un détergent fort possédant une longue queue hydrocarbonée hydrophobe et une extrémité chargée négativement. Il interagit avec les protéines par sa portion hydrocarbonée en liant leurs régions hydrophobes. En se liant à la protéine, le SDS empêche son repliement et lui confère une charge nette négative. Cela signifie que seul le poids moléculaire apparent (et non réel) des protéines sera le facteur de leur séparation. Ceci permet sa migration dans la matrice à l'aide d'un courant électrique et la séparation des protéines s'effectue uniquement en fonction de leurs poids moléculaires (les protéines ayant un petit poids moléculaire migreront plus loin que les grosses).

Les protéines sont tout d'abord condensées dans un gel de concentration puis séparées dans un gel de séparation. Lorsque les protéines ont été séparées, leur visualisation peut être effectuée en les colorant directement (Bleu de Coomassie ou nitrate d'argent). Cette coloration permet de visualiser toutes les protéines dans l'échantillon.

### 6.3.2.1.2. Extraction des protéines séquentielles

La méthode d'extraction utilisée est la technique d'extraction séquentielle décrite par Singh et *al.*(1991) et qui consiste à extraire les protéines de réserve séquentiellement selon leur solubilité dans les trois solutions d'extraction de base. Dont le protocole est décrit ci-dessous :

#### - **Elimination des gliadines**

1. Rajouter dans l'Ependorff qui contient la farine, 1 ml de la solution « A » et agiter, pour extraire les gliadines.
  - Incuber les échantillons dans une étuve à 65°C pendant 30 min, entrecouper avec deux vortex intermédiaires, à 10 et à 20 minutes.
  - Centrifuger 5 min à 13.000 r.p.m.
  - Ensuite, le surnageant est éliminé du tube puis récupéré dans un autre Ependorff.
2. Répéter l'étape 1.
  - Centrifuger pendant 2 min à 10.000 r.p.m.
  - Eliminer le surnageant.
3. Ajouter au résidu 0,5 ml de la solution « A » et agiter.
  - Centrifuger pendant 5 min à 13.000 r.p.m, sans étuver.
4. Eliminer tout le surnageant par aspiration.

Ces trois étapes d'extraction avec la solution « A » ont pour but d'extraire et d'éliminer la quasi totalité des gliadines pour ne laisser dans la farine que les gluténines.

#### - **Extraction des gluténines**

1. Rajouter au résidu 100 µl de la solution « B », à laquelle on rajoute extemporanément pour extraire et réduire les gluténines 1% (p/v) de Dithiothreitol (DDT).
  - Agiter brièvement et incuber à 65°C pendant 30 minutes.
  - Agiter brièvement.
2. Ajouter 0,1 ml de la solution « B » à laquelle on ajoute 1,5% (V/V) de vinylpyridine à la place du DDT.
  - Agiter brièvement.
  - Incuber à 65°C pendant 15 minutes, sans vortexer.
  - Centrifuger 5 min à 13.000 r.p.m.

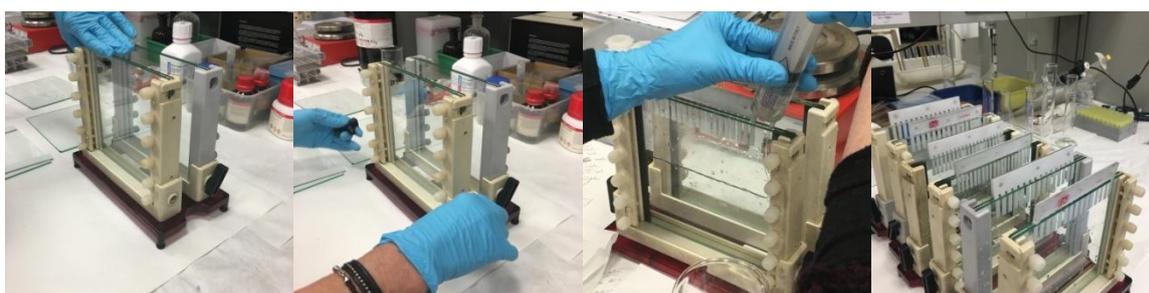
3. Transférer 0,05 ml de surnageant dans un autre Eppendorf qui contient 0,05 ml de la solution « C ».
  - Vortexer et incubé à 65°C pendant 15 min avant de centrifuger pendant 2 min à 10.000 r.p.m.
  - Conserver à température ambiante.

**Tableau 13.** Composition des solutions utilisées dans l'extraction séquentielle des gluténines.

Solution A	Solution B	Solution C
50 % (v/v) Propanol	50 % (v/v) Propanol	2 % (p/v) SDS
	0,08 M Tris-HCl pH 8.0	40% (p/v) Glycérol
		0,02% (p/v) bleu de Bromophénol
		0,08 M Tris- HCl pH 8,0

### 6.3.2.1.3. Préparation des gels

Dans la méthode de séparation par SDS-PAGE nous devons préparer deux types de gels : Un gel de séparation qui permet de fractionner les différentes protéines et les sous-unités protéiques selon leurs poids moléculaires et un gel de concentration permettant de retenir les impuretés et de tasser les protéines. Avant de préparer les gels on doit procéder au montage des plaques, après les avoir nettoyées à l'éthanol, on les place l'une contre l'autre en les séparant avec deux espaceurs dont on a choisit une épaisseur de 1mm (photo 14). Les plaques doivent être bien serrées afin d'éviter les fuites.



**Photo14.** Montage des plaques pour électrophorèse et le coulage des gels.

Le gel de séparation est coulé doucement entre les plaques (montées auparavant) pour éviter de former des bulles jusqu'à un niveau délimité sur l'une des plaques pour laisser la place au gel de concentration (environ 4 cm de l'encoche). Ensuite, on coule une fine couche de butanol pour égaliser la surface du gel et éviter son contact avec l'air afin de faciliter la polymérisation.

Au bout de 30 à 45 minutes le gel prend, on se débarrasse du butanol et on rince bien à l'eau distillée. Le gel de concentration est coulé sur le gel de séparation, les peignes sont posés bien centrés entre les plaques en évitant de faire des bulles. Le gel prend après une durée de 45 à 60 minutes; les peignes sont retirés soigneusement pour ne pas casser les puits. Enfin, on verse le tampon dans les puits est on fait les dépôts.

**Tableau 14.** Composition des gels de séparation et de concentration.

Gel de séparation (running gel) à 12%		Gel de concentration (stacking gel)	
Acrylamide 35%	17,5 ml	Acrylamide 35%	1,71 ml
Bisacrylamide 2%	3 ml	Bisacrylamide 2%	0,433 ml
Eau distillée	18,8	Eau distillée	15,2 ml
Tris HCL pH 8,8	8,3	Tris HCL pH 6,8	2,5 ml
SDS 10%	0,5	SDS 10%	0,2 ml
Ammonium persulfate (APS) 1% (p/v)	1,25	Ammonium persulfate (APS) 1% (p/v)	1,0 ml
TEMED	25µl	TEMED	20µl

#### 6.3.2.1.4. Migration

Le tampon de migration est constitué de : glycine à 40% (p/v), de Tris-HCLpH8,8 à 0.08 (p/v), de SDS à 2% (p/v) et bleu de bromophénol 0,02 % (p/v). Après le dépôt des différents échantillons (18 à 24 µl), la cuve d'électrophorèse (bac inférieur) est remplie à un niveau suffisant avec le tampon d'électrophorèse. Le bac supérieur situé entre les deux plaques est rempli lui aussi avec le même tampon jusqu'à ce que les faces supérieures des gels soient immergées; Ce dernier est placé dans la cuve d'électrophorèse pour que les faces inférieures des gels plongent dans le tampon. Enfin, on ferme la cuve puis on la relie à un générateur qui va assurer le passage du courant électrique. La migration est menée avec une intensité constante de 45mA/gel pendant 2-3 heures (Photo15).



**Photo 15.** Dépôts des échantillons, dépôt, migration dans l'électrophorèse et rinçage du gel

#### **6.3.2.1.5. Fixation et coloration:**

Après la sortie du front de migration (coloré en bleu), la migration est arrêtée. Les gels sont démoulés et récupérés dans des bacs en plastique puis recouverts avec une solution de coloration constituée d'un fixateur des protéines, le TCA (acide trichloracétique) à 12%, éthanol 96° et d'un colorant, le bleu de Coomassie R250. On utilise 250 ml de solution pour chaque gel. Les gels doivent être maintenus en agitation pendant 24 heures pour éviter le dépôt du colorant. Après, ils sont décolorés à l'eau du robinet.

#### **6.3.2.1.6. Lecture des gels**

La lecture des gels est faite sur la base des nomenclatures établies par Payne et Lawrence (1983) et Vallega et Waines (1987), modifiée par Branlard et al.(1990) adoptées pour les gluténines de haut et de faible poids moléculaire.

### **6.3.2.2. Caractérisation moléculaire**

Afin de confirmer les observations sur champ et mettre en évidence l'existence des gènes de résistance à la rouille jaune des cultivars étudiés, les observations ont été appuyées par l'analyse de l'ADN par PCR. Les marqueurs disponibles ont été testés afin d'identifier ceux à utiliser en sélection assistée par marqueurs (tableau 15).

#### **6.3.2.2.1. Extraction de l'ADN génomique**

L'ADN génomique total des échantillons a été extrait à partir des graines en suivant le protocole proposé par Saghai-Marooif et *al.*, (1984) comme suit : pour chaque génotype, on a procédé au broyage dans un mortier d'un demi-grain. La farine obtenue est transférée dans un Eppendorf de 2ml. On ajoute 500µl de tampon d'extraction (100 mM Tris-HCl pH 8). Après agitation au vortex, le mélange est incubé à 65°C avec agitation constante. On a ajouté 500µl de chloroforme alcool isoamyl (24 :1) et on mélange bien les phases.

On centrifuge à 13.000 r.p.m. pendant 10 minutes. On récupère 400µl de la phase supérieure et on la transfère à un nouveau tube. On ajoute 400µl d'isopropanol refroidi préalablement à (-20°C) et on mélange doucement.

Après centrifugation pendant 5 minutes à 13.000 r.p.m. On élimine le surnageant et on ajoute 500µl d'éthanol à 70% refroidi à (-20°C), on décolle le culot, et on le laisse durant 5 minutes à température ambiante. On élimine le surnageant et on laisse sécher les tubes. On suspend l'ADN dans 100µl de TE et on le garde au frigo à 4°C.

### 6.3.2.2.2. Visualisation et quantification de l'ADN génomique

L'ADN obtenu est observé aux deux différentes longueurs d'onde 260/280 et 260/230 à l'aide du Nanodrop spectrophotomètre (*Biophotometer*), en utilisant 5µl d'ADN, chargés sur du gel d'agarose à 2%.

### 6.3.2.2.3. Amplification PCR et analyse électrophorétique

Des amplifications par PCR ont été effectuées en utilisant le mélange réactionnel de PCR suivant: 2µl de la matrice d'ADN, 1µl de tampon 6X et 15µl d'eau, 2,5 µl de désoxynucléotide triphosphates (dNTPs), 1,25 µl de chaque amorce et 1U de polymérase Taq. L'amplification par PCR a été réalisée dans un thermo-cycler (Bio-Rad Thermal Cyclers C1000).

Les conditions cycliques thermiques étaient les suivantes:

- Etape de dénaturation initiale pendant 2 min à 94°C, suivie par 35 cycles de 1 min à 94°C
- Appariement, 1 min à 37°C
- Elongation, 2 min à 72°C, suivi d'une élongation finale de 5 min à 72°C.

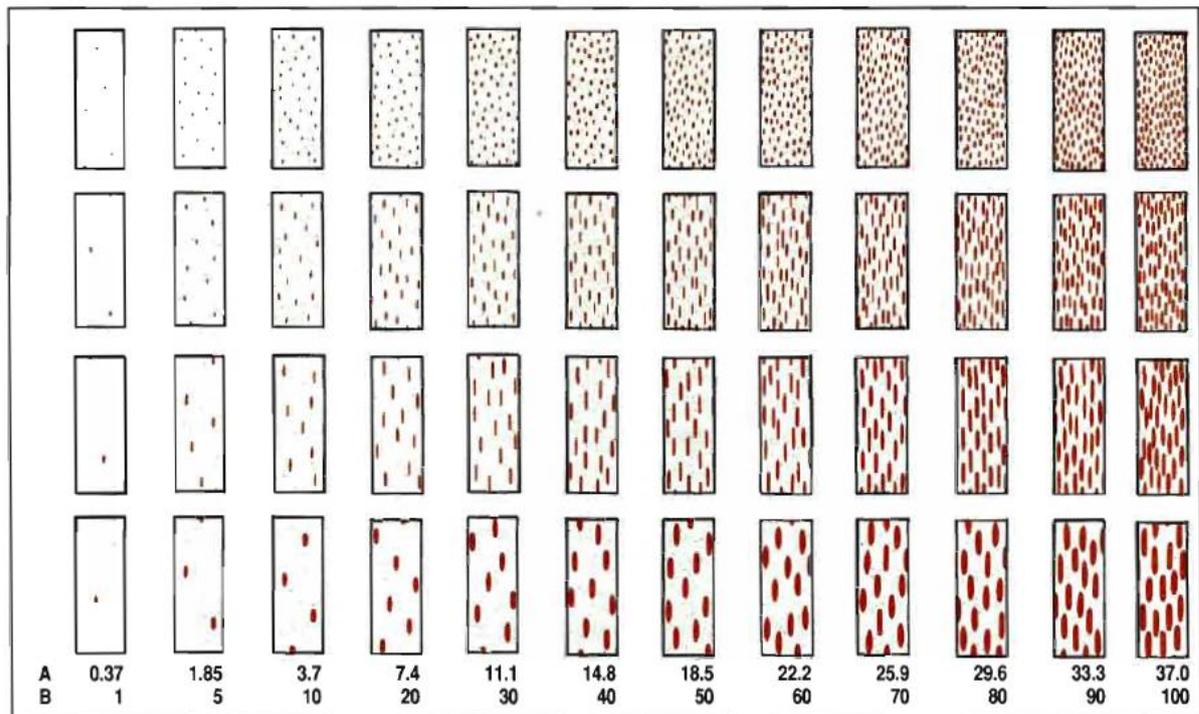
Les températures d'appariement des amorces étaient différentes en fonction de la température de fusion (tableau 15). Les produits d'amplification (4µl de PCR, 2µl de tampon SBx6 (*Sample Buffer x6*) et 6µl d'eau), ont été résolus par électrophorèse dans un gel d'agarose à 2% colorés avec le GelRed (*Biotium*), et visualisés avec un système de documentation de gel microDOC avec transilluminateur à UV. Les amorces expérimentées ont été retenus en fonction des résultats déjà décrits (McDonald et al., 2004 ; Yang et al., 2013; Kolmer et al., 2008 ; Lagudah et al., 2006 ; Lagudah et al., 2009).

**Tableau 15.** Marqueurs moléculaires utilisés et programme d'amplification PCR recommandé.

Marqueurs moléculaire	Localisation	Type de marqueur	Gènes	Température d'appariement
<i>Xgwm410</i>	2BS	SSR	Yr27	53°C
<i>Xgwm55</i>	2BL	SSR	Yr27	58°C
<i>Xgwm 16</i>	2B	SSR	Yr27	50°C
<i>Xgwm148</i>	2B	SSR	Yr27	55°C
<i>Xgwm295</i>	7D	SSR	Yr18	58°C
<i>Xbar092</i>	7D	SSR	Yr18	50°C
<i>csLV34</i>	7D	STS	Yr18	55°C

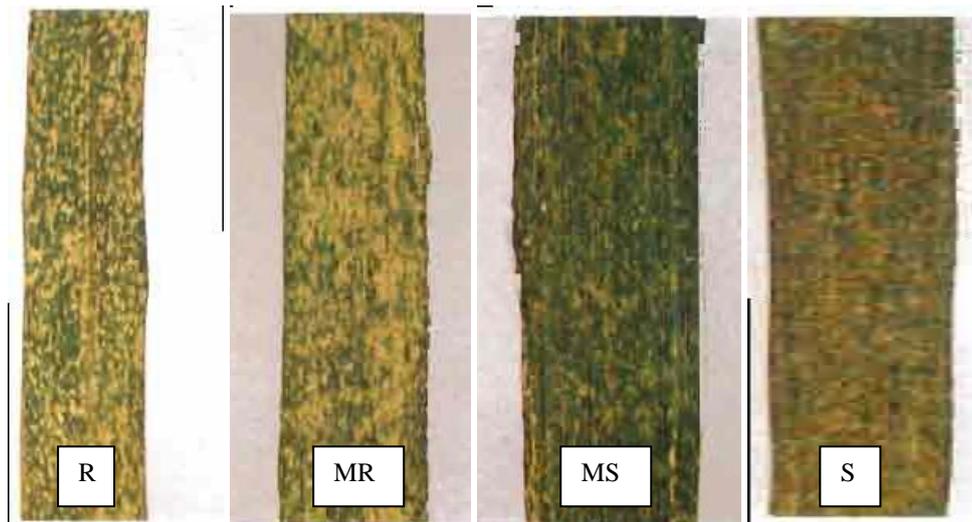
### 6.3.2.3. Dépistage de la maladie au champ

L'infection a eu lieu naturellement. Les notations sur terrain de la maladie ont débuté lorsque les premiers symptômes ont commencé à apparaître sur les feuilles. Six évaluations de la sévérité ont été effectuées, soit tous les trois à sept jours jusqu'à la fin de l'épidémie. L'évaluation de la sévérité de l'infection a été basée sur l'échelle de Cobb modifiée (Peterson et *al.*, 1948), où le pourcentage des tissus affectés par la rouille a été estimé visuellement sur les trois dernières feuilles, pour 20 plants de chaque cultivar.



**Figure 14.** Echelle de Cobb modifiée : A, pourcentage réel occupé par les uridés ; B, sévérité de la rouille de l'échelle Cobb modifiée après Peterson et *al.*(280)

Tandis que la réponse qualitative de l'hôte à l'infection, à savoir le type d'infection (TI) a été évaluée comme décrit par Roelfs et *al.*(1992). Quatre types d'infection ont été utilisés: R (résistant, sans tissu sporulant dans les lésions, ou de très petite taille et entouré de nécrose et de chlorose), MR (modérément résistant, avec une petite zone de tissu sporulé entourée de chlorose ou de nécrose), MS (modérément sensible, avec une zone sporulée de taille modérée et sans chlorose ni nécrose), S (sensible, avec une large zone sporulée sans chlorose ni nécrose).



**Figure 15.** Type d'infection (Roelfs et *al.*,1992)

Le développement de l'épidémie est exprimé également par une variable intégrative, l'aire sous la courbe de progression de la maladie (AUDPC), qui a été également calculé pour chaque cultivar, en utilisant l'équation adoptée par Pandey et *al.*(1989).

La valeur de cette AUDPC dépend du nombre de notations effectuées et également de la durée en jours entre chacune des notations, selon la formule suivante:

$$\text{AUDPC} = \Sigma [(y_i + y_{i+n})/2] * [(t_i - t_{i+n})]$$

Avec  $y_i$  : % de destruction à l' $i^{\text{ème}}$  observation et  $y_{i+1}$ , % de destruction à l' $i^{\text{ème}}+1$  observation.  $t_i$  : date de l' $i^{\text{ème}}$  observation en jour après plantation et  $t_{i+1}$ , la date de l' $i^{\text{ème}}+1$  observation.

Afin d'évaluer le rendement des mesures post récolte ont été effectuées : le poids de 1000 grains (PMG) et le rendement en grain (Rdt), diverses mesures ont été faites au cours de la saison: la précocité (DPV) et la surface foliaire (SF).

# **RESULTATS ET DISCUSSIONS**



## Chapitre VII. RESULTATS ET DISCUSSION

### 7.1. COMPARAISON ENTRE LES PARENTS ET LEURS CROISEMENTS F2 : COMPOSANTES DU RENDEMENT ET NIVEAU D'HETEROSIS

#### 7.1.1. CONDITIONS CLIMATIQUES DE L'EXPERIMENTATION

La campagne d'étude (2014/2015), s'est caractérisée par un cumul pluviométrique enregistré entre janvier et juin 2015 de 404,00 mm (Tableau 16). Du point de vue répartition, on constate une répartition irrégulière des pluies, avec des maximas en février (150,00 mm) et janvier (128,00 mm), suivie de l'absence totale de pluie au cours du mois d'avril, période critique de remplissage du grain. L'analyse du régime thermique indique que cette année s'est caractérisée par une élévation importante de la température de l'air, passant de moins de 10°C à 37,8°C, avec des pics au cours du mois de mai et juin dépassant les 40°C. Ce phénomène accélère le développement des plantes et pousse la végétation à terminer un cycle qui vient juste de démarrer.

**Tableau 16.** Données climatiques de l'année 2015, station de Guelma

	Janv	Fev	Mars	Avr	Mai	Juin	Juil	Août	Sep	Oct
<b>Cumul</b>	128	150	94	2	29	1	5	19	39	
Précipitatio										
Température moyennes	11,1	9,6	13	16,1	20,2	23,8	28	28,5	24,8	
Tempé. Maxi extrême	22,5	19,6	28	31,2	41,5	39,7	44,1	41,5	41,5	32,2
Tempé. Mini maximale	15,5	10,2	13	14	18,4	23,8	22,2	24,7	24,7	19,4

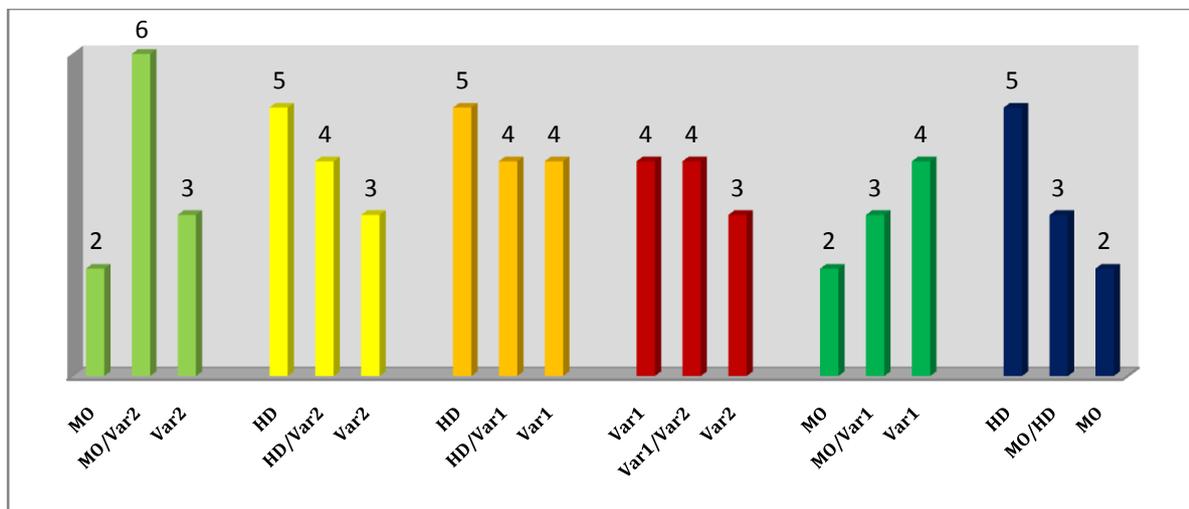
#### 7.1.2. PARAMETRES ETUDIES

##### 7.1.2.1. Composantes du rendement

###### 7.1.2.1.1. Nombre d'épis/plant

L'analyse des données concernant cette variable montre qu'il existe des différences significatives entre les 10 génotypes étudiés ( $p=0,05$ ). Pour ce paramètre, il existe une différence significative ( $p < 0,05$ ) pour les croisements Mo/Var2 et Mo/HD et leurs parents respectifs. L'histogramme ci-dessous (figure 16), nous permet de constater que le génotype HD et le croisement Mo//Var2, présentent les valeurs les plus élevées, respectivement 5 et 6 épis.

Le nombre de talle-épi le plus faible est celui du parent Mo (02 épis). Il ya lieu de mentionner que le nombre d'épis obtenu reste relativement limité pour l'ensemble des génotypes étudiés, par rapport à une zone à haut potentiel de rendement, telle que la région de Guelma. Ce qui est dû au stress hydrique qui a caractérisé cette campagne. Cette situation n'a pas permis une exploitation rationnelle et positive du pouvoir génétique de tallage des cultivars étudiés.

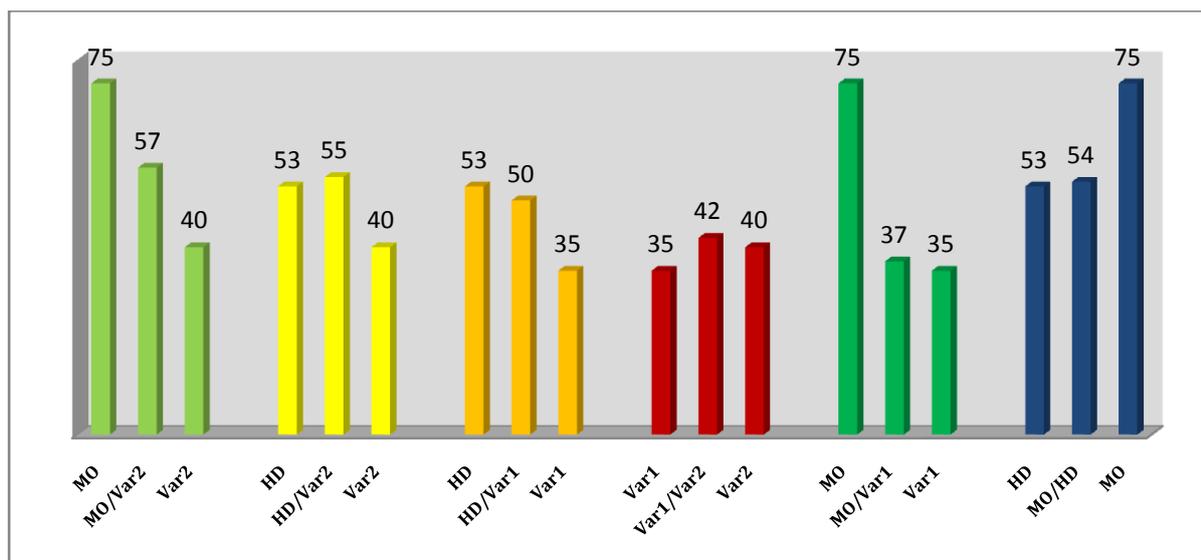


**Figure 16.** Nombre d'épis par plant des F2 et leurs parents respectifs.

#### 7.1.2.1.2. Nombre de grains/épi

Les résultats obtenus montrent que la lignée Mo est celle qui produit plus de grains par épi (75 grains). Par contre, Var1 est celle qui présente la plus faible valeur (35 grains/épi). On constate également que la majorité des croisements obtenus, présentent des valeurs intermédiaires entre les deux parents, et que le croisement MO/Var2 avec 57 gains/épi, présente la valeur la plus élevée (figure 17).

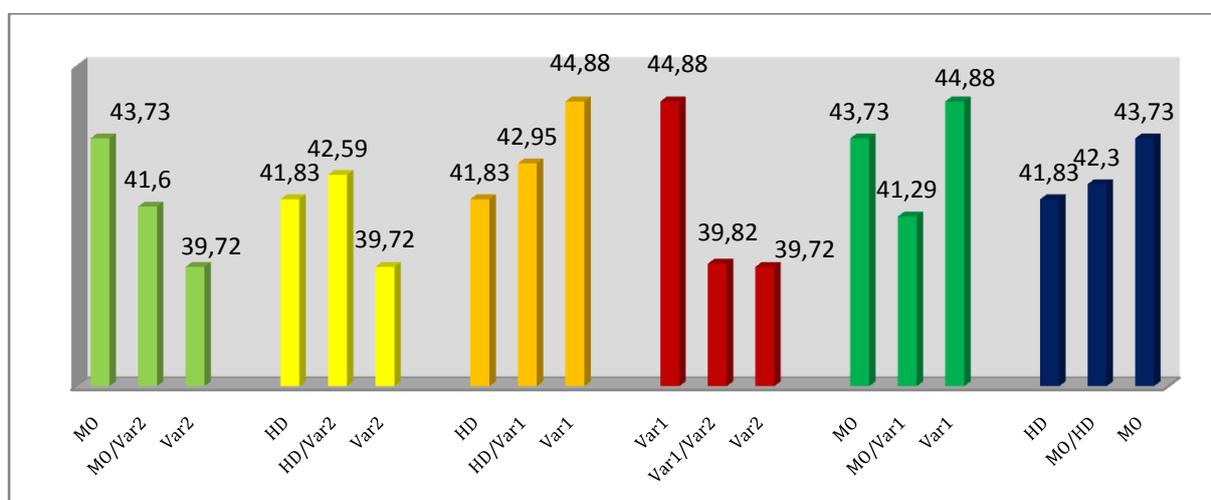
L'analyse statistique a montré que pour ce paramètre les différences entre les 10 génotypes étudiés sont très hautement significative ( $p = 0,000$ ). On note également que cette variable varie d'une manière significative ( $p < 0,05$ ) entre : le parent HD et Var1 et leur croisement HD/Var1; entre les lignées parentales HD et Var2 et leur croisement HD/Var2 ; entre le croisement Mo/Var1 et ses deux lignées parentales Mo et Var1, et entre le croisement Mo/HD et les deux lignées parentales Mo et HD.



**Figure 17.** Moyenne du nombre de grains par épi des F2 et leurs parents respectifs.

### 7.1.2.1.3. Poids de mille grains (PMG)

Les résultats obtenus au cours de cet essai, montrent que l'ensemble des croisements F2 présentent un PMG intermédiaire des deux parents (figure18), ce qui démontre qu'il existe une forme de codominance pour ce caractère. Ce paramètre varie d'une manière non significative ( $p > 0,05$ ) entre les 10 génotypes étudiés et entre l'ensemble des populations F2 et leurs parents. Parmi les parents, Var1 produit les plus gros grains puisqu'elle présente la valeur de PMG la plus élevée (44,88 g), suivie de Mo (43,73 g). Le PMG le plus faible est celui de Var2 (39,72 g). Quant aux croisements : HD/Var1 présente le PMG le plus élevé (42,95g), suivi du croisement HD/Var2. La valeur la plus faible est celle de Var1/Var2 (39,82g). Néanmoins, il est à noter que ces poids de mille grains se situent au niveau des limites supérieures pour l'Algérie et pour une année pareille.



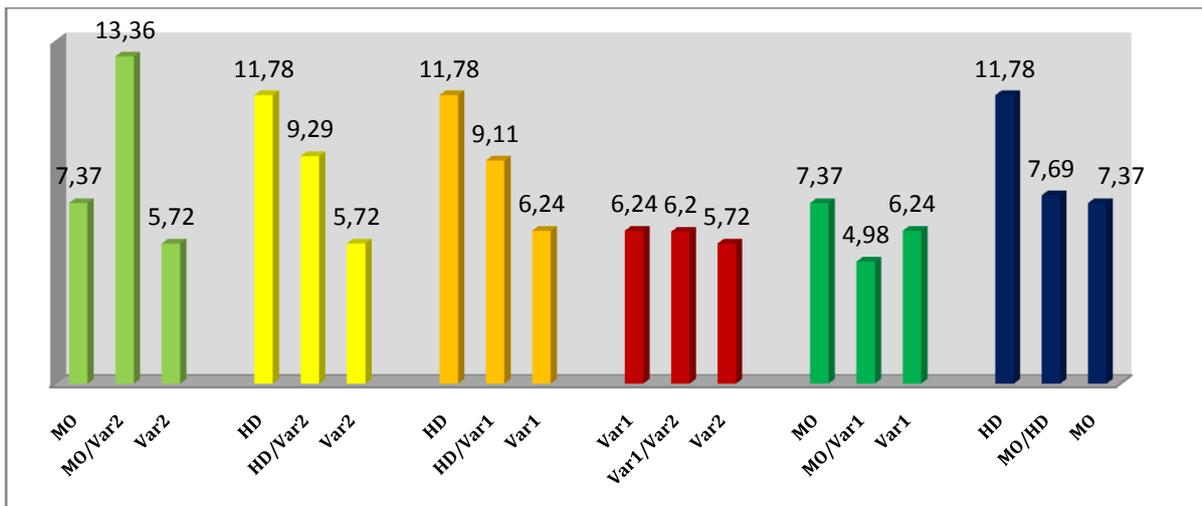
**Figure 18.** Poids de Mille Grains (PMG) des F2 et de leurs parents respectifs (g).

**7.1.2.1.4. Rendement théorique**

L'analyse de la variance à deux critères de classification du modèle fixe montre l'existence de différences significatives entre les 10 génotypes ( $p > 0,001$ ) concernant le rendement. On note également qu'il existe une différence significative ( $p < 0,05$ ) entre la population ségrégant Mo/var2 et les deux lignées parentales.

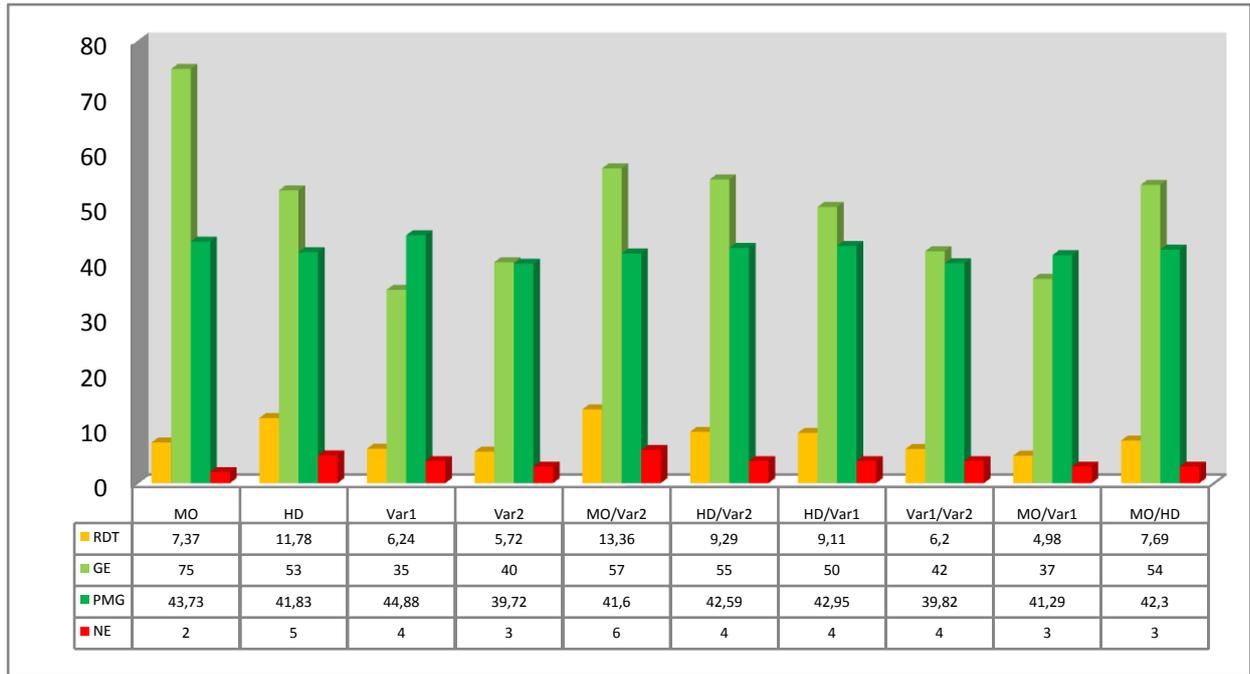
A la lumière des résultats illustrés dans la figure 19, nous constatons que le rendement en grain le plus important a été obtenu par les croisements Mo/Var2 (13,36 q/ha) et la variété HD (11,78 q/ha). La valeur la plus faible est celle de Mo/Var1 (4,98 q/ha). Il apparaît également que le rendement pour l'ensemble des croisements reste intermédiaire entre les deux parents, à l'exception de Mo/Var2 (13,36 q/ha) qui a présenté un rendement plus élevé que celui des deux parents.

D'après l'analyse des résultats obtenus pour le rendement et ses composantes (figure 20), on constate que parmi les parents, Mo présente le nombre le plus important de grains/épi, mais la valeur la plus faible en nombre d'épis par plant ceci démontre clairement qu'il y a un effet relationnel entre les composantes de rendement puisque lorsque la variété produit beaucoup de talle épi, ces épis seront petit et auront de petits grains alors que si la variété ne produit que peu d'épis, leurs grains seront plus gros. C'est le phénomène de compensation entre les différentes composantes de rendement défini par plusieurs auteurs (Donald, 1968 ; Grafius, 1978 et Benbelkacem, 1984).



**Figure 19.** Rendement moyen en grain des populations F<sub>2</sub> et de leurs parents respectifs (qx).

Parmi les lignées parentales, la variété HD se caractérise par le rendement en grain le plus important, associé à un nombre d'épi par plant le plus élevé, le génotype Var1 présente le PMG le plus élevé alors que Var2 a le rendement en grain le plus faible. Chez les générations ségrégantes, Mo/Var2 présente le rendement le plus élevé associé au nombre de grain par épi et le nombre d'épi le plus élevé. Cependant le croisement Mo/Var1, présente le rendement le plus faible associé au nombre de grain par épi et le nombre d'épis le plus faible. Le croisement Var1/Var2 présente le PMG le plus bas (figure 20).



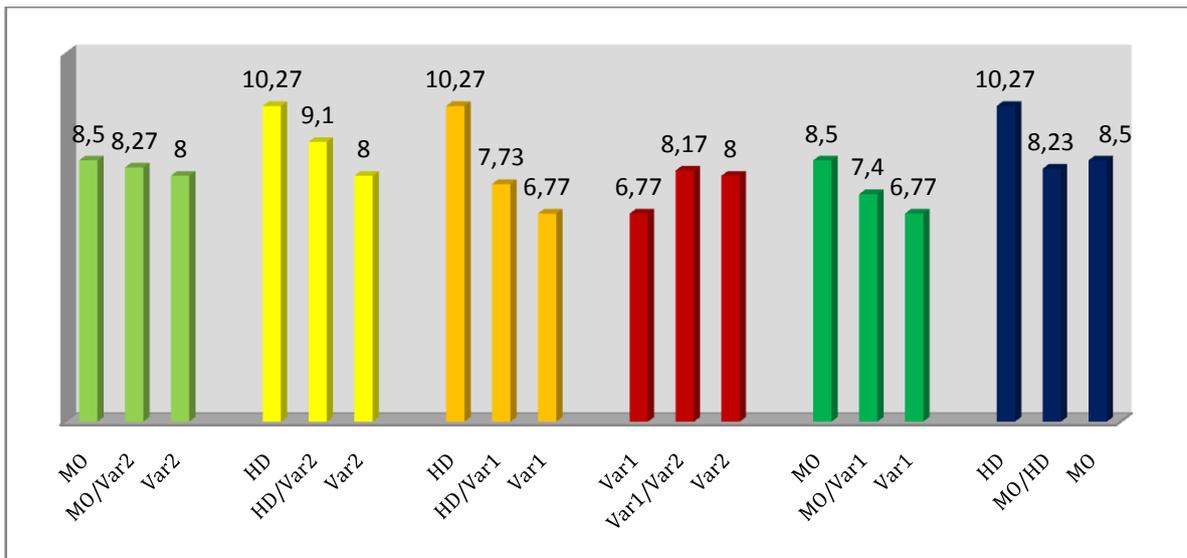
**Figure 20.** Le rendement et ses composantes chez les parents géniteurs et les F<sub>2</sub>.

NE = Nombre d'épis par plante, GE = Nombre de grains par épi, PMG = Poids de 1000 grains (g), RDT = Rendement potentiel (qx).

### 7.1.2.2. Paramètres morphologiques des plantes

#### 7.1.2.2.1. Longueur de l'épi (LE)

La longueur de l'épi varie d'une façon significative pour l'ensemble des génotypes étudiés ( $p < 0,05$ ). Ce paramètre varie également d'une manière significative ( $p < 0,05$ ) entre la population F<sub>2</sub>, HD/Var1 et leurs deux parents HD et Var1. Les résultats obtenus, montrent que pour ce caractère, chez les géniteurs la longueur de l'épi varie de 10,27 cm pour HD à 6,77 cm pour Var1. Alors que chez les populations F<sub>2</sub>, le croisement HD/Var2 présente l'épi le plus long (9,1 cm) et le croisement Mo/Var1 présente l'épi le plus court (7,4 cm). On constate également que l'ensemble des croisements présentent des valeurs intermédiaires des deux parents à l'exception de Var1/Var2 qui se montre supérieur aux 2 parents (figure 21).

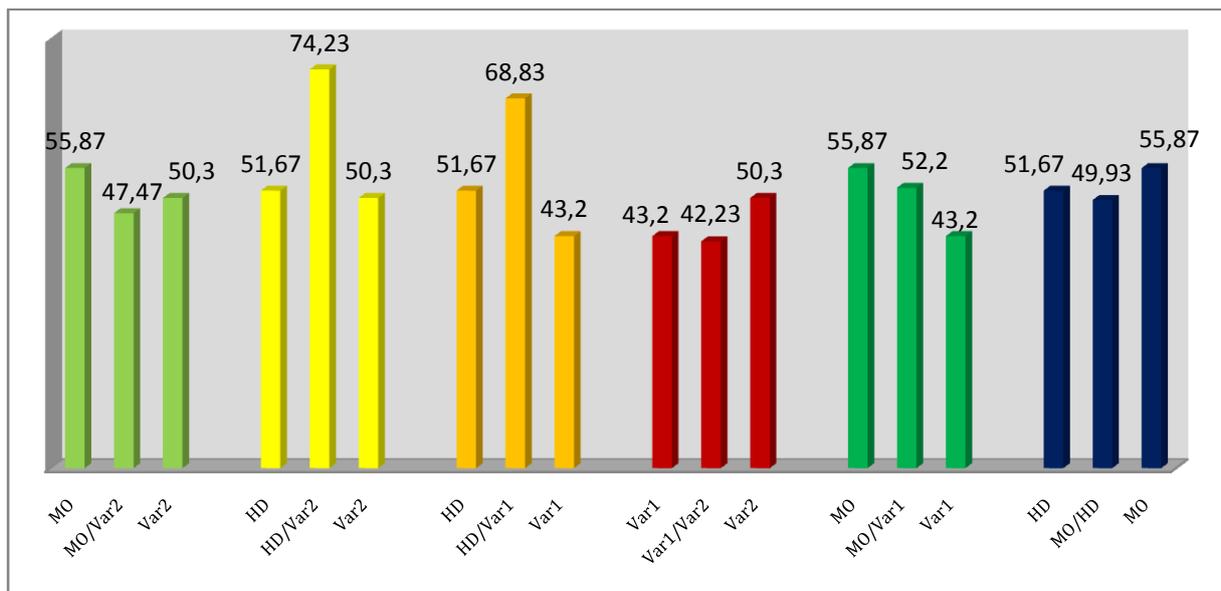


**Figure 21.** Longueur de l'épi des F2 et de leurs parents respectifs (cm).

#### 7.1.2.2.2. Hauteur de la tige (HT)

D'après les résultats, le caractère hauteur de la plante varie d'une manière très hautement significative entre les 10 génotypes ( $p=0,000$ ). On constate aussi une différence significative pour ce caractère entre les populations F2 : HD/Var1 et HD/Var2, et leurs parents respectifs.

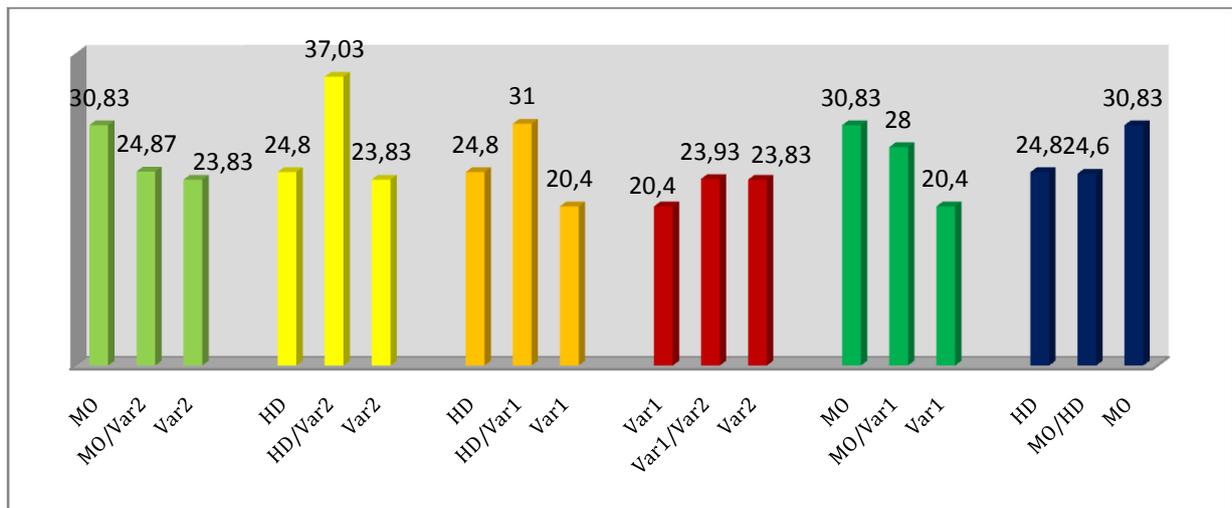
La figure 22, montre que la population ségrégant F2 la plus haute est HD/Var2 (74,23 cm), suivi de HD/Var1 (68,83 cm), ces valeurs sont supérieures à celles des deux parents. Pour le reste des populations F2 étudiées, les valeurs restent intermédiaires entre les deux parents.



**Figure 22.** Hauteur des tiges des F2 et de leurs parents respectifs (cm).

### 7.1.2.2.3. Longueur du dernier entre nœud (DEN)

Ce paramètre varie d'une manière significative entre les 10 génotypes ( $p < 0,05$ ). Il existe aussi une différence significative ( $p < 0,05$ ) pour ce paramètre entre les croisements : HD/Var1 et Mo/Var1 et leurs parents respectifs. Selon les résultats obtenus (figure 23), on constate que la valeur la plus importante pour la longueur du dernier entre nœud, est présentée par les croisements HD/Var2 (37,03 cm), suivi par HD/Var1 (31 cm). Ces valeurs sont supérieures à celles des deux parents utilisés dans les croisements réceptifs. Pour les autres croisements, la longueur du dernier entre nœud reste intermédiaire entre les deux parents.



**Figure 23.** Longueur du dernier entre nœud des F<sub>2</sub> et de leurs parents respectifs (cm).

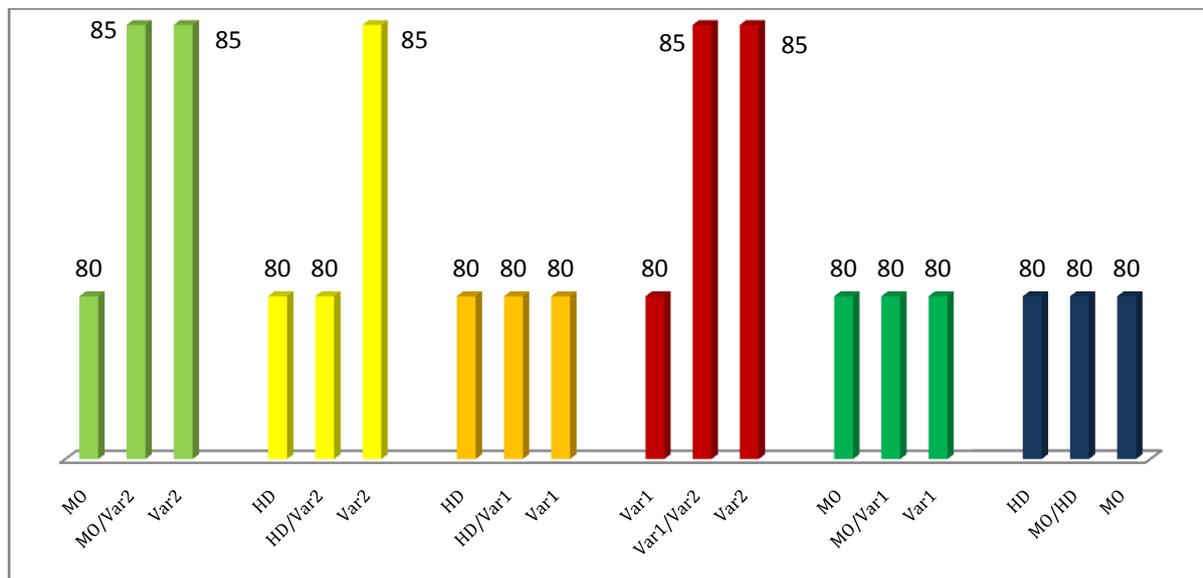
### 7.1.2.3. Paramètres physiologiques

#### 7.1.2.3.1. Durée de la phase végétative (DPV)

La durée de la phase végétative est intéressante du point de vue sélection, pour adapter le cycle de la variété au milieu de production qui se caractérise le plus souvent, par des stress abiotiques, en début et en fin de cycle (Benmahammed *et al.*, 2010). L'analyse de la variance à deux critères de classification montre qu'il n'existe pas de différences significatives entre les 10 génotypes pour ce caractère ( $p > 0,05$ ) et entre l'ensemble des populations F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs.

En effet, pour la longueur en jours des principales phases du cycle de développement pour les différents génotypes étudiés, on constate qu'il n'existe pas de grandes différences en ce qui concerne la vitesse de développement entre les lignées parentales croisées et les populations F<sub>2</sub> (figure 24). Parmi les lignées parentales, Var2 est celle qui présente une durée de développement la plus longue (85j).

Concernant les croisements nous observons que Mo/Var2, HD/ Var2 et Var1/Var2 présentent le cycle végétal le plus long (85 j), probablement ce caractère est transmis par le parent Var2.



**Figure 24.** Cycle phénologique des populations F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs.

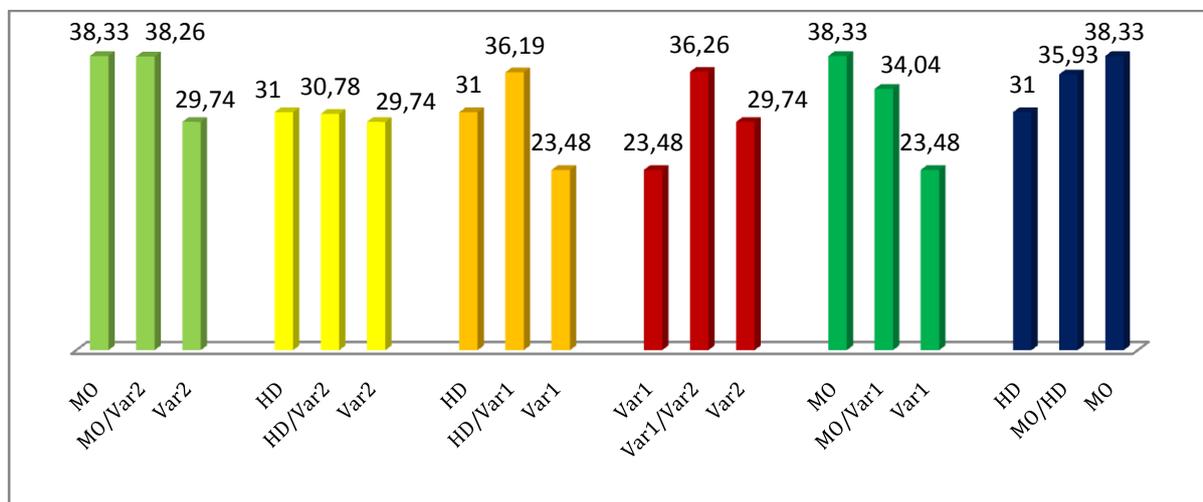
La phénologie étant une traduction des flux de température accumulés lors des événements séquentiels successifs, il est possible d'émettre l'hypothèse selon laquelle les conditions agro-climatiques de l'étude, sont relativement favorables au point de permettre aux génotypes de s'exprimer de manière similaire, et ce, eu égard aux réponses phénologiques.

#### 7.1.2.3.2. Surface foliaire (SF)

La feuille étendard est un des derniers organes photosynthétiques qui reste en activité avant la maturité physiologique. Cette dernière joue un rôle important au cours du remplissage du grain. Il est attendu qu'une surface de la feuille étendard foliaire plus large, capte plus de lumière et fixe plus d'hydrates de carbone favorables à un haut rendement (Lupton, 1973). Cependant, en milieu semi-aride, de larges feuilles contribuent plus à la perte d'eau par transpiration pour rafraîchir la canopée, d'où l'intérêt des feuilles de tailles relativement réduites. Le tout est dépendant des relations de ce caractère avec le rendement, le PMG et la biomasse aérienne (Bouzerzour et Benmahammed, 2009).

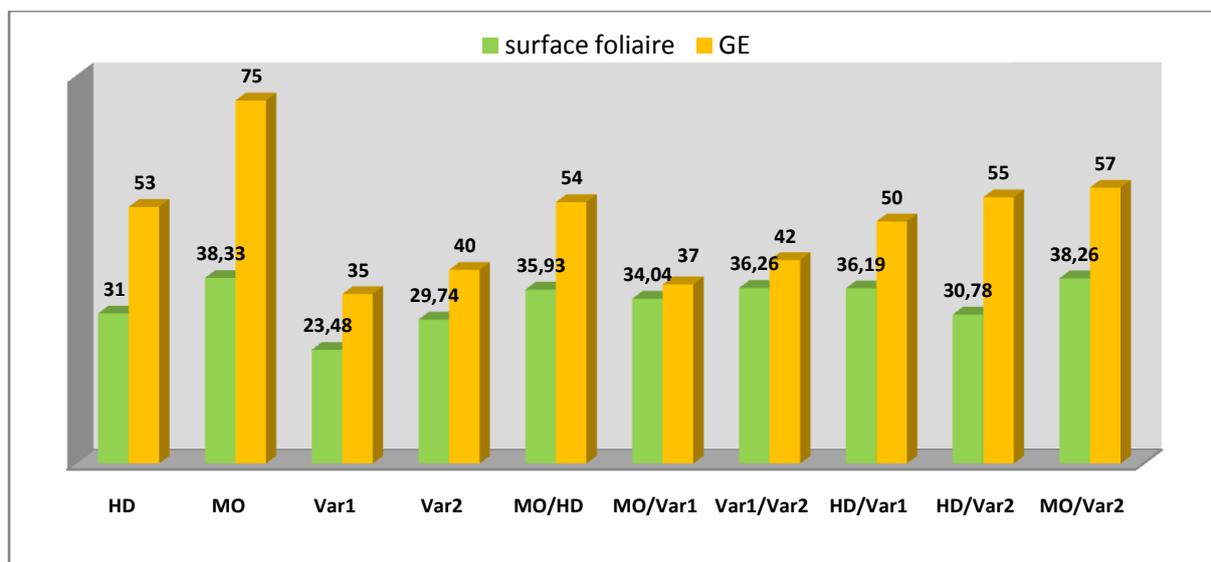
L'analyse statistiques des résultats obtenus, montre bien qu'il n'existe pas de différences significatives ( $p > 0,05$ ) entre les 10 génotypes étudiés et entre les populations F<sub>2</sub> et leurs parents. L'histogramme ci dessous (figure 25), montre que la surface foliaire la plus importante est celle de la lignée Mo (38,33 cm<sup>2</sup>).

On constate également qu'au niveau des croisements, les populations Mo/Var2, Var1/Var2 et Mo/Var1, ont les plus larges feuilles (38,26cm, 36,26cm et 34,04 cm, respectivement). Il semble que les hybrides ont gagné en surface foliaire par rapport aux parents géniteurs. La surface foliaire peut à ce titre, être considérée comme un trait codominant.



**Figure 25.** Surface foliaire des F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs (cm<sup>2</sup>).

On constate aussi qu'il existe une corrélation positive entre le nombre de grain/ épi et la surface foliaire, ce qui indique qu'une surface foliaire relativement importante améliore le nombre de grain par épi (figure 26).



**Figure 26.** Relation entre la surface foliaire (cm<sup>2</sup>) et le nombre de grain par épi (G/E) des F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs.

### 7.1.2.3.3. Dosage de la chlorophylle

L'évaluation de la valeur de la chlorophylle est une méthode couramment utilisée afin d'apprécier l'état physiologique des plantes étudiées. En effet le taux de pigmentation est révélateur de l'activité photosynthétique. Le tableau 17 illustre les résultats obtenus.

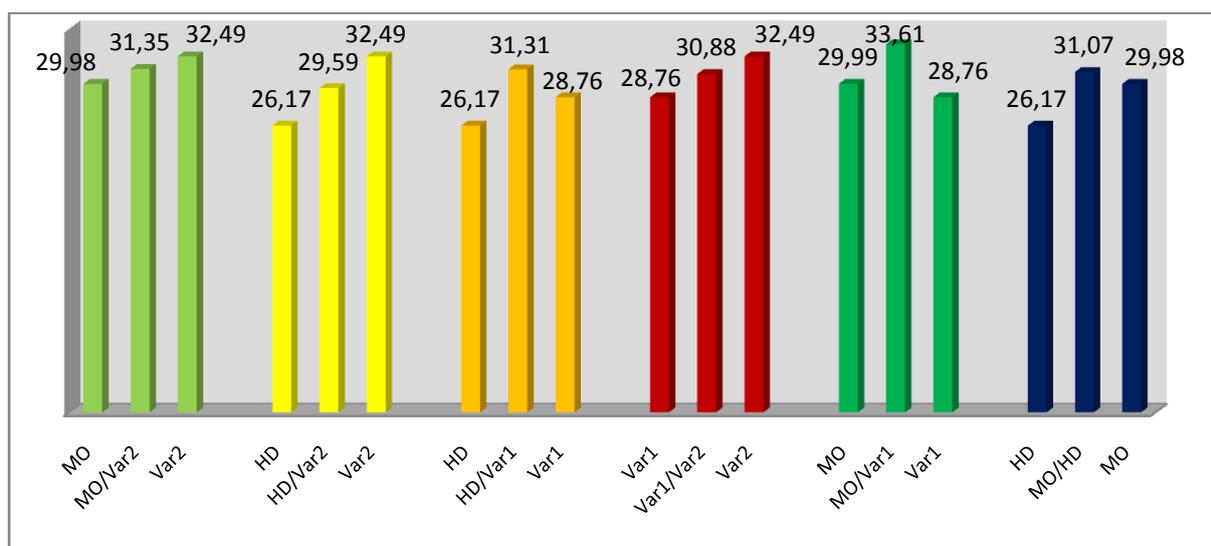
**Tableau 17.** Dosage séquentiel de la chlorophylle pour les F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs.

	HD	MO	Var1	Var2	Mo/HD	Mo/Var1	Var1/Var2	HD/Var2	HD/ Var1	Mo/Var2
<b>Chl (a)</b>	26,17	29,98	28,769	32,49	31,07	33,61	30,88	29,59	31,31	31,35
<b>Chl (b)</b>	34,96	41,34	32,88	33,74	27,44	39,90	29,46	31,73	39,95	36,68
<b>Chl (a+b)</b>	61,10	71,30	61,63	66,20	58,49	73,49	60,33	61,30	71,24	68,00

#### - Teneur en chlorophylle (a)

Au cours de la photosynthèse, la chlorophylle (a) est le pigment le plus important dans le processus de capture de la lumière et pour le bon fonctionnement des centres réactionnels du photosystème II (Sebela et al., 2012).

La figure 27, illustre que l'ensemble des génotypes étudiés ont réagi de façon similaire face aux conditions de culture. On note également que l'ensemble des populations F<sub>2</sub> présentent des valeurs supérieures par rapport à celles de l'un des deux parents. Les résultats de la teneur en chlorophylle (a) des 10 génotypes étudiés montre une différence non significative ( $p > 0,05$ ) ainsi que entre chaque croisement et ses parents respectifs.



**Figure 27.** Teneur moyenne en chlorophylle (a) des F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs (µg/gMF).

- *Teneur en chlorophylle (b)*

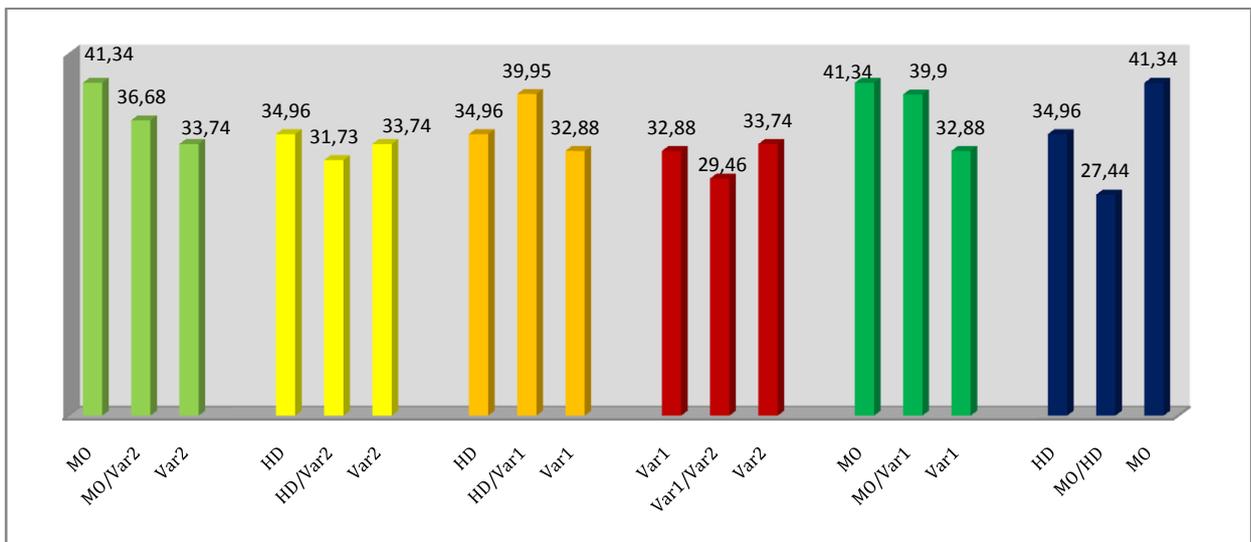
La chlorophylle (b) est un pigment qui accompagne la chlorophylle (a) dans les plantes vertes. Comme la chlorophylle (b) absorbe la lumière à des longueurs d'onde différentes de celles de la chlorophylle (a), elle lui est complémentaire. En effet, elle permet aux organismes qui la possèdent d'utiliser plus efficacement l'énergie lumineuse du soleil (Raven et *al.*, 2000).

L'analyse de la variance des résultats obtenus concernant la teneur en chlorophylle (b) pour les 10 génotypes étudiés montre une différence non significative ( $p > 0,05$ ). Il n'existe pas également de différences significatives entre l'ensemble des croisements obtenus et les deux parents.

Les valeurs du taux moyen de la chlorophylle (b) des parents et des populations ségrégantes  $F_2$  sont présentées dans la figure 28 où on note que :

- Pour les lignées parentales, Mo présente le taux de chlorophylle (b) le plus élevé (41,34  $\mu\text{g/gMF}$ ), les lignées HD, Var1 et Var2, présentent des taux inférieurs et proches.

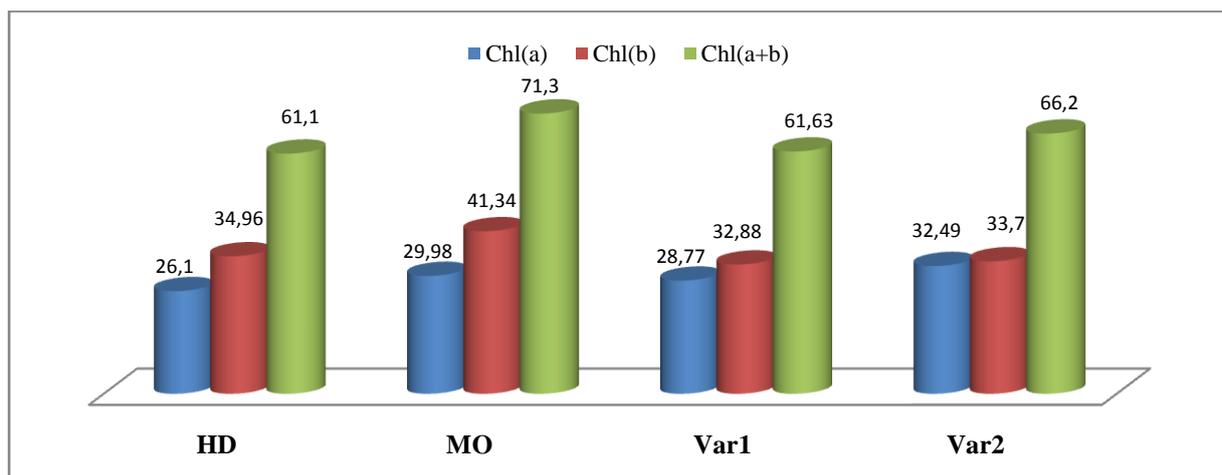
- L'ensemble des populations ségrégantes, présentent des taux intermédiaires à supérieures à ceux des deux parents. La population Mo/Var1 et HD/Var1, présentent les taux les plus élevés respectivement: 39,90 et 39,95  $\mu\text{g/gMF}$ . Cependant l'hybride Mo/HD, présentent la teneur la plus faible : 27,44  $\mu\text{g/g MF}$ .



**Figure 28.** Teneur moyenne en chlorophylle (b) des  $F_2$  et leurs parents respectifs ( $\mu\text{g/g MF}$ ).

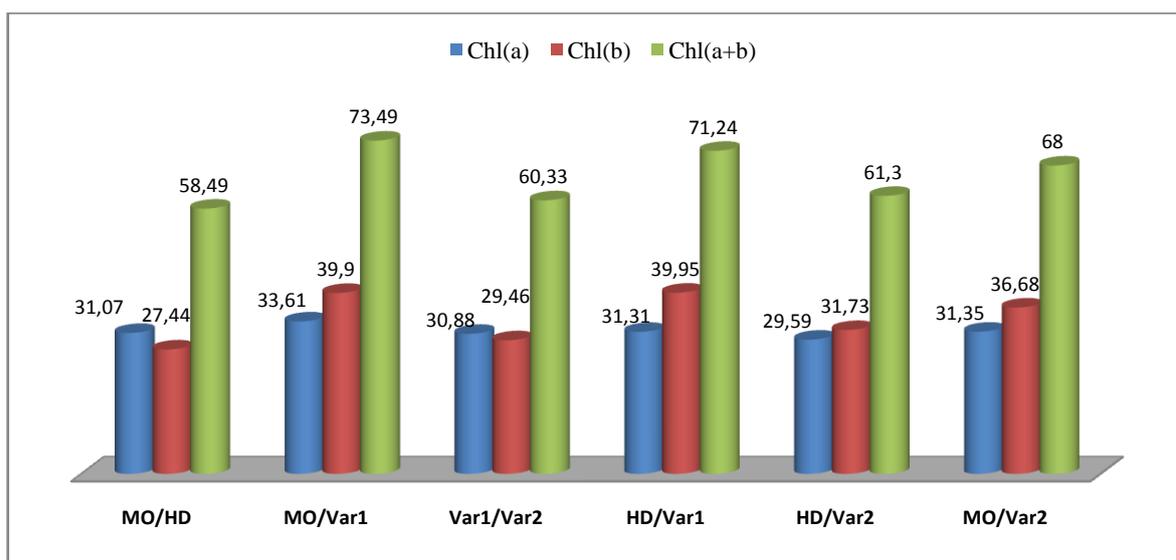
- *Teneur en chlorophylle (a+b)*

Les teneurs en chlorophylle (a+b) des parents utilisés dans les différents croisements sont consignés dans la figure 27. On remarque que Mo affiche le taux moyen de chlorophylle (a+b) le plus important (71,298  $\mu\text{g/g}$  MF). Les parents HD, Var1 et Var2 présentent des valeurs proches (61,1 ; 61,63 ; 66,2 respectivement). Le contenu en chlorophylle (a+b), varie d'une façon non significative ( $p>0,05$ ), entre les 10 génotypes étudiés.



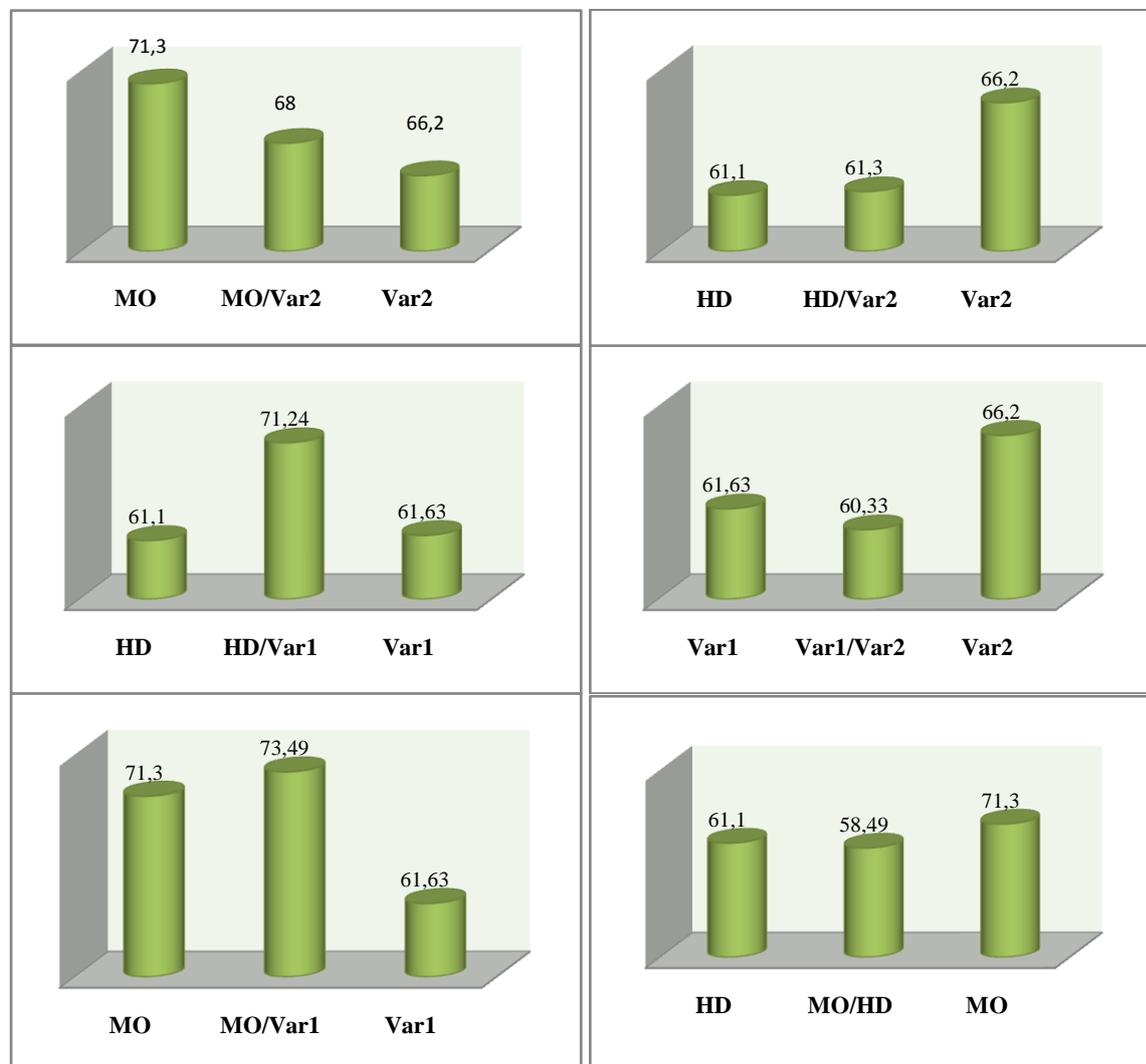
**Figure 29** Teneur en chlorophylle (a+b) chez les lignées parentales ( $\mu\text{g/g}$  MF).

En ce qui concerne les teneurs en chlorophylle (a+b), pour les populations  $F_2$  (figure 30), les résultats obtenus, montrent que les hybrides Mo/Var1 et HD/Var1, présentent les valeurs les plus élevées (73,487 et 71,242  $\mu\text{g/g}$  MF).



**Figure 30.** Teneur en chlorophylle (a+b) chez les croisements  $F_2$  ( $\mu\text{g/g}$  MF).

La figure 31, montre que les croisements présentent des valeurs de Chl (a+b) intermédiaires entre les deux parents à l'exception de HD/Var1 et MO/Var1. L'analyse statistique a montré que ce paramètre varie de façon non significative ( $p>0,05$ ), entre les croisements F2 et les lignées parentales utilisées.



**Figure 31.** Teneur en chlorophylle (a+b) des F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs (µg/g MF).

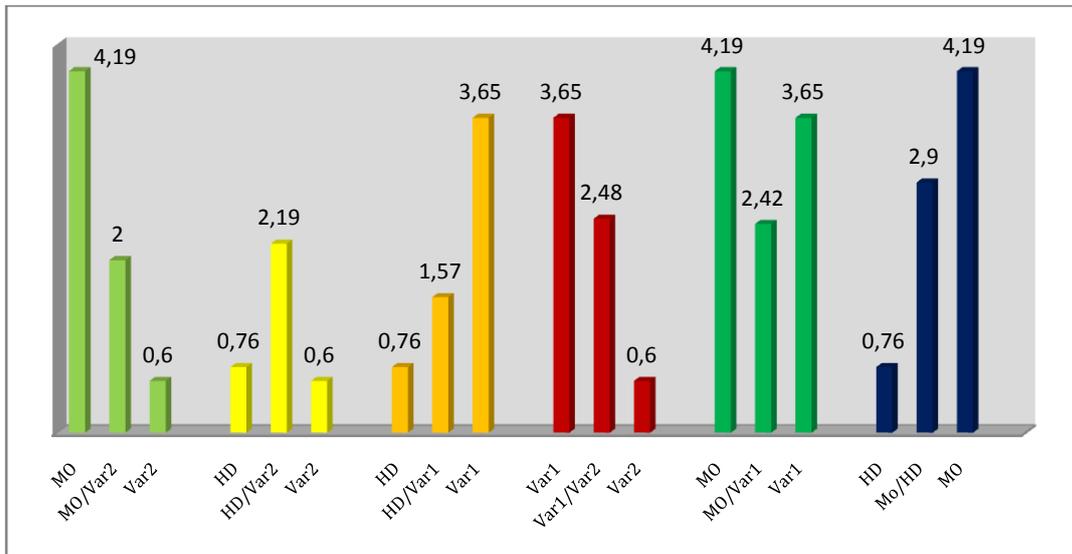
#### 7.1.2.4. Paramètres biochimiques

##### 7.1.2.4.1. Dosage de la proline (µg/g MF)

Outre son rôle dans le métabolisme primaire en tant que constituant des protéines, la proline est l'une des solutés compatibles le plus fréquemment accumulée en réponse à des contraintes environnementales variées et joue un rôle important dans la tolérance des plantes (Ben Rejeb et al., 2012).

Les lignées HD et Var2 ont les valeurs les plus faibles pour ce paramètre, ce qui s'explique par une accumulation faible en proline (0,76 et 0,60 µg/g MF). Par contre, la variété Mo (4,19 µg/g MF) et Var1 (3,65µg/g MF), présentent la teneur la plus élevée ce qui se traduit par une forte accumulation en proline (figure 32).

On constate également que le taux de proline des populations ségrégantes est de manière générale intermédiaire à celui des deux parents. Toutefois, le croisement HD/Var2 présente un taux supérieur à celui des deux parents : 2,19 µg/gMF contre 0,76 µg/gMF pour le parent HD et 0,60 µg/gMF pour le parent Var2.



**Figure 32.** Teneur moyenne en proline pour les F2 et leurs parents respectifs (µg/gMF).

Les résultats montrent que dans nos conditions expérimentales, conditions non contrôlées, les différents génotypes réagissent de manière différente vis-à-vis à l'accumulation en proline. D'où on constate soit une diminution ou une augmentation des taux de proline accumulés au niveau des feuilles. Cette variation dans l'accumulation de la proline est probablement due d'une part aux caractéristiques génétiques des génotypes étudiés et d'autre part aux conditions environnementales.

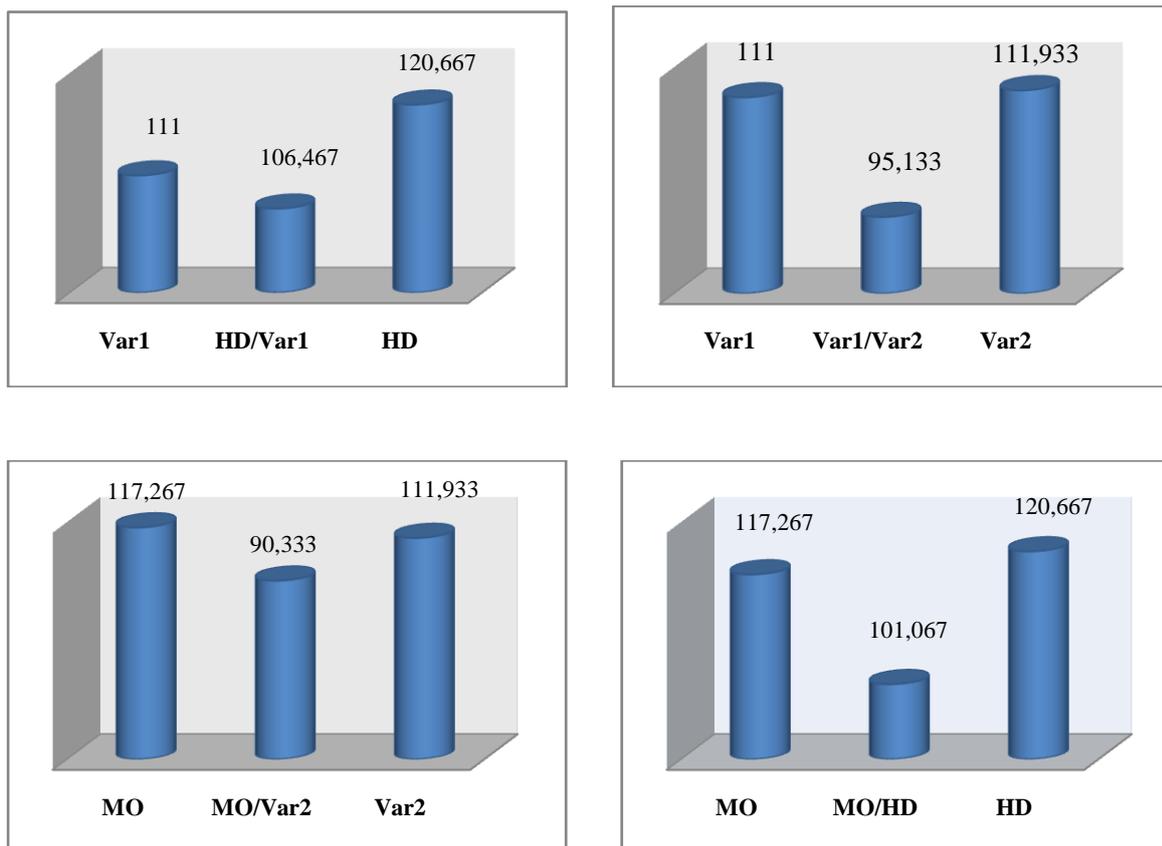
Le contenu en acides aminés en proline chez les 10 génotypes analysés, montre qu'il existe de différences hautement significatives ( $p > 0,001$ ). La concentration de la proline varie d'une manière significative ( $p < 0,05$ ) entre les populations ségrégantes F2 : HD/Var2 et Mo/Var2 et leurs deux parents.

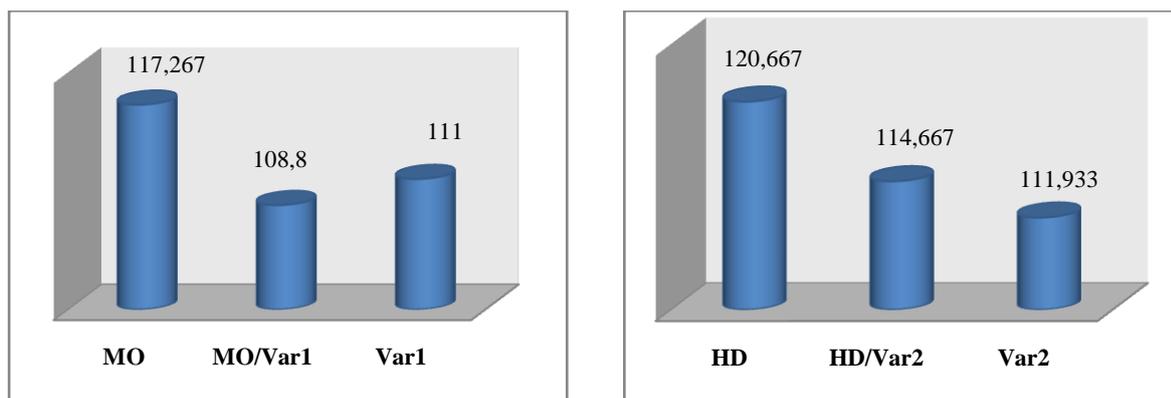
#### 7.1.2.4.2. Dosage des sucres solubles ( $\mu\text{g/gMF}$ )

Les sucres solubles sont considérés comme étant des osmoprotecteurs et des indicateurs biochimiques de tolérance au stress hydrique. Les variétés ayant accumulées des teneurs élevées en sucres sont supposées être celles qui résistent le mieux au stress. Les résultats obtenus, suite à l'extraction et le dosage des sucres solubles, à partir des feuilles des génotypes étudiés au cours de notre expérimentation sont résumé dans la figure 33. Ces derniers montrent que :

- Parmi les variétés parentales HD et Mo, présentent les valeurs les plus importantes ( $120,667 \mu\text{g/g MF}$  et  $117,267 \mu\text{g/g MF}$  respectivement). Ce qui se traduit par une forte concentration des glucides dans les cellules.

- Cependant, l'ensemble des populations ségrégantés, présentent des valeurs proches et inférieures à celles des deux parents. L'accumulation en sucres la plus faible est celle de Mo/Var2 ( $90,33 \mu\text{g/g MF}$ ).



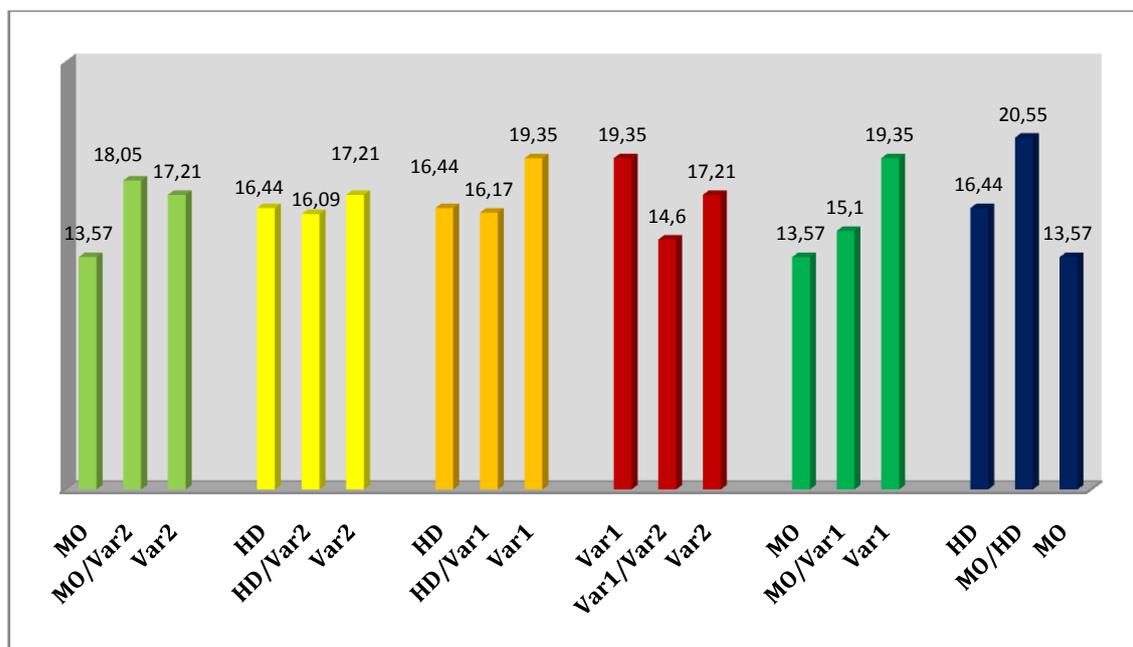


**Figure 33.** Teneur moyenne en sucres solubles des F2 et leurs parents respectifs (µg/g MF).

L'analyse statistique des données, montre que le contenu en sucres solubles, varie de façon non significative ( $p > 0,05$ ) pour les 10 génotypes étudiés. Il n'existe pas également une différence significative ( $p > 0,05$ ) entre les teneurs obtenues chez les croisements et leurs parents.

#### 7.1.2.4.3 Dosage des protéines totales (µg/g MF)

D'après les résultats obtenus, le contenu en protéines varie d'une manière non significative ( $p > 0,05$ ) entre les 10 génotypes étudiés et entre les populations F2 et leurs deux parents respectifs. Les teneurs en protéines totales présentées dans la figure 34 montrent que la synthèse protéique est plus faible chez Mo (13,57 µg/g MF) et que la teneur la plus élevée est celle de l'hybride Mo/HD (20,55 µg/g MF). On constate également que les valeurs des croisements Mo/HD (20,55 µg/g MF) et Mo/Var2 (18,05 µg/g MF), sont supérieures à celles des deux parents respectifs.



**Figure 34.** Teneur moyenne en protéines totales des F<sub>2</sub> et leurs parents respectifs (µg/gMF).

**Tableau 18:** Moyennes des composantes de rendement et des paramètres morphologiques et physiologiques analysés

Géotypes	HT	LE	DEN	G/E	SF	Protéines	Sucres soluble	Proline	Chl(a)	Chl(b)	Chl(a+b)	PMG	NE	RDT	PRE
<b>HD</b>	51,67	10,27	24,80	53,33	31,00	16,44	120,67	0,76	26,17	34,96	61,10	41,83	5,00	11,78	80
<b>MO</b>	55,87	8,50	30,83	75,33	38,33	13,57	117,27	4,19	29,98	41,34	71,30	43,73	2,00	7,369	80
<b>Var1</b>	43,20	6,77	20,40	35,00	23,48	19,35	111,00	3,65	28,76	32,88	61,63	44,88	4,00	6,24	80
<b>Var2</b>	50,30	8,00	23,83	39,67	29,74	17,21	111,937	0,60	32,49	33,74	66,20	39,7	3,00	5,72	85
<b>MO/HD</b>	49,94	8,23	24,60	54,00	35,92	20,55	101,07	2,90	31,07	27,44	58,49	42,30	3,00	7,69	80
<b>MO/Var1</b>	52,20	7,40	28,00	36,67	34,04	15,10	108,80	2,42	33,61	39,90	73,49	41,29	3,00	4,98	80
<b>Var1/Var2</b>	42,23	8,15	23,93	42,33	36,26	14,60	95,13	2,48	30,88	29,46	60,33	39,82	4,00	6,20	85
<b>HD/Var1</b>	69,03	7,73	31,00	50,33	36,197	16,17	106,47	1,578	31,31	39,95	71,24	42,95	4,00	9,11	80
<b>HD/Var2</b>	74,23	9,10	37,03	54,67	30,78	16,09	114,67	2,19	29,59	31,723	61,30	42,59	4,00	9,29	80
<b>MO/Var2</b>	47,47	8,27	24,87	57,00	38,26	18,05	90,33	2,00	31,35	36,68	68,00	41,60	6,00	13,36	85

### 7.1.3. ANALYSE STATISTIQUE

#### 7.1.3.1. Corrélation entre les composantes du rendement et les paramètres physiologiques et biochimiques

Selon les résultats obtenus, on note que le rendement en grain donne une corrélation positive hautement significative avec une composante majeure du rendement, à savoir, le nombre d'épi (0,812), ces mêmes résultats ont été démontrés par Blum et Pnuel (1992), Benbelkacem et Kellou (2001). Des corrélations positives très hautement significatives sont observées également entre la longueur du dernier entre nœud et la hauteur de la tige (0,919). On constate également qu'il existe une corrélation très hautement significative entre la longueur du dernier entre nœud et la hauteur de la tige et entre la teneur en Chl (a+b) et la teneur en Chl(b).

Des corrélations positives sont observées entre le PMG, le nombre de grains épis et le rendement, ce qui corrobore avec les résultats obtenus par Fella et *al.* (2002), qui ont montré que la productivité sous stress comme sous conditions favorables est conditionnée par le nombre de grains produits par unité de surface. Cependant Benbelkacem et Kellou (2001), observent en zone des hautes plaines que le poids moyen du grain, exprimé sous forme de poids de 1000 grains ne semble pas influencer sur le rendement. Cette composante reste peu maîtrisée suite aux effets combinés de la compensation avec le nombre de grains par épi et ceux des stress de fins de cycles. Des corrélations négatives significatives, sont observées entre le PMG et la précocité du génotype (-0,726), soit plus le cycle végétative de la plante est court plus le PMG est élevé. Ces résultats concordent avec ceux obtenus par Busch et Kofoid (1982), ces derniers notent que la durée du cycle et la fertilité diminuent à mesure que le poids de 1000 grains s'améliore, avec cependant un effet nul sur le rendement en grains. Bahlouli (1998) étudie l'efficacité de la sélection sur la base de la durée au stade épiaison. Il observe que l'efficacité de cette sélection reste soumise à la variation climatique interannuelle.

Des corrélations négatives sont observés entre le nombre d'épis et le nombre de grains par épis, ces mêmes résultats ont été relevé par Bahlouli *et al.*, (2005) qui mettent en évidence un effet de compensation négative entre ses deux composantes sous conditions semi-arides. L'amélioration de l'une de ces composantes, réduit l'autre, avec des effets incontrôlés sur le rendement grain. La matrice des corrélations affiche, parmi les nombreuses liaisons entre composantes, des résultats intéressants à même d'être intégrés comme des critères additifs et complémentaires dans un programme d'amélioration génétique des plantes.

Les corrélations linéaires obtenues pour les composantes de rendement prises deux à deux ainsi que les valeurs de probabilités p correspondantes figurent dans le tableau 19.

**Tableau 19.** Matrice de corrélation entre les composantes du rendement.

	HT	LE	DEN	G/E	SF	Prot	SS	Prol	Chl (a)	Chl (b)	Chl(a+b)	PMG	NE	RDT	DPV
HT	1														
LE	0,277 (0,439)	1													
DEN	0,919*** (0,000)	0,31 (0,377)	1												
G/E	0,346 (0,327)	0,521 (0,122)	0,486 (0,154)	1											
SF	0,109 (0,765)	0,191 (0,596)	0,304 (0,394)	0,606 (0,063)	1										
Prot	-0,264 (0,461)	-0,226 (0,531)	-0,494 (0,147)	-0,284 (0,427)	-0,374 (0,288)	1									
SS	0,381 (0,278)	0,352 (0,319)	0,310 (0,384)	0,151 (0,678)	0,469 (0,171)	-0,270 (0,450)	1								
Prol	-0,162 (0,655)	-0,418 (0,230)	0,037 (0,920)	0,296 (0,406)	0,100 (0,784)	-0,046 (0,900)	-0,054 (0,882)	1							
Chl (a)	-0,018 (0,960)	-0,604 (0,064)	0,062 (0,864)	-0,278 (0,437)	0,359 (0,308)	-0,078 (0,830)	-0,477 (0,163)	0,000 (0,999)	1						
Chl (b)	0,282 (0,430)	-0,099 (0,785)	0,324 (0,362)	0,296 (0,406)	0,285 (0,424)	-0,553 (0,098)	0,283 (0,428)	0,055 (0,880)	0,177 (0,625)	1					
Chl(a+b)	0,236 (0,512)	-0,315 (0,375)	0,302 (0,396)	0,149 (0,681)	0,382 (0,276)	-0,505 (0,137)	0,062 (0,865)	0,047 (0,897)	0,532 (0,113)	0,927*** (0,000)	1				
PMG	0,238 (0,508)	-0,205 (0,569)	0,159 (0,662)	0,295 (0,407)	-0,268 (0,455)	0,211 (0,558)	0,347 (0,326)	0,630 (0,051)	-0,426 (0,220)	0,242 (0,501)	0,046 (0,900)	1			
NE	-0,078 (0,830)	0,365 (0,299)	-0,208 (0,565)	-0,100 (0,784)	-0,096 (0,792)	0,316 (0,374)	-0,263 (0,463)	-0,510 (0,132)	-0,404 (0,246)	-0,087 (0,812)	-0,228 (0,526)	-0,083 (0,820)	1		
RDT	0,211 (0,559)	0,601 (0,066)	0,147 (0,686)	0,486 (0,155)	0,276 (0,441)	0,160 (0,659)	-0,154 (0,671)	-0,319 (0,369)	-0,465 (0,175)	0,092 (0,801)	-0,098 (0,788)	0,101 (0,782)	0,812** (0,004)	1	
DPV	-0,461 (0,180)	-0,072 (0,844)	-0,388 (0,268)	-0,200 (0,579)	0,201 (0,579)	-0,029 (0,936)	-0,613 (0,059)	-0,352 (0,318)	0,352 (0,319)	-0,224 (0,533)	-0,059 (0,871)	-0,726* (0,017)	0,226 (0,529)	0,064 (0,861)	1

NB : Les valeurs entre parenthèses correspondent à la valeur de la probabilité p

\* : Significatif au seuil de 5%

\*\* : Hautement significatif au seuil de 1 %

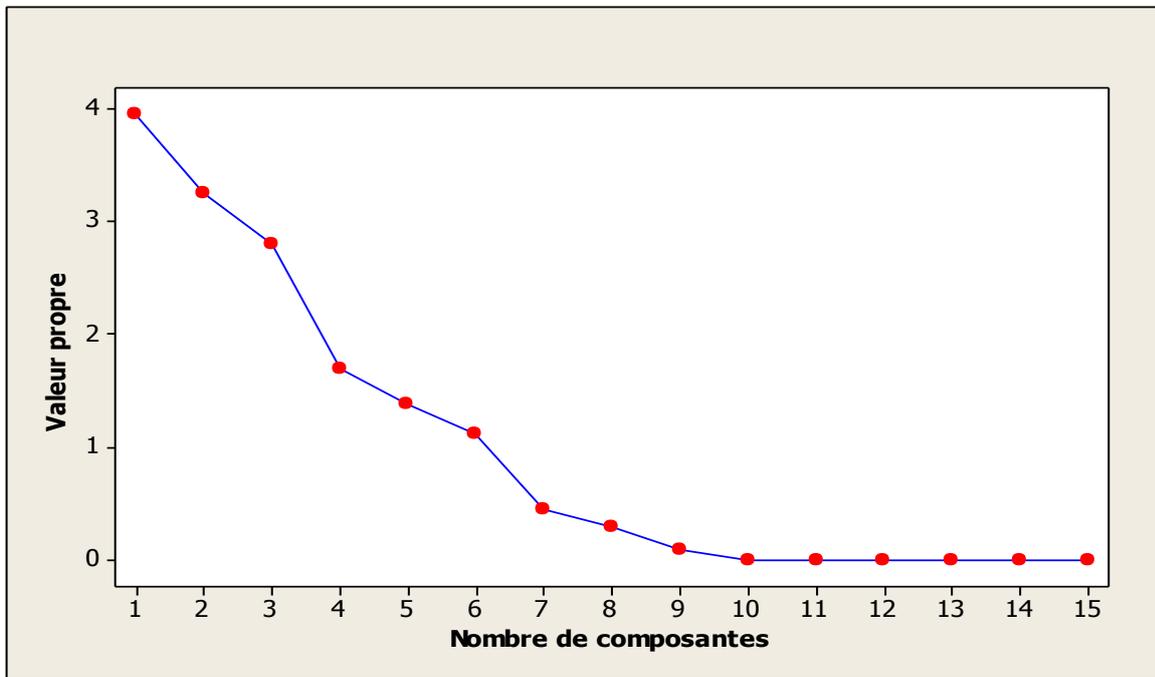
\*\*\*: Très hautement significatif au seuil de 1 %

L'examen de la matrice de corrélation montre qu'il existe des corrélations positives et des corrélations négatives. Parmi ces corrélations on observe celles qui sont significatives, hautement significatives et très hautement significatives.

Le tableau 20, synthétise l'essentiel des corrélations obtenues entre les composantes du rendement étudiées.

**Tableau 20.** Liste des corrélations significatives, hautement significatives et très hautement significatives.

Corrélations positives		Corrélations négatives
Hautement significatives	Très hautement significatives	Significatives
RDT et NE	- DEN et HT - Chl(a+b) et Chl (b)	PMG et la DPV



**Figure 35.** Histogramme des valeurs propres en fonction des rangs des axes principaux pour l'ensemble des variables étudiées.

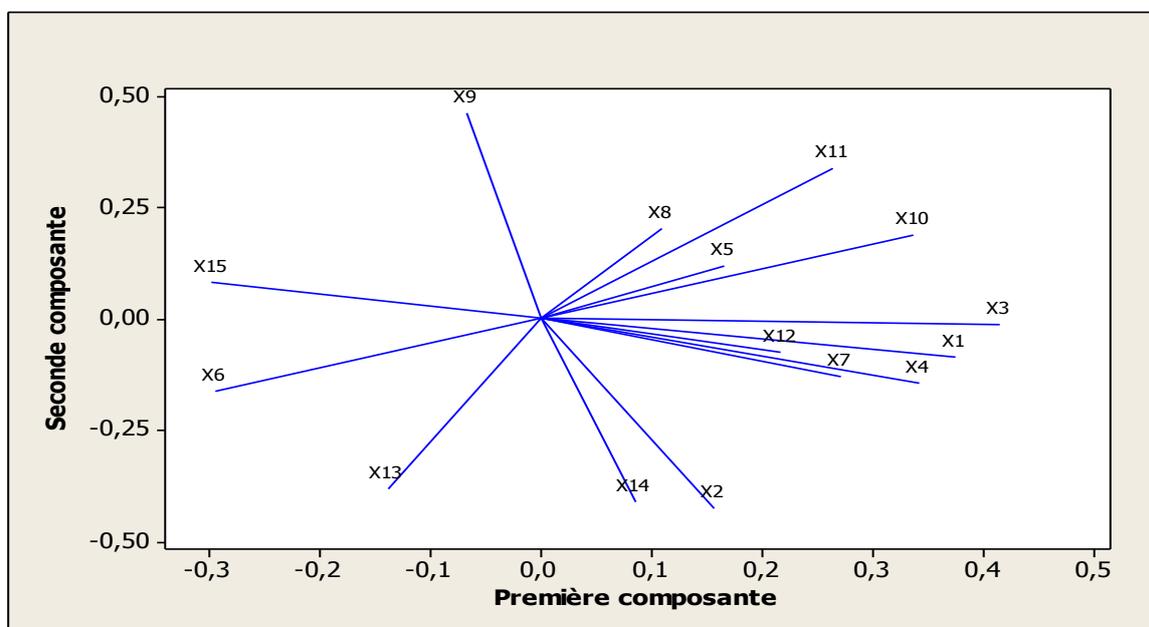
### 7.1.3.2. Analyse des composantes principales ACP

L'analyse des composantes principales a été appliquée à la matrice des corrélations obtenue à partir des 15 variables centrées réduites prises deux à deux. Ces corrélations sont utiles pour préciser la part de la variance, d'une variable initiale donnée, prise en compte par une composante principale particulière, et seront utilisées pour les représentations graphiques des variables initiales dans les cercles de corrélations. Les calculs réalisés sont les suivants :

#### 7.1.3.2.1. L'Analyse du nuage de points variables: cercle de corrélations

Les cercles de corrélations sont des graphiques visant à représenter géométriquement les variables initiales dans le nouveau système de coordonnées. Ainsi donc, la représentation des quinze variables initiales dans le plan formé par les axes 1 et 2 et appelé premier plan factoriel est utile, compte tenu de l'importance de ces deux axes dans la reconstitution des variables initiales (figure 36).

Les coordonnées des variables initiales sur l'axe 1 sont les corrélations de ces mêmes variables avec l'axe 1, et les coordonnées sur l'axe 2 sont les corrélations de ces variables avec l'axe 2.



**Figure 36.** Représentation graphique des 15 variables à l'intérieur du cercle de corrélations du plan factoriel 1-2.

La représentation graphique en ACP (figure 36) donne une très bonne représentativité des variables (57,06%) pour les deux axes principaux.

D'une manière générale, le cercle des corrélations montre une plus grande participation des variables « composantes du rendement » par rapport aux variables biochimique et physiologiques. En effet, la longueur de l'épi (X2), le nombre de grain par épi (X4), le rendement en grain (X14), et la teneur en sucres solubles, ont des coefficients de détermination les plus élevés.

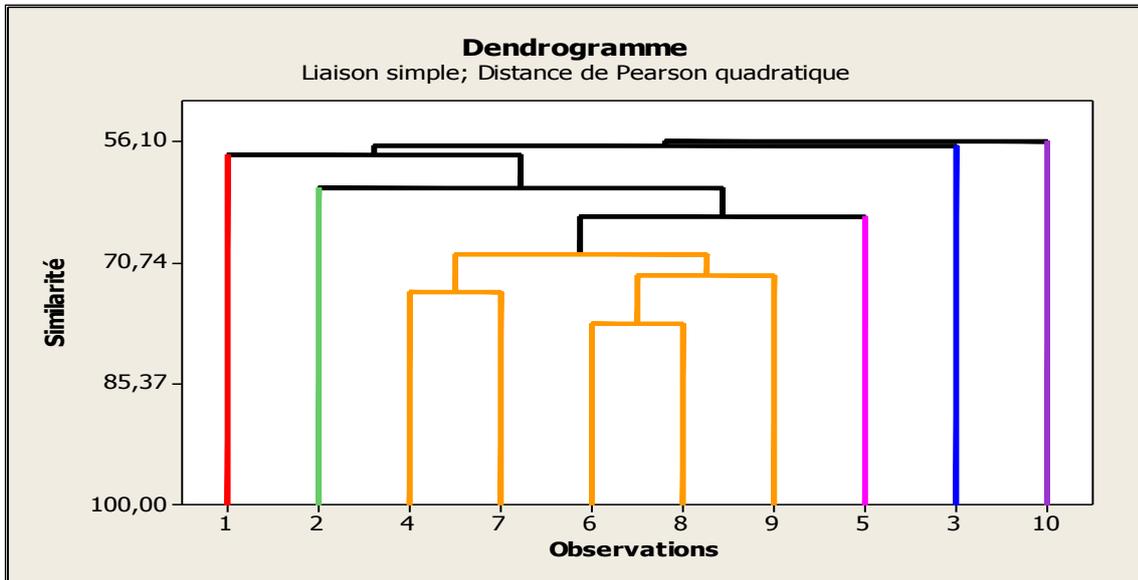
La teneur en chlorophylle 'a' (X9), est une variable qui reste dans le plan opposé aux composantes de rendement. Les autres variables sont moyennement représentées et donc ayant moins d'incidence sur l'expression du rendement.

#### **7.1.3.2.2. Recherche de classes de variétés homogènes : analyse hiérarchique ou classification hiérarchique**

Le regroupement des 10 génotypes en fonction des paramètres morphologiques, physiologiques et biochimiques, au moyen d'un dendrogramme (figure 37) à l'aide d'un lien simple et de la distance carrée de Pearson et pour le niveau de similarité de 85,37%, permet de distinguer six groupes homogènes distincts:

- Le premier groupe comprend le génotype HD.
- Le second groupe concerne le génotype Mo.

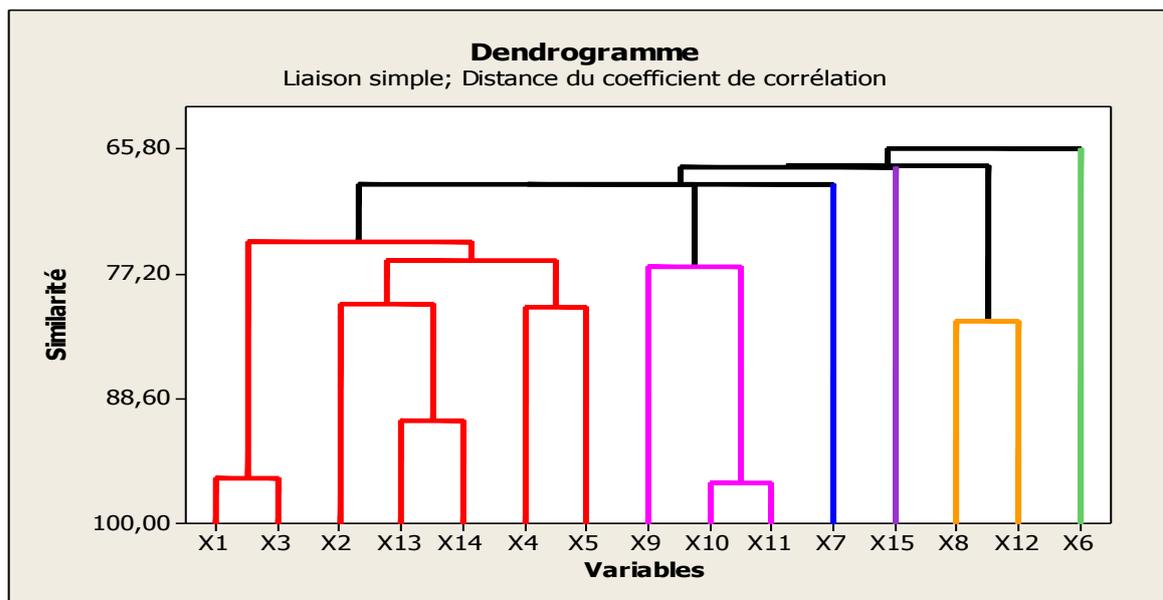
- Le troisième groupe est représenté par les génotypes Var2, Var1/Var2, Mo/Var1, HD/Var1 et HD/Var2.
- Le quatrième groupe retient Mo/HD.
- Le cinquième groupe comprend le génotype Var1.
- le sixième groupe concerne le génotype Mo/Var2.



**Figure 37.** Dendrogramme du regroupement des 10 génotypes étudiés à l'aide de la méthode du lien simple et la distance carrée de Pearson

Par ailleurs, le regroupement des variables au moyen du lien simple et de la distance basée sur le coefficient de corrélation, donne six groupes homogènes (figure 36), pour un taux de similarité de 88,60%, qui sont les suivants :

- Le premier groupe est constitué par la variable teneur en protéine.
- Le second groupe est composé par les deux variables : le teneur en proline et le PMG avec des niveaux de similarité de 100%.
- Le troisième groupe constitué par la précocité.
- Le quatrième groupe composé de la teneur en sucres solubles.
- Le cinquième groupe constitué par le rapprochement de trois caractéristiques : teneur en Chl(a+b) et Chl (b) avec un niveau de similarité de 100% et la teneur en Chl (a).
- Enfin, un sixième groupe comprenant les variables : nombre de grain par épi et la surface foliaire à un taux de similarité de 100%, le nombre d'épi et le rendement à 100% de similitude, la longueur de l'épi et la hauteur de la plante et la longueur du dernier entre nœud, à un taux de similitude de 100%.



**Figure 38.** Dendrogramme de regroupement des 15 variables physiologiques, chimiques et morphologiques.

#### 7.1.4. ETUDE DE L'HETEROSIS

##### 7.1.4.1. Cas de dominance

L'étude de la hauteur de la plante, est un critère de sélection important particulièrement pour les zones arides. Il a été admis pendant longtemps par les sélectionneurs que les variétés à paille haute sont les plus tolérantes à la sécheresse. Le fait est qu'une taille élevée de chaume est souvent associée à un système racinaire profond (Ali Dib, 1990) et par conséquent à une meilleure aptitude à extraire l'eau du sol. Les résultats obtenus font apparaître une hétérosis par rapport au parent moyen chez les croisements Mo/Var1, HD/Var1 et HD/Var2, elle est respectivement de 5,38, %, 45,54% et 45,60%.

Pour le caractère longueur de l'épi, seul l'hybride Var1/Var2 présente une valeur supérieure à celle du parent moyen. L'hétérosis étant de 10,6%. Selon Bammoun (1993) ce caractère est important pour l'adaptation à la sécheresse du fait que l'épi participe beaucoup plus que la feuille étandard à la photosynthèse en cas de déficit hydrique.

En ce qui concerne le caractère tallage épi, l'analyse des données, montre un tallage épi supérieur au parent moyen pour les croisements Mo/Var1, Var1/Var2 et Mo/Var2, qui est respectivement de 5,26%, 13,64% et 100%., révélant ainsi les effets de dominance. Ces résultats rejoignent ceux obtenus par Jatasra et Paroda (1980), Cox et Murphy (1990), Singh et Behl (1991), Vitikare et Atale (1991).

Pour ce qui de la longueur du dernier entre nœud, Mo/Var1, Var1/Var2, HD/Var1 et HD/Var2, présentent une hétérosis supérieur au parent moyen, les valeurs sont respectivement de 9,30%, 8,21%, 37,17% et 52,30%.

L'analyse de l'hétérosis pour le caractère surface foliaire, met en évidence la supériorité de l'ensemble des hybrides par rapport au parent moyen révélant ainsi une dominance.

L'étude de la précocité a montré que seul : Var1/Var2 et Mo/Var2, ont une précocité identique à celle du parent moyen. Cette hétérosis a été estimée à 3,03% pour les deux croisements. Ces résultats sont comparables à ceux obtenus par Goujon et Paquet (1968), Deshmukh et Deshmukh (1989), Ziaddin et *al* (1989), Tarkeshiwar et Mishara (1990). La précocité est un paramètre phénologique d'adaptation à la sécheresse (Ben Abdellah et Ben Sallem 1993). Il est recherché par les sélectionneurs des cultivars à cycle court dont la période végétative se situe à l'intérieur de la saison favorable ou alors des cultivars dont les stades végétatifs sont contrôlés par la photopériode pour coïncider avec la période la plus favorable (Renard, 1985).

Les populations ségréantes F2 : Var1/Var2, HD/Var1 et HD/Var2, présentent un rendement en grain supérieur à celui du parent moyen, l'hétérosis étant de 13,40%, 13,16% et 17,56%. En ce qui concerne le PMG, seul HD/Var2, présente une valeur supérieure à celle du parent moyen, 4,46%. Les résultats obtenus montrent que presque tous les hybrides présentent un rendement en grain supérieur à celui du parent moyen. Toutefois la valeur la plus importante est celle de l'hybride Mo/Var2 (96,48%).

Pour le caractère teneur en Chlorophylle (a), les hybrides Mo/HD, Mo/Var1 et HD/Var1 ont montré une supériorité par rapport au parent moyen, dont les valeurs de l'hétérosis sont respectivement 10,67%, 14,42% et 14%.

En ce qui concerne la teneur en chlorophylle (b), seul Mo/Var1 a présenté une valeur supérieure à celle du parent moyen (7,52%). L'hétérosis pour la teneur en chlorophylle (a+b) s'est manifestée chez les croisements Mo/Var1 (10,57%) et HD/Var1 (16,1%). Mo/HD et HD/Var2, ont présentés des valeurs supérieures au parent moyen, la valeur de l'hétérosis est respectivement de 17,05% et 220,61%.

Pour le caractère teneur en sucres solubles, aucun croisement n'a présenté une supériorité par rapport au parent moyen.

Pour la teneur en protéines, seul Mo/HD et Mo/Var2 ont présentés une vigueur par rapport au parent moyen.

### 7.1.4.2. Cas de superdominance

L'hétérosis par rapport au parent supérieur est observée dans le cas de la hauteur de la tige, la longueur de l'épi, la longueur du dernier entre nœud, le rendement en grain, le nombre de grain épi, la surface foliaire, le nombre de talles épis, la teneur en protéine, la proline, le Chlorophylle (a) et le Chlorophylle (a+b). Les valeurs sont présentées dans le tableau 21.

**Tableau 21.** Hétérosis par rapport au parent moyen et au parent supérieur, pour les caractères étudiés.

Caractères	Hétérosis (% parent supérieur)		Hétérosis (% parent moyen)	
	Mini	Max	Mini	Max
	HT	-16,04	43,68	-10,58
LE	-24,68	2,08	-0,36	10,6
DEN	-20,22	25	-11,56	52,3
GE	-28,32	49,33	-16,06	17,56
SF	-11,21	21,92	1,34	36,26
PMG	-11,27	-1,82	-6,81	4,46
NE	-37,5	70	-14,29	100
RDT	-32,4	81,26	-35,65	96,48
PRE	-5,88	0	-3,03	3,03
Proline	-56,88	18,77	-38,31	220,61
Protéine	-21,96	25,03	-9,64	36,97
Sucres solubles	-22,97	-4,97	-21,18	-1,4
Chl (a)	-8,91	12,1	0,37	14,42
Chl (b)	-33,63	-3,48	-28,08	17,79
Chl (a+b)	-17,96	15,6	-11,65	16,1

HT : hauteur de la tige, LE : longueur de l'épi, DEN : longueur du dernier entre nœud, GE : nombre de grain par épi, SF : surface foliaire, PMG : poids de 1000 grains, NE : nombre d'épi, RDT : rendement en grain par plant, PRE : précocité.

Concernant la hauteur de la tige (HT), HD/ Var1 et HD/Var2, ont montré une valeur supérieure à celle du meilleur parent qui est HD, où HD/Var2 a présenté la valeur de 43,68.

Pour le paramètre longueur de l'épi (LE), Var1/Var2 a présenté une valeur supérieure à celle du meilleur parent (Var2).

Comme le présente le tableau 21, une supériorité par rapport au meilleur parent est observée chez la population ségrégant Var1/Var2, concernant la longueur du dernier entre nœud (DEN).

Nous constatons également une supériorité de Mo/HD et Mo/Var2 par rapport au meilleur parent (Mo), concernant le rendement.

La population ségrégant Mo/Var2, a présenté une valeur supérieure par rapport au meilleur parent Var2, concernant le paramètre nombre d'épi (NE).

L'hybride HD/Var1 et HD/Var2, ont montré une supériorité par rapport au meilleur parent (HD) en ce qui concerne la variable nombre de grains par épi (GE).

Pour la variable surface foliaire (SF), les hybrides Var1/Var2 et HD/Var1 ont montré une valeur supérieure à celle du meilleur parent respectivement Var2 et HD.

L'étude de l'hétérosis concernant les composantes de rendement fait ressortir des hybrides intéressants par rapport au parent moyen et au parent supérieur :

**L'hybride Var1/Var2**, présente des valeurs supérieures au parent moyen et au parent supérieur pour les variables longueur de l'épi, la longueur du dernier entre nœud et la surface foliaire. Il présente aussi des valeurs supérieures au parent moyen concernant le nombre de grain par épi, le nombre d'épis, le rendement en grains et la précocité.

**L'hybride HD/Var1**, présente des valeurs supérieures au parent moyen pour les variables hauteur de la plante, longueur du dernier entre nœud, nombre de grain épi, surface foliaire et le rendement. Cet hybride présente supériorité au meilleur parent (HD), concernant la hauteur de la tige, la surface foliaire et le nombre de grains par épis.

**L'hybride HD/Var2**, présente des valeurs supérieures au parent moyen pour les variables hauteur de la plante, longueur du dernier entre nœud, nombre de grain épi, surface foliaire et le rendement. Une supériorité au meilleur parent (HD), est aussi mise en évidence pour le paramètre hauteur de la tige et le nombre de grains par épi.

**L'hybride MO/Var2**, présente des valeurs supérieures au parent moyen pour les variables longueur de l'épi, surface foliaire, nombre de grain épi, le rendement et la précocité. Cet hybride a montré des valeurs supérieures au meilleur parent pour les variables rendement et nombre d'épi.

**L'hybride MO/Var1**, présente des valeurs supérieures au parent moyen pour les variables hauteur de la plante, longueur du dernier entre nœud, surface foliaire et le nombre d'épi.

### **7.1.4.3. Conclusion :**

Les résultats obtenus dans cette partie de l'étude, mettent en évidence que les paramètres qui contribuent le plus à l'élaboration du rendement grains dans les générations ségregantes  $F_2$  sont le nombre de grains par épi, et la longueur de l'épi.

En outre, les résultats obtenus semblent indiquer que les contenus en proline des 10 génotypes étudiés, varient de façon significative. L'accumulation en proline est plus élevée chez les lignées parentales Mo et Var1. Cette accumulation peut être due à une augmentation de la synthèse de cet acide aminé à la protéolyse des protéines déjà synthétisées et sa libération (Delauney et Verma, 1993). L'accumulation de cet acide aminé peut en effet jouer un rôle dans l'osmorégulation des cellules en cas de déficit hydrique et servir comme indicateur de la sécheresse et/ou un détecteur de stress (Aspinall et Paleg, 1981 ; Grote et Claussen, 2001).

Ces différents tests viennent ainsi fournir des explications présentées souvent comme un préalable à une meilleure connaissance du végétal. L'ensemble des résultats montre qu'il y a effectivement une autre voie de sélection, non moins complémentaire à la sélection classique. Il s'agit de regrouper les différentes réponses des génotypes étudiés et d'identifier des marqueurs physiologiques et biochimiques d'adaptation au stress abiotique et biotique. Ce travail nous aura permis d'aller dans les détails et de comprendre le fonctionnement des génotypes dans des conditions similaires de culture. A partir de là, ces marqueurs peuvent enfin être utilisés et incorporés dans le cadre d'un programme d'amélioration génétique des céréales.

La vigueur hybride apparaît d'une manière nette en ce qui concerne les variables étudiées. Les valeurs que nous obtenons sont comparables aux valeurs rapportées par d'autres auteurs. En effet pour le rendement nous obtenons des valeurs d'hétérosis supérieures au parent moyen et au parent supérieur pour 04 hybrides (Var1/Var2, HD/Var1, HD/Var2 et Mo/Var2) et la valeur maximale que nous obtenons pour l'hétérosis par rapport au parent supérieur (81,26% pour l'hybride Mo/Var2). En ce qui concerne la surface foliaire, l'ensemble des hybrides présentent une valeur supérieure à celle du parent moyen. Ces hybrides ont acquis et gardent un niveau de vigueur hybride en  $F_2$  supérieur au parent moyen. Ainsi, nous rejoignons les conclusions de plusieurs auteurs qui veulent utiliser à grande échelle des hybrides  $F_2$  ou  $F_3$ , vu la difficulté rencontrée pour l'obtention des hybrides  $F_1$ .

Au vu des résultats obtenus, la théorie de l'additivité reste celle qui explique au mieux le phénomène de l'hétérosis présent dans notre travail. Brin et Cocherhan (1961) cités par Tarkeshwar et Mishara, (1990) notent que plus la contribution de gènes additifs est grande plus la dépression en  $F_2$  sera petite. Il est important de noter que les hybrides HD/Var1, HD/Var2, sont supérieurs à leurs parents pour les caractères hauteur de la plante, longueur du dernier entre nœud, nombre de grain épi, surface foliaire et le rendement en grain ; ces paramètres sont des paramètres morphologiques d'adaptation au stress hydrique. Selon Gate et *al* (1992), ils attribueraient à la plante en cas de déficit hydrique, une meilleure capacité à la tolérance grâce à la quantité d'assimilats stockés à ce niveau.

## VII.2. ANALYSE DE LA RACE DE ROUILLE EXISTANTE

### 7.2.1. Race de rouille collectée

Les échantillons de spores ont été testés sur un ensemble de variétés différentielles portant des gènes de résistance à la rouille jaune (*Puccinia striiformis*). Les gènes de résistance couramment utilisés sont: Yr1, Yr2, Yr6, Yr7, Yr8, Yr9, Yr17, Yr25, Yr27, Yr32 et Yr (Sp). Les résultats obtenus ont démontrés que l'ensemble des spores de rouille jaune collectées sont de la race "Warrior". Cette race est relativement nouvelle en Afrique du nord mais largement très répandue en Europe. Les résultats sont mentionnés dans : Report for *Puccinia striiformis* race analyses 2014, Global Rust Reference Center (GRRC), Aarhus University, Flakkebjerg, DK- 4200 Slagelse, Denmark ([www.wheatrust.org](http://www.wheatrust.org)).

La race Warrior détectée au Maroc et en Algérie est répandue en Europe depuis 2011 et probablement avant en Tunisie et Algérie (Benbelkacem et al, 2004). Des recherches récentes ont démontré que les isolats de cette race sont agressifs sur les blés très sensibles au même niveau que PstS1 et PstS2. En Europe, la race Warrior a provoqué des changements importants dans la sensibilité à la rouille jaune d'un grand nombre de variétés de blé et de triticale, c'est-à-dire que certaines variétés précédemment résistantes ou partiellement résistantes sont devenues sensibles comme cela a été le cas pour la variété Hidhab (HD1220) et certaines variétés moins sensibles antérieurement sont devenues sensibles à fortement sensibles (Sørensen et al., 2014). Des races très similaires ont été observées au Bhoutan (2012) et également au Népal en 2014.

Cependant, ces races Warrior de l'Asie du Sud, diffèrent de la race Warrior en Europe par des marqueurs d'ADN et en réponse à des écarts supplémentaires non standards. L'origine évolutive et la propagation de la race Warrior sont en cours d'étude. Cette race a une capacité impressionnante à se diversifier, en Europe différentes formes de Warrior sont observées. Ces formes ayant des virulences différentes, Warrior peut être considérée comme un groupe de race de rouille jaune (Guillaume et al., 2016). En 2014, c'est Warrior-1 qui a prédominé sur l'Europe. C'est une forme de rouille jaune qui apprécie la chaleur et qui s'est étendue jusque dans des régions chaudes comme le sud de la France (Guillaume et al., 2016).

Si les nouvelles races de rouille jaune sont capables d'acquérir de nouvelles virulences, elles sont donc également susceptibles d'en perdre bien plus facilement que les anciennes formes asexuées. Ce nouveau paramètre à prendre en considération risque de bouleverser et de compliquer notre gestion des résistances variétales et des variétés contournées.

### **7.2.2. Conclusion**

Vu l'évolution rapide des races de rouille jaune et l'apparition de races nouvelles en Algérie. Il faudra, prendre en considération ce paramètre dans tous les travaux d'amélioration variétale pour la résistance à la rouille jaune et mettre en place un suivi des races par l'implantation de variétés de référence dans les essais. Ce qui nous permettra de mettre en évidence la réponse des variétés étudiées à la population du parasite existant pour l'année en cours. Ces races pourront par la suite être déterminées dans des laboratoires de référence.

### VII.3. ETUDE DE LIGNEES PARENTALES DE BLE TENDRE UTILISEES DANS UN PROGRAMME D'AMELIORATION GENETIQUE POUR LA RESISTANCE A LA ROUILLE JAUNE ASSISTEE PAR MARQUEURS MOLECULAIRES

#### 7.3.1. CONDITIONS CLIMATIQUES

Au cours de la campagne 2015/16, nous avons enregistré un cumul pluviométrique de 555,55 mm pour 56 jours de pluie (tableau 22). Cette campagne s'est caractérisée par un déficit hydrique, principalement durant la période de développement des plants, le mois le plus pluvieux a été le mois de novembre (134,65mm). Nous avons enregistré durant le mois de février 107,6 mm pour 10 jours de pluie, cette pluviométrie a été favorable pour le développement des plants.

Les températures moyennes mensuelles de la campagne en question, montrent que le mois le plus froid a été le mois de décembre avec une moyenne de 12,51 °C, le mois le plus chaud a été le mois de juin où nous constatons une élévation brusque de la température (21,92°C). D'une manière générale les températures enregistrées ont favorisé l'apparition de l'infection.

**Tableau 22.** Conditions climatiques de la campagne 2015/2016, station ITCMI El-Kous

Mois	Oct	Nov	Déc	Janv	Févr	Mars	Avri	Mai	Juin
<b>T° Minimale</b>	16,03	12,83	6,48	8,94	8,52	9,16	12,2	13,39	16,5
<b>T° Maximale</b>	26,06	19,95	18,555	18,52	18,69	18,58	21,53	24,10	27,33
<b>H° Minimale</b>	-	80,38	91,94	80,26	82,24	84,67	-	-	-
<b>H° Maximale</b>	-	75,05	47,23	57,26	47,97	54,61	-	-	-
<b>Pluvio (mm)</b>	93,9	134,65	8,3	62,8	44,6	107,6	49,9	32,1	21,7

#### 7.3.2. DEPISTAGE DE LA MALADIE AU CHAMP

Selon les données obtenues sur le terrain (tableau 23), nous constatons que parmi les lignées parentales, Morocco (Mo) étant très sensible aux rouilles est utilisée comme disperseur de spores dans la plupart des études sur les rouilles de par la production abondante d'inoculum, a présenté une sensibilité modérée de type MS à la maladie sous nos conditions. Ainsi, le niveau de résistance des cultivars n'a pas été évalué comparativement à un contrôle très sensible. Il existe des preuves d'un certain niveau de résistance de Morocco à la rouille jaune dans les conditions de champ (Denissen, 1991), et il ne peut être exclu qu'un certain niveau de résistance quantitative contre un isolat donné existe dans cet ancien cultivar. Ces mêmes résultats ont été obtenus par Azzimonti et al. (2013).

Aucun des cultivars étudiés, n'a présenté une susceptibilité complète à l'infection. Var1 (Avocet, Yr18) a présenté une sensibilité modérée (MS), ces résultats confirment les résultats obtenus par Bux et *al.* (2011). Notons que Var2 (Ciano) portant le gène de résistance Yr27 a été efficace, ce cultivar a été résistant (R), il est à signaler que ce gène Yr27 est efficace contre la race Warrior en Europe. Ces résultats coïncident avec ceux obtenus par McDonald et *al.* (2004). Comme décrit par Wellings (1992) et illustré par McIntosh et *al.* (1995), les plantules des génotypes de blé avec le gène de résistance Yr27, lorsqu'ils sont infectés par des pathotypes Pst australiennes produisent des nécroses de types d'infections faibles nécrotiques avec des quantités variables de spores. La variété locale HD était moyennement résistante (MR).

En nous basant sur la sévérité finale de la maladie nous avons obtenus des taux de : 20%, 40% et 50%. Var1 a présenté une sévérité de la maladie allant jusqu'à 50%. Var2 avait une meilleure résistance avec une sévérité de 20%, la variété HD a présenté une sévérité de 20% et Mo 40%.

Parmi les 04 lignées analysées sous épidémie au champ, nous constatons qu'elles ont présenté une résistance quantitative au pathogène, avec des valeurs de l'aire sous la courbe de progression de la maladie (AUDPC), allant de 124 à 430. La valeur faible d'AUDPC de la lignée Var2 (124), est caractéristique de la présence d'une résistance à la rouille chez Var2, cette lignée apparaît ici comme résistante (tableau 23). Ces résultats coïncident avec ceux obtenus par Lannou et *al.* (2008), ont démontré que les lignées de blé présentant une réponse de type résistance spécifique sont associées à une valeur AUPDC nulle (immunité) ou très faible. En revanche, les valeurs les plus élevées ont été enregistrées chez les variétés les plus sensibles, Var1 et MO avec une valeur de 430 et 280 respectivement.

A la lumière de ces résultats, nous déduisons que Var2, a présenté une meilleure résistance spécifique et une évolution plus lente de la maladie par rapport aux autres lignées. Cette lignée a montré une valeur de PMG maximum (39 g) et le rendement le plus élevé (11,12 qx/ha). Par contre Var1, qui a montré une valeur élevée d'AUPDC (430) par rapport aux autres lignées, a produit des grains avec le plus faible PMG (34,33 g) ce qui indique une relation de cause à effet de la maladie sur la variété. Cependant, le cultivar Mo, a présenté un PMG élevé (37,33 g), avec une valeur AUPDC relativement élevée. Le rendement le plus faible a été de 3,56 q/ha, observé chez Mo qui a présenté une sensibilité modérée à l'infection. Auparavant, Allan et *al.* (1963), ont également signalé l'impact de la rouille sur les pertes de rendement des grains.

En ce qui concerne la précocité, nous constatons que Var1, dont le cycle végétatif a été le plus long (116 j), a présenté une sensibilité élevée au pathogène (50%) et la valeur la plus élevée d'AUPDC (430).

**Tableau 23.** Paramètres de résistance des cultivars étudiés, le PMG et le rendement obtenu

Génotypes	TI	Sévérité	AUPDC	DPV (J)	SF (Cm <sup>2</sup> )	PMG (G)	Rdt (Qx/ha)
HD	MR	20	204	100	45,49	35,00	8,95
Var1	MS	50	430	116	58,39	34,33	10,21
Var2	R	20	124	103	53,12	39,00	11,12
Mo	MS	40	284	100	54,81	37,33	3,56

Selon les résultats obtenus (tableau 24), on note une corrélation positive hautement significative entre la sévérité de la maladie et l'AUPDC (0,887). Nous constatons également une corrélation positive significative entre le PMG (0,587), l'AUPDC (0,589) et la sévérité de la maladie, ces résultats correspondent à ceux obtenus par Ali et *al.* (2010); En dépit de la sensibilité à la rouille, le PMG peut être dû, au potentiel génétique de la variété.

Le rendement et la sévérité de la maladie présentent une corrélation positive non significative (0,203), James et *al.* (1978) ont démontré qu'il existe dans différentes situations une corrélation entre les pertes de rendement et la valeur de l'AUDPC. Néanmoins, certaines études ont proposé que la tolérance et le potentiel de rendement seraient négativement corrélés (Paveley et *al.*, 2001 ; Parker et *al.*, 2004 ; Foulkes et *al.*, 2007). Selon Ney et *al.* (1998), ces types d'approche apportent peu de possibilités de généralisation car ils ne prennent pas en compte le fonctionnement du couvert. Dans le cas de la caractérisation de la maladie par l'AUDPC, le pourcentage de nécroses peut être élevé tout en laissant suffisamment de surface photosynthétique saine pour assurer une production suffisante d'assimilés.

Une corrélation positive est observée entre la sévérité de la maladie et la surface foliaire (SF), ce qui peut s'expliquer comme un moyen de compensation mis en œuvre par la plante en réponse à l'attaque parasitaire. La diminution de la photosynthèse des parties malades peut être compensée, soit par une augmentation de la photosynthèse des parties saines, soit par une augmentation de surface foliaire (Ney et *al.*, 1998). La photosynthèse des feuilles saines d'une plante malade ou des parties saines d'une feuille malade peut être, dans certains cas, augmenté temporairement en présence de la maladie (Bancal et *al.*, 1998).

Une corrélation négative a été notée entre le PMG et le rendement, ces résultats confirment ceux obtenus par Bahlouli et *al.*(2008), qui indiquent que l'expression d'un rendement élevé est associée positivement à un nombre d'épis par m<sup>2</sup>, aux nombres de grains par m<sup>2</sup> et de la fertilité des épis mais négativement liée au PMG. Signalons que Ledent (1982), dans une étude menée pendant quatre années sur 77 génotypes de blé, ne trouve pas de corrélations significatives entre le poids moyen d'un grain et le rendement par mètre carré.

**Tableau 24.** Matrice de corrélation des paramètres analysés

	PMG	RDT	DPV	SF	AUPDC	Sévérité
RDT	-0,157 0,626	1				
DPV	0,210 0,512	0,184 0,567	1			
SF	0,047 0,884	0,014 0,965	0,537 0,072	1		
AUPDC	<b>0,587</b> 0,045*	0,195 0,544	0,502 0,096	0,622 0,031	1	
Sévérité	<b>0,589</b> 0,044*	0,203 0,527	0,505 0,094	0,436 0,157	<b>0,887</b> 0,000***	1

### 7.3.3. ANALYSE ELECTROPHORETIQUE DES SOUS UNITES GLUTENINES A HAUT POIDS MOLECULAIRE SG-HMW

De nombreuses études ont démontré que les gluténines (HMW) sont le groupe de protéines de l'endosperme qui présentent la plus grande influence sur les propriétés technologiques de la pâte du blé et que 60% des variations qui existent dans la force du gluten des différentes variétés de blé s'expliquent par la variabilité dans la composition du gluten (Moonen et *al.*,1982 ; Payne et *al.*, 1987 ; Rodrigez et *al.*, 1996). La composition génétique en sous-unités de gluténines HMW est représentée dans le tableau 25.

La lecture des gels de l'électrophorèse nous permet d'identifier trois (03) sous-unités de gluténines à HMW codifiées par les locus *Glu-A1*: 1(allèle *a*), 2\*(allèle *b*) nulle (allèle *c*). Le locus *Glu-B1*, codifie les allèles *b*, *f* et *i* (paire de sous-unités 7+8, 13+16 et 17+18, respectivement). On identifie aussi la paire de sous-unités 7\*+9, qui a été décrite auparavant par Tahir et *al.* (1996) et Rodrigez-Rodriguez et *al.* (1998) et la paire des sous-unités 7\*+8 (allèle *u*, décrit par Pogna et *al.*). Le locus *Glu-D1*, codifie trois allèles : *a* (pour les sous unités 2+12), l'allèle *c* (pour 4+12) décrites par Payne et Lawrence (1983) et l'allèle *d* (pour la paire de sous-unités 5+10).

**Tableau 25.** Loci codifiant les sous-unités des gluténines(HMW) des lignées analysées.

Locus	Allèle	Sous-unités de gluténines HMW
Glu-A1	<i>a</i>	1
	<i>b</i>	2*
	<i>c</i>	Nulle
Glu-B1	<i>b</i>	7+8
	<i>f</i>	13+16
	<i>i</i>	17+18
	<i>u</i>	7*+8
Glu-D1	<i>a</i>	2+12
	<i>c</i>	4+12
	<i>d</i>	5+10

Le tableau 26 représente les sous unités des gluténines (HMW) de chaque cultivar étudié. Nous constatons que Var2, présentent la paire de sous unités 5+10 du locus *Glu-D1*. Payne et al. (1984 a ; 1984 b) et Pogna et al. (1989) ont mis en évidence l'influence des sous-unités de gluténines 5+10 du locus *Glu-D1*, sur la bonne qualité boulangère par rapport à l'allèle 2+12. Sánchez-Garcia et al. (2015) ont démontré que les lignées qui présentent les sous-unités 5+10, présentent de meilleures caractéristiques technologiques et ceci indépendamment des gluténines HMW qui se trouvent au niveau des deux autres loci.

Comme on peut le constater, selon les résultats présentés dans le tableau 26, parmi les lignées parentales analysées, Var2 est celle qui présente les sous-unités 5+10, qui lui confère une meilleure qualité technologique par rapport aux autres lignées.

**Tableau 26.** Composition allélique des sous-unités de gluténines HMW des lignées parentales étudiées.

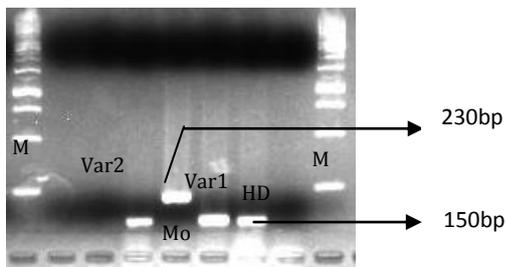
Variétés	Loci		
	Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1
Var1	Nulle	7*+8	2+12
Var2	1	17+18	5+10
Mo	Nulle (2*)	7+8	2+12
HD	1	17+18	4+12

#### 7.3.4. CARACTERISATION MOLECULAIRE

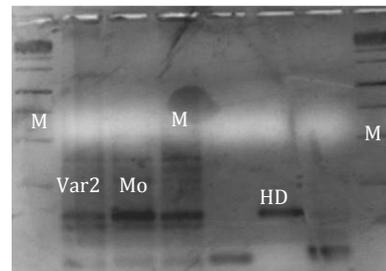
Des analyses moléculaires avec le marqueur csLV34 ont amplifié deux allèles, un allèle d'une taille de 150 bp étroitement lié au gène de résistance Yr18 et à un autre d'une taille de 230 bp, non associé à la résistance (Photo 16). Le génotype HD, Var1 et Var2, portent un allèle marqueur de 150 bp, indiquant la présence de gène de résistance Yr18 dans ces cultivars.

Le gène de résistance Yr18, qui confère une résistance à la rouille jaune au stade plante adulte, a fourni un certain niveau de résistance, dans les conditions locales du champ au cours de l'année d'étude. La résistance durable à la rouille jaune chez de nombreuses variétés de blé, a été attribuée à la présence du gène Yr18 (McIntoch, 1992 ; Singh, 1992b). Le marqueur Xbarc92, met en évidence le polymorphisme existant entre les génotypes analysés (Photo 17).

Selon Flor (1956), les gènes de résistance à la rouille jaune, non spécifiques Yr18, Yr29, Yr30, Yr36, Yrns-B1 et YrA1 à YrA8 confèrent une résistance lente, en tant que source majeure et contribuant à la résistance durable des plantes adultes. Les cultivars portant le gène Yr18 ont été cultivés pendant plus de 50 ans sur une superficie considérable (Shaner, 1996; Singh et al., 1994). le marqueur, csLV34 lié à Yr18 a confirmé les résultats obtenus par Lagudah et al.(2006), démontrant que Var1, possédait cette résistance, résultats soutenus par l'étude de Shah et al. (2014).



**Photo 16** : csLV34 PCR amplification des génotypes HD, Var1 Var2 et Mo. M est le marqueur ( $\lambda$ , 1 KB)



**Photo 17** : Xbarc92, PCR amplification des génotypes HD, Var1 Var2 et Mo. M est le marqueur ( $\lambda$ , 1 KB)

### 7.3.5. DISCUSSION

Sur la base de cette étude, le cultivar Ciano79 (Var2), portant le gène de résistance Yr27, a montré une meilleure résistance à la rouille jaune, un meilleur PMG (39 g), un meilleur rendement (11,12 qx/ha) et une meilleure qualité technologique, vu la présence de sous-unités de gluténines à HMW 5+10 du locus *Glu-D1*.

De ce fait il peut être utilisé dans la production de nouvelles variétés de blé tendre résistantes et de bonne qualité boulangère. La production de ce matériel, nous permettra de disposer de descendance qui feront l'objet de travaux plus approfondis et qui seront menés en continuité dans ce programme.

L'exploitation de ces résultats doit conduire à la création de futurs géniteurs et/ou de variétés cumulant différents QTL de résistance à la rouille jaune par une approche de sélection assistée par marqueurs (SAM). Le gène Yr18 présent dans le cultivar Avocet, a montré un niveau de résistance modéré. Ce gène peut être utilisé avec d'autres gènes par pyramidage, comme une stratégie de lutte préalable dans la région pour combattre le problème de rouille jaune. Les cultivars analysés pour la mise en évidence du gène de résistance Yr18 en utilisant le marqueur csLV34 devraient être confirmés plus tard par des marqueurs spécifiques.

Les résultats de cette étude, seront approfondis par la caractérisation par marqueurs moléculaires et analyse de la composition des gluténines HMW, des descendances obtenues, afin d'identifier des pré-lignées qui seront utilisées dans un programme d'amélioration de résistance à la rouille jaune.

Notons également que durant les années de forte contamination, l'infection par un pathotype peut se faire naturellement, vu les conditions climatiques favorables à la dissémination du champignon. Toutefois, c'est un frein à la bonne interprétation des résultats et donc à la détection des gènes majeurs spécifiques efficaces. En cas de contamination naturelle, il est aussi difficile d'évaluer la stabilité d'un QTL, dont l'expression va être modifiée en fonction des pathotypes qui interviennent dans la relation hôte-pathogène et du fonds génétique. La détection de QTL dépend comme aussi de l'effet « notateur » car le repérage d'individus moyennement résistants est parfois plus délicat, quand l'évaluation repose, soit sur une note globale donnée à la lignée, soit sur une moyenne de notes obtenues sur chaque plante de la lignée (Shah et *al.*, 2014). A cet effet, des essais supplémentaires seront effectués afin de confirmer la stabilité du matériel au cours des années.

# CONCLUSION GENERALE



## CONCLUSION GENERALE

L'étude des composantes de rendement et de l'hétérosis des géotypes analysés, a démontré qu'il existe des corrélations positives hautement significatives entre le rendement et le nombre d'épi/ m<sup>2</sup>. Des corrélations positives sont observées également entre le rendement, le PMG et le nombre de grains par épi. Des corrélations négatives significatives, sont observées entre le PMG et la précocité du géotype. Il existe des corrélations négatives entre le nombre d'épis produits et le nombre de grains par épis.

Les résultats obtenus, mettent en évidence que les paramètres qui contribuent le plus au rendement grain dans les générations ségréantes F2 sont le nombre de grains par épi, le nombre d'épi et le PMG. Les autres variables sont moyennement représentées et donc ayant moins d'incidence sur l'expression du rendement.

La sélection des géotypes est basée sur leur supériorité par rapport aux parents, estimée par l'hétérosis. Vu que le rendement est un caractère complexe, résultant de différents caractères impliqués directement et indirectement dans sa formation, tels que le poids du grain, le nombre de grains par épi, le nombre d'épis par unité de surface et la biomasse. Au cours de cette étude une multitude de caractères morphologiques, physiologiques et biochimiques ont été analysés. La vigueur hybride apparaît d'une manière nette chez ces variables étudiées. En ce qui concerne le rendement nous obtenons des valeurs d'hétérosis supérieures au parent moyen pour 04 hybrides (Var1/Var2, HD/Var1, HD/Var2 et MO/Var2) et la valeur maximale que nous obtenons pour l'hétérosis par rapport au parent supérieur est de 81,26% pour l'hybride MO/Var2. Pour la surface foliaire, l'ensemble des hybrides présentent une valeur supérieure à celle du parent moyen. Ces hybrides ont acquis et gardent un niveau de vigueur hybride en F2 supérieur au parent moyen. Ainsi, nous rejoignons les conclusions de plusieurs auteurs qui veulent utiliser à grande échelle des hybrides F2 ou F3, vu la difficulté rencontrée pour l'obtention des hybrides F1 et leur coût élevé.

Au vue des résultats obtenus, la théorie de l'additivité reste celle qui explique au mieux le phénomène de l'hétérosis. Il est important de noter que les hybrides HD/Var1, HD/Var2, sont supérieur à leurs parents pour les caractères hauteur de la plante, longueur du dernier entre nœud, nombre de grain épi, surface foliaire, le rendement en grain, qui sont des paramètres morphologiques d'adaptation au stress hydrique.

## CONCLUSION GENERALE

---

Les résultats obtenus au cours de cette expérimentation, peuvent être intégrés comme des critères additifs et complémentaires dans un programme d'amélioration génétique des blés.

Au cours de ces 30 dernières années, les races de rouille jaune ont connu une vitesse d'évolution impressionnante. Ce phénomène devrait être pris en considération dans tous les travaux d'amélioration variétale pour la résistance à la rouille jaune et mettre en place un dispositif de suivi des races par l'implantation de variétés de référence dans les essais. Ce qui nous permettra de mettre en évidence la réponse des variétés étudiées à la population du parasite existant pour l'année en cours. Ces races pourront par la suite être déterminées dans des laboratoires de référence. Dans ce sens un partenariat sera nécessaire ainsi qu'une communication efficace pour éviter, à la fois, des infestations préjudiciables et des traitements inopportuns. Dans le but de combattre cette épidémie, la recherche de nouvelles sources de résistance et l'augmentation de la diversité génétique des variétés cultivées continue. Ce qui sera combiné à de bonnes pratiques culturales qui se sont avérées efficaces pour diminuer l'inoculum de rouille:

- Eviter les céréales sensibles à la rouille jaune.
- Utiliser une gamme de variétés aussi large que possible.
- Retarder les semis afin d'éviter des cycles de développement du champignon en automne.
- Limiter l'application d'azote en sortie hiver qui favorise énormément le développement des rouilles.
- Utiliser des fongicides uniquement si le seuil de nuisibilité est dépassé.

Sur la base de l'analyse des lignées parentales, le cultivar Ciano79 (Var2), portant le gène de résistance Yr27, a montré une meilleure résistance à la rouille jaune, un meilleur rendement et une meilleure qualité technologique, vu la présence de sous-unités de gluténines à HMW 5+10 du locus *Glu-D1*.

De ce fait il peut être utilisé dans la production de nouvelles variétés de blé tendre résistantes et de bonne qualité technologique. La production de ce matériel, nous permettra de disposer de descendances qui feront l'objet de travaux plus approfondis et qui seront menés en continuité dans ce programme.

## CONCLUSION GENERALE

---

L'exploitation de ces résultats doit conduire à la création de futurs géniteurs et/ou de variétés cumulant différents QTL de résistance à la rouille jaune par une approche de sélection assistée par marqueurs moléculaires.

Le gène Yr18 présent dans le cultivar Avocet, a montré un niveau de résistance modéré. Ce gène peut être utilisé avec d'autre gène par pyramidage, comme une stratégie de lutte préalable dans la région pour combattre le problème de rouille jaune. Les cultivars analysés pour la mise en évidence du gène de résistance Yr18 en utilisant le marqueur csLV34 devraient être confirmés plus tard par des marqueurs spécifiques.

Les conditions climatiques de l'année 2016, ont été favorables pour la désamination de l'inoculum de rouille. Toutefois, c'est un frein à la bonne interprétation des résultats et donc à la détection des gènes majeurs spécifiques efficaces. En cas de contamination naturelle, il est aussi difficile d'évaluer la stabilité d'un QTL, dont l'expression va être modifiée en fonction des pathotypes qui interviennent dans la relation hôte-pathogène et du fonds génétique.

Ce travail est une contribution dans le programme d'amélioration des variétés de blé tendre pour différents caractères, notamment la qualité technologique, le rendement et la résistance à la rouille jaune. Pour valoriser les variétés locales qui constituent une source d'adaptabilité et de favoriser les nouvelles obtentions variétales.

Les résultats de cette étude, seront approfondis par la caractérisation par marqueurs moléculaires et analyse de la composition des gluténines HMW, des descendances obtenues, afin d'identifier des pré-lignées qui seront utilisées dans un programme d'amélioration de résistance à la rouille jaune.

# **REFERENCES**

# **BIBLIOGRAPHIQUES**



## REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

1. **ABBASSENNE F.1998.** Etude génétique de la durée des phases de développement et leur influence sur le rendement et ses composantes chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.). Thèse magister, INA, Alger, 81 p.
2. **ABBASSENNE F., BOUZERZOUR H., HACHEMI L. 1998.** Phénologie et production du blé dur (*Triticum durum* Desf.) en zone semi-arides d'altitude. Ann.Agron.INA, **18** :24-36.
3. **ABECASSIS J. 1993.** Nouvelles possibilités d'apprécier la valeur meunière et la valeur semoulière des blés. Ind. Céréales N° 81. pp 35.
4. **ACEVEDO E., GRAUFURD P.Q., AUSTIN R.D. & PEREZ-MARCO P.1991.** Traits associated with high yield in barley in low rainfall environments. *J.Agric.Sci. (Camb)*, **116** : 23-36 .
5. **ACQUAAH G. 2007.** Principals of plant genetics and breeding. Blackwell Publishing, Oxford, UK.
6. **ADJABI A., BOUZERZOUR H., LELARGE C., BENMAHAMMED A., MEKHLLOUF A., and HANNACHI A.2007.** Relationships between grain yield performance, temporal stability and carbone isotope discrimination in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) under Mediterranean conditions.*Journal of Agronomy.*, **06** (2): 294 - 301.
7. **AFZAL S.N., HAQUE M., AHMEDANI M., BASHIR S., and RATTU A. 2007.** Assessment of yield losses caused by *Puccinia striiformis* triggering stripe rust in the most common wheat varieties. *Pakistan Journal of Botany.*, **39**: 2127-2134.
8. **AIT KAKI Y. 1993.** Contribution à l'étude des mécanismes morpho physiologiques de tolérance au stress hydrique sur 05 variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.). Mémoire. Magistère. Univ. Annaba.
9. **AIT KAKI Y.2007.** Etude comparative des potentialités technologiques des blés durs Algériens anciens et récents : Revalorisation de la qualité de ces blés par différentes stratégies d'études : Critères technologiques (infra rouge), Biochimiques (électrophorèse bidimensionnelle) et Moléculaire (P.C.R.). Thèse Doctorat. Univ. Annaba. 137 +Annexes.
10. **ALAIN BONJEAN. 2001.** Histoire de la culture des céréales et en particulier de celle du blé tendre (*Triticum aestivum* L.). Dossier de l'environnement de l'INRA, n°21.
11. **ALI DIB T.1990.** Contribution à l'étude de la tolérance à la sécheresse chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.). Etude de la diversité des caractères phénologiques et morphologiques d'adaptation. Thèse de Doctorat, Monplrier, 180p.
12. **ALI DIB T., & MONNEVEUX P. 1992.** Adaptation à la sécheresse et notion d'idéotype chez le blé dur. Caractères morphologique d'enracinement. *Agronomie.*, **12** : 371-379.
13. **ALI M., JI W.Q., HU Y.G., BALOCH G.M., ZHANG H. and WANG C.Y. 2010.** Molecular implications from SSR markers for stripe rust (*Puccinia striiformis* F.sp. tritici) resistance gene in bread wheat line N95175. *Pak. J. Bot.*, **42**(1): 383-390.

14. **ALI Y., ATTA B. M., AKHTER J., MONNEVEUX P., and LATEEF Z. 2008.** Genetic variability, association and diversity studies in wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm. *Pak. J. Bot.*, **40**:2087-2097.
15. **ALLEN W. G., SPRADIN J. E. 1974.** Amylase and their properties the bakers digest, p: 14 –23.
16. **ALLEN R.E., VOGEL O.A., PURDY L.H. 1963.** Influence of stripe rust on yield and test weights of closely related lines of wheat. *Crop Sci.*, **3**: 564-565.
17. **ANDERSON O.D., LITTS J.C., and GREENE F.C., 1997.** The a gliadin gene family. Characterization of ten new wheat a gliadin genomic clones, evidence for limited sequence conservation of flanking DNA, and Southern analysis of the gene family. *Theor. Appl. Genet.*, **95**:50-58.
18. **ANGUS A. 1965.** Annotated list of plant pests and diseases in Zambia. Parts 1–7 and supplements. Mount Makulu Research Station, Chilanga, Zambia.
19. **ANNICCHIARICO P., CHIARI T., BAZZANI F., BELLAH F., DOUCENE S., YALLAOUI-YA`ICI N., ABDELLAOUI Z., BELLOULA B., BOUAZZA L., BOUREMEL L., HAMOU M., HAZMOUNE T., KELKOULI M., OULD-SAID H., ZERARGUI H. 2002.** Response of durum wheat cultivars to Algerian environments. I.Yield. *J. Agric. Environ. Int. Dev.*, **96** : 157–187.
20. **ANNICCHIARICO P., BELLAH F., GHIARI T.2005.** Defining sub regions estimating benefits for a specific adaptation strategy by breeding programs: a cas study. *Crop science.*, **45**: 1741-1749.
21. **ANNICCHIARICO P., and IANNUCCI A.2008.** Adaptation strategy ,germplasm type andadaptive traits for field pea improvement in Italy based on variety responses acrossclimatically contrasting environments. *Field Crops Res.*, **108**: 133-142.
22. **ANONYME. 2006.** La biologie de *Triticum turgidum* ssp. *Durum* (Blé dur).
23. **AZZIMONTI G., LANNOU C., SACHE I., GOYEAU H. 2012.** Components of quantitative resistance to leaf rust in wheat cultivars: diversity, variability and specificity. *Plant Pathology*
24. **ARAUS J.L., G.A. SLAFER, M.P. REYNOLDS, C. ROYO. 2002.** Plant breeding and water relations in C3 cereals: what should we breed for? *Annals of Botany*, **89**:925-940.
25. **ARNON D.L.1949.** A copper enzyme is isolated chloroplast polyphenol oxidase in Beta vulgaries. *Plant Physiology*, **24**, 115.
26. **AUSTIN R.B. et JONES H.G. 1975.** The physiology of wheat–*Annual Report-Plant breeds inst. Cambridge inst. England*, pp: 327-355.
27. **AUSTIN R., BINGHAM B., and TAYLOR M.1980.** Genetic iprovment in wimter wheat yield since 1900 and associated physiological changes. *J. Ag. Sciences.*, **94** :675-689.
28. **AUSTIN R.B.1987.** Some crop characteristics of wheat and their influence on yield and water use. In: Drought tolerance in winter cereals (JP Srivastava, E Porceddu, E Acevedo, S Varma, eds) John Sons, UK, 321-326.
29. **AUTRAN J.C. 1973.** L’identification des variétés de blé. Bulletin des anciens élèves de l’école française de meunerie 259:163.

- 30. AZZIMONTI G., LANNOU C., SACHE I. and GOYEAU H. 2013.** Components of quantitative resistance to leaf rust in wheat cultivars: diversity, variability and specificity *Plant pathology*, **62** : 970-981
- 31. BAHLOULI F., BOUZERZOUR H., BENMAHAMMED A. 2008.** Effets de la vitesse et de la durée du remplissage du grain ainsi que de l'accumulation des assimilats de la tige dans l'élaboration du rendement du blé dur (*Triticum durum* Desf.) dans les conditions de culture des hautes plaines orientales d'Algérie. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, **12** (1): 31-39.
- 32. BAHLOULI F. 1998.** Variabilité génétique et analyse de piste d'un germoplasme d'orge (*Hordeum vulgare* L). Thèse de Magistère. INA, Harrach, Alger, 80 pp.
- 33. BAHLOULI F., BOUZERZOUR H., A. BENMAHAMMED K., HASSOUS L. 2005.** Selection of high yielding and risk efficient durum wheat (*Triticum durum* Desf.) cultivars under semi arid conditions. *Pakistan Journal of Agronomy.*, **4**:360-365.
- 34. BAHLOULI F., BOUZERZOUR H. and BENMAHAMMED A. 2008.** Effets de la vitesse et de la durée du remplissage du grain ainsi que de l'accumulation des assimilats de la tige dans l'élaboration du rendement du blé dur (*Triticum durum* Desf.) dans les conditions de culture des hautes plaines orientales d'Algérie. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, **12**(1): 31-39
- 35. BAILEY C.H. 1941.** A translation of Beccari's lecture "Concerning Grain" (1728). *Cereal Chem.*, **18**:555-561.
- 36. BAJJI M. 1999.** Étude des mécanismes de résistance au stress hydrique chez le blé dur : caractérisation de cultivars différant par leurs niveaux de résistance à la sécheresse et de variants somaclonaux sélectionnés *In vitro*. Thèse de doctorat. Univ. Louvain.
- 37. BAKER RJ. 1977.** Inheritance of Kernel Hardness in Spring Wheat. *Crop Sci.*, **17** : 960-962.
- 38. BALDY C. 1984.** Utilisation efficace de l'eau par la végétation en climats méditerranéens. *Bull. Soc. Botan. Fr* 131 (2,3,4). Actual. Botan (491-499).
- 39. BALDY C. 1993a.** Progrès récents concernant l'étude du système racinaire du blé (*Triticum* sp). *Ann. Agron. (Paris)*. Pp 241-276.
- 40. BALDY C. 1993b.** Effets du climat sur la croissance et le stress hydrique des blés en Méditerranée occidentale. in: Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale (p. 83-100). *Les Colloques de l'INRA* (64). Presented at Colloque, Montpellier, FRA (1992-12-15 - 1992-12-17). Paris, FRA : INRA Editions.
- 41. BAMMOUN A. 1993.** Induction de mutations morphologiques chez le blé et l'orge. Utilisation pour l'amélioration génétique de la tolérance à la sécheresse. Tolérance à la sécheresse des céréales en zones méditerranéenne. Diversité et amélioration variétale, Montpellier, France. INRA Edition.
- 42. BANCAL M.O. and HUET P.H. 1998.** Fonctionnement d'un peuplement de blé d'hiver soumis à une attaque tardive de rouille brune (*Puccinia recondita*). Fonctionnement des peuplements végétaux sous contraintes environnementales Ed. INRA, Paris, 2000 (les colloques N°93).
- 43. BARRON C., SURGET A., ROUAU X. 2007.** Relative amounts of tissues in mature wheat (*Triticum aestivum* L.) grain and their carbohydrate and phenolic acid composition. *Journal of Cereal Science.*, **45** : 88-96.

44. **BARTELS, D. and SUNKAR, R. 2005.** Drought and salt tolerance in plants. *Crit Rev Plant. Sci.*, **24**: 23-58.
45. **BAYLES R.A., FLATH K., HOVMØLLER M.S., DE VALLAVIEILLE-POPE C. 2000.** Breakdown of the *Yr17* resistance to yellow rust of wheat in northern Europe - a case study by the yellow rust sub-group of COST 817. *Agronomie.*, **20**:805-811.
46. **BEAN S., and LOOKHART G. 1997.** Separation of wheat proteins by two-dimensional reversed-phase high-performance liquid chromatography plus free zone capillary electrophoresis. *Cereal chemistry.*, **74**: 758-765.
47. **BECERRA V., PAREDES M., MADARIAGA R. 2007.** High genetic diversity in Chilean populations of wheat yellow rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* West.) assessed by RAPD and AFLP. *Australian Journal of Agriculture Research.*, **58** : 525-531.
48. **BEDDOW, J.M., KRITICOS, D.J., PARDEY, P.G., and SUTHERST, R.W. 2010.** Potential global pest distributions using CLIMEX: HarvestChoice Applications. HarvestChoice: St. Paul, MN.
49. **BELAID D. 1996.** Aspects de la céréaliculture algérienne. INES. D'Agronomie. Batna.187p.
50. **BEN ABDELLAH N., BEN SALLEM. 1993.** Paramètres morphophysologiques de sélection pour la résistance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale. Montpellier (France), INRA éditions.
51. **BENBELKACEM A., MEKNI M.S. ET RASMUSSEN D.C., 1984.** Breeding for high tiller number and yield in barley. *Crop Sci.* **24**: 968-972
52. **BENBELKACEM A., KELLOU K. 2001.** Évaluation du progrès génétique chez quelques variétés de blé dur (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) cultivées en Algérie. *Options méditerranéennes.*, **6**: 105-10.
53. **BENBELKACEM, A. 2013.** Rapport national des activités du projet Inraa-Icarda 2012-2013. Pp:45.
54. **BENDJEMAA O. 1977.** Contribution à l'étude de l'élaboration du rendement de quelques variétés de blé dur en fonction des conditions de semis dans les conditions écologiques de la station d'El-Khroub. Thèse d'ingénieur en agronomie. INA, Alger, 105 pages.
55. **BENMAHAMMED A.1995.** Association et héritabilité de quelques caractères à variation continue chez l'orge (*Hordeum vulgare* L). Thèse de Magistère, INA, Alger, El-Harrach. 84pp.
56. **BENMAHAMMED A., KERMICHE A., DJEKOUN A., BOUZERZOUR H. 2003.** Sélection multicaractères pour améliorer le niveau de stabilité du rendement de l'orge (*Hordeum vulgare* L.) en zone semi-aride, *revue sciences et technologies.*, **19**: 98-103.
57. **BENMAHAMMED A., NOUAR H., HADDAD L., LAALA Z., OULMI, A., et BOUZERZOUR H. 2010.** Analyse de la stabilité des performances de rendement du blé dur (*Triticum durum* Desf.) sous conditions semi-arides. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, **14**: 177 - 186.

- 58. BEN REDJEB K., ABDELLY C. & SAVOURE A. 2012.** La proline, un acide aminé multifonctionnel impliqué dans l'adaptation des plantes aux contraintes environnementales. *Biologie Aujourd'hui.*, **206(4)** :291-299.
- 59. BERGER M., and PLANCHON, C.1990.** Physiological factors determining yield in bread wheat, effects of dwarfing genes. *Euphytica.*, **51**: 33-39.
- 60. BHATT G.M. 1973.** Comparison of various methods of selecting parents for hybridization in common bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Australian Journal of Agricultural Research.*, **24(4)** : 457 – 464.
- 61. BIFFEN R.H.1905.** Mendels laws of inheritance and wheat breeding. *Journal of Agricultural Science* **1**, 4.
- 62. BIETZ, J.A. 1986.** High-performance liquid chromatography of cereal proteins, p. 105-169. In *Advances in Cereal Science and Technology*. Y. Pomeranz, American Association of Cereal Chemistry. St. Paul, Minnesota, USA.
- 63. BLUM A. 1989.** Osmotic adjustment and growth of barley genotypes under drought stress. *Crop.Sci.*, **29** : 230-233.
- 64. BLUM A et PNUEL Y. 1996.** Physiological attributes associated with drought resistance of wheat cultivars in Mediterranean environment. *Aust.J. Agric.Res.*, **41** : 799-810.
- 65. BLUM A. 1996.** Crop responses to drought and interpretation of adaptation. *Plant growth regulation.*, **20** : 135-148.
- 66. BONJEAN A et PICARD E. 1990.** Les céréales à paille origine, historique, économie et sélection. Eds Nathan, P235.
- 67. BORNET F. 1992.** Le pain et produit céréaliers, alimentaire et nutrition humaines Edition , ESF. Paris, P.1533.
- 68. BOSHOFF W.H.P., PRETORIUS Z.A., NIEKERK B.D.V.2002.** Establishment, distribution, and pathogenicity of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in South Africa. *Plant Disease.*, **86** : 485-492.
- 69. BOULAL H., ZAGHOUE O., EL MOURID M. et REZGUI S. 2007.** Guide pratique de la conduite des céréales d'automne (blés et orge) dans le Maghreb (Algérie, MarocTunisie). Ed. ITGC, INRA, ICARDA, Algérie,176 p.
- 70. BOULEGHIE R., OUABED K. 2002.** Mémoire de fin d'étude d'ingénieur d'état, département de nutrition de l'alimentation et des technologies agro alimentaires, D.N.A.T.A.A, P .19- 34.
- 71. BOULELOUAH N. 2002.** Analyse de la variabilité génotypique de l'absorption de l'azote chez le blé tendre. DEA.INA. Paris Grignon, 33p.
- 72. BOUZERZOUR H. & DEKHILI M.1995.** Heritability, grain from selection and genetic correlation for grain yield for barley grown in two contrasting environments. *FCR.*, **41** : 173-178.
- 73. BOUZERZOUR, H. ET DJEKOUN, A. 1996.** Etude de l'interaction génotype x lieu du rendement de l'orge en zone semi-aride. *Science et Technologie.*, **7**: 16 - 28.

- 74. BOUZERZOUR H., DJEKOUNE A., BENMAHAMMED A. et HASSOUS L. 1998.** Contribution de la biomasse aérienne, de l'indice de récolte et de la précocité au rendement de l'orge (*H. vulgare* L.) en zone semi-aride d'altitude, Méthodes et techniques. *Cahiers Agricultures.*, **07**:307 - 17.
- 75. BOUZERZOUR H. and BENMAHAMMED A. 2009.** Variation in early growth, canopy temperature, translocation and yield of four Durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes under semi arid conditions. *Jordan Journal of Agricultural Sciences.*, **5**: 142 - 150.
- 76. BOZZINI A. 1988.** Origin, distribution, and production of durum wheat in the world. Durum Wheat: Chemistry technology. pp 1-16.
- 77. BRANLARD G., AUTRAN J.C, MONNEVEUX P. 1990.** High molecular weight glutenin subunit in durum wheat (*T. durum*). *International Journal of Plant Breeding Research.*, **78** : 353–35.
- 78. BRANLARD G., KHELIFI D., LOOKHART G.1992a.** Identifivation of some wheat proteins separated by two-step acid polyacrylamide gel electrophoresis and sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis technique. *Cereal Chemistry.*, **69**: 677-678.
- 79. BRANLARD G., DARDEVET M., NIETO-TALADRIZ M.T., KHEILIFI D. 1994.** Allelic diversity of the omega gliadins as revealed by SDS-PAGE: their possible implication in quality variation. In: Gluten proteins. *Association of cereal research Detmold, Germany.* pp. 234-243.
- 80. BRANLARD G.2009.** Les bases génétiques et l'utilisation des marqueurs associés à l'amélioration de la qualité des blés. *Cahiers Agricultures.*, **18 (6)** : 506-11, Biotechnologies végétales et gestion durable des résistances chez les végétaux, Synthèse.
- 81. BROWN J.K.M., TELLIER A. 2011.** Plant-parasite coevolution: Bridging the gap between genetics and ecology. *Annual Review of Phytopathology.*, **49** : 345-367.
- 82. BUSHUK W., and ZILLMAN R.R.1978.** Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. I.Apparatus, method and nomenclature. *Canadian Journal of Plant Science.*, **58**: 505-515.
- 83. BUSCH R.H., & KOFOID K.1982.** Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. *Crop Sci.*, **24** : 1106-1109.
- 84. BUX H., ASHRAF M., CHEN X.M., MUMTAZ A.S. 2011.** Effective genes for resistance to stripe rust and virulence of *Puccinia striiformis* f. sp. tritici in Pakistan. *Afr J Biotech.*, **28**: 5489-5495.
- 85. BUX H., RASHEED A., MANGRIO S.M., ABRO S.A., SHAH S.J.A., ASHRAF M., and CHEN X. 2012.** Comparative Virulence and Molecular Diversity of Stripe Rust (*Puccinia striiformis* f. sp. tritici) Collections from Pakistan and United States. *Int. J. Agric. Biol.*, **14**: 851–860.
- 86. CALDERINI D.F., ABELEDO L.G., SLAFER G.A. 2000.** Physiological maturity in wheat based on kernel water and dry matter. *Agronomy Journal* ., **92** : 895-901.
- 87. CALONNEC A.1996.** Analyse génétique des variétés différentielles de blé utilisées dans la caractérisation des races de *Puccinia striiformis* agent causal de la rouille jaune. *Thèse pour l'obtention du grade de docteur en sciences*, Paris XI Orsay. 148p.
- 88. CALVEL R. 1984.** La boulangerie moderne, Ed Egrolle. France. P. 459.

- 89. CANTERO-MARTINEZ C., VILLAR J.M., ROMAGOSA I., FERERES E.1995.** Growth and yield responses of two contrasting barley cultivars in a mediterranean environment. *European Journal of Agronomy.*, **4**: 317-326.
- 90. CARON D. 1993.** Maladies des blés et des orges. *Institut technique des céréales et des fourrages, Paris*, 87p
- 91. CATTIVELLI L., BALDI P., CROSATTI N., DI FONZO N., and STANCA M.2002.** Chromosome regions and stress related sequences involved in resistance to abiotic stress in *Triticeae*. *Plant Molecular Biology.*, **48**: 649 - 665.
- 92. CECCARELLI S.1987.** Yield potential and drought tolerance of segregating barley populations in contrasting environments. *Euphytica.*, **36** : 265-279.
- 93. CECCARELLI S., GRANDO S., & HAMBLIN J. 1992.** Relationship between barley grain yield measured in low and high yielding environment. *Euphytica.*, **56** : 169-185.
- 94. CECCARELLI S., GRANDO S., IMPIGLIA A. 1998.** Choice of selection strategy in breeding barley for stress environments. *Euphytica.*, **103** : 307-318.
- 95. CECCARELLI S., GRANDO S., MAATOUGUI M., MICHAEL M., SLASH M., HAGHPARAST R., RAHMANIAN M., TAHERI A., AL-YASSIN A., BENBELKACEM A., LABDI M., MIMOUN H., and NACHIT M. 2010.** Plant breeding and climate changes. *Journal of Agricultural Science, Cambridge.*, **148**: 627 - 637.
- 96. CHABI H., DEROUICHE M., KAFI M., et KHILASSI E. 1992.** Estimation du taux d'utilisation du potentiel de production des terres à blé dur dans le Nord de la wilaya de sétif. Thèse. Ing. INA. El Harrach. 317p.
- 97. CHARDOUH A. 1999.** Caractéristique biochimique et génétique des réserves de blés durs algériens (*Triticum durum* ). Relation avec la qualité. Thèse de magister, P. 73.
- 98. CHEFTEL J.C., CHEFTEL H., BESANCON P.1977.** Introduction à la biochimie et à la technologie des aliments (vol.2). Paris : Entreprise moderne d'édition. Introduction à la biochimie et à la technologie des aliments (vol.1) / J.C. Cheftel ; H. Cheftel (1976)
- 99. CHEHAT F. 2007.** Analyse macroéconomique des filières, la filière blés en Algérie. Projet PAMLIM « Perspectives agricoles et agroalimentaires Maghrébines Libéralisation et Mondialisation » Alger : 7-9 avril 2007.
- 100. CHELLALI B. 2007.** Marché mondial des céréales: L'Algérie assure sa sécurité alimentaire. <http://www.lemaghrebdz.com/admin/folder01/une.pdf>.
- 101. CHEN X.M., MOORE M., MILUS E.A. 2002.** Wheat stripe rust epidemics and races of *Puccinia striiformis* f. sp *tritici* in the United States in 2000, *Plant Disease.*, **86** : 39-46.
- 102. CHEN X.M. 2005.** Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat. *Can J Plant Pathol.*, **27**:314-337.
- 103. CHENG P. and CHEN X.M. 2010.** Molecular mapping of a gene for stripe rust resistance in spring wheat cultivar IDO377s. *Theor. Appl. Genet.*, **121**: 195-204.

- 104. CHERIET G. 2000.** Étude de la galette différents types de recettes et mode de préparation, P 99.
- 105. CHOWDHURY S.I., WARDLAW I.F. 1978.** The effect of temperature on kernel development in cereals. *Australian Journal of Agricultural Research.*, **29** : 205-223.
- 106. CLARKE J.M.1987.** Use of physiological and morphological traits in breeding programmes to improve drought resistance of cereals. In: Drought tolerance in winter cereals (JP Srivastava, E Porceddu, E Acevedo, S Varma, eds) John Wiley and Sons, UK, 171-189.
- 107. CLEMENT G., et PRATS J. 1970.** Les céréales. Collection d'enseignement agricole. 2<sup>ème</sup> Ed. 351 p.
- 108. CLEMENT G. 1971.** Les céréales, « grand court ». Coll. Agro. Alimentaire. Lavoisier. Pp. 78-91.
- 109. CLEMENT G., et PRAT S. 1971.** Les céréales. Ed.J.B. Bailliers et Fils, 360p.
- 110. CNCC. 2015.** Bulletin des variétés de céréales autogames, 255p.
- 111. COULSON C.B., and SIM A.K.1964.** Protein of various species of wheat and closely related genera and their relationship to genetical characteristics. *Nature.*, **202**: 1305-1308.
- 112. COUVREUR F. 1981.** La culture du blé se raisonne. *Perspectives agricoles.*, **91** : 28-32.
- 113. COX T.S., et MURPHY J. P. 1990.** The effet of parental divergence on F2 heterosis in winter wheat crosses. *Theor Appl Genet.*, **79**:241-250.
- 114. D'ACOSTA Y. 1986.** Le gluten de blé et ses applications. Ed : Paria , Paris , France. P.126.
- 115. DAKHEEL A.J., NADJI I., MAHALAZKSHMI V., PEACOCK J.M.1993.** Morphophysiological traits associated with adaptation of durum wheat to harsh mediterranean environments. *Aspects of applied biology.*, **34** :297-307.
- 116.DEBITON C. 2010.** Identification des critères du grain de blé (*Triticum aestivum* L.) favorables à la production de bioéthanol par l'étude d'un ensemble de cultivars et par l'analyse protéomique de lignées isogéniques waxy . thèse de doctorat. Université Blaise Pascal, Clermont-Ferrand. France.
- 117.DEGEWIONE A., DEJENE T., and SHARIF M. 2013.** Genetic variability and traits association in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *International Research Journal of Agricultural Sciences.*, **1**: 19-29.
- 118.DELACHAUX N.1983.** Alimentaire boulanger - pâtissier Édition aspes,P : 7 –8 .
- 119. DENISSEN C.J.M.1991.** Influence of race and post infection temperature on two components of partial resistance to wheat leaf rust in seedlings of wheat. *Euphytica.*, **58** : 13-20.
- 120.DERERA NF., MARSHALL DR, BALAAM LN (1969)** Genetic variability in root development in relation to drought tolerance in spring wheats. *Exp Agric.*, **5** :327-337.
- 121. DE VALLAVIEILLE-POPE C., HUBER L., LECONTE M., GOYEAU H. 1995.** Comparative effects of temperature and interrupted wet periods on germination, penetration, and infection of *Puccinia recondita* f.sp. *tritici* and *P. striiformis* on wheat seedlings. *Phytopathology.*, **85** :409-415.

122. **DE VALLAVIEILLE-POPE C., ROUZET J., LECONTE M., DELOS M., MISTOU M.N. 2000.** La rouille jaune du blé en France : des épidémies déclenchées par une nouvelle race, un hiver doux et un printemps humide. *Phytoma.*, **527**:22-29.
123. **DJEKOUN A., YKHLEF N., BOUZERZOUR H., HAFSI M., HAMADA Y., KAHALI L. 2002.** Production du blé dur en zones semi-arides : identification des paramètres d'amélioration du rendement. Act des 3<sup>ème</sup> Journées Scientifiques sur le blé dur. Constantine.
124. **DJERMOUN A. 2009.** La production céréalière en Algérie : les principales caractéristiques. *Revue Nature et Technologie. n° 01/Juin 2009.*
125. **DRIJEPONDT S.C., PRETORIUS Z.A. 1989.** Greenhouse evaluation of adult-plant resistance conferred by the gene Lr34 to leaf rust of wheat. *Plant Dis.*, **73**:669-671.
126. **DONALD C.M., (1968).** The breeding of crop ideotypes. *Euphytica.*, **17**: 385–403.
127. **DONMEZ E., SEARS RG., SHROYER JP., PAULSEN GM.2001.** genetic gain in yield attributes of winter wheat in the great plains. *Crop science.*, **41** : 1412-1419.
128. **DOTCHEV D.G et BELAID D. 1990.** Elément de phytotechnie générale. Coll. Le cours d'agronomie. Ed OPU. 154p
129. **DREIER W., & GORING M. 1974.** Deir einfluss hoher salzkon zentratimen auf verschieden physiologische parameter von maiwuzeen. *Win.Z. derH.U. Berlin Nath. Naurrwiss R.*, **23** :641-644.
130. **D'OVIDIO R., MASCI S. 2004.** The low molecular-weight-glutenin subunits of wheat gluten. *Journal of Cereal Science.*, **39**: 321-339.
131. **DOUSSINAULT G., KANAN F., LECOMTE C., et MONNEVEUX P. 1992.** Les céréales à paille : présentation générale. In : Gallais A. et Bannerot H. (Eds.), *Amélioration des espèces végétales cultivées*. Ed. INRA, Paris, pp. 13-21.
132. **DESHMUKH S.N., DESHMUKH J.N.1989.** Exlent of helerosis in a few crosses of wheat (*Triticurn* spp). PVK. Res J. vol **13** (1).
133. **DUGGAN B.L., DOMITRUK D.R., FOWLER D.B. 2000.** Yield component variation in winter wheat grown under drought stress. *Can. J. Plant Sci.*, **80**: 739–745.
134. **DUGGAN B.L., RICHARDS R.A., VAN HERWAARDEN A.F., FETTELL N.A. 2005.** Agronomic evaluation of a tiller inhibition gene (tin) in wheat. I. Effect on yield, yield components, and grain protein. *Aust. J. Agric. Res.*, **56**: 169–178
135. **DVORAK J., LUO M.C., YANG Z. L., and ZHNAG H. B. 1998.** The structure of the *Aegilops tauschii* gene pool and the evolution of hexaploid wheat. *Theor Appl Genet.*, **97**: 657-670.
136. **EAGLES H.A., BARIANA H.S., OGBONNAYA F.C., REBETZKE G.J., HOLLAMBY G.J., HENRY R.J., HENSCHKE P.H., and CARTER M. 2001.** Implementation of markers in Australian wheat breeding. *Australian Journal of Agricultural Research.*, **52**: 1349 - 1356.
137. **ELIARD J.L. 1979.** Manuel d'agriculture generale. Ed. J.b. bailiere, paris, 344 p.

138. **EL JAAFARI S.1993.** Contribution à l'étude des mécanismes biophysiques et biochimiques de résistance à la sécheresse chez le blé. Thèse de doctorat. Univ. Gembloux. Belgique: 214p.
139. **EL MOURID M.1988.** Performance of wheat and barley cultivars under different soil a moisture regimes in a semi-arid region. PhD dissertation, Iowa State University.
140. **ENJALBERT J., DUAN X., LECONTE, M., HOVMØLLER M.S., DE VALLAVIEILLE-POPE C. 2005.** Genetic evidence of local adaptation of wheat yellow rust (*Puccinia striiformis* f.sp. tritici) within France. *Molecular Ecology.*, **14**: 2065-2073.
141. **EVANS L.E., SHEBESKI L.H., MCGINNIS R.C., BRIGGS K.G., and ZUZENS D. 1972.** Glenlea red spring wheat. *Can. J. Plant Sci.*, **52**:1081-1082.
142. **EVANS L.T., et RAWSON H. M. 1975.** Photosynthesis and respiration by the flag leaf and components of ear during grain development in wheat. *Australian Journal of Biology.* 223-245.
143. **EVERS T., MILLAR S. 2002.** Cereal grain structure and development: some implications for quality. *Journal of Cereal Science.*, **36** : 261-284.
144. **FALCONER D.S., and MACKEY F.C. 1996.** Introduction to quantitative genetics. *4th ed., Longman, New York*, pp: 464.
145. **FAO. 1990.** Utilisation des aliments tropicaux : céréales, légumes secs, légumineuse, produits dérivés, et protéines végétales programme mixte FAO/ OMS sur les normes alimentaires, volume 7.2 édition. P. 101.
146. **FAOSTAT. 2007.** Statistical database of the food and agriculture organization of the United Nations. <http://www.fao.org>. (Consulté le 11/01/2010).
147. **FAO .2008.** TerraSTAT database. Available at: <http://www.fao.org/ag/agl/agll/terrastat/>.
148. **FAO.2014.** Données statistiques des cultures. <http://www.fao.org/faostat/fr/#data/QC> , 18.02.2017.
149. **FEEKES.1954.** Classement Rev2. Agr1. 1984.
150. **FEILLET P. 2000.** Le grain de blé composition et utilisation. Ed. INRA, Paris, 308 p.
151. **FELDMAN M., LUPTON F.G.H., MILLER T.E.1995.** Wheats. In J. SMARTT, N.W. SIMMONDS : *Evolution of crop plants*. Longman Group Ltd., London, 184-192.
152. **FELLAHI Z., HANNACHI A., GUENDOZ A., BOUZERZOUR H., and BOUTEKRABT A. 2013.** Genetic variability, heritability and association studies in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. *Electronic Journal of Plant Breeding.*, **4**: 1161-1166.
153. **FELLAH A., BOUZERZOUR H., BENMAHAMMED A., DJEKOUN A. 2002.** Sélection pour améliorer la tolérance aux stress abiotiques chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.). *Actes de l'IAV HII*, **64**: 35-42.
154. **FERRET M. 1996.** Blé dur, objectif qualité. Ed. ITCF. 43p.
155. **FEUILLET C., TRAVELLA S., STEIN N. 2003.** Map-based isolation of the leaf rust disease resistance gene Lr10 from the hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) genome. *Proc Natl. Acad Sci. USA*, **100**: 15253– 15258.

156. **FLOR H.H.1956.** The complementary genic systems in flax and flax rust. *AdvGenet.*, **8**: 29-54
157. **FORDE J., MALPICA J.M., HLFORD N.G., SHEWRY P.R., ANDERSON O.D., GREENE F.C., and MIFLIN B.G.1985.** The nucleotide sequence of HMW glutenin subunit gene located on chromosome 1A of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Nucleic Acids Res.*, **13**: 6817-6832.
158. **FOSSATI D., & BRABANT C. 2003.** La sélection du blé en Suisse. Le programme des stations fédérales. *Revue suisse Agric.*, **35** (4), 169 – 180.
159. **FOULKES M.J., SYLVESTER-BRADLEY R., WEIGHTMAN R., SNAPE J.W. 2007.** Identifying physiological traits associated with improved drought resistance in winter wheat, *Field Crops Research.*, **103**:11-24.
160. **FU D.L., UAUY C., DISTELFELD A., BLECHL A., EPSTEIN L., CHEN X., SELA H., FAHIMA T., and DUBCOVSKY. 2009.** A kinase-start gene confers temperature-dependent resistance to wheat stripe rust. *Science.*, **323(591)**: 1357-1360.
161. **GALLAGHER J.N., BISCOE P.V., HUNTER B.1976.** Effect of drought on grain growth. *Nature.*, **264** : 541-542.
162. **GATE P. 1995.** Ecophysiologie du blé. Ed. ITCF. Technique et Documentation. Lavoisier, Paris, 419 p.
163. **GEIGER B., SPATZ J.P., BERSHADSKY A.D. 2009.** Environmental sensing through focal adhesions. *Nat Rev Mol Cell Biol.*, **10**: 21–33.
164. **GERMAN S., BARCELLOS A., CHAVES M., KOHLI M., CAMPOS P., and DE VIEDMA L.2007.** The situation of common wheat rusts in the southern cone of America and perspectives for control. *Crop and Pasture Science.*, **58(6)**: 620-630.
165. **GIANIBELLI M.C., LARROQUE O.R., MACRITCHIE F., WRIGLEY C.W. 2001.** Biochemical, genetic and molecular characterization of wheat glutenin and its component subunits. *Cereal Chemistry.*, **78**: 635-646.
166. **GILL K.S., GILL B.S., ENDO T.R., and MUKAI Y. 1993.** Fine physical mapping of Ph1, a chromosome pairing regulator gene in polyploid wheat. *Genetics.*, **134**: 1231-1235.
167. **GODON B.1982.** Valeur meunière et boulangère des blés tendres et de leurs farines conservation et stockage des grains et produit dérivé céréales, oléagineuse protéagineux aliments pour animaux , p. 1009 –1028.
168. **GODON B., et GUINET R. 1994.** La panification ,Edition Lavoisier Tec et Doc, New York,P. 552.
169. **GOODING M.J. 2009.** The wheat crop. In: *Wheat chemistry and technology*, Khan K, Shewry PR, eds. St. Paul, MN: AACC International, 19-38.
170. **GRAFIUS J.E .1978.** Multiple characters and correlated response. *Crop.Sci.*, **18** : 931-938.
171. **GUETTOUCHE R.1990.** Contribution à l'identification des caractères morphophysiologiques d'adaptation à la sécheresse chez le blé dur (*Triticum durum* Desf). Thèse Diplôme d'Agronomie Approfondie. Mise en valeur du milieu naturel. *ENSAM. Montpellier, 11p.*

- 172. GUILLAUME J., CHARLOTTE B., CLAUDE P., MARC L. 2016.** Rouille jaune en céréales : Le point sur les variétés et l'évolution de la race 'Warrior' en ce printemps 2016.
- 173. GUPTA R.B., and SHEPHERD K.W. 1990.** Two-step one-dimensional SDS-PAGE analysis of LMW subunits of glutenin 1. Variation and genetic control of the subunits in hexaploid wheat. *Theoretical and Applied Genetics.*, **80**: 65-74.
- 174. GUPTA R.B., and SHEPHERD K.W. 1990.** Two-step one-dimensional SDS-PAGE analysis of LMW subunits of glutenin 2. Genetic control of subunits in species related to wheat. *Theoretical and Applied Genetics.*, **80**: 183-189.
- 175. GUPTA P.K., VARSHNEY R.K., SHARMA P.C., and RAMESH B. 1999.** Molecular markers and their applications in wheat breeding. *Plant Breeding.*, **118**: 369-390.
- 176. GUPTA P.K., VARSHNEY R.K., PRASAD M. (2001).** Single nucleotide polymorphisms: A new paradigm for molecular marker technology and DNA polymorphism detection with emphasis on their use in plants [Review]. *Curr.Sci.* **80** (4) : 524-535.
- 177. HADJICHRISTODOULOU A.1985.** Stability performance of cereals in low rainfall areas as related to adaptive traits. In: Drought tolerance in winter cereals. Srivastava, JP., Porceddu, E., Acevedo, E., Varma, S. ed ; John Wiley and sons, U.K, pp: 191-200.
- 178. HAKIM M.S., MAMLUK O.F. 1996.** Virulence of wheat yellow rust pathogen in Syria and Lebanon. In: *Proceedings of the European and Mediterranean Cereal Rusts Powdery Mildew Conference.*, **9**, 141
- 179. HARLAN J. R. 1975.** Crops and man. *Amer. Soc. Agron. Inc., Madison*, pp: 295.
- 180. HAU B., DE VALLAVIEILLE-POPE C. 2006.** Wind-dispersed diseases. In: *The Epidemiology of Plant Diseases.* p. 387-416, Eds B. M. Cooke, D. Gareth Jones and B. Kaye, Second Edition, *Springer*.
- 181. HEMERY Y., ROUAU X., LULLIEN-PELLERIN V., BARRON C., ABECASSIS J. 2007.** Dry processes to develop wheat fractions and products with enhanced nutritional quality. *Journal of Cereal Science.*, **46** :327-347.
- 182. HENRY Y., et DE BUYSER J. 2000.** L'origine des blés. *Pour la science Hors-série.*, **26** :60-62.
- 183. HE ZHONG H.1991.** An investigation of the relationship between F1-potency and measure of genetic distance among wheat lines. *Euphytica.*, **58** : 165-170.
- 184. HOGG W.H., HOUNAM C.E., MALLIK A.K., and ZADOKS J.C. 1969.** Meteorological factors affecting the epidemiology of wheat rusts. WMO Tech Note 99. 143 pp.
- 185. HOLDEN M.1975.** Chlorophyll I, chemistry and biochemistry of plant pigments. 2<sup>ème</sup> édition. T.W. Goodwin. *Academic Press Edition, New York*, 1-37.
- 186. HOVMØLLER M.S., JUSTESEN A.F., BROWN J.K.M.2002.** Clonality and long-distance migration of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in north-west Europe. *Plant Pathology.*, **51**: 24-32.

187. **HOSPITAL F. 2001.** Size of donor chromosome segments around introgressed loci and reduction of linkage drag in marker-assisted backcross programs. *Genetics.*, **158**: 1363 - 1379.
188. **HUSSAIN F., RAFI Q.M., IQBAL Z., IQBAL, J., and CHOWDHRY M. A. 2013.** Estimates of heritability and genetic advance for grain yield and yield components in different segregating population of wheat. *J. Agric. Res.*, **51**: 17- 23.
189. **IGC.2013.** Grain market report.*GMR*, 420, [www.igc.int](http://www.igc.int).
190. **ISENRING R. 2010.** Pesticide and the loss of biodiversity. How intensive pesticide use affects wildlife populations and species diversity. PAN Europe, London.
191. **I.T.C.F. 1995.** Contrôle de la qualité des céréales et protéagineuse. Guide pratique Ed, I.T.C Paris. P. 253.
192. **JACKSON E.A., HOLT L.M., PAYNE P.I. 1983.** Characterization of high molecular weight gliadin and low-molecular-weight glutenin subunits of wheat endosperm by two-dimensional electrophoresis and the chromosomal localization of their controlling genes. *Theoretical and Applied Genetics.*, **66**: 29-37.
193. **JAMES W.P.T., BRANCH W.J., SOUTHGATE O.A.T.1978.** Calcium binding by dietary fibre. *Lancet.*, **1**:63B-639.
194. **JAMES D.G., CLIFFORD B.C. 1983.** Cereal Diseases-Their Pathology and Control, Wiley, New York.
195. **JATASSRA D.S., PARODA R.S., BEHL R .K., WALDIA R. S. 1979.** Heterosis and combining ability for synchrony traits in wheat. Indian. *Journal of Genetic & Plant Breeding.* Vol. 39. N°3.
196. **JEAN-LOUIS RASTOIN et EL HASSAN BENABDERRAZI. 2014.** Céréales et oléagineux au Maghreb. Institut de prospective économique du monde méditerranéen.
197. **JIN Y., SZABO L.J., and CARSON M. 2010.** Century-old mystery of *Puccinia striiformis* life history solved with the identification of *Berberis* as an alternate host. *Phytopathology.*, **100**: 432-435.
198. **JOHNSON R., STUBBS R. W., FUCHS E. & CHAMBERLAIN N. H. 1972.** Nomenclature for physiologic races of *Puccinia striiformis* infecting wheat. *Transactions of the British Mycological Society.*, **58**, 475 – 480.
199. **JOHNSON R.1992.** Past, present and future opportunities in breeding for disease resistance, with examples from wheat. *Euphytica.*, **63** :3 -22.
200. **JONES M., DINGKUHN M., ALUKO G.K., and SEMON M. 1997.** Interspecific *Oryza sativa* L. x *O. glaberrima* Steud. progenies in upland rice improvement. *Euphytica.*, **94**: 237 - 246.
201. **KADI Z., ADJEL F., and BOUZERZOUR H. 2010.** Analysis of the genotype x environment interaction of barley grain yield (*Hordeum vulgare* L.) under semi arid conditions. *Advances in Environmental Biology.*, **4**: 30 - 40.
202. **KAMOSHITA A., BABU R.C., BOOPATHI N.M., and FUKAI S. 2008.** Phenotypic and genotypic analysis of drought-resistance traits for development of rice cultivars adapted to rainfed environments. *Field Crops Research.*, **109**: 1 - 23.

203. **KANG Z., LI Z., SHANG H.1993.** A new isolate produced by the heterokaryosis of wheat stripe rust. *Acta University of Agriculture of Boreali-Occidentalis.*, **21** : 77-79.
204. **KAROU M., HAFID R., SMITH DN., SAMIR K. 1998.** Roots and shoot growth water use and water use efficiency of spring durum wheat under early-season drought. *Agronomie.*, **18** :181-186.
205. **KASARDA D.D.1989.** Glutenin structure in relation to wheat quality, pages 277-302, in: Wheat is unique. Pomeranz, Y, eds., Am. Assoc. Cereal Chern., St Paul, MN.
206. **KASARDA D.D., AUTRAN J., LEW EJ-L., et al. 1983.** N-Terminal amino acid sequences of w-gliadins and w-secalins. Implications for the evolution of prolamin genes. *Biochim Biophys Acta.* **747**:138–50
207. **KENT N.L., EVERS A.D. 1994.** Technology of Cereals. Oxford: Pergamon Press Ltd.
208. **KHAN A.S., SALEEM I., and ALI Z. 2003.** Heritability of various morphological traits in wheat. *Int. J. Agric. Biol*, **5**: 138-140.
209. **KOLMER J.A. 1996.** Genetics of resistance to wheat leaf rust. *Annu Rev Phytopathol.*, **34**: 435–455.
210. **KOLMER J. A., RAVI P. SINGH, DAVID F. GARVIN, LIBBY VICCARS, HARINDER M. WILLIAM, JULIO HUERTA-ESPINO, FRANCIS C. OGBONNAYA, HARSH RAMAN, SIMON ORFORD, HARBANS S. BARIANA, and EVANS S., LAGUDAH E.S. 2008.** Analysis of the *Lr34/Yr18* Rust Resistance Region in Wheat Germplasm *Crop Science.*, **48**:1841–1852.
211. **KOTZAMANIDISN K.T., LITHOURGIDIS A.S., MAVROMATIS A.G., CHASIOTI D.I., ROUPAKIAS D.G. 2008.** Prediction criteria of promising F3 populations in durum wheat: A comparative study. *Field Crops Research.*, **107** : 257–264.
212. **KRATTINGER S.G., LAGUDAH E.S., SPIELMEYER W., SINGH R.P., HUERTA ESPINO J., ET AL. 2009.** A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat. *Science.*, **323**: 1360-1363.
213. **KRIBAAA M., HALLAIRE V., CURMINB P. Et LAHMARC R. 2001.** Effet de diverses méthodes de culture sur la structure et les propriétés hydrauliques d'un sol dans un climat semi aride. Unité experte en matière de DES Techniciens d'Internationale d'association des Chercheurs. France.
214. **LAFITTE HR., and COURTOIS B. 2002.** Interpreting cultivar x environment interactions for yield of upland rice assigning value to drought- adaptive traits. *Crop science.*, **42** : 1409-1420.
215. **LAGUDAH E.S., MCFADDEN H., SINGH R.P., HUERTA-ESPINO J., BARIANA H.S., SPIELMEYER W. 2006.** Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat. *Theor Springer.*, **114**:21–30.
216. **LAGUDAH ES, KRATTINGER SG, HERRERA-FOESSEL S, SINGH RP, HUERTA-ESPINO J, et al. 2009.** Gene-specific markers for the wheat gene *Lr34/Yr18/Pm38* which confers resistance to multiple fungal pathogens. *Theor Appl Gene.*, **119**: 889-898.
217. **LAMB R., SMITH M., WISE I., CLARKE P et CLARKE J. 2001.** Oviposition deterrence to *Sitodiplosis mosellana* (Diptera: *Cecidomyiidae*): a source of resistance for durum wheat (*Gramineae*). *Can. Entomol.* **133**: 579-591.

218. **LAMKEY, K. R., M. LEE. 1993.** Quantitative genetics, molecular markers, and plant improvement. p. 104-115. In: *B. C. Imrie and J. B Hacker (ed.) Focused plant improvement: Towards responsible and sustainable agriculture. Proc. 10th Australian Plant Breeding Conf., Gold Coast*
219. **LAING DR, FISCHER RA (1977)** Adaptation of semi-dwarf wheat cultivars to rainfed conditions. *Euphytica.*, **26** :129-139.
220. **LANGRIDGE P., LAGUDAH E.S., HOLTON T.A., APPELS R., SHARP P.J. and CHALMERS K.J. 2001.** Trends in genetic and genome analyses in wheat: a review. *Australian Journal of Agricultural Research*, **52**: 1043 – 1077.
221. **LANNOU C., GOYEAU H., REGNARD J.B., MOREAU J.M., ROLLAND B. 2007.** Durabilité de la résistance partielle à la rouille brune du blé. Colloque FSOV - 29/03/2007. Pp 17-22
222. **LAWRENCE G.J., and SHEPHRED K. W. 1981.** Chromosomal location of genes controlling seed proteins in species related to wheat. *Theoretical and Applied Genetics.*, **59**: 25-31
223. **LECOMTE C. 2005.** L'évaluation expérimentale des innovations variétales. Proposition d'outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu adaptés à la diversité des besoins et des contraintes des acteurs de la filière semences. Thèse de Doctorat, INA P-G, Paris, France. 173 pages.
224. **LEDENT J.F. 1976.** Vernalization and anthesis in a collection of wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) : a quantitative study in controlled environment. *Bull.Soc. Roy. Bot. Belg.* **112** :186-1992.
225. **LEDENT J.F. 1982.** Morphology and yield in winter wheat grown in high yielding conditions. *Crop Sci.*, **22**:1115-1120.
226. **LINE R.F. 1976.** Factors contributing to an epidemic of stripe rust on wheat in the Sacramento Valley of California in 1974. *Plant Disease Report.*, **60** :312-316.
227. **LITTLE R., MANNERS J. 1969.** Somatic recombination in yellow rust of wheat (*Puccinia striiformis*). I. The production and possible origin of two new physiologic races. *Transactions of the British Mycological Society* **53**, 251-258.
228. **LOFLER C.M. & BUSCH R.H.1982.** Selection for grain protein, grain yield and Nitrogen partitioning efficiency in hard red spring wheat. *Crop Sci.*, **22**:591-595.
229. **LOPES M.S., REYNOLDS M.P., JALAL-KAMALI M.R., MOUSSA K. S., FELTAOUS M.Y., TAHIR I.S.A., BARMA N., VARGAS MANNES M.Y. and BAUM M. 2012.** The yield correlations of selectable physiological traits in a population of advanced spring wheat lines grown in warm and drought environments. *Field Crops Res.*, **128**: 129 - 136.
230. **LUPTON F.G.H. 1973.** Selection criteria determining yield in semi dwarf wheat varieties. *Ann. Appl. Biol.*, **72**: 47-50.
231. **Ma Q., Kang Z., Li Z. 1993.** The fusion of urediospore germ tubes in *Puccinia striiformis* West. on wheat leaves. *Acta University of Agriculture of Boreali-Occidentalis.*, **21** :97-98.
232. **MA H., and SINGH R. P. 1996.** Contribution of adult plant resistance gene *Yr18* in protecting wheat from yellow rust. *Plant Dis.*, **80**:66-69.

233. **MAC KINNEY G. 1941.** Absorption of light by chlorophyll solutions. *J.Biol.Chem.*, **140** :315-3.
234. **MAC NEAL F. H., QUALSET G.O., BALDRIDGE D.E. & STUART V.R.1978.** Selection or yield components in wheat. *Crop Sci.*, **18** :145-152.
235. **MACRITCHIE F. 1985.** Studies of methodology for fractionation and reconstitution of wheat flours. *J Cereal Sci.*, **3** : 221-230.
236. **MACRITCHIE F., DUCROS D.L., and WRIGLEY C.W. 1990.** Flour polypeptides related to wheat quality. In: Promeranz ed, *Avances in cereal science and technology*, Am. Assoc. *Cereal Chem., St Paul, MN*, **10**:19-145.
237. **MACRITCHIE, F., LAFIANDRA, D. 1997.** Structure-function relationships of wheat proteins. In: *Food Proteins and their Applications*. Eds: Damodaranand S. Paraf A. Marcel Dekker. Inc: New York. pp: 293-323.
238. **MADR. 2014.** Annuaire statistique du Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural, MADR Algérie Série B : pp77
239. **MANNERS J. G. 1988.** Puccinia striiformis, yellow rust (stripe rust) of cereals and grasses. *Advances in Plant Pathology.*, **6** : 373- 387.
240. **MANSOURI, A. 2002.** Analyse du rendement et ses composantes chez quelques hybrides F2 et leurs parents blés durs (*Triticum durum* Desf.) en zone semi-aride. *Mem. Ing.Inst.Agron.Batna*. 55.p.
241. **MASLE-MEYNARD J. 1980.** L'élaboration du nombre d'épis chez le blé d'hiver. Influence de différentes caractéristiques de la structure du peuplement sur l'utilisation de l'azote et de la lumière. Thèse de Docteur-Ingénieur. INA-PG, Paris, 274p.
242. **MASSENOT M. 1985.** Les rouilles-II. *Phytoma* **359** : 13-16.
243. **MBOUP M.2008.** Influence des pressions de sélection et de la suivie inter-épidémique sur la diversité génétique des populations de rouille jaune du blé *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*. *Memoire de Thèse pour l'obtention du titre de Doctorat en Science du Végétale par l'Université d'Orsay Paris Sud II.*, 145pp.
244. **MCDONALD D.B., MCINTOSH R.A., WELLINGS C.R., SINGH R.P. & NELSON J.C. 2004.** Cytogenetical studies in wheat XIX. Location and linkage studies on gene *Yr27* for resistance to stripe (yellow) rust. *Euphytica.*, **136**: 239-2.
245. **MCFADDEN E.S., SEARS E.S.1946.** The origin of *Triticum spelta* and its free-threshing hexaploid relatives. In K.S. QUISENBERRY & L.P. REITZ : *Wheat and Wheat Improvement*, Madison, USA, 19-87.
246. **MCINTOSH R.A .1992.** Close genetic linkage of genes conferring adult plant resistance to leaf rust and stripe rust in wheat. *Plant Pathol.*, **41**:523-527.
247. **MCINTOSH R.A., WELLINGS C.R., PARK R.F. 1995.** Wheat rusts In: *An atlas of resistance genes*, p. 200. Kluwer academic publishers, Australia.
248. **MCINTOSH R.A., DEVOS K.M., DUBCOVSKY J. AND RODGERS W.J. 2002.** Catalogue of gene symbols for wheat. *Ann. Wheat Newsllett.*, **48** :287-321.

- 249. MCINTOSH R.A., WELLINGS C.R., PARK R.F. 1995.** Wheat rusts In: An Atlas of Resistance Genes. CSIRO Australia, Melbourne, Australia, and Kluwer Academic Publ. Dordrecht, the Netherlands.p. 200.
- 250. MCINTOSH R.A., YAMAZAK Y., DEVOS K.M., DUBCOVSKY J., ROGERS J., APPELS R. 2003.** Catalogue for gene symbols for wheat. 10th International Wheat Genetics Symposium. Paestum (Italie).
- 251. MEKHLOUF A., DEHBI F., BOUZERZOU H. R., HANNACHI A., BENMAHAMMED A., ADJABI A. 2006.** Relationships between cold tolerance, grain yield performances and stability of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes grown at high elevation area of Eastern Algeria. *Asian Journal of Plant Sciences*, **5**: 700-708.
- 252. MEKHLOUF A., BOUZERZOUR H. 2000.**Déterminisme génétique et associations entre le rendement et quelques caractères a variation continue chez le blé dur (*Triticum durum* desf.).*Recherche Agronomique (INRAA)*, **7** : 37-49.
- 253. MEKHLOUF A., BOUZERZOUR H., DEHBI F., HANNACHI A. 2001.** Rythme de développement et variabilité de réponses du blé dur (*Triticum durum* Desf.) aux basses températures. Tentatives de sélection pour la tolérance au gel. In Proceeding Séminaire sur la valorisation des milieux semi-arides. OEB.
- 254. MENAD A. 2009.** Contribution à l'étude de l'interaction Génotype x milieu de l'orge. *Mémoire magister, INA El Harrach*, 70pp.
- 255. METAKOVSKY E.V., AKHMEDOV M.G., SOZINOV A.A. 1986.** Genetic analysis of gliadin-encoding genes reveals gene clusters as well as single remote genes. *Theoretical and Applied Genetics.*, **73**:278-285.
- 256. MILUS E., SEYRAN, E., AND MCNEW R. 2006.** Aggressiveness of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* isolates in the south-central United States. *Plant Disease.*, **90**: 847-852.
- 257. MOONEN J.H.E., SCHEEPSTA A., GRAVELAND A.1982.** Use of the SDS-sedimentation test and SDS-polyacrylamide gel electrophoresis for screening breeder's samples of wheat for breadmaking quality. *Euphytica.*, **31**: 677-690.
- 258. MOLINIE A., FAUCET V., CASTEGNARO M. and PFOHL-LESZKOWICZ A. 2005.** Analysis of some breakfast cereals on the French market for their contents of ochratoxin A, citrinin and fumonisin B1: development of a method for simultaneous extraction of ochratoxin A and citrinin. *Food Chemistry.*, **92**: 391 - 400.
- 259. MONNEVEUX P. 1991.** Quelles stratégies pour l'amélioration génétique de la tolérance au déficit hydrique des céréales d'hiver ? In: L'amélioration des plantes pour l'adaptation aux milieux arides (AUPELF -UREF, ed) John Libbey Eurotext, Paris, 165-186.
- 260. MONNEVEUX Ph. & NEMMAR M. 1986.** Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez le blé tendre et le blé dur ; étude de l'accumulation de la proline au cours de cycle de développement. *Agronomie*, **6** :583-590.
- 261. MORGANTE M., OLIVIERI A.M. 1993.** PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *Plant J.* **3**(1) : 175-182.

262. **MOULE C. 1971.** Céréales 2. Phytotechnie spéciale. Ed. La maison rustique, Paris, 236p.
263. **MUNDT C., COWGER C., GARRETT K. 2002.** Relevance of integrated disease management to resistance durability. *Euphytica.*, **124** :245-252.
264. **MURRAY G., ELLISON P., WATSON A., and CULLIS B. 1994.** The relationship between wheat yield and stripe rust as affected by length of epidemic and temperature at the grain development stage of crop growth. *Plant Pathology.*, **43**: 397-405.
265. **MURPHY C.F., LONG R.C., & NELSON L.A. 1982.** Variability of seedling growth characteristics among oat genotypes. *Crop Sci.*, **22** : 1005-1008.
266. **NACHIT M.M., JARRAH M. 1986.** Association of some morphological charcters to grain yield in durum wheat under mediterranean dryland conditions. *Rachis.*, **5** :33-35.
267. **NAGARAJAN S., SINGH D.V.1990.** Long-distance dispersion of rust pathogens. *Annual Revue of Phytopathology* **28**, 139-153.
268. **NAJIMI, B., EL JAAFARI, S., JLIBENE, M. et JACQUEMIN, J. 2003.** Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, **7**: 17 - 35.
269. **NAZARI K., TORABI M., MARDOUKHI V .1996.** Wild grass species as oversummering hosts of *Puccinia striiformis* Westend. f.sp. *tritici* in Iran. *Cereal Rusts and Powdery Mildews Bulletin* **24** : 105-107.
270. **NEMMAR M. 1983.** Contribution à l'étude de la résistance à sécheresse chez les variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf) et de blé tendre (*Triticum aestivum*). Evolution des teneurs en proline au cours du cycle de développement. *Thèse Docteur –Ingénieur Sciences Agronomiques ENSAM.* 142p.
271. **NEY B., TIVOLI B., BANCAL M.O. 1998.** Effet des agents pathogènes sur le fonctionnement de la plante et des populations cultivées. Modélisation de leur nuisibilité. Fonctionnement des peuplements végétaux sous contraintes environnementales Ed. INRA, Paris, 2000 (les colloques N°93).
272. **NIKS R.E., MARCEL T.C. 2009.** Nonhost and basal resistance: how to explain specificity. *New Phytologist.*, **182** : 817-828.
273. **NOUAR H., BOUZERZOUR H., HADDAD L., MENAD M., HAZMOUNE H. and ZERARGUI H. 2012.**Genotype x Environment Interaction Assessment in Durum Wheat (*Triticum durum* Desf) using AMMI and GGE Models. *Advances in Environmental Biology*, **6** : 3007-3015.
274. **O'BRIEN L., BAKER R.J. and EVANS L.E.1978.** Response to selection for yield in F3 of four wheat crosses. *Crop Sci.*, **18** : 1029-1031.
275. **O'BRIEN L., BROWN J.S., YOUNG R.M., and PASCOE I.1980.** Occurrence and distribution of wheat stripe rust in Victoria and susceptibility of commercial wheat cultivars. *Australasian Plant Pathology.*, **9**: 14.
276. **OBSERVATOIRE NATIONAL DES FILIERES AGRICOLES ETAGROALIMENTAIRES .2015.** Bilan de la filière céréalière campagne 2014/2015.

277. **OLMEDA-ARCEGA O.B., ELIAS E.M. & CANTRELL R.G. 1995.** Recurrent selection for grain yield in durum wheat. *Crop Sci.*, **35** :714-719.
278. **OSBORNE T. 1907.** The proteins of the wheat kernel. Publ. 84. Carnegie Inst. Washington DC.
279. **OUFFROUKH A., KHELIFI D., DEHIMAT L. 2011.** Contribution à l'étude des maladies foliaires des céréales «Approche à l'étude épidémiologique et identification de la jaunisse nanisante de l'orge dans les céréales d'hiver dans les régions de l'Est d'Algérie ». *Sciences & Technologie.*, **33** :53-61.
280. **PANDEY H.N., MENON T.C.M, RAO M.V. 1989.** A simple formula for calculating area under disease progress curve. *Rachis.*, **8** (2):38–39.
281. **PAPADAKIS J.S.1938.** Ecologie agricole. Eds Jules Duculot. Gemblou. 313pp.
282. **PARKER S.R., WELHAM S., PAVELEY N.D., FOULKES J., SCOTT R.K. 2004.** Tolerance of Septoria leaf blotch in winter wheat. *Plant Pathology.*, **53**:1-10.
283. **PARLEVLIET J.E. 2002.** Durability of resistance against fungal, bacterial and viral pathogens; present situation. *Euphytica.*, **124** : 147-156.
284. **PARLEVLIET J.E, ZADOKS J.C. 1977.** Inegrated concept of disease resistance – New view including horizontal and vertical resistance in plants. *Euphytica.*, **26** : 5-21
285. **PATERSON A.H., DAMON S., HEWITT J.D., ZAMIR D., RABINOWITCH H.D., LINCOLN S.E., LANDER E.C., and TANKSLEY S.D. 1991.** Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: comparison across species, generation and environments. *Genetics.*, **127**: 181 - 197.
286. **PAUL M.H., PLANCHON C., et ECOCHARD R.1979.** Etude des relations entre le développement foliaire, le cycle de développement à la productivité chez le soja. *Ann. Amelio. Plantes*, **29(5)** : 479-492.
287. **PAUL B. 1984.** Céréale et oléagineux manutention, commercialisation, transformation. Institut International Du Canada pour le grain Winnipeg , Manitoba. La meunerie. P .579.
288. **PAVELEY N. D., SYLVESTER-BRADLEY R., SCOTT R. K., CRAIGON, J., and DAY W. 2001.** Steps in predicting the relationship of yield on fungicide dose. *Phytopathology.*, **91**:708-716.
289. **PAYNE P.I., CORFIELD K.G., BLACKMAN J.A. 1979.** Identification of a high molecular weight subunit of glutenin whose presence correlates with breadmaking quality in wheats of related pedigree. *Theoretical and Applied Genetics.*, **55**: 153-159.
290. **PAYNE P.I., LAW C.N., and MUDD E.E. 1980.** Control by homologous group 1chromosome of the highmolecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm. *Theor Appl Genet.*, + **58**: 113-120.
291. **PAYNE P.I., and LAWRENC G.J. 1983.** Catalogue of alleles for the complex gene loci *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. *Cereal Research Communication.*, **11**: 29-35.

- 292. PAYNE P.I., HOLT L.M., and JACKSON E.A.1984.** Genetical analysis of wheat endosperm storage proteins. In: Proc 2<sup>nd</sup> Int Workshop Gluten Proteins (Graveland A and Moomen JHE, eds) Wageningen, The Netherlands: 11-119.
- 293. PAYNE P. I., HOLT L. M., JACKSON E. A., and LAW C. N. 1984a.** Wheat storage proteins: Their genetics and their potential for manipulation by plant breeding. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.*, 304:359.
- 294. PAYNE P.I., JACKSON E.A., and HOLT L.M. 1984b.** The association between  $\gamma$ -gliadin 45 and gluten strength in durum wheat varieties: A direct causal effect or the result of genetic linkage. *J. Cereal Sci.*, **2**: 73-81.
- 295. PAYNE P.I., HOLT L.M., JARVIES M.G., JACKSON E.A. 1985.** Two-dimensional fractionation of the endosperm proteins of bread wheat (*Triticum aestivum*): Biochemical and genetic studies. *Cereal Chemistry.*, **62**: 319-326.
- 296. PAYNE P.I. 1987.** Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. *Annual Review Of Plant Physiology.*, **38**: 141-153.
- 297. PAYNE P.I., NIGHTING M.A., KRATT INGER A.F., and HOLT L. 1987.** The relationship between HMW glutenin composition and the bread-making-quality of British grown varieties. *Journal of the Science of Food and Agriculture.*, **40**:51-65.
- 298. PECCETI L., & ANNICCHIARICCO P.1993.** Grain yield and quality of durum wheat landraces in a dry Mediterranean region of northern Syria. *Plant breeding.*, **110** : 243-249.
- 299. PETERSON R.F., CAMPBELL A.B., HANNAH A.E. 1948.** A diagrammatic scale for rust intensity on leaves and stems of cereals. *Can J Res.*, **26**: 496-500.41.
- 300. POMERANZ Y. 1965.** Dispersibility of wheat proteins in aqueous urea solutions – New parameter to evaluate bread-making potentialities of wheat flour. . *Journal of the Science of Food and Agriculture.*, **16** : 586-593.
- 301. POMERANZ Y. 1988.** Wheat : Chemistry and technology Vol1. Amer Assn of Cereal Chemists; 3rd edition.
- 302. POGNA N.E., MELLINI F., BERETTA A.M., DAL BELIN PERUFFO A. 1989.** The HMW-GS of common wheat cultivars grown in Italy. *Journal of Genetics & Breeding.*, **43**: 17-24.
- 303. PRETORIUS Z.A., SINGH R.P., WAGOIRE W.W. 2000.** Detection of virulence to wheat stem rust resistance gene Sr31 in *Puccinia graminis* f.sp. *tritici* in Uganda. *Plant Disease.*, **84** :203.
- 304. PURI Y.P., QUALSET C.O., & WILLIAMS W.Q. 1982.** Evaluation of yield components as selection criteria in barley breeding. *Crop Sci.*, **22** : 927-931.
- 305. RAFALSKI J.A. 2002a.** Novel genetic mapping tools in plants SNPs and LD-based approaches [Review]. *Plant Sci.*, **162** (3): 329-333.
- 306. RAFALSKI J.A. 2002b.** Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. [Review]. *Curr.Opin. Plant Biol.*, **5** (2): 94-100.
- 307. RAPILLY F. 1979.** Yellow rust epidemiology. *Annual Review of Phytopathology.*, **17**: 59-73.

308. **RASMUSSEN D.C. & CANNEL R.Q.1990.** Selection for grain yield and components yield in Barly. *Crop. Sci.*, **10** :51-54.
309. **RAVEN P.H., Evert R.F. & EICHLORN S.E.2000.** Biologie végétale. 6<sup>ème</sup> édition de Boek Université, Paris, 944 pages.
310. **REBETZKE G.J., ELLIS M.H., BONNETT D. G. and RICHARDS R.A. 2007.** Molecular mapping of genes for coleoptiles growth in bread wheat (*Triticum aestivum* L.).*Theor. Appl. Genet.* **114**: 1173 – 1183.
311. **REYNOLDS M.P., PELLGRINESCH A., SKOVMAND B. 2005.** Sink-limitation to yield and biomass : a summary of some investigations in spring wheat. *Ann.Appl.Biol.*, **146**: 39-49.
312. **REYNOLDS M.P, DRECCER F., and TRETOWAN R. 2007.** Drought-adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces. *Journal of Experimental Botany.*, **58**: 177 - 186.
313. **REYNOLDS M.P., PASK A.J.D., and MULLAN D.M. 2012.** Physiological breeding I: interdisciplinary approaches to improve crop adaptation. *DF CIMMYT, Mexico*, pp: 174.
314. **RICHARD G.M, TURNER P.F., NAPIER J.A., SHEWRY P.R. 1996.** Transport and deposition of cereal prolamins. . *Plant Physiology and Biochemistry.*, **34** : 237-243.
315. **RICHARDS RA., REBTZKE GJ., VAN HERWAARDLEN AF., DUGGANB BL., CODON AG. 1997.** Improving yield in rainfed environments through physiological plant breeding. *Dryland Agriculture.*, **36** : 254-266.
316. **ROBINSON R.A., SUTHERLAND W.J. 2002.** Post-war changes in arable farming and biodiversity in Great Britain. *Journal of Applied Ecology.*, **39** : 157-716.
317. **RODRIGUEZ-QUIJANO M., and CARRILLO J.M. 1996.** Linkage map of prolamins loci *Gli-D4* and *Gli-D5* in hexaploid wheat. *Plant Breeding.*, **115**: 189-191.
318. **RODRIGUEZ-QUIJANO M., VÁZQUEZ J.F., MOITA-BRITES C., and CARRILLO J.M., 1998.** Allelic variation of HMW glutenin subunits in Portugueses landraces of *Triticum aestivum* ssp. *vulgare*. *J. Genet. & Breed.*, **52**: 95-98.
319. **ROELFS A.P.1985.** Epidemiology in North America In: *The cereal rusts, vol 2 Diseases distribution epidemiology and control* (eds Roelfs AP, Bushnell WR). Academic Press, Orlando.pp. 403-434.
320. **ROELFS A.P., SINGH R.P., SAARI E.E., BROERS L.H.M. 1992.** *Rust diseases of wheat : Concepts and Methods of Disease Management*, pp. 23-31. CIMMYT, Mexico, DF.
321. **RUBIALES D., NIKS R.E. 1995.** Characterization of *Lr34*, a major gene conferring non-hypersensitive resistance to wheat leaf rust. *Plant Dis.*, **79**:1208–1212.
322. **SACHE I., DE VALLAVIEILLE-POPE C. 1993.** Comparaison of the wheat brown and yellow rusts for monocyclic sporulation and infection processes, and their polycyclic consequences. *Journal of Phytopathology.*, **138** : 55-65.
323. **SACKETT K.E., MUNDT C.C .2005.** Primary disease gradients of wheat stripe rust in large field plots. *Ecology and Epidemiology.*, **95** : 983-991.

- 324. SAGHAI-MAROOF M.A., SOLIMAN K.M., JORGENSEN R.A., and ALLARD R.W. 1984.** Ribosomal DNasepacer-length polymorphism in barley: mendelian inheritance, chromosoma location, and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci.*, **81**:8014–8019.
- 325. SAMBORSKI D.J. 1985.** Occurrence and virulence of *Puccinia recondita* in Canada in 1984. *Canadian Journal of Plant Pathology.*, **7** : 428-430.
- 326. SAMPSON D.R.1976.** Choosing the best parent for a breeding program among eight Oat cultivars crossed in diallel. *C.J.P.Sci.*, **56** : 263-274.
- 327. SANCHEZ-GARCIA M., ÁLVARO F., MARTÍN-SÁNCHEZ J. A., SILLERO J.C., ESCRIBANO J., and ROYO C. 2012.** Breeding effects on the genotype × environment interaction for yield of bread wheat grown in Spain during the 20th century. *Field Crops Research.*, **126**: 79 – 86.
- 328. SANCHEZ-GARCIA M., ÁLVARO F., PEREMARTI A., MARTÍN-SÁNCHEZ J.A., ROYO C. 2015.** Changes in bread-making quality attributes of bread wheat varieties cultivated in Spain during the 20th century. *Eur J Agron.*, **63**: 79–88.
- 329. SAYRE K.D., RAJRAM S. & FISCHER R.A. 1997.** Yield potential progress in short bread wheat in Northwest Mexico. *Crop.Sci.*, **3**: 42-46.
- 330. SCHOFIELD J. D., BOTTOMLEY R. C., TIMMS M. F., and BOOTH M. R. 1983.** The effect of heat on wheat gluten and the involvement of sulfhydryl-disulfide interchange reactions. *J. Cereal Sci.*, **1**:241.
- 331. SCIELDS R., and BURNETT W.1960.** Determination of protein bound carbohydrate by a modified anthrone method. *Ana. Chem.*, **32** : 885 – 886.
- 332. SEARS E.R., and SEARS L.M.S. 1978.** The telocentric chromosomes of common wheat. In: Ramanujams, S. (Eds.), Proc. 5thInt., “Wheat Genetics Symp”, New Delhi, India. *Agricultural Research Institute.*, 389 - 407.
- 333. SEARS E.R. 1966.** Nullisomic-tetrasomic combination in hexaploid wheat R.Riley and K. R. Lewis (eds), chromosome manipulation and plant genetics. Oliver and Boyd, Edenberg.
- 334. SEBELA D., MATHYS J., DE CONINCK B.M.A., CAMMUE B.P.A & DE BOLLE M.F.C.2008.** Plant pathogenesis-related (PR) proteins : A focus on PR peptides. *Plant Physiol Bioch.*, **46** : 941-950.
- 335. SEILMEIER W., BELITZ H.D. & WIESER H. 1991.** Separation and quantitative determination of high-molecular-weight subunits of glutenin from different wheat.
- 336. SELMI R. 2000.** Fin du mythe de l'autosuffisance alimentaire et place aux avantages comparatifs. *Revue Afrique Agriculture.*, **280** : 30-32.
- 337. SELSELET A.1991.** Technologie des céréales et produits dérivés. Institut de technologie agricole de Mostaganem, P.147.
- 338. SHAH K.H., NOSTRAMO R., ZHANG B., VARIA S.N., KLETT B.M., HERMAN P.K. 2014.** Protein kinases are associated with multiple, distinct cytoplasmic granules in quiescent yeast cells. *Genetics.*, **198(4)**:1495-512

339. **SHAH S.J.A., HUSSAIN S., AHMAD M., FARHATULLAH, IBRAHIM M.2014.** Characterization of Slow Rusting Resistance against *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Candidate and Released Bread Wheat Cultivars of Pakistan. *J Plant Pathol Microb* 5:223. doi:10.4172/2157-7471.1000223
340. **SHANER G. 1996.** Breeding for partial resistance in oats to rusts. Pages 307-313 in: Scoles G, Rossmagel B, Fairbairn, C (eds) Proc V Int. Oat Conf. and Int. Barley Genetics Symp.
341. **SHANER G., HESS F.D. 1978.** Equations for integrating susceptible components of slow leaf rusting resistance in wheat. *Phytopathology* **68**: 1464-1469.
342. **SHANER G., OHM H.W., FINNEY R.E. 1978.** Response of susceptible and slow leaf-rusting wheats to infection by *Puccinia recondita*. *Phytopathology.*, **68** : 471-475.
343. **SHARMA R.C. & SMITH E.L.1986.** Selection for high and low harvest index in winter wheat populations. *Crop.Sci.*, **26** : 1147-1150.
344. **SHARMA R. C.1993.** Selection for biomass yield in wheat. *Euphytica.*, **70**:35-42.
345. **SHEWRY P.R., BRADBERRY D., FRANKLIN J., AND WHITE P.R. 1984.** The chromosomal localization relationships of the structural genes for the prolamin storage proteins (secalins) of rye. *Theoretical and Applied Genetics.*, **69** : 63-69.
346. **SHEWRY P.R., TATHAM, A.S., FORDE, J., KRIES, M., MUFLIN, B.J. 1986.** The classification and nomenclature of wheat gluten proteins. A reassessment. *Journal of Cereal Science.*, **4**: 97-106.
347. **SHWERY P.R., TATHAM A.S. 1990.** The prolamin storage proteins of cereal seeds: structure and evolution. *Biochemical Journal.*, **267**: 1-12.
348. **SHEWRY P.R., HLAFFORD N.G., TATHAM A.S. 1992.** The high molecular weight subunits of wheat glutenin. *Journal of Cereal Science.*, **15**: 105-120.
349. **SHEWRY P.R., NAPIER J.A., et TATHAM A.S. 1995.** Seed storage proteins: Structure and Biosynthesis. *Plant Cell.*, **7**: 945-956.
350. **SHEWRY P.R., BRADBERRY D., FRANCLIN J., and WHITE P.R. 1984.** The chromosomal localization and linkage relationships of the structural genes for the prolamin storage proteins (secalins) of rye. *Theoretical and Applied Genetics.*, **69**: 63-69.
351. **SHEWRY P.R., HALFORD N.G. 2002.** Cereal seed storage proteins: structures, properties and role in grain utilization. *J Exp Bot.*, **53**: 947-58.
352. **SHEWRY P.R., HALFORD N.G., TATHAM A.S., POPINEAU Y., LAFIANDRA D., BELTON P.S. 2003.** The high molecular weight subunits of wheat glutenin and their role in determining wheat processing properties. *Adv Food Nutr res.*, **45** : 219-302.
353. **SHEWRY P.R, HALFORD N.G., LAFIANDRA D. 2003.** Genetics of wheat gluten proteins. *Adv Genet.*, **49** : 111-184.
354. **SHUKLA R.S., MISHRA Y., and RAWAT G.S.2006.** Genetic analysis for screening of high temperature and moisture stress tolerance attributes in wheat (*Triticum aestivum*). *Crop Res.*, **25**: 63-67.2006.

355. **SILVAN RIEBEN et al. 2011.** Gene Flow in Genetically Modified Wheat. *PLoS ONE* 6(12): e29730. DOI:10.1371/ journal.pone.0029730.
356. **SIMANE B., J.M. PEACOCK P.C. STRUIK. 1993.** Differences in development and growth rate among drought-resistant and susceptible cultivars of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *durum*). *Plant Soil*, **157**: 155-166.
357. **SIMON H., CODACCIONI P., LEQUEUR X. 1989.** Produire des céréales à paille. Coll. Agriculture d'aujourd'hui. Science, Techniques, Applications. pp. 63 - 67; pp. 292 - 296.
358. **SINEBO W.2005.** Trade off between yield increase and yield stability in three decades of barley breeding in a tropical highland environment. *Field Crops Res.*, **92**: 35–52.
359. **SINGH I., BECHL R.K. 1991.** Genetic divergence in relation to combining ability and transgression in wheat. *J.Genet and breed.*, **4** : 147-150.
360. **SINGH N.K., and SHEPHERD K.W. 1984.** Mapping of genes controlling the high\_molecular-weight glutenin subunits of rye on the long arm of chromosome 1R. *Genetical Research Cambridge.*, **44**: 117-123.
361. **SINGH N.K., SHEPHERD K.W. 1988.** Linkage mapping of genes controlling endosperm storage proteins in wheat. I. Genes on the short arms of group I chromosomes. *Theoretical and Applied Genetics.*, **75**: 628-641.
362. **SINGH N.K., SHEPHERD K.W., CORNISH G.B. 1991.** A simplified SDS-PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin. *Journal of Cereal Science.*, **14**: 203-208.
363. **SINGH R.P., and RAJARAM S. 1992.** Genetics of adult-plant resistance to leaf rust in 'Frontana' and three CIMMYT wheats. *Genome.*, **35**:24-31.
364. **SINGH R.P. 1992b.** Genetic association of leaf rust resistance gene *Lr34* with adult-plant resistance to stripe rust in bread wheat. *Phytopathol.*, **82**: 835-838.
365. **SINGH R. P., and GUPTA A. K. 1992C.** Expression of wheat leaf rust resistance gene *Lr34* in seedlings and adult plants. *Plant Dis.*, **76**:489-491.
366. **SINGH R.P., and RAJARAM S.1994.** Genetics of adult plant resistance to stripe rust in ten spring bread wheats.
367. **SINGH R. P., and HUERTA-ESPINO J. 1997.** Effect of leaf rust resistance gene *Lr34* on grain yield and agronomic traits of spring wheat. *Crop Sci.*, **37**:390-395.
368. **SINGH RP, HUERTA-ESPINO J, RAJARAM S.2000.** Achieving near-immunity to leaf and stripe rusts in wheat by combining slow rusting resistance genes. *ActaPhytopathologica Hungarica.*, **35**:133-139.
369. **SINGH R. P., HUERTA-ESPINO J., and WILLIAM M. 2001.** Slow rusting genes based resistance to leaf and yellow rusts in wheat: Genetics and breeding at CIMMYT. Pages 103-108 in: Proc. 10th Assembly of the Wheat Breeding Soc. of Australia, Mildura, Australia.
370. **SINGH R.P., HUERTA-ESPINO J., ROELFS A.P. 2002.** Bread wheat improvement and production. Food and Agriculture Organization of United Nations, Rome.

371. SINGH R.P., RAJARAM S., HUERTA-ESPINO J., WILLIAM H.M. 2004. Durable resistance to yellow (Stripe) rust in wheat. Available at [www.cimmyt.org/research/wheat/map/research\\_results/reshighlights/pdfs/re-sigh\\_durabresist.pdf](http://www.cimmyt.org/research/wheat/map/research_results/reshighlights/pdfs/re-sigh_durabresist.pdf).
372. SINGLE W.V., FLETCHER R.J. 1979. Resistance of wheat to freezing in the heading stages. Proc 5th Int Wheat Genet Symp New Delhi, Feb 23-28, 1978 (S Ramanujam, ed) t 1, 188-191.
373. SLAFER G.A., ARAUS J.L., ROYO C., DEL MORAL L.F.G. 2005. Promising eco-physiological traits for genetic improvement of cereal yields in Mediterranean environments. *An. Appl. Biol.*, **146**: 61–70.
374. SLAMA A., BEN SALEM M., BEN NACEUR M., et ZID E. D. 2005. Les céréales en Tunisie : production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance. *Sécheresse*, (**16**) **3** : 225-9.
375. SOLH M., NAZARI K., TADESS W., and WELLINGS C.R. 2012. The growing threat of stripe rust worldwide. *Borlaug Global Rust Initiative 2012 Technical Workshop*, Beijing, China. pp 5-10.
376. SOLTNER D. 1990. Les grandes productions végétales : Céréales, plantes sarclées, prairies. Coll. Sciences et Techniques agricoles. 17<sup>ième</sup> Ed. 464p.
377. SONG H.P., DELWICHE S.R., LINE M.J. 1998. Moisture distribution in a mature soft wheat grain by three-dimensional magnetic resonance imaging. *Journal of Cereal Science.*, **27** : 191-197.
378. SØRENSEN C. K., HOVMØLLER M. S., LECONTE M., DEDRYVER F., and DE VALLAVIEILLE-POPE, C. 2014. New races of *Puccinia striiformis* found in Europe reveal race specificity of long-term effective adult plant resistance in wheat. *Phytopathology.*, **104**:1042-1051. <http://dx.doi.org/10.1094/PHYTO-12-13-0337-R>
379. STUBBS R.W. 1985. Stripe rust. In: Roelfs AP, Bushnell WR eds. Cereal rusts. vol. II. Disease, distribution, epidemiology, and control. Academic Press, New York, pp. 61-101.
380. STUTHMAN D.D., LEONARD K.J., MILLER-GARVIN J. 2007. Breeding crops for durable resistance to disease. *Advances in Agronomy.*, **95** : 319-367.
381. SYMES K.J. 1965. The inheritance of grain hardness in wheat as measured by the particle size index. *Australian Journal of Agricultural Research.*, **16** : 113-123.
382. SURGET A., BARRON C. 2005. Histologie du grain de blé. *Industrie des céréales*, 3-7.
383. TAHIR M., TURCHETTA T., ANWAR R., and LAFIANDRA D. 1996. Assessment of genetic variability in hexaploid wheat landraces of Pakistan based on polymorphism for HMW glutenin subunits. *Genetic Resources and Crop Evolution.*, **43**: 211-230.
384. TARDIEU F., REYMOND M., MULLER B. 2004. Dealing with the genotype x environment interaction via a modelling approach: a comparison of QTLs of maize leaf length or width with QTLs of model parameters. *J. Exp. Bot.*, **55** :2461–2472.
385. TARDIEU F. 2003. Virtual plants: modeling as a tool for the genomics of tolerance to water deficit. *Trends Plant Sci.*, **08**: 9 - 14.

386. **TARKESHWAR S., MISHARA D P., IYYO.1990.** Heterosis and inbreeding depression in bread wheat (*Triticum aestivum* L. EM. THELL). *Narendra Deva J. Agri., Res.*, **5 (1)** : 128-131.
387. **TATHAM A.S., MIFLIN B.J., and SHEWRY P.R. 1985.** The Beta turn conformation in wheat gluten protein: relation ship to gluten elasticity. *Cereal Chemistry.*, **65**: 405-412.
388. **TATHAM A.S., and SHEWRY P.R. 1987.** The conformation of wheat gluten proteins. The secondary and thermal stabilities of a, b, g-gliadins. *Journal of Cereal Science.*, **3**: 103.
389. **TROLL W., and LINDSLEY J. 1955.** A photometric method for determination of proline. *J.Biol.Chem.*, **215** : 655 – 660.
390. **VALLEGA V., WAINES J.G.1987.** High molecular weight glutenin subunit variation in *Triticum turgidum* var. *dicoccum*. *Springer.*,**74** : 706–710
391. **VILJANEN-ROLLINSON S., and CROMEY M. 2002.** Pathways of entry and spread of rust pathogens: implications for New Zealand's biosecurity. *New Zealand Plant Protection.*, **55**: 42-48.
392. **VITKARE D G., ATALI S B., 1991.** Studies on heterosis for the yeild altributes in 15 X 1.5 diallel i n wheat (*Triticum aestivum* L.). PKV. Res. Vol. 15 (2).
393. **VOS P., HOGERS R., BLEEKER M., REIJANS M., VAN DE LEE T., HORNES M., FRIJTERS A., POT J., PELEMAN J., KUIPER M., ZABEAU M. 1995.** AFLP : a new technique for DNA fingerprinting. *Nucl.Acids Res.*, **23** :4407-4414.
394. **WAN A., ZHAO Z., CHEN X., et al. .2004.** Wheat stripe rust epidemic and virulence of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China in 2002. *Plant Disease.*, **88** : 896-904.
395. **WANG Z., LI S., VERA C.L., MALHI S.S. 2005.** Effects of water deficit and supplemental irrigation on winter wheat growth, grain yield and quality, nutrient uptake, and residual mineral nitrogen in soil. *Commun. Soil Sci.Plant Anal.*, **36** : 1405–1419.
396. **WANG F.L., WU L.R., XU S.C., YANG J.X., and LIU S.Y.1996.** Systematic investigations on the breakdown of resistance in wheat cultivar Mianyang derivatives to stripe rust. *Acta. Phytopath. Sin.* **26**: 105-109  
**WARDLAW I.F. 2002.** Interaction between drought and chronic high temperature during kernel filling in wheat in a controlled environment. *Annals of botany.*, **90**: 469-476.
397. **WIESER H., SEILMEIER W., BELITZ H.D. 1994.** Quantitative determination of gliadin subgroups from different wheat cultivars. *J Cereal Sci.*, **19**:149–55.
398. **WELLINGS C.R., MCINTOSH R.A. 1990.** *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in Australia: pathogenic changes during the first 10 years. *Plant Pathology* **39**: 316-325.
399. **WELLINGS C.R.1992.** Resistance to stripe (yellow) rust in selected spring wheats. *Vorträge für Pflanzenzüchtung.*, **24**: 273–275.
400. **WELLINGS C.R., WRIGHT D.G., KEIPER F., LOUGHMAN R. 2003.** First detection of wheat stripe rust in Western Australia: evidence for a foreign incursion. *Australasian PlantPathology.*, **32**: 321-322.

- 401. WELLINGS C.R. 2007.** *Puccinia striiformis* in Australia: a review of the incursion, evolution, and adaptation of stripe rust in the period 1979–2006. *Australian Journal of Agricultural Research.*, **58**: 567–575.
- 402. WELLINGS C.R., SINGH R., YAHYAOUI A., NAZARI K., and MCINTOSH R.A. 2009.** The development and application of near-isogenic lines for monitoring cereal rust pathogens. *Borlaug Global Rust Initiative 2009 Technical Workshop*, Sonora, Mexico. pp 77-87.
- 403. WELLINGS C.R. 2011.** Global Status of Stripe Rust: A review of Historical and Current Threats. *Euphytica.*, **179**(1): 129-141.
- 404. WILLIAMS J.G.K., KUBELIK A.R., LIVAK.K.J., RAVALSKI J.A., TINGEY S.V. 1990.** DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl.Acids Res.* **18** (22) : 6531-6533.
- 405. WINWARD D., HANKS R.J., DEWEY W.G., ALBRECHTSEN R.S.1983.** Influence of detillering and irrigation on wheat and barley yields. Utah Agricultural Experiment Station Research Report, pp. 1–27.
- 406. WITCOMBE J.R., JOSHI K.D., GYAWALI S., DEVKOTA K., and SUBEDI A. 2004.** Impacts of participatory crop improvement in the low-altitude regions of Nepal. Plant Sciences Research Programme: Highlights and Impact. Participatory Crop Improvement. Centre
- 407. WOLFE MS. 1973.** Changes and diversity in populations of fungal pathogens. *Annals of Applied Biology.*, **75** : 132-136.
- 408. WOYCHIK J., BOUNDY J., DIMLER R. 1961.** Starch gel electrophoresis of wheat gluten proteins with concentrated urea. *Arch Biochem Biophys.*, **94**: 477–82.
- 409. WRIGHT R.G., LENNARD J.H. 1980.** Origin of a new race of *Puccinia striiformis*. *Transactions of the British Mycological Society.*, **74** : 283-287.
- 410. WRIGLEY C.W., BIETZ J.A. 1988.** Proteins and amino acids. Wheat Chemistry and Technology eYP, ed. Vol. I. St Paul, MN: AACC, 159-275.
- 411. WRIGLEY C. W., BUSHUK W., GUPTA, R. 1996.** Nomenclature: establishing a common gluten language. In: Gluten 96. Ed. RACI. pp: 403-407.
- 412. WU L.R., and NIU Y.C. 2000.** Strategies of sustainable control of wheat stripe rust in China. *Sci. Agric. Sin.*, **33**:1-7.
- 413. XIAOJIE C., DONGHONG M., TAUQEER A. Y., and YIN-GANG H. 2012.** Evaluation of 14 morphological, yield-related and physiological traits as indicators of drought tolerance in Chinese winter bread wheat revealed by analysis of the membership function value of drought tolerance (MFVD). *Field Crops Research.*, **137**: 195 – 201.
- 414. YANG J.C., ZHANG J.H., and WANG Z.Q.2003.** Involvement of abscisic acid and cytokinins in the senescence and remobilization of carbon reserves in wheat subjected to water stress during grain filling. *Plant. Cell. Environ.*, **26**: 1621 - 1631.
- 415. YANG E.N., ROSEWARNE G.M., HERRERA FOESSEL S.A., HUERTA ESPINO J., TANG Z.X., SUN C.F., REN Z. L., SINGH R.P. 2013.** QTL analysis of the spring wheat “Chapio”

identifies stable stripe rust resistance despite inter-continental genotype 3 environment interactions. *Springer.*, **126** :1721–1732.

- 416. YAP T.C. & HARVEY B.L. 1972.** Inheritance of yield components and morpho-physiological traits in barley. *Crop Sci.*, **12** : 283-286.
- 417. ZADOKS J.C., CHANG P.T. et KONZAK E.F. 1974.** A decimal code for growth stages of cereals. *Ecarpia Bul.*, **7**: 42-52.
- 418. ZADOKS J.C.1961.** Yellow rust on wheat, studies in epidemiology and physiologic specialization. *Netherlands Journal of Plant Pathology.*, **67** :69-256.
- 419. ZEGHOUANE O., BOUFENAR-ZEGHOUANE F., et YOUSFI M. 2008.** la technologie semencière: La production de semence des céréales à paille en Algérie. Edition ITGC, 138 pages.
- 420. ZIADDIN A., PRAMOD K., KATIYAR R.P., GUPTA R.R.1988.** Heterosis in Macaroni Wheat. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding.*, **39** (2) : 279-284.

#### Pages web

- La rouille jaune, une maladie en forte progression (<http://www.agro.basf.fr/>)
- Banque de données l'Observatoire méditerranéen site internet <http://www.medobs.org>
- RustTracker.org | A Global Wheat Rust Monitoring System - cimmyt (rusttracker.cimmyt.org)
- Report forPuccinia striiformis race analyses 2014, Global Rust Reference Center (GRRC) ([www.wheatrust.org](http://www.wheatrust.org).)

# **Annexes**

---

**Annexe 01 : Hétérosis par rapport au parent supérieur**

Génotypes	HT
(Mo/HD-Mo)/Mo	-0,10620525
(Mo/Var1-Mo)/Mo	-0,06563246
(Var1/Var2-Var2)/Var2	-0,16037111
(HD/Var1-HD)/HD	0,33612903
(HD/Var2-HD)/HD	0,43677419
(Mo/Var2-Mo)/Mo	-0,150358

Génotypes	PRE
(MO/HD-HD)/HD	0
(MO/Var1-Var1)/Var1	0
(Var1/Var2-Var2)/Var2	0
(HD/Var1-HD)/HD	0
(HD/Var2-Var2)/Var2	-0,05882353
(MO/Var2-Var2)/Var2	0

Génotypes	PMG
(Mo/HD-MO)/MO	-0,03270066
(Mo/Var1-Var1)/Var1	-0,08006536
(Var1/Var1-Var1)/144	-0,1127451
(HD/Var1-Var1)/Var1	-0,04300357
(HD/Var2-HD)/HD	0,01816878
(MO/Var2-Var2)/Var2	-0,04863176

Génotypes	LE
(Mo/HD-HD)/HD	-0,03137255
(Mo/Var1-Mo)/Mo	-0,12941176
(Var1/Var2-Var2)/Var2	0,02083333
(HD/Var1-HD)/HD	-0,24675325
(HD/Var2-HD)/HD	-0,11363637
(Mo/Var2-Mo)/Mo	-0,02745098

Génotypes	RDT
(MO/HD-MO)/MO	0,04390641
(Mo/Var1-Mo)/Mo	-0,32403396
(Var1/Var2-Var)Var2	-0,00714127
(HD/Var1-HD)/HD	-0,22677555
(HD/Var2-HD)/HD	-0,21151809
(MO/Var2-MO)/MO	0,81252977

Génotypes	DEN
(Mo/HD-MO)/MO	-0,20216216
(Mo/Var1-Mo)/Mo	-0,09189189
(Var1/Var2-Var2)/Var2	0,0041958
(HD/Var1-HD)/HD	0,25
(HD/Var2-HD)/HD	-0,11363637
(Mo/Var2-Mo)/Mo	-0,19351351

Génotypes	NE
(MO/HD-HD)/HD	-0,375
(MO/Var1-Var1)/Var1	-0,16666667
(Var1/Var2-Var1)/Var1	-0,08333333
(HD/Var1-HD)/HD	-0,25
(HD/Var2-HD)/HD	-0,25
(MO/Var2-Var2)/Var2	0,7

Génotypes	GE
(Mo/HD-MO)/MO	-0,28318584
(Mo/Var1-Mo)/Mo	-0,09189189
(Var1/Var2-Var2)/Var2	0,0041958
(HD/Var1-HD)/HD	0,25
(HD/Var2-HD)/HD	0,49327957
(Mo/Var2-Mo)/Mo	-0,19351351

Génotypes	SF
(Mo/HD-MO)/MO	-0,06280174
(Mo/Var1-Mo)/Mo	-0,11207652
(Var1/Var2-Var2)/Var2	0,21917727
(HD/Var1-HD)/HD	0,16726344
(HD/Var2-HD)/HD	-0,00716774
(Mo/Var2-Mo)/Mo	-0,00193217

Annexes

**Annexe**

**02 :**  
Hétérosis  
par rapport  
au parent  
moyen

Génotypes	HT	LE	DEN	GE	SF	PMG	NE	RDT	DPV
$(F2-(MO+HD)/2)/((MO+HD)/2)$	-0,071	-0,123	-0,116	-0,161	0,036	-0,011	-0,130	-0,271	0
$(F2-(Mo+Var1)/2)/((Mo+Var1)/2)$	0,054	-0,031	0,093	-0,335	0,101	-0,068	0,053	-0,356	0
$(F2-(Var1+Var2)/2)/((Var1+Var2)/2)$	-0,097	0,106	0,082	0,134	0,363	-0,059	1,364	0,070	0,030
$(F2-(HD+Var1)/2)/((HD+Var1)/2)$	0,455	-0,092	0,372	0,140	0,328	-0,001	-0,143	0,019	0
$(F2-(HD+Var2)/2)/((HD+Var2)/2)$	0,456	-0,004	0,523	0,1756	0,013	0,045	-0,077	0,131	-0,030

**Annexe 03 :** Résultats obtenus de l'analyse des composantes du rendement, paramètres physiologiques et morphologiques

Génotypes	Répétitions	HT	LE	DEN	GE	SF	PMG	NE	RDT	Chl(a)	Chl(b)	Chl(a+b)
HD	R1	48,5	11,7	22,8	50	42,111	41,37	6	12,411	31,36835	40,47386	71,81846
	R2	55,0	10,6	27,6	53	28,667	41,7	6	13,261	15,71386	24,79396	40,49386
	R3	51,5	8,5	24,0	57	22,222	42,42	4	9,672	31,42246	39,59948	70,99858
Mo	R1	55,8	9,8	33,5	73	38,889	47,66	2	6,958	22,64148	39,15464	61,77444
	R2	53,8	9,2	30,0	98	22	44,02	2	8,628	31,39266	36,54324	67,91394
	R3	58,0	6,5	29,0	55	54,111	39,51	3	6,519	35,9005	48,33404	84,20644
Var1	R1	33,6	8,0	17,0	37	32,333	42,52	5	7,866	22,5502	38,79392	61,32262
	R2	44,2	6,5	18,5	32	26,889	45,63	4	5,841	31,7548	32,11568	63,85048
	R3	51,8	5,8	25,7	36	11,222	46,49	3	5,021	31,98994	27,73492	59,70682
Var2	R1	49,0	9,3	18,5	31	36,667	35,92	2	2,227	33,6954	41,0404	74,7114
	R2	55,5	8,5	29,5	46	24,556	42,81	5	9,846	31,51073	29,6423	61,1342
	R3	46,4	6,2	23,5	42	28,000	40,42	3	5,093	32,25716	30,5284	62,7662
Mo/HD	R1	46,5	10,4	20,0	55	41,000	44,15	4	9,713	30,21095	20,74434	50,94074
	R2	49,8	7,6	22,5	47	27,222	44,50	2	4,183	31,61846	29,44924	61,04894
	R3	53,5	6,7	31,3	60	39,556	38,25	4	9,180	31,37724	32,12336	63,48066
Mo/Var1	R1	58,8	7,7	28,8	42	37,667	39,92	3	5,030	30,8468	44,50008	75,32138
	R2	53,2	8,0	23,8	33	26,667	40,70	4	5,372	33,32775	44,79082	78,09252
	R3	44,6	6,5	31,4	35	37,778	43,24	3	4,540	36,64355	30,4237	67,0472
	R1	33,3	8,7	16,0	52	43,889	39,82	4	8,283	31,16309	22,67198	53,81948

Annexes

Var1/Var2	R2	49,5	7,8	31,3	38	20,333	43,39	3	4,947	30,58564	21,89888	52,46938
	R3	43,9	8,0	24,5	37	44,556	36,25	4	5,365	30,9021	43,82244	74,69934
HD/Var1	R1	70,4	7,9	31,0	54	36,333	45,98	5	12,415	31,47964	30,11384	61,57444
	R2	71,0	6,6	34,8	56	25,889	46,74	4	10,469	31,38615	45,28722	76,64742
	R3	65,7	8,7	27,2	41	46,333	36,13	3	4,444	31,07002	44,46164	75,50614
HD/Var2	R1	72,0	9,3	34,3	50	31,889	46,28	4	9,256	31,11104	41,42312	72,51002
	R2	86,7	10,0	46,3	56	35,556	36,76	4	8,234	31,29851	37,34474	68,62094
	R3	64,0	8,0	30,5	58	24,889	44,73	4	10,377	26,36913	16,41998	42,77718
Mo/Var2	R1	49,0	10,5	21,2	57	44,778	40,10	6	13,714	31,0837	41,34556	72,40516
	R2	37,4	7,8	22,7	59	42,111	38,70	6	13,699	31,50168	32,8224	64,3038
	R3	56,0	6,5	30,7	55	27,889	46,01	5	12,653	31,46066	35,86092	67,29992

**Annexe 04** : Résultats obtenus de l'analyse des paramètres biochimiques

Génotypes	Répétitions	Protéines	Sucres soluble	Proline	Protéines
HD	R1	22,085	135,0	0,625	22,085
	R2	18,585	94,0	1,0625	18,585
	R3	8,635	133,0	0,59375	8,635
Mo	R1	15,435	120,0	4,78125	15,435
	R2	15,535	96,4	2,40625	15,535
	R3	9,735	135,4	5,375	9,735
Var1	R1	23,085	116,8	2,09375	23,085
	R2	20,135	97,4	5,8125	20,135
	R3	14,835	118,8	3,0375	14,835
Var2	R1	13,685	132,6	0,375	13,685
	R2	18,258	116,2	1,09375	18,258
	R3	19,685	87,0	0,34375	19,685
Mo/HD	R1	15,285	109,8	2,53125	15,285
	R2	28,535	99,6	1,78125	28,535
	R3	17,825	93,8	4,375	17,825
	R1	15,885	100,4	1,3125	15,885

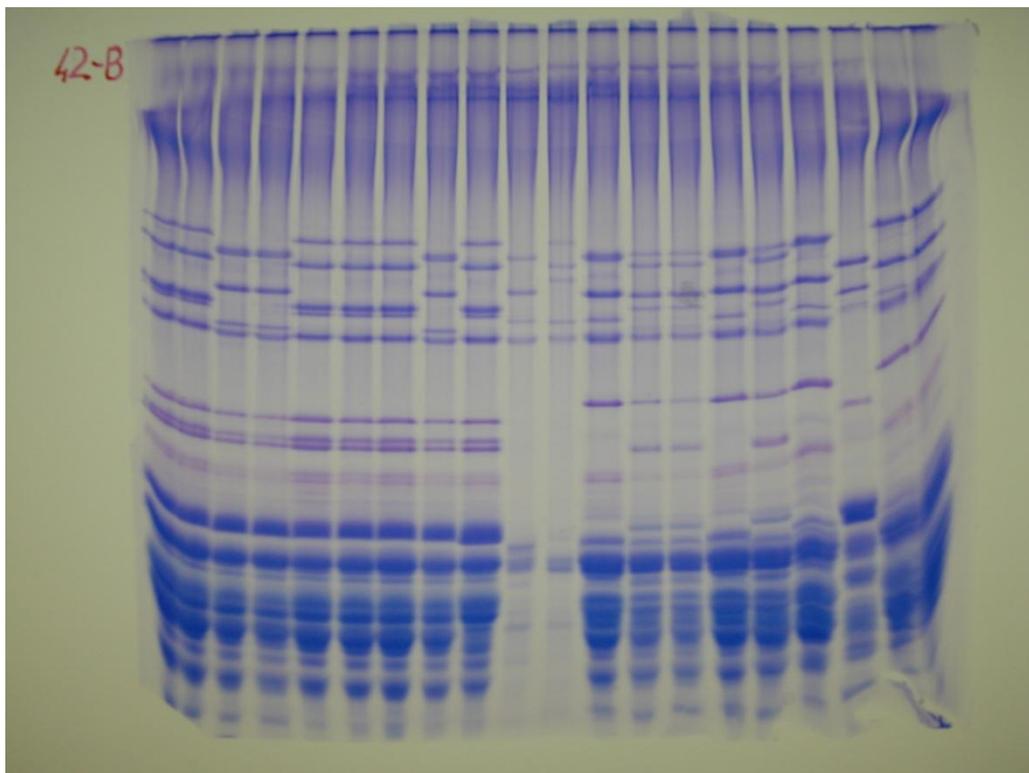
## Annexes

Mo/Var1	R2	14,135	83,4	3,21875	14,135
	R3	15,285	142,6	2,71875	15,285
Var1/Var2	R1	14,435	112,2	3,03125	14,435
	R2	15,435	86,0	1,5625	15,435
	R3	13,935	87,2	2,84375	13,935
HD/Var1	R1	13,035	134,6	1,65625	13,035
	R2	20,485	86,8	1,90625	20,485
	R3	14,985	98,0	1,15625	14,985
HD/Var2	R1	16,235	113,4	2,5	16,235
	R2	12,535	117,8	2,71875	12,535
	R3	19,485	112,8	1,34375	19,485
Mo/Var2	R1	16,935	85,2	1,65625	16,935
	R2	15,535	92,0	2,53125	15,535
	R3	21,685	93,8	1,8125	21,685

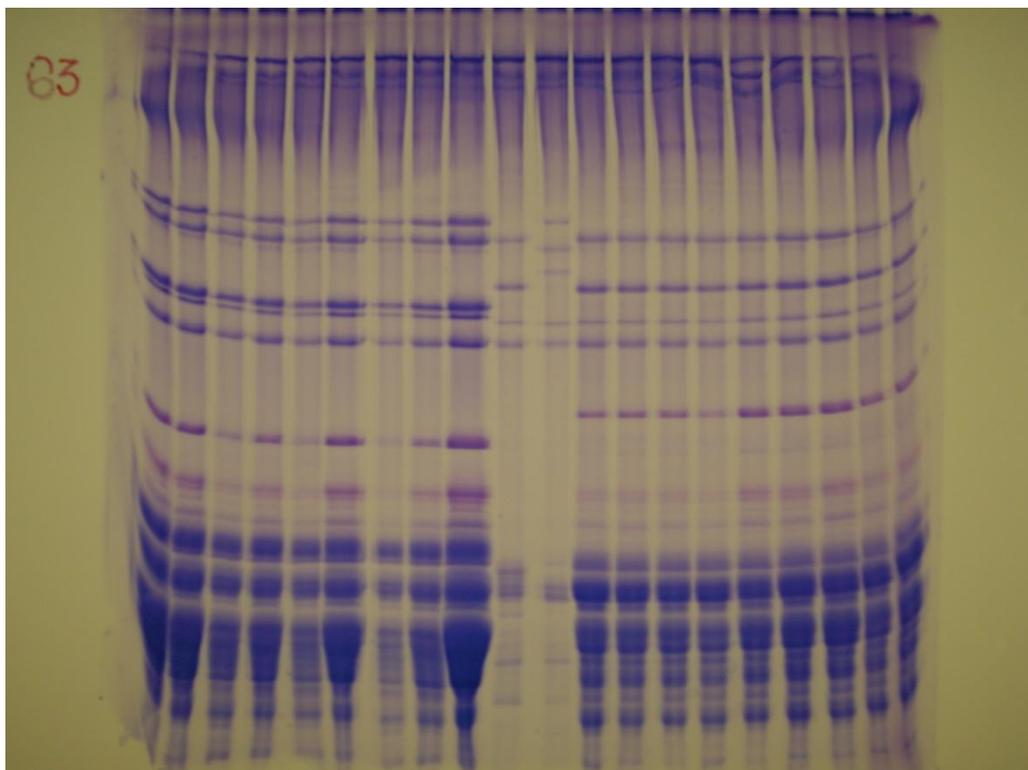
### Annexe 05. Dispositif expérimentale campagne 2015/2016

11	07	05	16	14	12	08	17	09	10	19	15	21	22	18	13	20	06	03	04	01	02
17	12	08	11	10	21	09	13	07	18	22	19	05	16	15	06	14	20	02	01	04	03
22	21	20	19	18	17	16	15	14	13	12	11	10	09	08	07	06	05	04	03	02	01

**Annexe 06 :** Sous-unités de gluténines HMW et LMW séparées par électrophorèse en gel SDS-PAGE, pour les lignées Var 2 et Mo.



**Annexe 07:** Sous-unités de gluténines HMW et LMW séparées par électrophorèse en gel SDS-PAGE, pour les lignées Var 1 et HD.



**Annexe 08.** Séquences des marqueurs moléculaires utilisés

<b>Marqueur</b>	<b>Type</b>	<b>Secuencia</b>
<i>csLV34</i>	STS	5'- GTT GGT TAA GAC TGG TGA TGG 3' (F) 5'- TGC TTG CTA TTG CTG AAT AGT-3' (R)
<i>Xbarc092</i>	SSR	5'- GCG GTT GTG ATG TGC TGA AAG ATG AAT GT-3' (F) 5'- GCG TGG GCT GTT TCT TCC TTT TGT TTT C-3' (R)
<i>Xgwm295</i>	SSR	GTG AAG CAG ACC CAC AAC AC (F) GAC CGCTGC GAC GTA GAG (R)
<i>Xgwm 410</i>	SSR	GCT TGA GAC CGG CAC AGT (L) CGA GAC CTT GAG GGT CTA GA (R)
<i>Xgwm 55</i>	SSR	GCA TCT GGT ACA CTA GCT GCC (L) TCA TGG ATG CAT CAC ATC CT (R)
<i>Xgwm 16</i>	SSR	GCT TGG ACT AGC TAG AGT ATC ATA C (L) CAA TCT TCA ATT CTG TCG CAC GG (R)
<i>Xgwm148</i>	SSR	GTG AGG CAG CAA GAG AGA AA (L) CAA AGC TTG ACT CAG ACC AAA(R)

**Annexe 09.** Photos des gels de la PCR

