



PROJET DE FIN D'ÉTUDES
PRESENTE EN VUE D'OBTENTION DU DIPLOME DE
MASTER SCIENCES ET TECHNIQUES
GESTION ET CONSERVATION DE LA BIODIVERSITE

SELECTION ASSISTEE PAR MARQUEURS SNP
ET ETUDE PHENOTYPIQUE
DU BLE TENDRE (*Triticum aestivum* L.)

Présenté par : BOURAK Kaoutar

Encadré par :
Dr.UDUPA Sripada
Pr.SQALLI HOUSSAINI Hakima
Dr. IRAQI Driss

Soutenu le: 13 Juin 2018, Devant le jury composé de:

- Pr. DERRAZ Khalid	FST Fès	Examineur
- Dr. IRAQI Driss	INRA Rabat	Encadrant
- Pr LAZRAQ Abderrahim	FST Fès	Examineur
- Pr. MIKOU Karima	FST Fès	Examineur
- Pr. SQALLI HOUSSAINI Hakima	FST Fès	Encadrant
- Dr. UDUPA Sripada	ICARDA Rabat	Encadrant

Année Universitaire : 2017/2018

Faculté des Sciences et Techniques Fès

B.P. 2202 – Route d'Imouzzer FES

☎ 212 (0)5 35 60 80 14 Fax : 212 (0)5 35 60 82 14

www.fst-usmba.ac.ma

Master Sciences et Techniques **Gestion et Conservation de la Biodiversité**

Résumé

Nom et prénom : BOURAK Kaoutar

Année Universitaire : 2017-2018

Titre : Sélection Assistée par les Marqueurs SNP et étude phénotypique du blé tendre

Dans les programmes de sélection variétale pour le blé cultivé (*Triticum aestivum* L.), il est nécessaire d'utiliser la sélection assistée par marqueurs pour améliorer rapidement cette espèce contre les maladies fongiques, notamment la rouille (rouille jaune, rouille des feuilles et rouille des tiges) et plusieurs autres caractères agronomiquement importants.

Notre étude est basée sur une population F5 issue d'un croisement des variétés Kharoba et Florence, semées à la station expérimentale ICARDA à Marchouch durant la campagne agricole 2017/2018.

Une Sélection Assistée par Marqueurs est réalisée Afin d'accélérer la création de variété de blé panifiable résistante à la rouille en utilisant des marqueurs SNP liés à dix gènes d'intérêt pour l'amélioration du blé, à savoir les gènes de résistance à la rouille (Lr34, Sr2, Lr37 / Yr17 / Sr38, Lr68, Lr19 / Sr25, Lr67, Sr22 et Lr46) et les gènes semi-nains (Rht-B1b et Rht-D1b).

Sélectionner des lignées de blé panifiable nécessite divers caractères agromorphologique clés à savoir la capacité de tallage et nombre d'épis par plante, hauteur de la plante, longueur des épis et la longueur de la barbe, en plus de précocité phénologique (précocité de la floraison, floraison précoce, floraison hâtive, remplissage précoce des graines et maturité précoce). Tous ces caractères sont étudiés lors de ce travail.

Les résultats obtenus permettent de sélectionner un grand nombre d'échantillons appartenant à la population F5, qui regroupent les gènes d'intérêt et les caractères phénotypiques recherchés, accélérant ainsi le processus de développement variétal du blé tendre pour faire face aux défis ravageurs et maladies et adaptation au changement climat.

Mots clés : *Triticum aestivum*, Sélection Assistée par Marqueurs, SNP, KASP, gène d'intérêt, Phénotype

Faculté des Sciences et Techniques Fès

 **B.P. 2202 – Route d'ImouzzerFES**

 **212 (0)5 35 60 80 14 Fax : 212 (0)5 35 60 82 14**

www.fst-usmba.ac.ma

Remerciements

J'exprime ma reconnaissance à Madame SQALLI, professeure à la Faculté des Sciences et Technique Fès, qui m'a fait l'honneur de diriger ce travail : qu'il me soit permis de lui témoigner ma profonde reconnaissance. Ses encouragements, sa patience, sa compréhension, sa disponibilité, et son aide m'ont été très précieux.

Je ne saurais comment remercier Dr. UDUPA Sripada, Senior Scientist en Biotechnologie au Centre International des Recherches Agronomiques en Milieux Arides (ICARDA) pour son encadrement, ses conseils fructueux et instructifs qu'il n'a cessé de me prodiguer le long de la réalisation de cette étude.

Je remercie également Pr. MIKOU Karima, DERRAZ Khalid et LAZRAQ Abderrahim, qui ont fait l'honneur de lire et juger mon travail.

Mes sentiments les plus dévoués sont exprimés à tout le corps enseignant de la FST, en particulier ceux de la filière Gestion et Conservation de la Biodiversité en témoignage des efforts qu'ils ont déployés au profit de ma formation.

Dédicace

À mes Augustes Parents :

*Pour tout l'amour qu'ils m'ont réservé et les
sacrifices qu'ils m'ont consentis pour mon
éducation et la réussite de ma formation.*

*Aucune dédicace ne pourrait exprimer, à leur
juste valeur, ma reconnaissance et mon
amour.*

À ma sœur Nour Yasmine

À mon frère Mahmoud :

*En témoignage des liens de fraternités qui
nous unissent, qu'il me soit permis de leur
manifester ma profonde reconnaissance et
mes souhaits de bonheur et de réussite.*

ABSTRACT

In varietal breeding programs for bred wheat (*Triticum aestivum* L.), it's necessary to use Marker Assisted Selection for fast track improvement of this species against fungal diseases, specifically Rust (Yellow Rust, Leaf Rust and Stem Rust) and many other agronomically important traits.

Our study is based on an F5 population from a cross of Kharoba and Florence varieties , sown at the ICARDA experimental station in Marchouch during the 2017/2018 farming season.

In order to accelerate the creation of a semi dwarf, rust-resistant bread wheat variety marker-assisted selection (MAS) using SNP markers linked to ten genes of interest for bred wheat improvement, namely, rust resistance genes (*Lr34*, *Sr2*, *Lr37* / *Yr17* / *Sr38*, *Lr68*, *Lr19*/ *Sr25*, *Lr67*, *Sr22* and *Lr46*) and semi-dwarf genes (*Rht-B1b* and *Rht-D1b*).

To select bread wheat lines for key agro morphological traits necessary for adaptation under Moroccan rain-fed growing conditions. various phenological parameters (precocity to heading, early flowering, early anthesis, early grain filling and early maturity), agronomic (tillering capacity and number of spikes per plant), in addition to morphological characteristics (plant height, ear length and beard length) were studied.

The results obtained make it possible to select a large number of samples belonging to the F5 population, which gather the genes of interest and the desired phenotypic characters , thereby speedup varietal development process in bread wheat to cope with challenges pests and diseases and adaptation to climate change.

KEY WORDS: *Triticum aestivum*, Marker Assisted Selection, SNP, KASP, genes of interest, Phenotype.

SOMMAIRE

INTRODUCTION GENERALE	1
GENERALITES	
I. Histoire, origine et systématique du blé tendre	3
1. Histoire	3
2. Origine génétique	3
3. Systématique	4
II. Morphologie et stades de développement du blé tendre	4
1. Morphologie	4
1.1. Grain	4
1.2. Appareil végétatif	4
1.3. Appareil reproducteur	5
2. Stades du développement	6
2.1. Période végétative	6
2.2. Période reproductrice	7
2.3. Période de formation et de maturation du grain	7
III. Maladies du blé tendre	9
1. Rouille jaune	9
2. Rouille brune des feuilles	9
3. Rouille noire des tiges	10
4. Septoriose	10
IV. Diversité agro-morphologique et génétique du blé tendre	11
1. Marqueurs agro-morphologiques	11
1.1. Critères agronomiques	11
1.2. Caractères morphologiques	12
2. Marqueurs moléculaires appliqués sur le blé	13
2.1. Polymorphisme de longueur des fragments amplifiés (AFLP)	13
2.2. Amplification aléatoire d'ADN polymorphe (RAPD)	14
2.3. Polymorphisme de longueur des fragments de restriction (RFLP)	14
2.4. Simples séquences répétitives (SSR)	14
2.5. Polymorphisme nucléotidique (SNP)	14
3. Associations "caractère – marqueur moléculaire"	15
MATERIEL ET METHODES	
I. Matériel étudié dans le site de Marchouch	16
1. Matériel végétal	16
2. Site expérimental	16
3. Dispositif expérimental	17
II. Etude phénotypique	18
1. Paramètres phénologiques	18

2. paramètres morphologiques	18
2.1 hauteur de la plante en cm	18
2.2. Longueur des épis	19
2.3. Longueur des barbes	19
3. Paramètres agronomiques	19
3.1. Talles herbacées	19
3.2. Le nombre d'épis par échantillon	19
III. Sélection Assistée par Marqueurs	20
1. Collecte des échantillons	21
2. Lyophilisation des échantillons	22
3. Sélection Assistée par marqueurs SNP moyennant la technologie KASP	23
3.1. Gene Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18	24
3.2. Gene Lr37-Yr17-Sr38	25
3.3. Gene Lr46-Yr29	25
3.4. Gene Lr19-Sr25	25
3.5. Gene Lr68	26
3.6. Gene Sr22	26
3.7. Gene Sr2	26
3.8. Gene Rht-B1	26
3.9. Gene Lr67-Yr46-Sr55-Pm46	27
3.10. Gene Rht-D1	27

RESULTATS ET DISCUSSIONS

I. Etude phénotypique du blé tendre	28
1. Paramètres phénologiques	28
1.1. Durée de la phase "semis –épiaison"	28
1.2. Durée de la phase "semi-floraison"	29
1.3. Durée de la phase "semis-anthèse"	31
1.4. Durée de la phase "semis-grossissement"	32
1.5. Durée de la phase "semis- maturité"	33
2. Paramètres morphologiques	34
2.1. Hauteur de la plante	34
2.2. Longueur de barbes	35
2.3. Longueur de l'épi	36
3. Paramètres agronomiques	37
3.1. Tallage herbacée	37
3.2. Nombre d'épis par plante	38
II. Sélection Assistée par les marqueurs SNP	39
1. Gene de semi-nanisme (Rht-B1)	39
2. Gene de résistance Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18	40
3. Gene de résistance Lr37/ Yr17/Sr38	41
4. Gene de résistance Lr46/Yr29	41
5. Gene de résistance Lr19-Sr25	42
6. Gènes de résistance Sr2, Lr68 et Sr22 et gène de semi-nanisme Rht-D1	43

CONCLUSION GENERALE 44

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

ANNEXES

Liste des figures

	Page	
Figure 1	Phylogénie du blé tendre	3
Figure 2	Morphologie du blé tendre	5
Figure 3	Les différents stades de développement du blé	8
Figure 4	Maladies du blé tendre	11
Figure 5	Données météorologiques de la station expérimentale Marchouch en 2017-2018	19
Figure 6	Schéma du dispositif expérimental	19
Figure 7	Prise de la hauteur de la plante	20
Figure 8	Prise de la longueur des épis	21
Figure 9	Schéma d'introgession du gène D provenant du parent donneur dans le génome de la plante receveuse à l'aide des marqueurs A et B visualisés par électrophorèse.	22
Figure 10	Lyophilisateur utilisé	24
Figure 11	Histogramme du nombre des jours à l'épiaison.	30
Figure 12	Histogramme du nombre des jours à la floraison.	31
Figure 13	Histogramme du nombre des jours à l'anthèse.	32
Figure 14	Histogramme du nombre des jours au grossissement	33
Figure 15	Histogramme du nombre des jours à la maturité	34
Figure 16	Histogramme de la hauteur de la plante.	35
Figure 17	Histogramme de la longueur des barbes	37
Figure 18	Histogramme de la longueur des épis.	38
Figure 19	Histogramme du nombre d'épis par plante	40
Figure 20	Pourcentages des plantes pour le gène Rht-B1	41
Figure 21	Pourcentage des plantes pour le gène Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18	42
Figure 22	Pourcentage des plantes pour le gène Lr37/Yr17/Sr38	43
Figure 23	23 : Pourcentages des plantes pour le gène Lr 19/Sr25	44

Liste des tableaux

		Page
Tableau 1	Plant de la plaque 1	23
Tableau 2	Plant de la plaque 2	23
Tableau 3	Gènes ciblés et amorces utilisées	28
Tableau 4	Données statistiques du nombre de jours à l'épiaison.	30
Tableau 5	Données statistiques du nombre de jours à la floraison.	31
Tableau 6	Données statistiques du nombre de jours à l'anthèse.	32
Tableau 7	Données statistiques du nombre de jours au grossissement.	33
Tableau 8	Données statistiques du nombre de jours à la maturité.	34
Tableau 9	Histogramme de la hauteur de la plante.	36
Tableau 10	Données statistiques de la longueur de la barbe	37
Tableau 11	Données statistiques de la longueur des épis	38
Tableau 12	Pourcentage de la capacité de Tallage chez la population F5	39
Tableau 13	Données statistiques du nombre d'épis par plante	40
Tableau 14	Polymorphisme nucléotidique du gène Rht-B1	41
Tableau 15	Polymorphisme Indel du gène Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18	42
Tableau 16	Polymorphisme nucléotidique du gène de résistance Lr37/ Yr17/Sr38.	43
Tableau 17	Polymorphisme nucléotidique du gène de résistance Lr46/Yr29	43
Tableau 18	Polymorphisme nucléotidique du gène de résistance Lr19- Sr25.	44

Liste des annexes

Annexe 1	Localisation des gènes les plus utilisés dans l'amélioration du blé
Annexe 2	Caractérisation phénologique de la population F5
Annexe 3	Caractérisation morphologique de la population F5
Annexe 4	Capacité de tallage chez la population F5
Annexe 5	Caractérisation génétique de la population F5

Introduction générale

Généralités

Matériel & méthodes

Résultats & discussion

Conclusion générale

*Références
bibliographiques*

Annexes

Le blé tendre (*Triticumaestivum* L.) compte parmi les espèces les plus anciennement cultivées et constitue la base de l'alimentation d'une grande partie de l'humanité, d'où son importance économique. Cependant, cette culture est très sensible aux maladies causées principalement par les champignons parasites dont la rouille jaune, la rouille brune, la rouille noire, et l'oïdium.

La demande en blé est présagée à une forte augmentation avec l'accroissement de la population mondiale estimée d'atteindre 9 milliards d'individus en 2050 (Hubert *et al.*, 2010). Ainsi, la production du blé aura un impact crucial sur la sécurité alimentaire et l'économie mondiale dans les prochaines décennies. Au Maroc, le blé est la céréale la plus consommée, sa consommation est estimée à 258 kg/an/personne. Aussi, environ 3 millions d'hectares de blé sont cultivés annuellement, avec une production de 8 millions de tonnes (USDA, 2015). Ce rendement reste relativement bas à cause des stress abiotiques tels que la sécheresse et biotiques précités. Par conséquent, le Maroc n'arrive pas à assurer son autosuffisance et reste donc, parmi les plus grands importateurs du blé au monde (USDA, 2015).

L'amélioration de la production du blé passe donc par un meilleur contrôle de ces problèmes. En effet, le développement de variétés à grande production avec une qualité adéquate du grain reste le principal objectif du sélectionneur. Toutefois, à ces besoins classiques s'ajoutent des exigences découlant d'une grande prise de conscience sociale en matière de protection de l'environnement, menant à la limitation des traitements phytosanitaires et de la fertilisation chimique. Les techniques nouvelles, en particulier les marqueurs moléculaires, apparaissent comme des outils indispensables d'appui aux programmes classiques d'amélioration pour relever ces défis.

L'utilisation de variétés résistantes constitue l'un des piliers des programmes de sélection et un moyen de contrôle efficace prenant en compte l'aspect écologique aussi bien qu'économique. Cependant, la pression de sélection exercée par les variétés à résistance monogénique favorise le développement de nouveaux biotypes capables de contourner ces résistances, ce qui nécessite la recherche continue et rapide de nouvelles sources de résistance. Cette recherche est aujourd'hui largement facilitée par l'avènement des techniques de marquage moléculaire. En effet, plusieurs gènes de résistance aux

insectes et aux maladies sont récemment localisés dans le génome du blé tendre par l'établissement de liaisons entre ces derniers et des marqueurs moléculaires sur les différentes cartes génétiques (Gupta *et al.*, 1999 ; Yechoet *al.*, 2000 ; Langridgeet *al.*, 2001).

Les marqueurs moléculaires ne sont pas influencés par les fluctuations de l'environnement et sont indépendants de l'organe analysé, mais aussi du stade de développement de la plante. Ils sont maintenant un outil essentiel pour l'amélioration des plantes et ouvrent de nouvelles perspectives pour les sélectionneurs.

Sans avoir recours aux tests d'inoculation, et pour éviter les erreurs associées à leur utilisation, la Sélection Assistée par les Marqueurs est fortement avantageuse dans le cas de l'amélioration des résistances aux maladies. (Michelmore, 1995 ; Yechoet *al.*, 2000 ; Langridgeet *al.*, 2001). Cette résistance peut être étudiée même dans les aires où le pathogène n'existe pas. Ainsi, la sélection est accélérée puisque le sélectionneur peut inférer la présence du gène par la présence du marqueur avant même l'expression du phénotype. Cette Sélection Assistée par Marqueurs est donc d'un intérêt certain pour le sélectionneur puisqu'elle offre l'avantage d'une sélection efficace, rapide et précoce, et devient alors un complément nécessaire aux méthodes traditionnelles de sélection faite sur la base des caractères phénologiques, morphologiques et moléculaires.

L'objectif du présent travail est de combiner l'utilisation des marqueurs moléculaires et des paramètres phénotypiques pour la sélection des individus d'une population F5 ayant le maximum de caractères d'intérêt reçu en croisant les variétés Kharoba et Florence. La population étudiée est composée de 164 échantillons plantés dans la station expérimentale de l'ICARDA à Marchouch.

I. HISTOIRE, ORIGINE ET SYSTEMATIQUE DU BLE TENDRE

1. HISTOIRE

La domestication des blés constitue un jalon dans l'histoire des sociétés humaines marquant le début de l'ère Néolithique qui se traduira par l'adoption d'une économie de production fondée sur l'agriculture et l'élevage. C'est vers 10 000 ans av. J-C que les blés ont été domestiqués avec pour centre d'origine la région du "croissant fertile" entre le Tigre et l'Euphrate (Shewry, 2009). Les données archéologiques fournissent des preuves tangibles de la synchronie entre les débuts de la culture des blés et l'organisation de sociétés sédentaires, marquant ainsi la fin de la période nomade au cours de laquelle chasse et cueillette constituent les principaux moyens de subsistance (Diamond, 2002).

En effet, l'histoire de l'homme est intimement liée à celle des céréales qu'il a très tôt appris à domestiquer, cultiver et sélectionner (Bonjean et Picard, 1991). Ces dernières sont considérées comme la base des grandes civilisations, car elles ont constitué l'une des premières activités agricoles, fournissant un moyen d'alimentation régulier, autour duquel l'activité humaine pouvait s'organiser.

2. ORIGINE GENETIQUE

Le blé tendre, *T. aestivum*, est un allohexaploïde ($2n = 42$) avec trois génomes A, B et D (Figure 1) provenant d'espèces diploïdes différentes (Sears, 1954). L'identification de ces espèces a été rendue possible par l'étude d'hybrides entre les différents blés puis entre ces blés et des espèces voisines appartenant au genre *Aegilops*. (Kerby et Kuspira 1987).

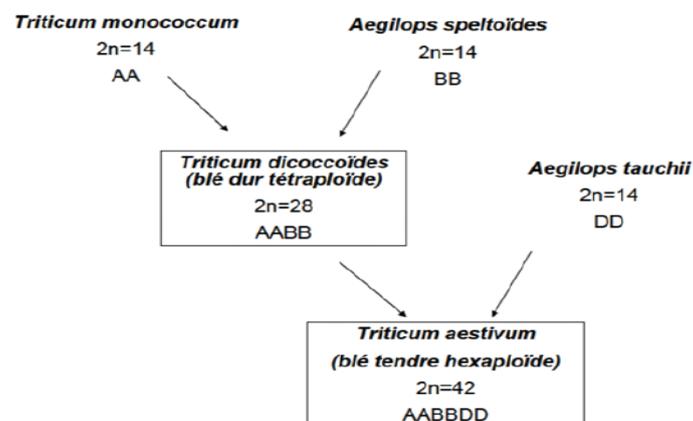


Figure 1 : Phylogénie du blé tendre (Salamani *et al.*, 2002).

3. SYSTEMATIQUE

Le blé est une plante herbacée monocotylédone qui appartient au genre *Triticum* des graminées. C'est une céréale dont le grain est un fruit sec indéhiscant appelé caryopse constitué d'une graine et de téguments (Feillet, 2000).

Règne	<i>Plantae</i>
Division	<i>Magnoliophyta</i>
Classe	<i>Liliopsoda</i>
S/Classe	<i>Commelinidae</i>
Ordre	<i>Poale</i>
Famille	<i>Poaceae</i>
S/Famille	<i>Triticeae</i>
Genre	<i>Triticum</i>
Espèce	<i>Triticum aestivum L.</i>

II. MORPHOLOGIE ET STADES DE DEVELOPPEMENT DU BLE TENDRE

1. MORPHOLOGIE

Le blé est une céréale importante vu que c'est l'aliment de base du monde entier. Le rendement du blé varie largement en raison de son interaction avec l'environnement, car le rendement en grain de blé est un trait polygénique hérité et c'est le produit de plusieurs facteurs affectant le rendement directement ou indirectement (Akram *et al*, 2008).

1.1. GRAIN

Le fruit du blé est un caryopse. Dans un grain de blé (caryopse) on distingue communément l'amande et les enveloppes qui protègent la graine. Il protège la première feuille et l'apex caulinaire. Il s'allonge davantage chez les plantes cultivées à l'obscurité. Par contre les premières feuilles ont une croissance sensiblement égale à la lumière et à l'obscurité, la différence porte essentiellement sur la couleur (synthèse de chlorophylle et photosynthèse) (Soltner, 2005).

1.2. APPAREIL VEGETATIF

L'appareil végétatif est constitué de deux parties, l'une aérienne et l'autre racinaire. Le système aérien est formé de la tige issue du caryopse et des talles partant du plateau de

tallage. La tige ou chaume est constituée d'entre-nœuds séparés par des nœuds ou zones méristématiques à partir desquelles s'allongent les entre-nœuds et servent comme point d'attache des feuilles. Les feuilles sont alternées, comportant chacune une portion supérieure et une portion inférieure correspondant respectivement au limbe et à la gaine (Hubert, 1998; Jouve et Daoudi, 2001). L'appareil racinaire, chez le blé est formé de deux systèmes racinaires successifs, un système séminal dont les racines fonctionnent au cours du cycle de la plante (Grignac, 1965). Les racines séminales sont au nombre de 6 (Colenne et *al.*, 1988). Ce système est secondé par le système racinaire adventif qui assure la nutrition de la plante pendant la période active.

1.3. APPAREIL REPRODUCTEUR

Les fleurs sont regroupées en inflorescence correspondant à l'épi dont l'unité morphologique de base est l'épillet constitué de grappe de fleurs enveloppées de leurs glumelles et incluses dans deux bractées appelées les glumes (inférieure et supérieure) (Gate, 1995).

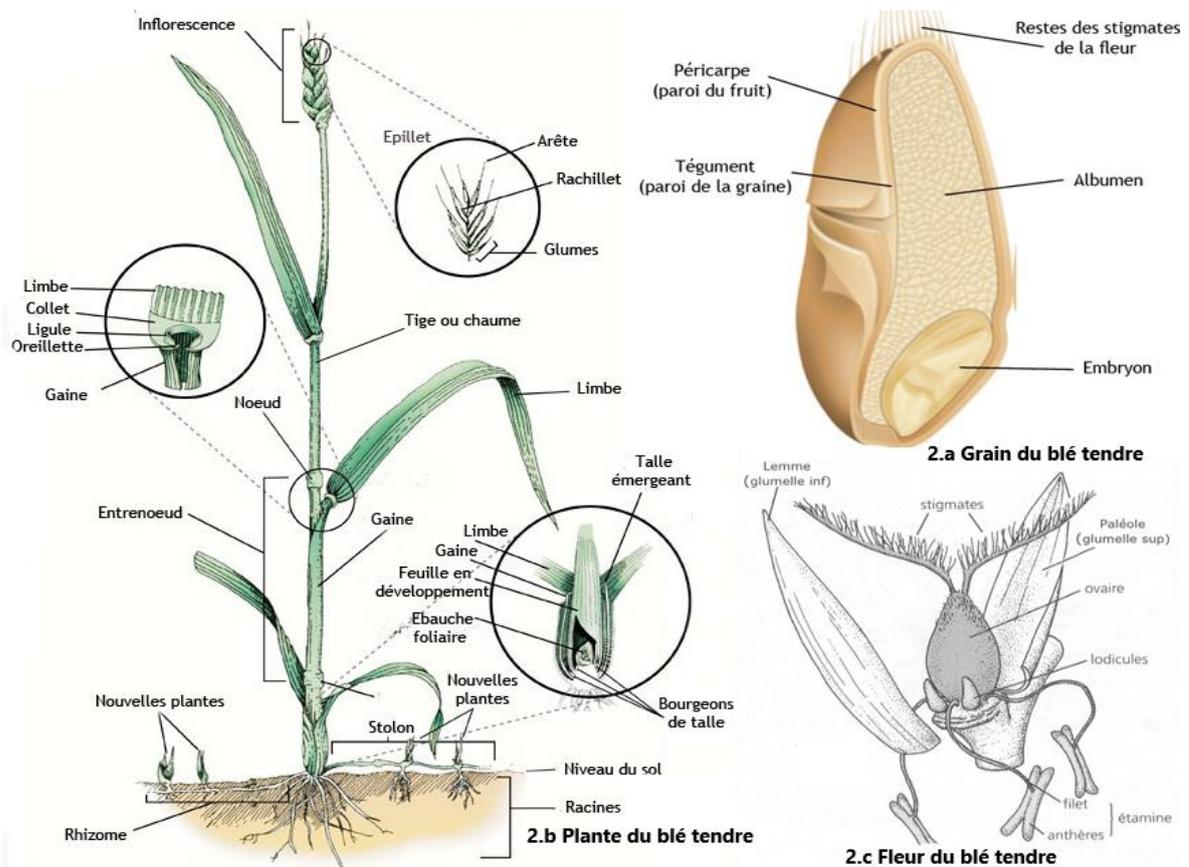


Figure 2 : Morphologie du blé tendre

2. STADES DU DEVELOPPEMENT

Au Maroc comme dans la plupart des pays tempérés de la région méditerranéenne, le blé tendre est semé en automne, se développe en hiver et mûrit en fin de printemps ou en début d'été. Les stades de croissance à partir de la germination sont la levée, le tallage, la montaison, l'épiaison, la floraison et la maturité physiologique (Figure 3). La majorité des stades de croissance sont eux même subdivisée en plusieurs sous étapes.

2.1. PERIODE VEGETATIVE

Elle se caractérise par le développement strictement herbacé et s'étend du semis jusqu'à fin du tallage. Elle se divise en deux étapes :

- **Phase de germination- levée** : La germination de la graine se caractérise par l'émergence de coléorhize donnant naissance à des racines séminales et du coléoptile qui protège la sortie de la première feuille fonctionnelle. (Figure 3.1).

La levée se fait réellement dès la sortie des feuilles à la surface du sol (Figure 3.2). Au sein d'un peuplement, la levée est atteinte lorsque la majorité des lignes de semis sont visibles (Gate, 1995). Durant la phase semis levée, l'alimentation de la plante dépend uniquement de son système racinaire primaire et des réserves de la graine.

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).

- **Phase levée-tallage** : La production de talles commence à l'issue du développement de la troisième feuille (Moule, 1971) (Figure 3.3). L'apparition de ces talles se fait à un rythme régulier égal à celui de l'émission des feuilles (Figure 3.4). A partir des bourgeons situés à l'aisselle des talles primaires initiées à la base du brin maître, 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 la densité de semis (Masle-Meynard, 1980). La nutrition minérale notamment azotée est faible jusqu'au stade 2-3 feuilles car elle est satisfaite par les ressources de la graine et l'azote minéral présent dans le sol. Le facteur nutritionnel peut modifier la vitesse du tallage herbacé, la durée du tallage et le nombre de talles (Austin et Jones, 1975).

2.2. PERIODE REPRODUCTRICE

Dite aussi période de montée, elle est dominée par l'apparition de l'épi et la formation du grain. Elle comprend :

- **Phase montaison-gonflement** : La montaison débute à la fin du tallage, elle est caractérisée par l'allongement des entre-nœuds (Figure 3.6) et 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 (Grancourt et Prats, 1971). La montaison s'achève à la fin de l'émission de la dernière feuille et des manifestations du gonflement que provoque les épis dans la gaine.
- **Phase épiaison-floraison** : Elle est marquée par la méiose pollinique (Figure 3.7) et l'éclatement de la gaine avec l'émergence de l'épi. C'est au cours de cette phase que s'achève la formation des organes floraux (l'anthèse) et s'effectue la fécondation. Cette phase est atteinte quand 50% des épis sont à moitié sortis (Figure 3.8) 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 graines par épi (Masle-Meynard, 1980).

2.3. PERIODE DE FORMATION ET DE MATURATION DU GRAIN

Durant cette période les substances de réserve (amidon, matières protéiques) s'élaborent et migrent dans l'albumen ; parallèlement l'embryon se forme. Cette période comprend :

- **Grossissement du grain :** Cette phase marque la modification du fonctionnement de la plante qui sera alors orientée vers le remplissage des grains à partir de la biomasse produite. 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 $\frac{3}{4}$ 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 l'issue de cette phase, 40 à 50% des réserves se sont accumulées dans le grain qui, bien qu'il ait atteint sa taille définitive, se trouve encore vert et mou, c'est le stade " grain laiteux " (Figure 3.10).
- **Maturation du grain :** La phase de maturation succède au stade pâteux (45% d'humidité). Elle correspond à la phase au cours de laquelle le grain va perdre progressivement son humidité en passant par divers stades (Gate, 1995). Elle débute à la fin du palier hydrique marqué par la stabilité de la teneur en eau du grain pendant 10 à 15 jours (Figure 3.11). Au-delà de cette période, le grain ne perdra que l'excès d'eau qu'il contient (Figure 3.12), et passera progressivement aux stades "rayables à l'angle" (20 % de l'humidité) puis, "cassant sous la dent" (15-16% d'humidité).

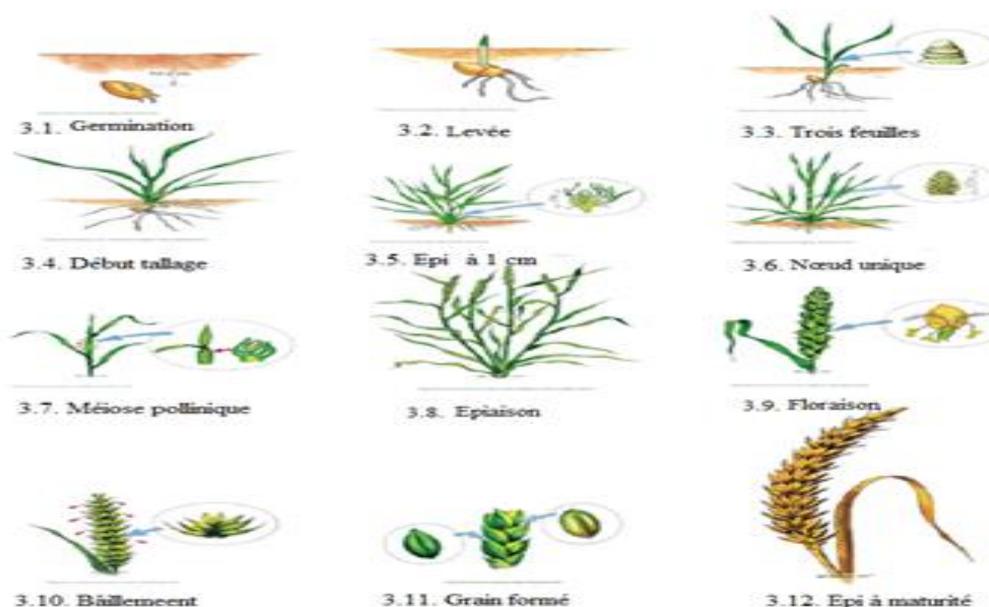


Figure 3 : Stades de développement du blé (Soltner, 2005).

III. MALADIES DU BLE TENDRE

Comme toutes les autres plantes cultivées par l'homme, le blé à paille peut être attaqué par un grand nombre des organismes parasites macroscopiques et microscopiques. Les maladies se manifestent successivement au cours de développement de la plante. Il existe plusieurs contraintes pour la céréaliculture des stress biotiques et abiotiques (Benbelkacem, 2000).

La forte présence de bios agresseurs peu affecté jusqu'à 30% des rendements. Et s'aggravent en raison des changements climatiques que connaît notre planète. Dépendant des conditions d'humidité, de température ainsi que de la présence des pathogènes, plusieurs maladies cryptogamiques attaquent les blés et provoquent différents dégâts (Benbelkacem, 2000). Ainsi, les maladies les plus importants qui attaquent le blé tendre sont les Rouilles et la Septoriose (Moreau, 2011).

1. ROUILLE JAUNE

La Rouille jaune est causée par l'agent pathogène *Puccinia striiformis f.sp. Tritici* sur blé (Amrani, 2013). Elle peut provoquer des dégâts très importants à la culture. Son développement est lié à des conditions climatiques particulières (Printemps frais, couvert, humide et venteux) (Moreau, 2011).

Des pustules orangées apparaissent sur les feuilles et les tiges disposées en stries le long de nervures des feuilles. (Figure 4.1) Elles sont souvent de petite taille (0,5 mm) (Masson, 2012). Elles peuvent aussi se développer sur la face inférieure des feuilles et sur les épis et les grains. Ces pustules sont constituées de spores (urédospores). À la fin de la saison de croissance, ces pustules deviennent noires étant donné la formation de spores connues sous le nom de téléospores (Aouali et Douici-Khalfi, 2013).

2. ROUILLE BRUNE DES FEUILLES

C'est une maladie qui apparaît généralement pendant et après l'épiaison (Avril-Mai), causée par l'agent pathogène : *Puccinia recondita f.sp. Tritici* sur le blé (Amrani, 2013). La Rouille brune est une maladie de plusieurs graminées dont : Blé, Seigle, Triticale, et le parasite attaque faiblement l'Orge, et pas du tout l'Avoine (Zillinsky, 1983).

Les symptômes se manifestent par des petites pustules, circulaires ou ovales de couleur orange ou brune, remplies de spores (urédospores), apparaissent sur la face

supérieure ou inférieure des feuilles. (Figure 4.2) En fin de saison ces pustules prennent une couleur noire (téleutospores) (Aouali et Douici-Khalfi, 2013).

3. ROUILLE NOIRE DES TIGES

Elle est causée par *Puccinia graminis* qui attaque le blé et d'autres céréales comme hôte principal et l'épinet vinette (*Berberis vulgaris*) comme hôte secondaire (Nasraoui, 2006).

Les pustules sont plus longues que celles de la Rouille brune, elles sont de couleur rouge-brique à marron foncé (Aouali et Douici-Khalfi, 2013). Elles sont elliptiques et se développent parallèlement à l'axe de la longueur de la tige, de la feuille et de la gaine. (Figure 4.3) Les pustules peuvent apparaître aussi sur le col et les glumes de l'épi (Nasraoui, 2006).

4. SEPTORIOSE

Depuis l'introduction des variétés semi-naines et précoces en 1969, Des attaques sévères de Septoriose sont observées au Maroc en années humides et pluvieuses, dont les pertes de rendement peuvent aller jusqu'à 40 % (MADREF/DERD. 2001). La Septoriose peut exister sous trois formes différentes, Tache septorienne (Figure 4.5) ou Septoriose des glumes (Figure 4.6) ou encore Helminthosporiose de blé (Figure 4.4).



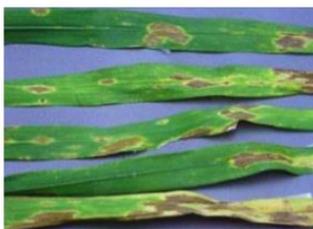
4.1 Rouille jaune sur feuilles de blé tendre



4.2 Rouille brune sur feuille de blé tendre



4.3 Rouille noire des tiges



4.4 Helminthosporiose sur feuille de blé tendre



4.5 Tache Septorienne



4.6 Septoriose des glumes

Figure 4 : Maladies du blé tendre (CECAMA, 2016).

IV. DIVERSITE AGRO-MORPHOLOGIQUE ET GENETIQUE DU BLE TENDRE

L'analyse de la diversité permet de comprendre les différences et les similitudes qui existent entre les accessions du blé tendre. Etudier la diversité permet également de déterminer l'unicité et la clarté de la constitution phénotypique et génétique du génotype. Elle est nécessaire pour l'identification des combinaisons parentales diverses et pour créer la progéniture de ségrégation avec la haute variabilité génétique pour la sélection.

Les critères d'évaluation de la diversité chez le blé peuvent être soit des caractères Agro-morphologiques, ou biochimiques ou encore des caractères moléculaires

1. MARQUEURS AGRO-MORPHOLOGIQUES

La quantification et la caractérisation phénotypique des différentes ressources génétiques constituent une étape préliminaire et indispensable pour l'évaluation de l'érosion génétique dans le temps. Cette dernière peut être due aux fluctuations climatiques et au remplacement des variétés traditionnelles par des variétés modernes (Jaaska, 2001).

L'analyse des descripteurs morphologiques et agronomiques permet de révéler la diversité telle qu'elle est perçue (Emperaire, 2003). Par ailleurs, ces marqueurs ont déjà été appliqués avec succès dans l'étude de la diversité morphologique du blé (Martin et Ruiz, 2000, Naghavi et Amirian 2005, Moragues *et al.*, 2006, Salem *et al.*, 2008, Ali *et al.*, 2013, Chentoufi *et al.*, 2014).

1.1. CRITERES AGRONOMIQUES

- **Précocité** : La précocité à l'épiaison et celle à la maturité sont souvent utilisées comme critère de sélection. La précocité au stade épiaison est une composante importante d'évitement des stress de fin de cycle chez le blé. Compte tenu de la distribution aléatoire des précipitations, l'adoption de variétés à cycle relativement court est nécessaire dans les régions arides à semi-arides (Mekhlouf *et al.*, 2006). Fischer et Maurer (1978) notent que chaque jour de précocité confère un gain en rendement de 30 à 85 kg/ha. En milieu où le gel tardif est une contrainte à la production des céréales, une précocité excessive n'est d'aucune utilité. Au contraire, elle risque d'être une source d'instabilité des rendements en grains. Une précocité modérée peut

cependant constituer un avantage lors de la reprise de la croissance après un bref stress (Bouzerzour, 1998).

- **Nombre de grains par épi** : C'est la composante de rendement la plus importante. Elle joue un rôle primordial dans la variabilité du rendement (Nachit, 1986). Selon Hamada (2000), ce paramètre dépend de la fertilité des épillets et peut s'associer à d'autres composantes du rendement. L'amélioration du rendement passe nécessairement par le raisonnement sur le nombre de grains par épi qui explique, à 75 %, les variations du rendement. Il est fonction du nombre d'épillets par épi et du nombre de grains par épillet. Ce nombre diminue au fur et à mesure que la densité en épis augmente. Dans une telle hypothèse, une augmentation se traduit par une diminution correspondante du poids de mille grains et une sensibilité à l'échaudage (Grignac, 1981).
- **Poids de 1000 graines** : Utilisé surtout dans la sélection des variétés pour caractériser la grosseur et la densité des grains, le poids de mille grains est un critère variétal très important. Grignac (1981) a précisé que le poids de mille grains diminue lorsque la fertilité de l'épi augmente. Ce poids dépend fortement des conditions climatiques et de la nutrition azotée durant la maturation. De ce fait, il subit des fluctuations liées, en particulier, à l'échaudage.

1.2. CARACTERES MORPHOLOGIQUES

Un paramètre morphologique ne peut, en toute rigueur, être utilisé en sélection qu'après vérification de son rôle effectif dans la tolérance aux stress, en particulier, à la sécheresse et après s'être assuré que son héritabilité est suffisante pour donner lieu à une sélection.

- **Barbe** : La longueur des barbes est un paramètre morphologique qui semble être étroitement lié à la tolérance au déficit hydrique terminal (Hadjji, 1985). Slama (2002) mentionne que la variété ayant la barbe la plus développée, sous contrainte hydrique présente le meilleur rendement. En plus, la présence des barbes augmente l'efficacité d'utilisation de l'eau et l'élaboration de la matière sèche lors de la phase de maturation du grain (Nemmar, 1980). Lors de la phase du remplissage des grains, la photosynthèse est moins sensible à l'action inhibitrice des hautes

températures chez les génotypes barbus comparativement aux génotypes glabres (Fokar *et al.*, 1998).

- **Caractères de l'épi :** Les caractéristiques de l'épi contribuent également à une limitation des pertes en eau (Febrero *et al.*, 1989). En raison de la sénescence des feuilles, d'autres organes peuvent jouer le rôle de relais. L'épi assure une activité photosynthétique importante au cours du remplissage du grain (Febrero *et al.*, 1990) et sa contribution à la photosynthèse de la plante entière serait comprise entre 13 % et 76 %, (Biscope *et al.*, 1975). En cas de déficit hydrique, la photosynthèse de l'épi participe au remplissage que la feuille étendard (Bammoun, 1997).

2. MARQUEURS MOLECULAIRES APPLIQUES SUR LE BLE

Le développement considérable des marqueurs moléculaire au cours de la dernière décennie a permis une meilleure compréhension du génome des céréales et la cartographie de plusieurs dizaines de locus liés à divers gènes d'intérêt agronomique.

Un marqueur moléculaire est un fragment d'ADN qui sert de repères pour suivre la transmission d'un segment de chromosome d'une génération à l'autre. Il est notamment utilisé pour rechercher les gènes qui gouvernent les caractères d'intérêt agronomique (Najimi *et al.*, 2003).

Les marqueurs moléculaires sont des outils très efficaces pour l'établissement de relations phylogénétique de parenté entre les individus et ils sont d'une grande importance dans l'amélioration des cultures à valeur agronomique et dans les programmes de SAM chez les céréales (Rafalski, 2002 ; Najimi *et al.*, 2003).

2.1. POLYMORPHISME DE LONGUEUR DES FRAGMENTS AMPLIFIES (AFLP)

L'AFLP permet de révéler de polymorphisme de sites de restriction et d'hybridation d'amorces arbitraires. Afin d'augmenter la quantité d'ADN, une préamplification est réalisée à l'aide d'amorces de séquence complémentaires. Une deuxième amplification sélective permet ensuite d'augmenter encore le nombre de fragments. Plusieurs fragments, peuvent donc être visualisés sur un gel d'acrylamide dénaturant suite à une coloration au nitrate d'argent ou révélés grâce à marquage radioactif ou fluorescent.

Toutefois, le coût élevé et les difficultés techniques liées au marquage par AFLP limitent son utilisation à grande échelle (Vos *et al.*, 1995 ; Najimi *et al.*, 2003).

2.2.AMPLIFICATION ALEATOIRE D'ADN POLYMORPHE (RAPD)

Il s'agit d'une amplification PCR des segments d'ADN génomique en utilisant des amorces arbitraires de taille courte. Une amorce RAPD permet généralement l'amplification d'une dizaine de fragments correspondant à des locus dominants. L'analyse par électrophorèse sur gel d'agarose des fragments amplifiés donnera un profil particulier, caractéristique de l'ADN de départ. Le polymorphisme révélé correspond à un polymorphisme de sites d'hybridation.

Cette technique ne nécessite pas de connaissance préalable de la séquence nucléotidique. Néanmoins, elle est très sensible à la concentration de l'ADN et aux conditions d'amplification (Williams *et al.*, 1990 ; Najimi *et al.*, 2003).

2.3. POLYMORPHISME DE LONGUEUR DES FRAGMENTS DE RESTRICTION (RFLP)

Développée en 1980 par Botstein *et al.*, cette technique permet la mise en évidence de la variabilité d'une séquence nucléotidique après digestion par des enzymes de restriction permettant la régénération de plusieurs fragments d'ADN de tailles variables. Les produits générés sont séparés sur un gel d'agarose et transférés par capillarité sur une membrane de nylon.

L'hybridation moléculaire s'effectue après la mise en contact de la membrane avec une solution contenant une sonde marquée par le phosphore radioactif ou associée à un conjugué enzymatique. (Botstein *et al.* 1980 ; Najimi *et al.*, 2003).

2.4. SIMPLES SEQUENCES REPETITIVES (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 (Morgante et Olivieri, 1993). Pour détecter ce polymorphisme on fait appel à la technique PCR. Une paire d'amorces spécifiques des bordures droite et gauche d'un microsatellite est utilisée pour amplifier le même microsatellite chez différents individus (Moulet *et al.*, 2008). L'analyse des produits amplifiés s'effectue par électrophorèse sur gel d'Acrylamide ou d'Agarose.

2.5.POLYMORPHISME NUCLEOTIDIQUE (SNP)

Les marqueurs SNP sont basés sur les différences de séquence aux positions de paires de bases uniques dans le génome. Les échanges de nucléotides simples dans les génomes sont nombreux, C'est pourquoi les marqueurs SNP fournissent une grande densité

de marqueur. Pour le génotypage à grande échelle requis dans les programmes de sélection assistée par marqueurs, les technologies basées sur l'électrophorèse sur gel nécessitent souvent un travail intensif. La forte densité de marqueurs SNP augmente la probabilité de trouver des polymorphismes dans un gène cible, ce qui offre un énorme avantage par rapport aux marqueurs précédents qui sont au mieux étroitement liés à un locus d'intérêt et non à l'intérieur (Xu & Crouch, 2008).

Il existe plusieurs méthodes de découverte SNP, soit en suivant l'approche de la base de données, où les SNP sont détectés par l'exploration de données de la séquence, ou encore suivant l'approche expérimentale, où les régions génomiques d'intérêt sont criblées pour les SNP avec l'une des nombreuses techniques développées pour la détection des SNP. Les sections d'ADN cibles sont des produits de PCR et les mésappariements avec la sonde révèlent des SNP dans le segment d'ADN cible amplifié. Les segments d'ADN mésappariés peuvent alors être séquencés comme le moyen le plus direct d'identifier les polymorphismes SNP (Gupta *et al.*, 2001, Rafalski, 2002, Weising *et al.*, 2005).

3. ASSOCIATIONS “CARACTERE-MARQUEUR MOLECULAIRE”

Les nouvelles techniques en biologie moléculaire et les méthodes en génétique des populations sont devenues plus efficaces pour acquérir des informations sur le polymorphisme génétique (FAO, 2008). Cependant, la plupart des caractères agronomiques importants tels que le rendement, la tolérance aux stress abiotiques, la résistance aux maladies et la qualité technologique sont des caractères polygéniques complexes contrôlés par des loci impliqués dans la variation d'un caractère quantitatif (« Quantitative Trait Loci », QTL).

Certainement, les QTLs sont d'une grande utilité dans l'amélioration des caractères d'intérêt. La méthode vise à lire partiellement, la valeur génotypique à l'aide des différents marqueurs ou loci de gènes (Charcosset et Gallais, 1996). Cependant, étant donné que ces QTLs sont régulièrement développés à partir d'un matériel génétique d'origine génétique limitée issu d'un croisement bi-parental, tel que des populations F2, des lignées recombinantes ou des populations double haploïdes (DH). Ceci peut générer de fausses associations marqueur-caractère (Caballero *et al.*, 2008 ; Nguyen, 2012). De ce fait, l'efficacité de ces marqueurs moléculaires doit être validée à travers l'analyse du phénotype ciblé chez des populations indépendantes et dans des environnements différents ; on parle alors de la validation de marqueur (Sharp *et al.*, 2001).

I. MATERIEL ETUDIE DANS LE SITE DE MARCHOUCH

1. MATERIEL VEGETAL

La présente étude a porté sur une population de F5 hybride composée de 164 plantes contenant 12 parents pour le contrôle. Elle est semée le 6 Décembre 2017. Cette F5 est issue d'un croisement entre deux variétés de blé tendre qui sont Kharoba et Florence, plantées dans la station expérimentale de l'ICARDA à Marchouch.

Le choix des lignées pour le programme de croisement tenait compte du rendement potentiellement élevé, la tolérance à la sécheresse et la résistance aux stress biotiques à savoir : Rouille jaune, Rouille brune et la Septoriose.

Le blé hexaploïde Kharoba utilisé comme parent exprimait des caractères intéressants tels que la résistance à la Rouille jaune, la Rouille brune et à la Septoriose, la présence de barbe, comme il contient le gène *Rt-B1b* qui réduit la taille de la plante. Tandis que Florence est bien adapté dans les milieux semi-arides en plus de sa qualité boulangère.

2. SITE EXPERIMENTAL

L'essai est réalisé dans la station expérimentale de Marchouch, appartenant au Centre International de la Recherche Agronomique dans les Milieux Arides (ICARDA), durant la campagne agricole 2017-2018.

Ce domaine est situé à 60 km au Sud de Rabat sur la route secondaire 106 reliant Rommani-Marchouch. Il a comme coordonnées géographiques 33°30'0" de latitude Nord, 6°42'35" de longitude Ouest et 446 mètres d'altitude.

Le type de sol dans cette station est argileux limoneux, Son climat appartient à un bioclimat subhumide marocain. La station est caractérisée par une pluviométrie annuelle moyenne de l'ordre 400 mm, avec des températures moyennes annuelles de l'ordre de -1.7 °C 8.3 °C (minima) et de 19.8 °C 37.6 °C (maxima) (Figure 5).

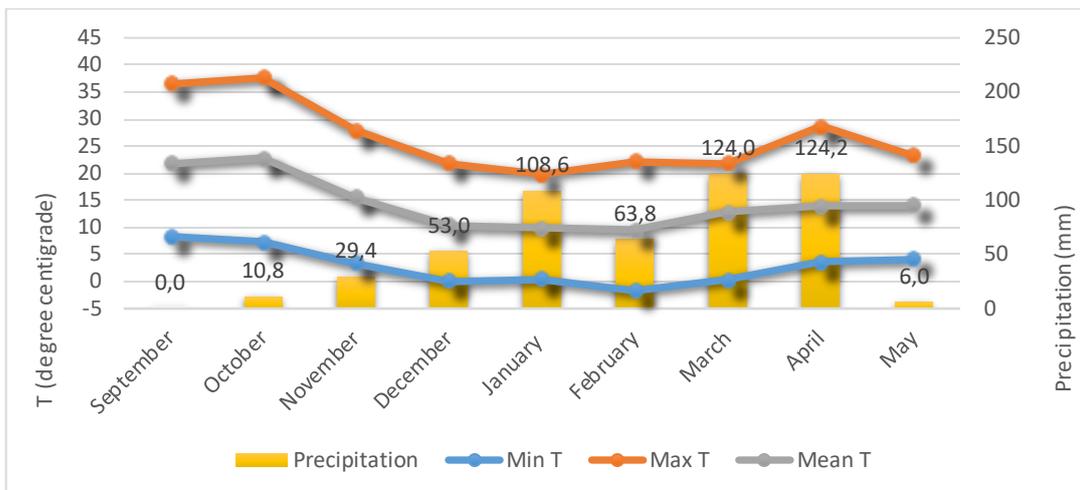


Figure 5 :Donnees meteorologiques de la station Marchouch en 2017-2018

Min T = temperature minimale; Max T = temperature maximale ; Mean T = temperature moyenne

3. DISPOSITIF EXPERIMENTAL

Les essais ont été conduits selon un dispositif expérimental en bloc. Chaque bloc est composé de 25 plantes dont les deux dernières sont des parents. L'ensemble des blocs est de 6 blocks. La répartition des blocks est schématisée dans la figure 6.

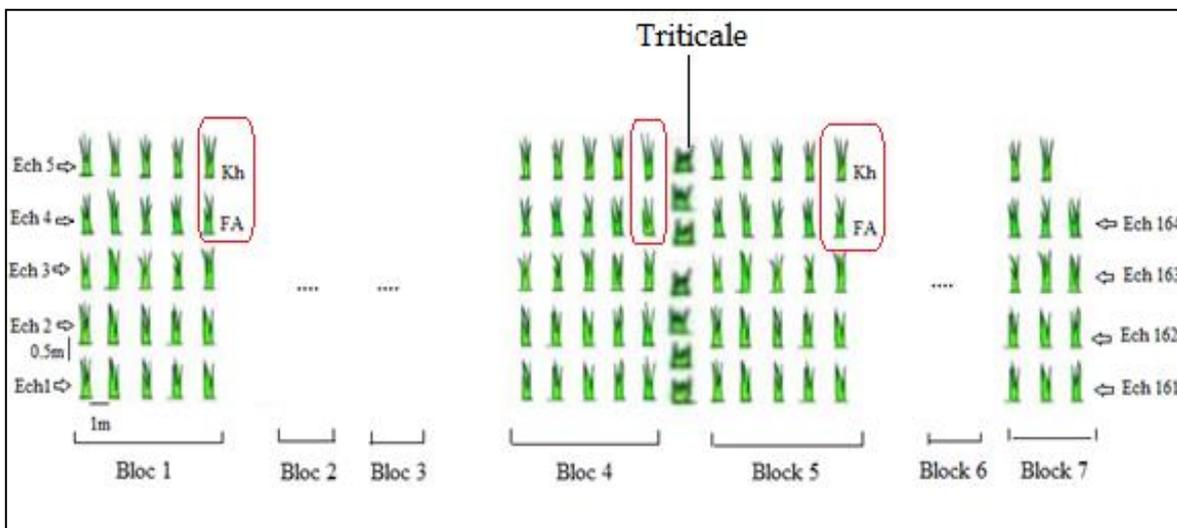


Figure 6 : Schéma du dispositif expérimental

.... :25 échantillons. ; Ech 1 : échantillon numéro 1 ; Kh : Kharouba ; FA : Florence Aurore

Triticale (*Triticosecale Wittm*): plante annuelle de la famille des *Poaceae* (graminées). C'est un hybride artificiel (amphiploïde) entre le blé (dur ou tendre) et le seigle. Il est cultivé comme céréale fourragère. Utilisé ici comme barrière.

Kh : Kharouba (00DHBW300), le premier parent est une variété marocaine qui a été sélectionnée à partir des doubles haploïdes dérivé du croisement Altar 84/Aegilops squarrosa 221//'Pastor'/3/k134(6)/'Veery'/'Bobwhite'/'Pavon'/4/'Tilila'. (Elhaddoury, *et al* 2012).

FA : Florence Aurore le second parent est une variété française sélectionnée en 1920 suite à un croisement entre deux variétés qui sont Florence et Aurore.

II. ETUDE PHENOTYPIQUE

La caractérisation des hybrides a été basée sur un ensemble de paramètres liés à la phénologie, la morphologie et les caractères agronomiques de la plante.

1. PARAMETRES PHENOLOGIQUES

La phénologie étant l'étude de l'influence des climats sur les phénomènes périodiques de végétation. Tous les stades de développement phénologiques sont déterminés selon l'échelle de Zadockset *al.*, (1974). Nous avons compté la durée des différentes phases du cycle de développement de la plante pour la totalité de la population étudiés : -Semis-Tallage, -Semis- Epiaison, -Semis- Maturité, quand 50 % des plantes par parcelle avaient atteint le stade donné.

2. PARAMETRES MORPHOLOGIQUES

2.1. Hauteur de la plante en cm

Nous avons mesuré la hauteur de la plante au stade maturité à partir du ras du sol jusqu'aux sommets des barbes de l'épi (Figure 7). Elle est exprimée en cm.



Figure 7 : Prise de la hauteur de la plante

2.2. LONGUEUR DES EPIS

Nous avons mesuré 3 répétitions d'épis de chaque échantillon, au stade maturité à partir de la base de l'épi (1er article du rachis) jusqu'au sommet de l'épillet terminal (Figure 8) Elle est exprimée en cm.



Figure 8 : Prise de la longueur des épis

2.3. LONGUEUR DES BARBES

Nous avons mesuré 3 répétitions de différents épis pour chaque échantillon, au stade maturité à partir du sommet de l'épillet terminal jusqu'au sommet des barbes. Elle est exprimée en cm.

3. PARAMETRES AGRONOMIQUES

3.1. TALLES HERBACEES

En faisant le tallage des parents comme référence, le tallage de chacun des hybrides est classé selon une échelle allant de tallage très élevé jusqu'à tallage très faible. Les observations ont été prises au stade de gonflement.

3.2. NOMBRE D'EPIS PAR ECHANTILLON

Déterminé par comptage direct des épis formé au stade maturité dans chaque échantillon. On déduit ensuite la moyenne des talles épis/échantillon.

III. SELECTION ASSISTEE PAR MARQUEURS

La sélection assistée par marqueurs moléculaires (SAM) est une méthode de sélection qui s'appuie sur la recherche d'un gène ou d'une caractéristique agronomique intéressante par la recherche du marqueur qui lui est étroitement lié (Moullé *et al.* ; 2008).

L'utilisation des marqueurs dans des schémas de rétrocroisement est certainement la forme de SAM la plus utilisée actuellement en amélioration des plantes. L'objectif de ce type de schéma (Figure 9) est de transférer un ou plusieurs allèles favorables provenant d'un parent donneur (souvent une mauvaise valeur agronomique) dans le fond génétique d'un parent receveur (souvent une lignée élite). Les plantes porteuses des allèles favorables peuvent être identifiées à l'aide de marqueurs (Moreau *et al.*, 2001 ; Moullé *et al.* ; 2008.). Cette sélection est particulièrement intéressante lorsque le caractère étudié est coûteux à évaluer ou influencé par les conditions climatiques (Moullé *et al.* ; 2008).

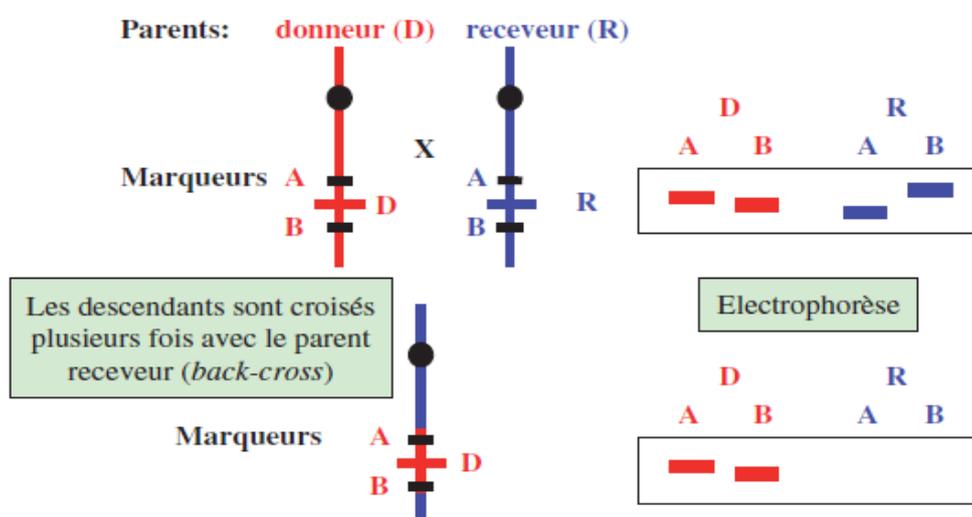


Figure 9 : Schéma d'introgression du gène D provenant du parent donneur dans le génome de la plante receveuse à l'aide des marqueurs A et B visualisés par électrophorèse.

Cette sélection est faite sur la base des caractères identifiables. 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 sur les gènes qui lui sont liés. L'utilisation des gènes marqueurs pour sélectionner des caractères d'intérêts désirables est dite sélection indirecte (Steele *et al.*, 2006).

En sélection classique, chaque parent fournit la moitié du patrimoine génétique de la descendance, les caractéristiques indésirables peuvent être transmises avec les caractéristiques recherchées, et il faut parfois poursuivre la sélection sur des générations pour éliminer les caractéristiques indésirables. A chaque génération, il faut tester les caractéristiques liées à la croissance, à la valeur nutritionnelle et au traitement de la descendance.

De nombreuses générations sont parfois nécessaires avant de trouver la bonne combinaison de caractéristique. La sélection basée sur le phénotype est donc un processus long, exigeant et coûteux, tant financièrement que par le temps nécessaire (Najimiet *al.*, 2003 ; Ranet, 2004 ; Feuillet *et al.*, 2008).

1. COLLECTE DES ECHANTILLONS

Les échantillons ont été collectés le 4 Mai 2018 à partir de la station expérimentale de Marchouch. Deux cercles d'un diamètre de 0.5cm sont prélevés pour chaque échantillon.

Ces prélèvements sont mis dans des plaques de collecte Captiva portant chacune 96 échantillons (Tableau 1 et 2). Puis les plaques ont été conservés à -80°C.

Tableau 1 : Plant de la plaque 1.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	1	2	4	6	7	8	9	10	11	12	13	14
B	15	16	17	18	19	20	21	22	23	26	27	28
C	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
D	41	42	43	44	45	46	48	51	52	54	55	56
E	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	68	69
F	70	71	72	73	76	78	79	80	81	83	84	85
G	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97
H	98	101	102	103	104	105	106	108	Kharoba	Florence	Blank	Blank

Tableau 2 : Plant de la plaque 2.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
A	109	110	111	112	113	114	115	117	119	121	123	126

B	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138
C	139	140	142	143	144	147	148	151	152	153	156	157
D	158	159	160	161	162	163	164	---	---	---	---	---
E	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
F	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
G	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---
H	---	---	---	---	---	---	---	---	kharoba	florence	Blank	Blank

2. LYOPHILISATION DES ECHANTILLONS

La lyophilisation est une opération de déshydratation à basse température et à basse pression qui consiste à éliminer principalement par sublimation, la majeure partie de l'eau contenue dans l'échantillon. Par abaissement de l'activité de l'eau, les vitesses de réactions biochimiques peuvent alors être fortement ralenties. C'est donc une technique de déshydratation qui permet de stopper le développement des microorganismes pour une conservation à long terme.

Le procédé de lyophilisation est composé de 3 étapes principales, successives et indissociables (Wang 2000) :

- La congélation qui transforme l'eau libre en cristaux de glaces ;
- La dessiccation primaire (sublimation) qui permet de sublimer les cristaux de glace formés ;
- La dessiccation secondaire (désorption) qui élimine l'eau liée et non congelée adsorbée à la surface des pores de la matière sèche ou incluse dans la masse du lyophilisat.

Figure 10 : Lyophilisateur utilisé.



3. SELECTION ASSISTEE PAR MARQUEURS SNP MOYENNANT LA TECHNOLOGIE KASP

L'étude a été réalisée en collaboration avec le laboratoire Intertek en Suède. Elle porte sur la sélection des individus de la génération F5 ayant reçus les gènes de résistance aux différents types de rouilles ainsi que le gène de semi-nanisme. Pour se faire, la technologie employée nommée KASP qui représente la manière la plus simple, la plus rentable et la plus flexible de déterminer à la fois les génotypes SNP et d'insertion / délétion. L'analyse peut être effectuée dans des formats de plaques de 96puits.

La PCR compétitive allélique de KBiosciences système de génotypage (KASP) est un homogène fluorescence, technologie de génotypage de point final.

La technologie a été initialement développée pour être utilisée au KBioscience installation de génotypage interne mais progressivement évolué en une technologie de référence mondiale.

Le mécanisme d'action derrière KASP est nouveau ; pour élucider, il faut d'abord considérer les oligonucléotides constitutifs :

- Deux amorces spécifiques à l'allèle (une pour chaque allèle SNP).
Chaque amorce contient une séquence de queue non étiquetée unique à l'extrémité 5'.
- Une amorce commune (inverse).
- Deux oligonucléotides marqués au fluor 5', l'un marqué avec FAM, l'autre avec HEX. Ces séquences oligonucléotides sont conçues pour interagir avec les séquences des queues des amorces spécifiques de l'allèle.
- Deux oligonucléotides, avec des quenchers liés aux extrémités 3'. Ces séquences d'oligonucléotides sont complémentaires de celles des oligonucléotides marqués au fluor (et donc complémentaires des queues des amorces spécifiques des allèles). Ces oligonucléotides trempés se lient donc à leurs compléments marqués au fluor et tout le signal fluorescent est désactivé jusqu'à ce qu'il soit nécessaire.

L'étude des différents gènes a nécessité l'utilisation de dix amorces différentes (Tableau 3) ; et les gènes étudiés sont :

Tableau 3 : Gènes ciblés et amorces utilisées.

Gene	Catégorie	Nom SNP	SNP/Indel	Amorces
Lr34	Rouille	Lr34_TCCIND	TCC Ins/Del	GGTATGCCATTTAACATAATCAT GAA
Sr2	Rouille	Sr2_ger9 3p	G/A	GTGCGA GACATCCAACA CTCA C
Lr68	Rouille	Lr68-2	C/T	CGTGTCTTGGACCTGAGCAAT
Rht-B1	Hauteur de Plante	Rht-B1_SNP	C/T	CCCATGGCCATCTCSA GCTG
Rht-D1	Hauteur de Plant	Rht-D1_SNP	G/T	CATGGCCATCTCGA GCTRCTC
Lr19/Sr25	Rouille	TAKS002324 (Sr25)	C/T	TTCATCAATTAACGAAGTCAA GT CG
Lr67	Rouille	Lr67_TM4	G/C	TCATCATCGGCA GGATCCTGCTT C
Sr22	Rouille	Sr22_A_AL-Sus- T	T/A	TTACTCAATTACTTCCATAAGTT CCTACT
Lr46	Rouille	Lr46_SNP1G22	G/A	ACCCATGGCTTTGGCTCCG
Lr37/Yr17/Sr38	Rouille	VPM_SNP	C/T	CGCCGTTCCGAA YACGA GA

3.1. GENE Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18

Lr34 a été décrit pour la première fois chez le cultivar Frontana en 1966 (Dyck *et al.*, 1966). Il est situé sur le bras court du chromosome 7D, près du locus Xgwm295. Il fournit une résistance végétale adulte durable et non spécifique mais son effet est plus réduit que celui des gènes spécifiques à la race.

Lr34 a été récemment cloné (Krattinger *et al.*, 2009) et il a été montré qu'il s'agit du même gène que Yr18 (résistance à la rouille des plantes adultes) et résistance à l'oïdium (Pm38).

3.2. GENE Lr37-Yr17-Sr38

Ce segment contenant trois gènes de résistance à la rouille Lr37, Yr17 et Sr38 conférant ainsi une résistance à la rouille des feuilles (*Puccinia triticina*Eriks), à la rouille jaune (*Puccinia striiformis* Oueat) et à la rouille noire (*Puccinia graminis*Pers.F. *Tritici* Eriks.etE.Henn.) Respectivement.

Des races de rouille virulentes aux gènes de résistance Lr37 et Yr17 ont déjà été identifiées (Robertet *al.*, 1999). Cependant, ces gènes offrent encore une résistance à un large éventail de races et peuvent être utilisés en combinaison avec d'autres gènes de résistance à la rouille.

3.3. GENE Lr46-Yr29

Lr46 a été décrit pour la première fois en 1998 par Singh et son groupe et situé sur le chromosome 1B. (Martinez *et al.*, 2001) ont montré que la période de latence des plantes adultes infectées était significativement plus faible chez les plantes portant Lr46 par rapport aux témoins sans le gène. Lr46 était également responsable d'une augmentation de la fraction des colonies fongiques avortées précocement. Le type de résistance conféré par Lr46 est similaire à celui de Lr34, mais avec un effet moindre.

Le gène de résistance à la rouille des feuilles Lr46 est un gène rouillant lentement. Ces gènes ne confèrent pas à la plante hôte une immunité complète contre un ensemble de races de rouille des feuilles (*Puccinia triticina*); au lieu de cela, ils peuvent retarder le processus d'infection ou réduire le développement des symptômes causés par une plus large gamme de races de rouille des feuilles sur les plantes adultes.

En 2003, William et son groupe ont utilisé des marqueurs AFLP pour cartographier Lr46 à l'extrémité distale de 1BL. Les auteurs ont également trouvé que Lr46 était étroitement lié ou pléiotropique à un gène de résistance à la rouille jaune appelé Yr29.

3.4. GENE Lr19-Sr25

Sr25 a été transféré dans le blé à partir de *Thinopyrum ponticum*. Sr25 et le gène lié à la résistance à la rouille des feuilles Lr19 ont été transloqués sur le long bras des chromosomes 7D du blé (Friebe *et al* 1994).

Lr19 est l'un des rares gènes largement efficaces conférant une résistance à la rouille des feuilles chez le blé. Et jusqu'à 2010, Lr19 fournit toujours une résistance efficace contre toutes les races de rouille des feuilles en Syrie, au Liban et en Turquie (Kassem *et al.*, 2010).

3.5. GENE Lr68

Lr68 est un gène de résistance des plantes adultes, conférant une résistance à la rouille lente à la rouille des feuilles du blé causée par *Puccinia triticina*. Ce gène, anciennement désigné LrP, a été décrit pour la première fois dans le blé pain de printemps CIMMYT Parula.

3.6. GENE Sr22

Le gène Sr22 a été identifié à l'origine chez l'espèce de blé diploïde *Triticum monococcum* ssp.(Kerber *et al* 1973). Il a ensuite été transféré au blé tétraploïde et hexaploïde par des hybridations interspécifiques. Sr22 est efficace contre Ug99.Sr22 a été précédemment cartographiée sur le bras long du chromosome 7A (Khan *et al.*, 2005).

3.7. GENE Sr2

Sr2 est un gène de résistance à la rouille de la tige qui a été utilisé en amélioration pendant environ 60 ans comme une source de résistance durable et à large spectre pour les plantes adultes, qui comprend la résistance à Ug99 et à ses isolats apparentés. Sr2 est situé sur le bras court du chromosome 3B et ne confère une résistance partielle qu'à l'état homozygote (gène de résistance récessif).

3.8. GENE Rht-B1

Responsable de la réduction de la taille des plantes, ce gène est localisé sur le chromosome 4B.il est également connu sous le nom de «gène de la révolution verte», a été introduit par des méthodes de sélection classiques dans plusieurs cultivars. Il produit des plantes plus courtes, augmente le rendement en grain, le coût de la biomasse de la paille et résiste mieux aux dommages causés par le vent et la pluie.

3.9. GENE LR67-YR46-SR55-PM46

Présent sur le chromosome 7D, Lr67 est phénotypiquement similaire à Lr34 car il pourrait également être associé à la résistance à la rouille noire et à la rouille jaune, bien que Lr67 confère un niveau de résistance à la rouille inférieur à celui induit par Lr34.

3.10. GENE RHT-D1

Le gène nanisant Rht-D1b a conduit à des augmentations impressionnantes des rendements de blé au cours de la Révolution verte. La réduction de l'allongement de la tige chez les variétés contenant ces allèles est causée par une réponse limitée à la gibbérelline phytohormone (GA), ce qui entraîne une résistance améliorée à l'hébergement de la tige et des avantages de rendement grâce à une augmentation du nombre de grains.

La population sujette d'étude est composée de 164 échantillons, contenant 2 parents pour le contrôle. Dans cette population 23 échantillons n'ont pas germé. Ils ne sont pas pris en considération au cours de l'étude.

I. ETUDE PHENOTYPIQUE DU BLE TENDRE

1. PARAMETRES PHENOLOGIQUES

1.1. DUREE DE LA PHASE "SEMIS –EPIAISON"

La durée du cycle de la semi-épiaison chez Kharoba est de 121 jours, alors que celle de Florence est de 114 jours. Ledit cycle chez les hybrides F5 varie de 96 à 140.jours(Figure 11 et Annexe 2).

Plusieurs auteurs affirment que la précocité d'une variété est déterminée à partir de la durée de cycle de développement allant du semi à l'épiaison.

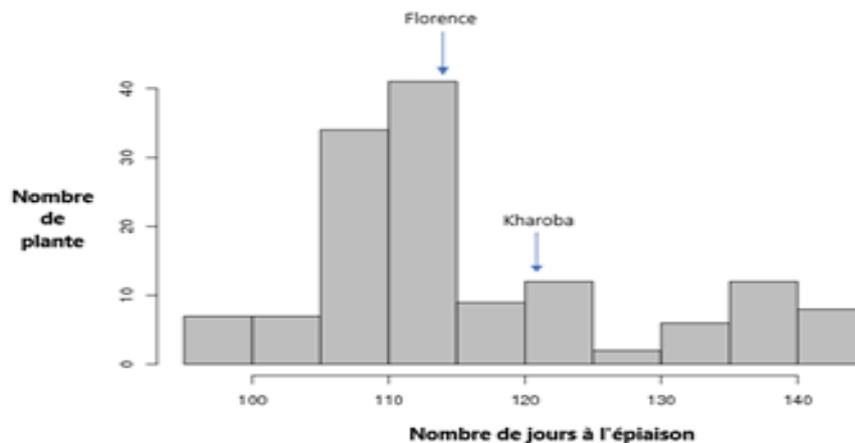


Figure 11 : Histogramme du nombre des jours à l'épiaison.

Selon les phases du cycle biologique des hybrides étudiés et à la lumière des résultats obtenus, nous pouvons classer les échantillons en quatre groupes principaux (Tableau 4) :

- Sont considérés très précoces, les individus ayant une durée d'épiaison allant de 95 à 110 jours. Ces individus plus précoces que le parent "Florence", représentent 34.78 %de la population étudiée ;
- La classe des hybrides précoces, dont la durée d'épiaison oscille de 110 à 125 jours, a un pourcentage de 44.61% ;
- Tandis que les individus semi tardifs prenant de 125 à 135 jours pour l'épiaisonreprésentent5.8% de la population ;

- Font le cas de plantes tardives, les échantillons qui dépassent 135 jours pour atteindre le stade d'épiaison. Elles sont en pourcentage de 14.49%.

Nos résultats sont en désaccord avec ceux obtenus par Allam *et al.* (2015) basé sur une classification signalée par Couvreur (1985), Ces auteurs suggèrent qu'une variété est considérée comme précoce si la durée est inférieure à 100 jours. Elle est semi précoce si la durée se situe entre 100 et 120 jours ; et tardive si cette durée dépasse 120 jours. Cependant, Bousba (2012) enregistre une période d'épiaison allant de 138 à 142 jours.

Plusieurs études expliquent l'intérêt de la précocité comme un mécanisme que la plante utilise pour s'échapper à la sécheresse. Selon Berger (1985), la précocité au stade épiaison est associée à la réduction de la hauteur du chaume et à l'augmentation de la capacité du tallage-épi. Une plus grande persistance de la chlorophylle, donc de l'activité photosynthétique post-anthèse, est souvent notée chez les génotypes précoces (Al Hakim *et al.* 1996).

Tableau 4 : Données statistiques du nombre de jours à l'épiaison.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage / classe	Groupe	Pourcentage / groupe
[95,100[7	0.051	5.072 %	Très précoce	34.78 %
[100,105[7	0.051	5.072 %		
[105,110[34	0.246	24.637 %		
[110,115[41	0.297	29.710 %	Précoce	44.61 %
[115,120[9	0.065	6.521 %		
[120,125[12	0.087	8.697 %		
[125,130[2	0.015	1.449 %	Semi tardif	5.8 %
[130,135[6	0.043	4.347 %		
[135,140[12	0.087	8.695 %	Tardif	14.49 %.
[140,145]	8	0.058	5.797 %		

1.2. DUREE DE LA PHASE "SEMI-FLORAISON"

Pour atteindre le stade de floraison, le parent Florence nécessite 121 jours, alors que Kharoba a besoin d'une durée de 125 jours. Le cycle semi-floraison peut prendre chez les hybrides F5 de 106 à 150 jours (Figure 12 et Annexe 2).

À la lumière des résultats obtenus, nous pouvons classer les échantillons en quatre groupes principaux (Tableau 5) :

- La classe des individus très précoces à la floraison couvrant un pourcentage de 33.93 % nécessitait une durée inférieure par rapport au parent précoce. Cette durée varie de 106 à 114 jours ;
- Les individus précoces prennent de 118 à 129 jours pour atteindre le stade floraison ;
- Les échantillons semi tardifs sont présents en pourcentage de 11.5%. Leur durée pour ce cycle nécessite approximativement 130 à 140 jours ;
- Les hybrides tardifs prennent plus que 140 jours pour fleurir. Ils sont au nombre de 13. C'est le cas pour les accessions 8, 39 et 88.

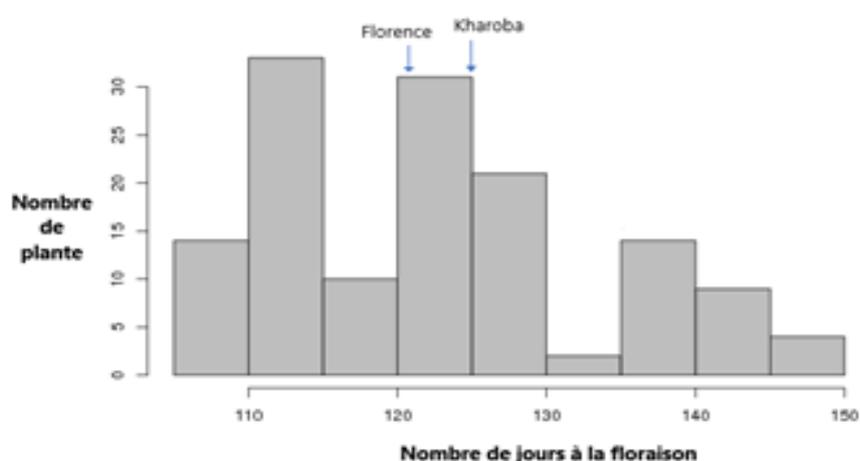


Figure 12 : Histogramme du nombre des jours à la floraison.

Tableau 5 : Données statistiques du nombre de jours à la floraison.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage / classe	Groupe	Pourcentage / groupe
[105,110[14	0.101	10.014%	Très précoce	33.93 %
[110,115[33	0.239	23.913%		
[115,120[10	0.072	7.246%	Précoce	44.93%
[120,125[31	0.225	22.464%		
[125,130[21	0.152	15.217%		
[130,135[2	0.014	1.45%	Semi tardif	11.5 %.
[135,140[14	0.101	10.045%		
[140,145[9	0.065	6.521%	Tardif	9.42%0
[145,150]	4	0.029	2.899%		

1.3. DUREE DE LA PHASE "SEMIS-ANTHESE"

Le stade anthèse est caractérisé par la sortie des anthères de 50% des épis de la plante. Pour arriver à ce stade, les deux parents ont besoin de 135 jours (Figure 13).

En se basant sur ce caractère, les hybrides de la population F5 sont donc divisés en trois catégories (Tableau 6) :

- Les individus très précoces sont au nombre de 55. Leur durée du cycle semis-anthèse nécessite 110 à 130 jours.
- Les individus fréquemment rencontrés ayant une durée du cycle allant de 130 à 145 jours représentent les hybrides précoces.
- La troisième catégorie regroupe les individus tardifs qui nécessitent plus que 145 jours pour arriver au stade d'anthèse.

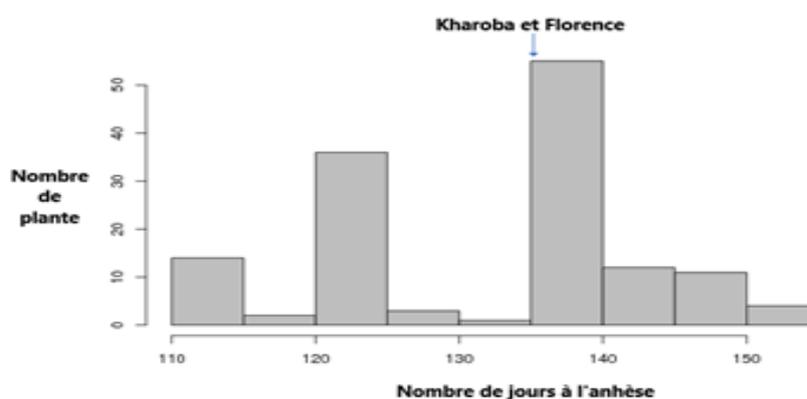


Figure 13 : Histogramme du nombre des jours à l'anthèse.

Tableau 6 : Données statistiques du nombre de jours à l'anthèse.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage / classe	Groupe	Pourcentage / groupe
[110,115[14	0.101	10.145%	Très précoce	39.85%
[115,120[2	0.014	1.449 %		
[120,125[36	0.261	26.087 %		
[125,130[3	0.022	2.174 %	Précoce	49.28%
[130,135[1	0.007	0.725 %		
[135,140[55	0.398	39.855 %		
[140,145[12	0.087	8.695 %	Tardif	10.87%
[145,150[11	0.079	7.971 %		
[150,155]	4	0.029	2.898 %		

1.4. DUREE DE LA PHASE "SEMIS-GROSSISSEMENT"

Connu aussi sous nom du "grain laiteux", c'est au cours de ce stade que la formation précoce du grain se produit. L'endosperme en développement commence comme un fluide laiteux qui augmente dans les solides au fur et à mesure que le stade du lait progresse. La taille du noyau augmente rapidement pendant cette étape.

Pour la précocité au grossissement, la population d'étude peut être subdivisée en trois groupes (Figure 14 et Tableau 7).

- Groupe très précoce au grossissement : le pourcentage des individus ayant atteint ce stade avant le parent précoce est de 44.2%. Notons que la durée de ce cycle chez Florence et Kharoba est de 147 et 149 jours respectivement ;
- Le second groupe, considéré précoce, nécessite 145 à 155 jours pour arriver au grossissement ;
- Le troisième groupe composé de 31 individus tardifs, a besoin d'une durée de 155 à 165 jours pour atteindre ce stade.

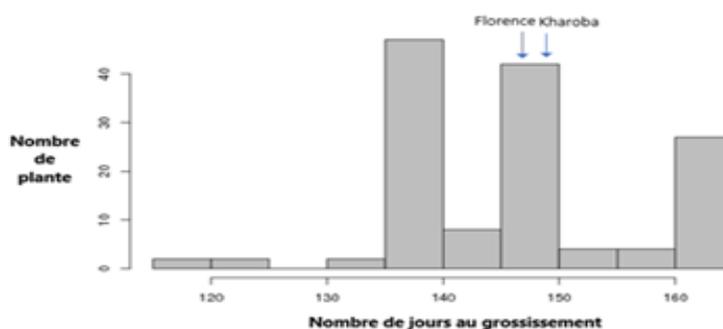


Figure 14 : Histogramme du nombre des jours au grossissement.

Tableau 7 : Données statistiques du nombre de jours au grossissement.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage / classe	Groupe	Pourcentage / groupe
[115,120[2	0.014	1.449 %	Très précoces	38.405%
[120,125[2	0.014	1.449 %		
[125,130[0	0	0		
[130,135[2	0.014	1.449 %		
[135,140[47	0.341	34.058 %	Précoces	39.13%
[140,145[8	0.058	5.797 %		
[145,150[42	0.304	30.435 %		
[150,155[4	0.029	2.898 %	Tardifs	22.463%
[155,160[4	0.029	2.898 %		
[160,165]	27	0.196	19.565 %		

1.5. DUREE DE LA PHASE "SEMIS- MATURITE"

Les variétés Kharoba et Florence nécessitent 163 jours pour mûrir.

L'analyse des résultats de la population F5 permet d'identifier la précocité à la maturité de certains échantillons, particulièrement :12, 48, 53 et 159 prenant moins de 163 jours, et la tardivité de 27 individus tel que le 8, 21, 31, 32, 34, 39, 45, 51, 54, 58, 60, 64, 69, 83, 88, 89, 91. Ces derniers n'étaient pas encore matures jusqu'à fin Mai Ils sont considérés très tardifs. (Figure 16, Tableau 5 et Annexe 2).

Pour ce cycle, le groupe précoce est le plus abondant. Il est formé de 100 individus et prend entre 163 à 166 jours pour murir.

Les individus 1, 9, 55, 57, 110, 112, 121, ont montré une durée allant de 167 à 169 jours nécessaires pour arriver au stade mature.

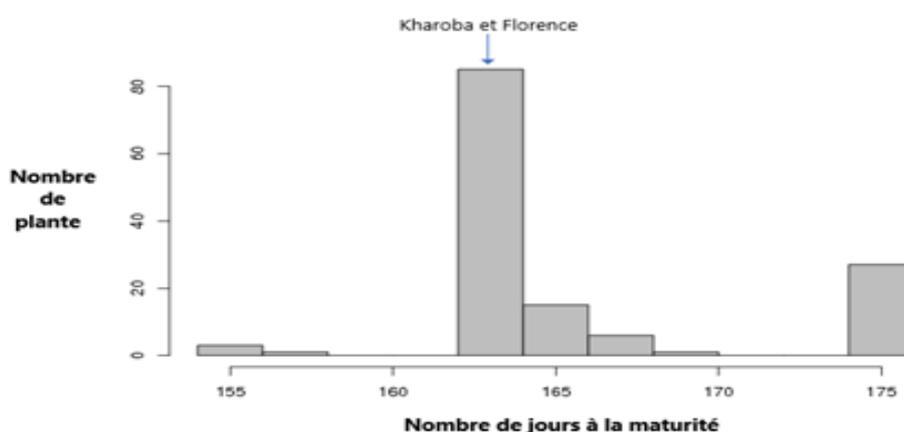


Figure 15 : Histogramme du nombre des jours à la maturité.

Tableau 8 : Données statistiques du nombre de jours à la maturité.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage	Groupe	Pourcentage / groupe
[154,156[3	0.022	2.174%	Très précoces	2.9%
[156,158[1	0.007	0.724%		
[158,160[0	0	0		
[160,162[0	0	0		
[162,164[85	0.616	61.594%	Précoces	72.463%
[164,166[15	0.109	10.869%		
[166,168[6	0.043	4.347%		
[168,170[1	0.007	0.724%		
[170,172[0	0	0	Tardifs	19.565%
[172,174[0	0	0		
[174,176[27	0.196	19.565%		

Mekhloufet *al.* (2006) suggèrent qu'une variété tardive, est moins apte à éviter le déficit hydrique et les hautes températures de fin de cycle. La croissance à des températures relativement plus basses permet à la plante d'utiliser plutôt les ressources offertes par le milieu, ce qui lui confère plus de possibilités de donner un meilleur rendement en grains.

Cependant Abbassenneet *al.* (1997) préconisent, pour les régions semi-arides, des génotypes tardifs à l'épiaison et précoces à maturité. Ces variétés minimisent le risque vis-à-vis de la contrainte des basses températures printanières.

Les génotypes tardifs valorisent peu, sous forme de grains produits par unité de surface, la matière sèche totale accumulée au stade épiaison. Ces variétés investissent peu d'hydrates de carbone dans les épis et à cause des effets des stress thermique et hydrique, beaucoup de leurs talles avortent (Kadi, 2012).

2. PARAMETRES MORPHOLOGIQUES

2.1. HAUTEUR DE LA PLANTE

La hauteur des plantes varie de 60 à 125cm, valeur maximale enregistrée chez les variétés 9, 18 et 104 avec une moyenne globale de 95cm (Annexe 3 et Figure 16).

La valeur de la hauteur des plantes permet d'individualiser trois groupes (Tableau 9) différents : hautes, semi-naines et naines. Cependant, la catégorie la plus abondante dans la population étudiée est la semi-naine où la hauteur oscille de 80 à 110 cm.

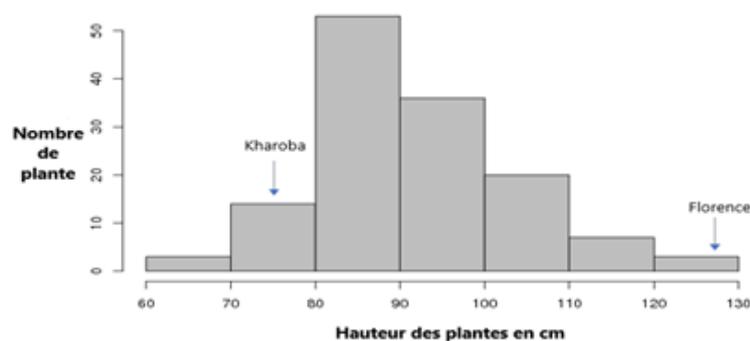


Figure 16 : Histogramme de la hauteur de la plante.

Plusieurs auteurs cités par Allam *et al.* (2015) indiquent que les variétés de céréales les plus tolérantes à la sécheresse sont des variétés à paille hautes. Selon les mêmes auteurs, cette tolérance est induite par un développement racinaire important en profondeur permettant l'extraction de l'eau des horizons profonds.

Tableau 9 : Données statistiques de la hauteur de la plante.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage / classe	Groupe	Pourcentage / groupe
[60,70[3	0.022	2.206%	Naines	12.5%
[70,80[14	0.103	10.294%		
[80,90[53	0.390	38.970%	Semi-naines	81.146%
[90,100[36	0.265	26.470%		
[100,110[20	0.147	14.706%		
[110,120[7	0.051	5.147%	Hautes	7.353
[120,130]	3	0.022	2.206%		

Zapata *et al.* (2004) ont comparé des lignées de blé tendre isogénique qui portaient les gènes nains Rht1 et / ou Rht2 avec une ligné parentale qui ne portait pas ces gènes (ligné haute). Les isolignes semi-nains (60 à 100 cm) avaient 21% de plus de rendement que de grandes plantes dans tous les environnements.

2.2. LONGUEUR DE BARBES

Ce paramètre varie entre 2 et 10.5 cm observée chez les échantillons 8, 12, 35, 70, et 159. Nous avons enregistré une moyenne de 6.25 cm (Annexe 3 et Figure 17). Il est à noter que la barbe chez Kharoba est de 9 cm, alors que chez Florence, elle ne dépasse pas 4 cm.

L'analyse des moyennes de la longueur de barbes chez la population d'étude fait ressortir les quatre groupes (Tableau 10) suivants :

- Un groupe ayant une longue barbe, mesurant 8 cm ou plus. Ce groupe comprend les individus 1, 7, 16, 30, 31, 43, 44, 69, 104, 115, 159, 160, 162 et 163.
- Un deuxième groupe, englobe les plantes ayant une barbe de longueur moyenne variant de 2 à 4 cm, présente une fréquence de 0.30.
- Le troisième groupe ayant une barbe allant de 4 à 8 cm est le plus abondant.
- Les individus 2, 6, 15, 18, 19, 37, 38, 45, 48, 53, 68, 83, 88, 93, 97, 105, 108, 111, 113, 114, 117, 126, 127, 131, 138, 139, 144, 153 et 164 constituent le quatrième groupe contenant les individus n'ayant pas de barbe.

Les barbes peuvent améliorer le rendement en conditions de sécheresse par augmentation de la surface photosynthétique de l'épi (Slama *et al.* ; 2005) après la sénescence de la feuille étendard (Bouzerzour, 2004). Cependant selon Hanifi -Mekliche *et al.*, (1998) leur présence n'apparaît pas comme un critère d'adaptation à la sécheresse.

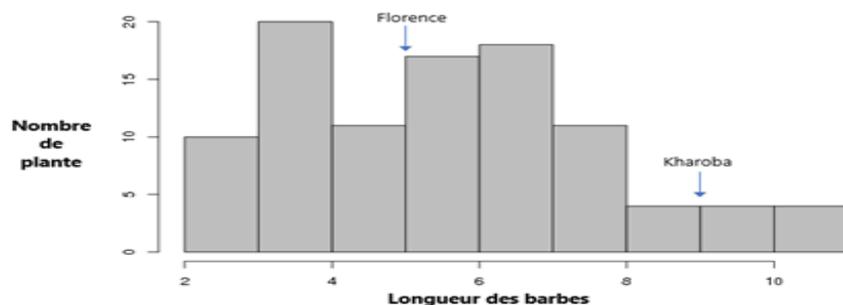


Figure 17 : Histogramme de la longueur des barbes.

Tableau 10 : Données statistiques de la longueur de la barbe.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage	Groupe	Pourcentage / groupe
[2,3[10	0.101	10.101%	Courte barbe	30.303%
[3,4[20	0.202	20.202%		
[4,5[11	0.111	11.111%	Barbe moyenne	57.576%
[5,6[17	0.172	17.172%		
[6,7[18	0.182	18.182%		
[7,8[11	0.111	11.111%		
[8,9[4	0.040	4.040%	Longue barbe	12.12%
[9,10[4	0.040	4.040%		
[10,11]	4	0.040	4.040%		

2.3. LONGUEUR DE L'ÉPI

La longueur de l'épi chez Kharoba mesure 7.5 cm, alors que celle de Florence est de 10 cm (Figure 18).

Les résultats obtenus pour ce caractère montrent que l'épi le plus long mesure 15 cm est observé chez l'hybride 105 (Annexe 3). Par contre, neuf échantillons ont un épi de longueur inférieure à 8 cm (Tableau 11). 93.38 % de la population possède un épi mesurant plus de 8 cm. La moyenne des épis de toute la population est de l'ordre de 10.75 cm.

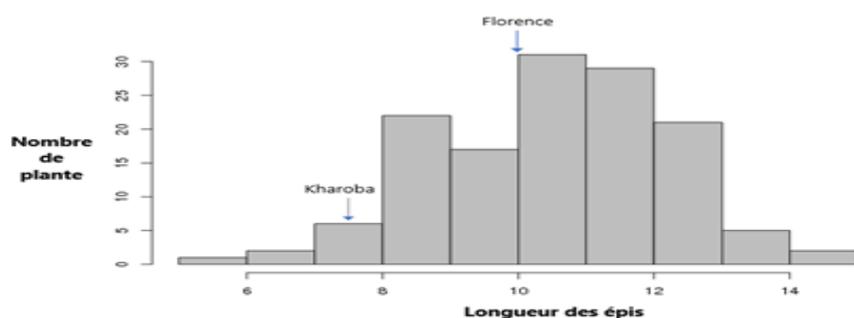


Figure 18 : Histogramme de la longueur des épis.

Tableau 11 : Données statistiques de la longueur des épis.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage / classe	Groupe	Pourcentage / groupe
[5,6[1	0.007	0.735%	Epi court	6.617%
[6,7[2	0.015	1.470%		
[7,8[6	0.044	4.412%		
[8,9[22	0.162	16.176%	Epi moyen	72.793%
[9,10[17	0.125	12.5%		
[10,11[31	0.228	22.794%		
[11,12[29	0.213	21.323%		
[12,13[21	0.154	15.441%	Epi long	20.573%
[13,14[5	0.037	3.676%		
[14,15]	2	0.015	1.470%		

D'après Djekoun *et al.* (2002) une longueur élevée de l'épi est un paramètre prédictif d'un indice de récolte et d'un potentiel de rendement élevé.

De même plusieurs auteurs (Blum, 1985 ; Febrero *et al.*, 1990 ; Monneveux et This, 1997) montrent le rôle important d'un épi long dans la photosynthèse et la transpiration ainsi que à la contribution à la production des assimilats pour le remplissage de grains.

3. PARAMETRES AGRONOMIQUES

3.1. TALLAGE HERBACEE

Chez les parents, la meilleure capacité de tallage est observée chez la variété Kharoba. La population F5, et selon la capacité de tallage, peut être subdivisée en six catégories (Annexe4 et Tableau 12) :

- Tallage élevé
- Tallage bas
- Tallage très bas
- Tallage moyennement élevé
- Tallage moyennement bas
- Tallage très élevé

La capacité de tallage est considérée et reconnue comme l'un des principaux traits de plasticité en réponse à des conditions environnementales différentes (Mossad *et al.*, 1995. Acevedo *et al.*, 2002). La puissance de tallage est pour certains auteurs l'origine d'une consommation d'eau non traduite par une production conséquente en épis et en grains. Ceci diminue alors l'efficacité de l'utilisation de l'eau par la plante quand elle est confrontée à une contrainte hydrique.

Tableau 12 : Pourcentage de la capacité de Tallage chez la population F5.

Capacité de Tallage	Effectif	Pourcentage
H	42	31%
L	15	11%
VL	5	4%
MH	41	30%
ML	7	5%
VH	26	19%

H = élevé **L** = Bas **VL** = très bas
MH = Moyennement élevé **ML** = Moyennement bas **VH** =Très élevé

Un bon tallage herbacé combiné avec une grande surface foliaire n'est pas désirable sous de telles conditions. En revanche, un tallage herbacé élevé couplé à une surface foliaire réduite pourrait mieux convenir (Melki et Dahmane, 2008).

3.2. NOMBRE D'EPIS PAR PLANTE

Kharoba possède 19 épis par plante, alors que Florence en possède 28 (Annexe 3).

L'analyse des résultats obtenus de la population hybride (Annexe3et Figure 19), nous permet de subdiviser cette population en différentes classes :

- La première classe contient les individus ayant un nombre d'épis variant de 5 à 19 épis par plante. Elle représente 26.47% de l'ensemble de la population (Tableau 13).
- La deuxième classe, formée des hybrides contenant un nombre d'épis compris entre 20 et 40. Cette catégorie, est la plus abondante avec un pourcentage de 60.3% de la population.
- La troisième classe comprend les individus dont le nombre d'épis est supérieur à 40. Elle est formée de 18 individus.

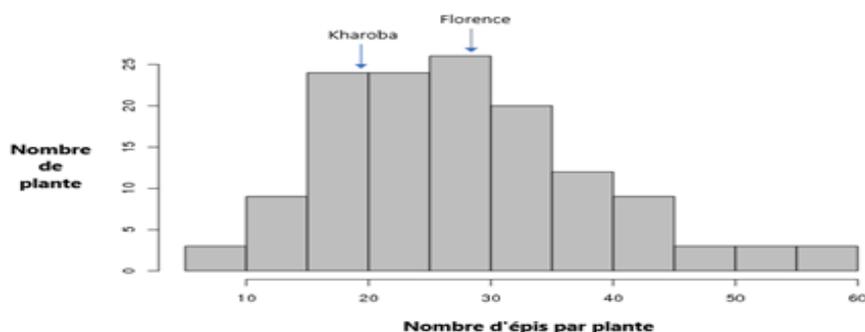


Figure 19 : Histogramme du nombre d'épis par plante.

Tableau 13 : Données statistiques du nombre d'épis par plante.

Classe	Effectif	Fréquence	Pourcentage / classe	Groupe	Pourcentage / groupe
[5,10[3	0.022	2.206%	Faible	26.47%
[10,15[9	0.066	6.617%		
[15,20[24	0.176	17.647%		
[20,25[24	0.176	17.647%	Moyen	60.3%
[25,30[26	0.191	19.117%		
[30,35[20	0.147	14.706%		
[35,40[12	0.088	8.823%		
[40,45[9	0.066	6.617%	Elevé	13.235%
[45,50[3	0.022	2.206%		
[50,55[3	0.022	2.206%		
[55,60]	3	0.022	2.206%		

II. SELECTION ASSISTEE PAR LES MARQUEURS SNP

Les résultats de la sélection assistée par les marqueurs SNP sont reçus dans un tableau résumant l'existence ou pas des différents gènes étudiés chez l'ensemble de la population (Annex 5)

1. GENE DE SEMI-NANISME (RHT-B1)

Le parent Kharoba contient le gène de semi nanisme (*Rht-B1*), alors que Florence n'en possède pas. Ce gène responsable de la réduction de la taille produit des plantes semi-naines, augmente le rendement en grain et donne à la plante une résistance à la verse, d'où son intérêt dans les programmes de sélection.

Le tableau 9 montre le polymorphisme nucléotidique qui gère le phénotype dans les cas de présence ou absence du gène *Rht-B1*.

La population d'étude F5 contient 51% des plantes ayant reçu le gène *Rht-B1*, alors que 37,78% ont l'allèle C :C du parent Florence ce qui donne une hauteur à la plante (Figure 20).

Tableau 14 : Polymorphisme nucléotidique du gène *Rht-B1*.

Gène	Catégorie	SNP/Indel	SNP/Indel	Allèle	Phénotype
Rht-B1	Hauteur de la plante	C/T	C	<i>Rht-B1a</i>	Plante haute
			T	<i>Rht-B1b</i>	Plante semi-naine

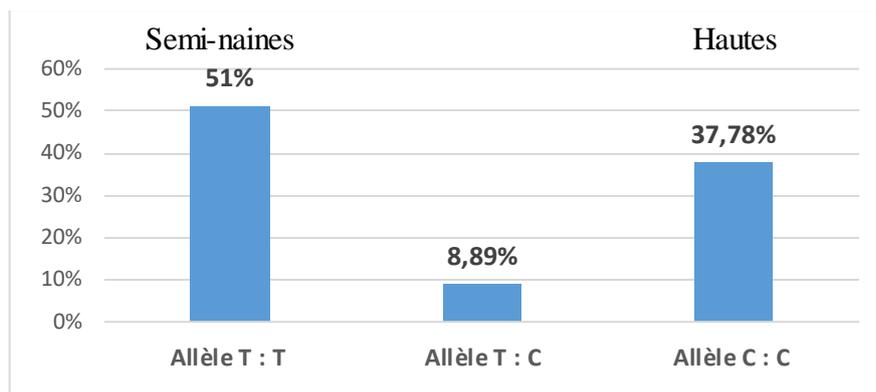


Figure 20 : Pourcentages des plantes pour le gène Rht-B1.

2. GENE DE RESISTANCE LR34 - YR18 - SR57 - PM18

Dans les programmes de sélection, le gène Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18 est fortement recherché en raison de la résistance durable et non spécifique qu'il fournit à la plante qui le porte. Selon insertion ou délétion de la séquence TCC dans le gène. La plante peut être sensible ou résistante à la Rouille (Tableau 10).

Dans notre cas, le parent Kharoba possède le gène **Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18**, alors que Florence n'en a pas. La population F5 comprend 44,44 % des plantes portant ce gène d'intérêt. Tandis que le pourcentage des plantes sensibles est de 42,97% (Figure 21).

Tableau 15 : Polymorphisme Indel du gène Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18.

Gène	Catégorie	SNP/Indel	SNP/indel	Allèle	Phénotype
Lr34	Rouille	TCC Ins/Del	Ins	Lr34-	Sensible
			Del	Lr34+	Résistant

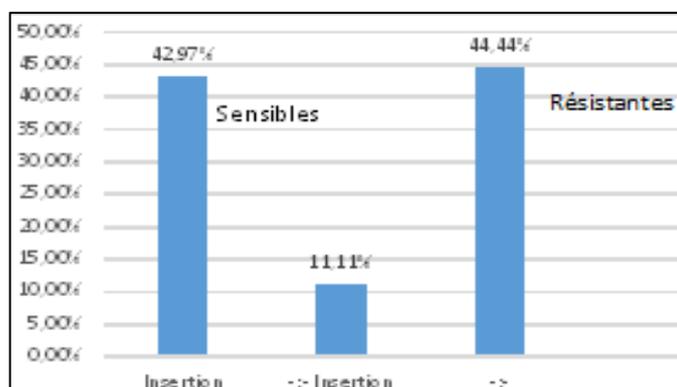


Figure 21 : Pourcentage des plantes pour le gène Lr34 - Yr18 - Sr57 - Pm18.

3. GENE DE RESISTANCE LR37/ YR17/Sr38

Contenant trois gènes de résistance à la Rouille, ce segment donne une résistance à la Rouille jaune, la Rouille brune et à la Rouille noire. Une plante possédant ce gène, contient un polymorphisme nucléotidique T à la place de C (Tableau 16).

Dans le cas de notre étude, le gène n'est pas présent chez Florence, alors que chez Kharoba la forme de résistance est C :T à la place de C :C. Ceci pose problème lors de la sélection, car un individu portant l'allèle C :T peut être hybride.

Ainsi, 43,70% de la population possède l'allèle C :T. Alors que 47,41% ayant l'allèle C :C est sensible (Figure 22).

Tableau 16 : Polymorphisme nucléotidique du gène de résistance Lr37/ Yr17/Sr38.

Gène	Catégorie	Nom SNP	SNP/Indel	SNP/Indel	Allèle	Phénotype
Lr37/Yr17/Sr38	Rouille	VPM_SNP	C/T	T	VPM+	Résistant
				C	VPM-	Sensible

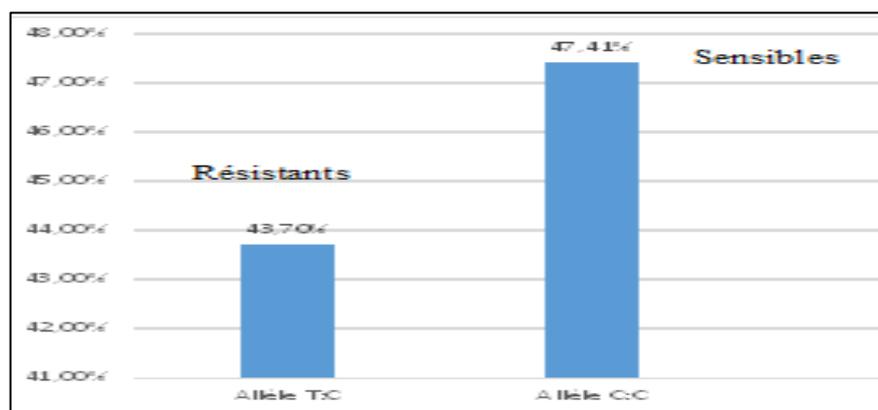


Figure 22 : Pourcentage des plantes pour le gène Lr37/Yr17/Sr38.

4. GENE DE RESISTANCE LR46/YR29

Codant pour la résistance à deux types de Rouille, ce gène est phénotypiquement similaire à Lr34 mais avec un effet moindre.

Le tableau suivant montre de polymorphisme nucléotidique géant le phénotype résistant ou sensible lorsque le gène est présent ou absent (Tableau 17).

Dans la population étudiée et vu que les deux parents possèdent le gène, toute la descendance F5 en possède aussi.

Tableau 17 : Polymorphisme nucléotidique du gène de résistance Lr46/Yr29.

Gène	Nom SNP	SNP/Indel	SNP/Indel	Allèle	Phénotype
Lr46	Lr46_SNP1G22	G/A	G	Lr64-	Sensible
			A	Lr64+	Résistant

5. GENE DE RESISTANCE LR19-SR25

Ce gène rare, fortement efficace assure une résistance de plante vis-à-vis de de la Rouille des feuilles chez le blé.

Pour que la plante possède ce gène, il faut qu'elle ait un polymorphisme nucléotidique T à la place de C (Tableau 13).

Dans la population F5, seulement deux individus possède ce gène alors que 132 individus n'ont en a pas. Le pourcentage des individus ayant ce gène est seulement 1.42% (Figure 23).

Tableau 18 : Polymorphisme nucléotidique du gène de résistance Lr19-Sr25.

Gène	Nom SNP	SNP/Indel	SNP/Indel	Allène	Phénotype
Lr19/Sr25	TAKS002324 (Sr25)	C/T	C	Lr19/Sr25-	Susceptible
			T	Lr19/Sr25+	Résistant

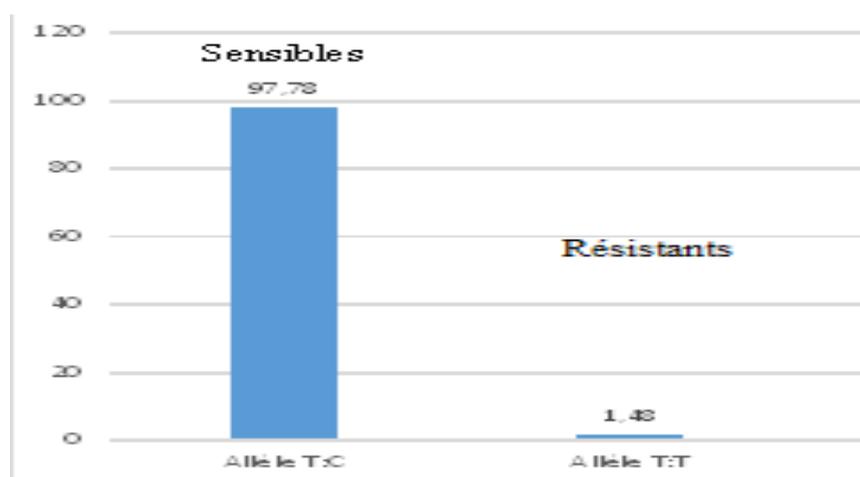


Figure 23 : Pourcentages des plantes pour le gène Lr 19/Sr25.

6. GENES DE RESISTANCE SR2, LR68 ET SR22 ET LE GENE DE SEMI-NANISME RHT-D1

La sélection assistée par les marqueurs SNP a montré que ces gènes n'existent chez aucun des parents. Ce qui traduit leur absence chez les hybrides de la population F5.

Ainsi, l'étude phénotypique et la composition génétique de l'ensemble de la population nous a permis de sélectionner les individus rassemblant les différents gènes d'intérêt, les caractères agronomiques et morphologiques désirés, en plus de leur tardivité à l'épiaison et la précocité à la maturité.

La liste des individus sélectionnés est comme suit : 8, 29, 31, 57, 85, 98, 106, et 158.

Il est à noter qu'aucun individu ne contient tous les caractères, ce qui nous a obligé de favoriser certains paramètres à d'autres. Notamment, la présence des gènes de résistance à la Rouille, spécialement le gène Lr34 qui fournit une résistance durable et non spécifique à l'individu qui le porte. Additionné du gène de semi-nanisme Rht-B1 qui en produisant des plantes courtes, augmente le rendement en grain et donne à la plante une résistance à la verse. La longueur de la barbe est aussi un caractère sur lequel nous nous sommes basés lors de la sélection.

Le blé tendre (*Triticum aestivum* L) est l'espèce la plus consommée par une grande partie de la population mondiale. L'Afrique du Nord et particulièrement le Maroc consomme les plus grandes quantités de pain au monde. A titre indicatif, ceci constitue deux fois la moyenne européenne et trois fois la moyenne mondiale. Cependant, cette culture est vulnérable à de nombreuses maladies capables d'affecter le rendement en grains et en qualité telle que, la rouille brune, la rouille jaune et la verse. Dans le but de gérer ces contraintes, la solution la plus efficace est de développer de nouvelles variétés résistantes en utilisant les outils moléculaires afin d'avancer la création variétale sans faire recours aux tests d'inoculation.

Notre travail intègre les marqueurs moléculaires de polymorphisme nucléotidique SNP dans le but d'accélérer la sélection des individus possédant le maximum de caractères intéressants. Pour se faire, une étude phénotypique des différents paramètres phénologiques, morphologiques et agronomiques a précédé la Sélection Assistée par les Marqueurs SNP.

La population sujette d'étude est une F5 issue d'un croisement entre les variétés Kharoba et Florence dont le choix est fait sur la base des caractères désirables qu'elles possèdent.

Ainsi, les résultats phénologiques obtenus nous permettent d'identifier les individus précoces aux différents stades étudiés. Cependant, vu que notre pays appartient aux milieux semi-arides, nous cherchons les individus tardifs pour l'épiaison et précoces pour la maturité pour minimiser le risque vis-à-vis de la contrainte des basses températures printanière. Alors que les résultats morphologiques dont les paramètres étudiés sont la hauteur des plantes, la longueur des barbes et la longueur de l'épi ont révélé un polymorphisme entre les hybrides, ce qui nous a donné la chance de sélectionner les individus rassemblant les trois caractères en même temps. Tandis que l'observation des paramètres agronomiques par comptage du nombre d'épis et la capacité du tallage de chacun des hybrides de la F5, ont traduit le rendement en grain qui est un caractère obligatoire pour la sélection des individus.

la Sélection Assistée par les Marqueurs SNP des gènes de résistance aux différents types de Rouilles ainsi que ceux conférant le caractère du semi-nanisme est réalisée dans le

but d'identifier les individus en possédant. Pour se faire, l'étude porte sur dix gènes dont deux déterminent le phénotype semi-nain.

Dans notre population, le gène Lr34-Yr18-Sr57-Pm18 est présent chez 44.44% des hybrides, Lr19-Sr38 se voit seulement chez 1.48% des échantillons, Lr46-Yr29 est contenu dans la totalité des plantes étudiées. Alors que 51.11% de la population possède le gène Rht-B1 responsable du phénotype semi-nain.

Les gènes Rht-D1, Sr2, Lr68 et Sr22 ne sont présents chez aucun échantillon vu que les deux parents n'en contiennent pas.

Au terme de ce travail, on pourrait dire que 20.29% de la population est tardif pour atteindre le stade d'épiaison, alors que 70% est précoce pour la maturité. Plus de 69% ont une longueur de barbe acceptable. 90% des individus peuvent être sélectionner pour leur longueur d'épi. Et 54% présentent une bonne capacité de tallage. Il serait nécessaire et intéressant de poursuivre cette étude par la génération F6 où normalement le taux d'Hétérozygotie doit être presque nulle, et la ségrégation ne peut plus avoir lieu pour confirmer les résultats obtenus.

- Abbasseme, F.** Etude génétique de la durée des phases de développement leur influence sur le rendement et ses composantes chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.). (Thèse de magister), INA Alger. 1997, 70 p.
- Acevedo, E; Silva, P; Silva, H. (2002).** Growth and wheat physiology, development. In: Bread wheat: improvement and production. Edited by Curtis BC, Rajaram S, Gomez Macpherson H: Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 567 p.
- Aidaoui A. et Hartani T. (2000).** Gestion de l'irrigation du blé par des indicateurs de l'état hydrique. In :Royo C. (ed.), Nachit M. (ed.), Di Fonzo N. (ed.), Araus J.L. (ed.). Durumwheatimprovement in the Mediterraneanregion: New challenges. Zaragoza : CIHEAM. p. 579-582 (Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens. n. 40.
- Al Hakim, A ; Monneveux, P; Deleins, E. (1996).** Selection response for carbon isotope discrimination on a *Triticum polonicum* x *Triticum durum* cross: potential interest for improvement of water efficiency in durum wheat. *Plant Breed.*,115: 122-6.
- Akram Z, Ajmal S.U., et Mounir M. (2008).** Estimation of correlation coefficient among some yield parameters of Wheat under rainfed conditions. *Pakistan J. Bot.*, 40(4) : 1777-1781
- Allam, A; Tirichine, A; Madani, H; Benlamoudi, W et Attali, Y. (2015).** Évaluation agro morphologique des cultivars locaux de blé dur: *triticum durum* desf. Cultivés dans les palmeraies de la vallée d'oued Righi (sud-est algérien). *Revue des Bio Ressources* 5 (2). 67- 76 p.
- Ali A., Ali N., Ali I., Adnan M., Ullah N., Swati Z.A. (2013)** Morphological and genetic diversity of Amazonie (Brésil et Guyanes).
- Amrani B. (2013)** Maladie Méthode et échelle de notation des maladies et accidents divers. *Bulletin des grandes cultures. ITGC* 02, p5.
- Aouali S et Douici-Khalfi A. (2013)** Recueil des principales maladies fongiques des céréales en Algérie : symptômes, développement et moyens de lutte. *ITGC*, p8-36.
- Aouali S et Douici-Khalfi A. (2013)** Recueil des principales maladies fongiques des céréales en Algérie : symptômes, développement et moyens de lutte. *ITGC*, p8-36.
- Bammoun A., (1997)** Contribution à l'étude de quelques caractères morpho-physiologiques, biochimiques et moléculaires chez 13 variétés de blé dur, *Triticum turgidum* ESP *durum*, pour l'étude de tolérance à la sécheresse dans la région des hauts plateaux de l'ouest algérien" thèse de Magistère Institut des sciences de la nature, université des sciences et de la technologie Houari Boumédiène, Algérie

- Ben Naceur, M., Gharbi, M.S., Paul, R. (1999)** L'amélioration variétale et les autres actions contribuant à la sécurité alimentaire en Tunisie en matière de céréales. *Sécheresse* ; 10 : 27-33.
- Benbelkacem A. (2000)** Evaluation du progrès génétique chez quelque variété de blé dur (*Triticum durum L.*) cultivées en Algérie. *Options méditerranée* 6: 105-
- Biscope P.V., Gallagher J., Littleton E.J., Monteith K.L., Scott R.K., (1975)** Barley and its environment. IV. Sources of assimilate for the grain. *J. Appl. Eco.* 12: 295-318.
- Bonjean, A., Picard, E. 1991.** Les céréales à paille. Origine-histoire-économie-sélection. Ligugé ; Poitiers : Aubin imprimeur.
- Bousba, R ; Baum, M ; Djekoun, A; Labadidi, S; Djighly, A ; Benbelkacem, A; labhilili, M; Gaboun, F and Ykhlef, N. (2012).** Screening for Drought Tolerance Using Molecular Markers and Phenotypic Diversity in Durum Wheat Genotypes. *W A SJ* 16 (9) , 1219-1226 p.
- Bostein, D., White, R. L., Skolnick, M. & Davis, R. W. (1980):** Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* 32: 314-331
- Boulelouah N. (2002)** Analyse de la variabilité génotypique de l'absorption de l'azote chez le blé tendre. DEA.INRA. Paris Grignon, 33p
- Bouzerzour, H. (1998)** Sélection pour le rendement, la précocité à l'épiaison et la biomasse aérienne chez l'orge (*Hordeum vulgare L.*) en zone semis aride. Thèses Doctorat d'Etat, Université Mentouri Constantine, Algérie.
- Bouzerzour, H. (2004).** Stratégies de sélection de céréales en présence d'interaction génotype milieu. Atelier de formation sur l'obtention variétale d'hiver .du 16 au 19 Mai.
- Brunner P.C, Torriani S.F.F, Croll D, Stukenbrock E.H, et McDonald B.A, (2013)** Coevolution and Life Cycle Specialization of Plant Cell Wall Degrading Enzymes in a Colloques INRA n°55, 143-157.
- Centre de Conseil Agricole Maroc-Allemand. (2016)** fiche technique : principales maladies foliaires du blé.
- Chentoufi L., Sahri A., Arbaoui M., Birouk A., Roumet P., Muller M.H., Belqadi L. (2014)** Diversité agro-morphologique et gestion variétale par les agriculteurs du blé dur (*Triticum turgidum ssp. durum*) dans le Pré-Rif marocain. *Rev. Mar. Sci. Agron. Vét.* 2: 30-38.
- Couvreur, F. (1985).** Formation du rendement du blé et risque climatiques. Perspectives agricoles, N° 95, 12-19 p.
- Grancourt et Prats. (1971)** Les céréales. Ed.J.B. Bailliers et Fils, 360p

- Colenne C.; Masse J. et Crosson P. (1988)**- Rythme d'apparition des racines primaires du blé. *Pers. Agro. 128 : 16-20*. compared with conventional selection OCL-OL. *Corps Gras Lipides* 8:496–501.
- Diamond, J.** 2002. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature*, 418(6898) :700–707
- Djekoun, A ; Ykhlef, N ; Bouzerzour, H ; Hafsi, M ; Hamada, Y ; Kahali, L. (2002).** Production du blé dur en zone semi aride : identification des paramètres d'amélioration du rendement .Journées scientifiques sur le blé 11, 12,13 Février. Université .Mentouri. Constantine.
- Dyck PL, Samborski DJ, Anderson RG. (1966)** Inheritance of adult-plant leaf rust resistance derived from the common wheat varieties Exchange and Frontana. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*.8:665-671.
- Elhaddoury J, Lhaloui S, Udupa S.M, Moatassim B, Taiq R, Rabeh M, Kamlaoui M, et Hammadi M. (2012):** Registration of 'Kharoba': A Bread Wheat Cultivar Developed through Doubled Haploid Breeding.
- Eliard J L. (1979)** Manuel d'agriculture générale. Ed. J.B. Bailière, Paris, 344 p.
- Empereire L., Santos Mühlen G., Fleury M., Robert T., McKey D., Pujol B., Elias M. (2003)** Approche comparative de la diversité génétique et de la diversité morphologique des maniocs.
- Evans L T, Rawson H M. (1975)** Photosynthesis and respiration by the flag leaf and components of ear during grain development in wheat. *Aust.J. Biol.* 223-245.
- Eyal Z, Scharen A.L., Prescott J.M. et Maarten van Ginkel. (1987)**The Septoria Diseases of Wheat: Concepts and Methods of Disease Management.
- Ezzahiri B. (2001)** Les maladies du blé. Fiche technique. Transfert de Technologie en Agriculture. Bulletin mensuel d'information et de liaison du PNTTA. MADREF/DERD. Février 2001.
- Farih, A. (1992).** Components of partial resistance, mode of inheritance of resistance to *Septoria tritici* blotch, and status of *septoria* diseases in Morocco. Ph. D. Thesis. Oklahoma State University, Stillwater, Ok. USA. 89 pp.
- Febrero A., Bort J., Brown R.H., Araus J.L., (1990)** The role of durum wheat ear as photosynthetic organ during grain filling. In: Advanced trends in photosynthesis. Mallorca, Spain, pp 23-245.
- Febrero A., Vendrell P., Alegre L., Araus J.L., (1989).** Epidermal conductance in flag leaves and ears of several durum wheat landraces and varieties: morphological and anatomical characteristics involved. In: Physiology breeding of winter cereals for stressed Mediterranean environments. Montpellier, France, 3-6
- Feillet P., (2000).** Le grain de blé. Composition et utilisation. Mieux comprendre. INRA. ISSN : 1144-7605. ISBN : 2-738060896-8. 308p

- Fischer, R.A, Maurer, R. (1978)** Drought resistance in spring wheat cultivar. Grain yield responses. *Aus J. Agr. Res* 29: 897-912.
- Fokar, M., Nguyen, H.T., Blum, A. (1998)** Heat tolerance in spring wheat Grain filling. *Euphytica* 104 : 9-15.
- Friebe B, Jiang J, Knott DR, Gill BS. (1994)** Compensation indexes of radiation-induced wheat *Agropyronelongatum* translocations conferring resistance to leaf rust and stem rustIn: *Crop Science*, 34:400-404.
- Schroeter F.** (*Septoria tritici* Rob. Ex Desm.) au Maroc. Thèse de troisième cycle. Uni. My Ismail. Fac. Des Sciences de Meknès, p112.110.544.
- Gate P. (1995)** Ecophysiologie du blé. Ed. ITCF. Technique et documentation. Lavoisier, Paris, 419 p.
- Gate, Ph., (1995).** Écophysiologie de blé, *édi.Lavoisier* 365p.
- Grignac P. (1981)** Rendement et composantes du rendement du blé d'hiver dans l'environnement méditerranéen français. Séminaire scientifique. Bari (Italie). Pp. 185-194.
- Grignac, PH., (1965)-** Contribution à l'étude de *Triticum durum* Desf. Thèse de Doctorat Université de Toulouse ,240p.
- Gupta PK., Varshney RK., Sharma PC., Ramesh B. (1999).** Molecular markers and their applications in wheat breeding. *Plant Breed.* 118, p. 369–390.
- Gupta P. K., Langridge P., Mir R.R. (2010)** Marker-assisted wheat breeding: present status and future possibilities. *Molecular Breeding* 26: 145–161.
- Gupta P. K., Roy J. 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. - *Current Science* 80: 524-535.
- Hadji ch.A. (1985)** Stability of Performance of Cereals in Low- Rain fall Areas as Related to Adaptive Traits. Drought Tolerance in Winter Cereals Proceedings of an International Workshop, 27-31 October, Capri, Italy, 191-199.
- Hamada A.M. (2000)** Amelioration of drought stress by ascorbic acid, thiamin or aspirin in wheat Hemibiotrophic Pathogen. *Mol. Biol. Evol*, p1.
- Hanifi-Mekliche, L ; Boukecha, D ; Mekliche, A. (2008).** Analyse agronomique et génétique de quelques variétés de blé dur et de leurs hybrides fl en conditions pluviales. *Sciences & Technologie C – N°27*, 9-14 p.
- Hubert P.,1998-** Recueil de fiches techniques d'Agriculture Spéciale 17 : 23-27.involved. In: *Physiology breeding of winter cereals for stressed Mediterranean environments.*
- Hubert B., Rosegrant M., van Boekel M.A.J.S., Rodomiro Ortiz R. (2010).** The future of food: scenarios for 2050. *Crop Science* 50: 33–50.

- Jaaska V. (2001)** Isoenzyme diversity and phylogenetic relationships among the American beans of the genus *Vigna Savi*(*Fabaceae*). *Biochem. Syst. Ecol.* 29: 1153-1173
- Jackson, R.D., Kustas, W.P. et Choudhury, B.J. (1988).** A reexamination of the crop water stress index. *Irrig. Sci.*, 9, 309-317 p.
- Jouve P. et Daoudi A.1984-** Effets de la date de semis sur l'élaboration du rendement de blé tendre et de l'orge en zones semi-arides et arides (cas du Maroc atlantique). *Agri.Tropic .Vol. 39 n°4 : 200.211.*
- Kadi, Z.** Sélection de l'orge (*hordeum vulgare* L) pour la tolérance aux stress abiotiques. (Thèse de doctorat en science). Université Ferhat Abbas Sétif.2012.143p.
- Kassem M, El Ahmed A, Hakim MS, El-Khalifeh M, Nachit MM (2010).** Races of *Puccinia triticina* Eriks. Identified in Syria and Lebanon During 2007. *Arab Plant Prot. J.* (In press).
- Kerber ER, Dyck PL. (1973)** Inheritance of stem rust resistance transferred from diploid wheat (*Triticum monococcum*) to tetraploid and hexaploid wheat and chromosome location of the gene involved. In: *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 15:397–409.
- Kerby K., Kuspilraj (1987).** The phylogeny of the polyploid wheats *Triticumaestivum* (bread wheat) and *Triticum turgidum* (macaroni wheat). *Genome*, 29,722-737
- Khan R, Bariana H, Dholakia B, Naik S, Lagu M, Rathjen A, Bhavani S, Gupta V. (2005)** Molecular mapping of stem and leaf rust resistance in wheat. In: *Theoretical and Applied Genetics*, 111:846-850.
- Krattinger SG, Lagudah ES, Spielmeier W, Singh RP, Huerta-Espino J,McFadden H, Bossolini E, Selter LL, Keller B (2009)** A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat. In: *Science*, 2009, 323:1360-1363.
- Martín I., Ruiz M. (2000).** Spanish landraces collection of durum wheat maintained at the CRF-INIA, In : *Durum wheat improvement in the Mediterranean region*, (eds), Royo C., Nachit M., Di
- Langridge P., Lagudah ES., Holton TA., Appels R . , Sharp PJ., Chalmers KJ. (2001).** Trends in genetic and genome analyses in wheat: a review. *Aust. J. Agric. Res.* 52, p. 1043–1077.
- Martínez F, Niks RE, Singh RP, Rubiales D. (2001)** Characterization of *Lr46*, a gene conferring partial resistance to wheat leaf rust. In: *Hereditas*, 135:111-114
- 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.
- 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.

- Masson E. (2012)** Diagnostic des accidents du blé tendre. ARVALIS-Institut du végétal, p36-40.
- Mazouz H. (1992)** Etudes sur la septoriose du blé due à *Mycosphaerella graminicola*
- Mekhlouf A., Bouzerzour H., Benmahammed A., Hadj Sahraoui A., Harkati N. (2006)** Adaptation des variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au climat semi-aride. Sécheresse. 17(4) : 507-13. Montpellier, France, 3-6 July 1989 (E Acevedo, AP Conesa, P Monneveux, J Srivastava, eds)
- Melki, M et Dahmane, A. (2008).** Identification de quelques mutants de blé dur performants en conditions de sécheresse naturelle. Sécheresse. 19 (1), 47-53 p. Doi: 10.1684/sec.2008.0119.
- Michelmore RW. (1995).** Isolation of disease resistance genes from crop plants. Curr. Opin. Biol. 6, p. 145–152
- Monneveux, P et This, D. (1997).** La génétique face aux problèmes de la tolérance des plantes cultivées à la sécheresse : espoir et difficultés .Sécheresse, 8(1), 29-35 p..
- Mossad, M.A ; Brown, J.H and Ferguson, H. (1995).** Leaf water potential relative water content and diffusivity resistance as screening techniques for drought resistance in barley .Agron. J.81, 100-105 p.
- Moragues M., Zarco-Hernández J., Moralejo M.A. et Royo C. (2006).** Genetic diversity of glutenin protein subunits composition in durum wheat landraces *Triticum turgidum* ssp. *Turgidum*
- Moreau L, A. Charcosset, A. Gallais., (2001)** Experimental evaluation of several cycles of marker-assisted selection in maize.
- Morgante M. et Olivieri A. M. (1993)** PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. Plant J, 3: 175-182
- Moulet O., D. Fossati, F. Mascher, R. Guadagnolo, A. Schori (2008)** -Use of marker-assisted selection (MAS) for pyramiding two leaf rust resistance genes, (Lr9 and Lr24) in wheat.
- Nachit M.M. (1986)** Durum wheat improvement. In VARMA Ed., Cereal improvement program 1986, ICARDA publ.112 en, Aleppo, pp. 78-101.
- Naghavi M.R., Amirian R. (2005).** Morphological characterization of accessions of *Aegilops tauschii*. Int. J. Agric. Biol. 7: 392-394.
- Najimi B, El Jaafari S, Jlibène M, Jacquemin J. (2003)** Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes
- Nasraoui B. (2006)** Les Champignons Parasites Des Plantes Cultivées, Biologie,

- Nemmar M. (1980)** Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.) et chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) : étude de l'accumulation de la proline sous l'effet du stress hydrique. Thèse D.A.A. ENSA. Montpellier. France. 65p.
- Rafalski JA. (2002).** Novel genetic mapping tools in plants: SNPs and LD-based approaches [Review]. *Plant Sci.* 162 (3), p. 329–333
- Rafalski A. (2002):** Applications of Single Nucleotide Polymorphisms in Crop Genetics. - *Current Opinion in Plant Biology* 5: 94-100.
- Robert O, Abelard C, Dedryver F. (1999)** Identification of molecular markers for the detection of the yellow rust resistance gene *Yr17* in wheat. In: *Molecular Breeding*, 5:167-175
- Salem K.F.M., El-Zanaty A.M., Esmail R.M. (2008).** Assessing wheat (*Triticum aestivum* L.) genetic diversity using morphological characters and microsatellite markers. *World J. Agr. Sci.* 4: 538-
- Sayoud R, Ezzahiri B et Bouznad Z, (1999)** Les maladies des céréales et des légumineuses alimentaires au Maghreb. Ed. I.T.G.C. Alger, p64.
- Sayoud R. (2008)** Maladies et insectes des céréales en Algérie. Guide de champ
- Sears E.R., (1954)** The aneuploids of common wheat. *Missouri Agri. Exp. Sta. Res. Bull.*, 572, 1-59
- Shewry, P. 2009.** *Wheat Journal of experimental botany.* 60(6) : 15-37.
- Shipton W., Boyd W., Roseille A. et Sharen B. (1971)** The common Septoria diseases of wheat. *Bot. Rev.* 27, pp: 331-334.
- Singh RP, Mujeeb-Kazi A, Huerta-Espino J. (1998)** *Lr46*: A Gene Conferring Slow-Rusting Resistance to Leaf Rust in Wheat. *Singh In: Phytopathology*, 88(9):890-894.
- Slama, A. (2002)** Étude comparative de la contribution des différentes parties du plant du blé dur dans la contribution du rendement en grains en irrigué et en conditions de déficit hydrique. Thèse de doctorat en biologie, faculté des sciences de Tunis.
- Slama, A ; Ben Salem, M ; Ben Naceur M, Zidi E . (2005).** Les céréales en Tunisie : production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance. *Sécheresse ;* 16 (3), 225-229 p.
- Soltner D. (2005)** les grandes productions végétales. 20ème Edition. Collection science et techniques agricoles. 472p
- Soltner, D., 2005-** La base de la production végétale Tom I. Le sol et son amélioration *24eme Edi. collection science et technique agricole. 472P.* Syngenta, p39. *Systématique, Pathologie, Maladies. Chapitre 4 Maladies. Centre de Publication Universitaire Tunis, p363-427.*

USDA Foreign Agricultural Service (2015).

Vienne D, Santoni S (1998). Les principales sources de marqueurs moléculaires. In : Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales. Paris : Inra : 15-48

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. - Nucleic Acids Research 23: 4407-4414.

Wang W. (2000) Lyophilization and development of solid protein pharmaceuticals. Int. J. of Pharmaceutics, Vol. 203, pp. 1-60.

WEISING, K., NYBOM, HILDE, WOLFF, K., & KAHL, G. (2005): DNA Fingerprinting in Plants - Principles, Methods, and Applications. - Boca Raton (CRC Press).

William M, Singh RP, Huerta-Espino J, Ortiz Islas S, Hoisington D. (2003) In: **Phytopathology**, Molecular Marker Mapping of Leaf Rust Resistance Gene *Lr46* and Its Association with Stripe Rust Resistance Gene *Yr29* in Wheat. 93(2):153-159.

Williams J. G., Kubelik A. R., Livak K. J., Rafalski J. A. & Tingey S. V. (1990): DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers. Nucleic Acids Research 18: 6531-6535.

Xu Y. & Crouch J. H. (2008): Marker-Assisted Selection in Plant Breeding: From Publications to Practice. - Crop Science 48: 391-407.

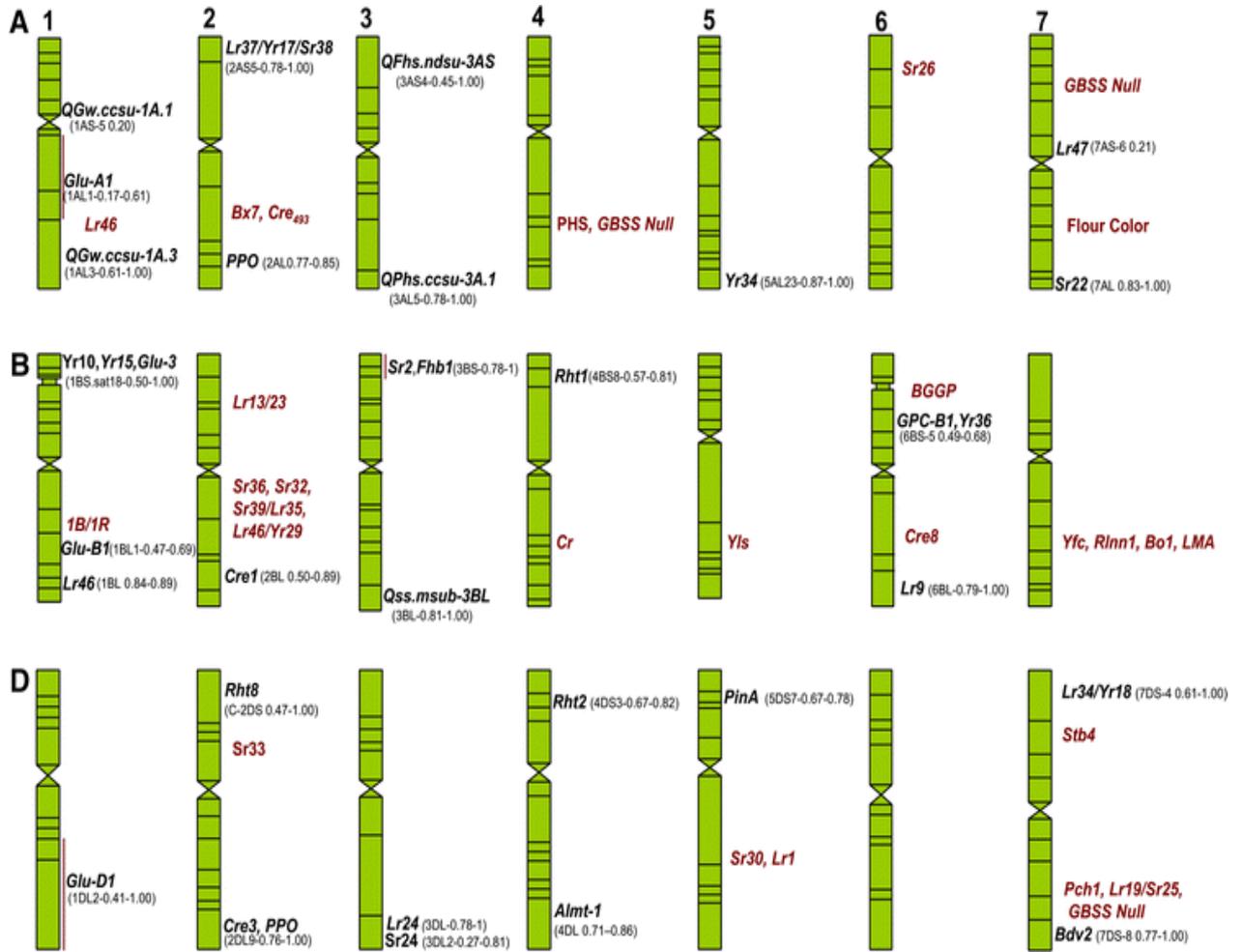
Yencho GC., Cohen MB., Bryne PF. (2000). Applications of tagging and mapping insect resistance loci in plants. Annu. Rev. Entomol. 45, p. 393–422.

Zadoks, J. C; Chang, T. T. and Konzak, C. F. (1974). A decimal code for the growth stages of cereals. Weed Research, 14, 415–421 p. Doi:10.1111/j.1365-3180.1974.tb01084.x. Zaragoza, 40: 601-606.

Zapata, C; Silva, P and Acevedo, E (2004), “Comportamiento de Isolíneas de Altura en Relación con el Rendimiento y Distribución de Asimilados en Trigo”, *Agricultura Técnica* . 64(2), 139-155 p.

Zillinsky F.J. (1983) les maladies des céréales à paille. Guide d'identification. Ed.

ANNEXE 1



Localisation des gènes les plus utilisés dans l'amélioration du blé
(Gupta et al., 2010)

ANNEXE 2

Caractérisation phénologique de la population F5

Plante N°	Date de semis	Nombre de jours à l'épiaison	Nombre de jours à la floraison	Nombre de jours à l'anthèse	Nombre de jours au grossissement	Nombre de jours à la maturité
1	06-déc	135	138	142	157	169
2	06-déc	127	131	135	148	165
4	06-déc	117	125	135	119	163
7	06-déc	105	114	121	142	163
8	06-déc	140	143	147	162	-
9	06-déc	135	139	142	157	167
10	06-déc	114	121	135	149	163
11	06-déc	114	121	135	142	163
12	06-déc	114	121	125	135	155
13	06-déc	102	107	114	135	163
14	06-déc	109	114	122	135	163
15	06-déc	114	125	135	155	163
16	06-déc	114	118	121	142	163
17	06-déc	113	123	135	155	163
18	06-déc	102	107	114	135	163
19	06-déc	114	123	135	149	163
20	06-déc	117	127	135	149	163
21	06-déc	135	141	145	163	-
22	06-déc	105	114	121	135	163
23	06-déc	113	123	135	149	163
26	06-déc	114	121	135	149	163
27	06-déc	114	123	135	149	163
28	06-déc	102	107	114	135	163
29	06-déc	105	114	135	149	163
30	06-déc	114	121	135	147	163
31	06-déc	125	135	140	163	-
32	06-déc	135	141	145	163	-
33	06-déc	105	114	121	135	163
34	06-déc	135	141	145	163	-
35	06-déc	114	121	135	147	163
36	06-déc	117	127	135	145	163
37	06-déc	114	121	135	145	163
38	06-déc	114	121	135	145	163
39	06-déc	135	141	145	163	-
40	06-déc	114	121	135	149	165
41	06-déc	123	127	135	147	163
42	06-déc	105	114	119	135	163
43	06-déc	119	125	135	142	163
44	06-déc	119	125	135	149	165

45	06-déc	121	125	135	163	-
46	06-déc	121	127	135	145	165
48	06-déc	105	114	121	135	157
51	06-déc	121	127	135	163	-
52	06-déc	105	114	121	135	163
53	06-déc	102	107	114	119	155
54	06-déc	132	138	142	163	-
55	06-déc	121	127	135	145	167
56	06-déc	121	125	129	135	165
57	06-déc	121	125	135	145	167
58	06-déc	135	141	145	163	-
59	06-déc	114	119	123	135	163
60	06-déc	132	135	142	163	-
61	06-déc	105	114	121	135	163
62	06-déc	105	114	121	135	163
63	06-déc	105	114	121	135	163
64	06-déc	135	139	143	163	-
65	06-déc	105	114	121	135	163
66	06-déc	105	112	121	135	163
68	06-déc	105	114	121	135	163
69	06-déc	132	135	140	163	-
70	06-déc	102	107	114	135	163
71	06-déc	102	107	114	135	163
72	06-déc	114	121	135	140	165
73	06-déc	117	127	135	140	165
76	06-déc	132	135	140	149	163
78	06-déc	105	114	121	135	163
79	06-déc	114	121	135	153	163
80	06-déc	102	107	114	135	163
81	06-déc	114	121	135	145	163
83	06-déc	135	139	143	163	-
84	06-déc	114	121	135	145	163
85	06-déc	114	121	135	145	163
86	06-déc	114	118	121	133	165
87	06-déc	114	121	135	145	165
88	06-déc	140	145	151	163	-
89	06-déc	132	135	145	163	-
90	06-déc	114	121	135	145	163
91	06-déc	140	142	145	163	-
92	06-déc	114	121	135	145	163
93	06-déc	114	121	135	145	163
94	06-déc	109	114	118	121	163
95	06-déc	114	121	135	140	163
96	06-déc	109	114	121	145	163
97	06-déc	114	120	123	135	163

98	06-déc	114	120	135	163	-
101	06-déc	109	114	121	135	163
102	06-déc	109	114	135	149	163
103	06-déc	109	114	135	163	-
104	06-déc	109	114	135	145	163
105	06-déc	143	149	155	163	-
106	06-déc	109	114	121	135	163
108	06-déc	109	114	121	135	163
109	06-déc	109	114	123	135	163
110	06-déc	109	114	135	145	167
111	06-déc	109	114	121	135	163
112	06-déc	109	121	135	145	167
113	06-déc	109	114	121	135	163
114	06-déc	109	114	123	135	163
115	06-déc	114	121	127	135	163
116	06-déc	96	106	114	135	163
117	06-déc	135	139	143	133	165
119	06-déc	109	114	121	135	163
121	06-déc	106	114	121	135	163
123	06-déc	121	127	135	151	167
126	06-déc	135	138	142	163	-
127	06-déc	121	127	135	151	165
128	06-déc	109	114	135	145	163
129	06-déc	140	144	147	163	-
130	06-déc	140	144	147	163	-
131	06-déc	117	127	135	145	163
132	06-déc	119	129	138	145	165
133	06-déc	114	118	121	135	163
134	06-déc	130	133	135	149	163
135	06-déc	121	127	135	142	165
136	06-déc	121	135	145	163	-
137	06-déc	114	121	135	145	163
138	06-déc	114	121	135	145	163
139	06-déc	114	118	121	135	163
140	06-déc	96	106	114	135	163
142	06-déc	121	127	135	145	165
143	06-déc	109	114	121	135	163
144	06-déc	114	121	135	145	163
145	06-déc	114	118	121	135	163
147	06-déc	114	118	121	135	163
148	06-déc	109	114	121	135	163
151	06-déc	114	119	123	149	165
152	06-déc	142	147	151	161	-
153	06-déc	114	121	132	145	163
154	06-déc	96	106	114	135	163

156	06-déc	114	118	121	135	163
157	06-déc	117	125	135	151	163
158	06-déc	142	147	151	163	-
159	06-déc	96	106	114	121	155
160	06-déc	96	106	114	135	163
161	06-déc	96	106	114	135	163
162	06-déc	135	138	142	163	-
163	06-déc	96	106	114	135	163
164	06-déc	114	118	121	135	163
24F	06-déc	114	121	135	147	163
25Kh	06-déc	121	125	135	149	163

Annexe 3

Caractérisation morphologique de la population F5

Plante N°	Barbe	Longueur en cm	Hauteur de la plante en cm	Longueur de l'épi	Nombre des épis
1	+	9	65	11,5	21
2	-	-	85	11	15
4	+	7	83	12	17
6	-	-	81	12,4	12
7	+	8,5	79	8,2	19
8	±	2	87	12,5	15
9	±	2,8	125	12,5	20
10	+	6	89	9	24
11	+	3	73	11	32
12	±	2	83	6,5	27
13	±	2	79	8,5	36
14	±	3,5	75	7	25
15	-	-	80	8	14
16	+	8	78	9	7
17	-	-	82	9	19
18	-	-	60	8	7
19	-	-	87	8	14
20	+	3	85	11	26
21	±	4	78	9,5	41
22	+	7	80	9	19
23	±	3	85	11	20
26	±	4	76	9,5	30
27	+	7	87	6,5	19
28	+	7,5	80	7,5	23
29	+	7	95	11,5	28
30	+	8,5	90	11	21
31	+	8,5	79	11	26
32	+	3,5	95	8	28
33	±	3	96	11	23
34	+	9	100	12	15
35	±	2	80	10	11
36	+	5	73	9	11
37	-	-	80	10	25
38	-	-	99	9	25
39	±	4	67	5,5	8
40	±	4	88	11,2	15
41	±	7,2	94	12,5	32
42	-	-	83	10	30
43	±	10	85	8,5	25

44	+	9,5	87	7,5	25
45	-	-	85	9	36
46	+	6,5	94	8,5	28
48	-	-	75	10	39
51	-	-	105	7	56
52	+	6	105	10,5	33
53	-	-	102	10	20
54	+	4	110	14	23
55	+	4,5	80	10	20
56	+	6,5	100	11	27
57	+	6	106	10,5	30
58	+	6,2	110	10,5	28
59	+	6	90	12	30
60	+	5	82	9	19
61	-	2,5	100	13	54
62	+	5	85	8	15
63	+	6,5	100	12,5	21
64	+	6,5	83	12	14
65	+	3	97	11,5	16
66	+	3	86	9	32
68	-	-	85	10	32
69	+	10	90	11	12
70	-	2	101	7,5	37
71	-	-	80	10,5	45
72	+	6,5	110	11	30
73	±	5	105	11	15
76	+	3,5	75	11	24
78	-	-	88	10,5	40
79	±	4	88	11	30
80	+	6	85	10,5	25
81	-	2,5	90	9	37
83	-	-	112	12	33
84	+	4	80	8	18
85	+	6	85	12	23
86	+	5,5	95	12,5	53
87	+	6,5	127	11,5	26
88	-	-	85	12	16
89	+	6	93	8	18
90	+	5	85	8	27
91	+	4	85	9	30
92	+	5	84	9	45
93	-	-	100	10	29
94	-	-	99	12	33
95	-	2,5	96	9	18
96	+	5	95	10,5	24

97	-	-	95	10	43
98	-	2,5	108	13	28
101	+	4	85	8,5	56
102	-	3	105	11	40
103	-	-	115	8,5	58
104	±	10	125	13	30
105	-	-	119	15	13
106	+	6	83	10,5	30
108	-	-	95	11	44
109	+	3,5	98	10	38
110	-	3	93	11	40
111	-	-	88	10	53
112	±	3,5	95	11	47
113	-	-	109	12	28
114	-	-	95	11	24
115	+	9	110	11	36
117	-	-	80	11	33
119	+	3	80	10	33
121	+	4	95	9,5	37
123	+	3,5	100	12	26
126	-	-	88	12	36
127	-	-	105	10	26
128	+	6	95	10	22
129	+	5	100	10,5	25
130	+	7,5	90	8	23
131	-	-	70	8	22
132	+	6	88	10,5	23
133	-	3	104	8,5	22
134	+	5	80	7	18
135	+	5	95	12	20
136	+	5	90	11	22
137	+	3	85	10	23
138	-	-	90	10	26
139	-	-	95	13	43
140	+	5,5	85	8	36
142	+	3	105	12	17
143	+	3	86	8	19
144	-	-	93	12	35
147	+	5	83	10	42
148	+	5	83	8	28
151	+	5	80	9	18
152	+	5	95	11	35
153	-	-	95	8	26
156	-	3	75	8	17
157	+	6	80	10	33

158	+	7	90	12	13
159	±	10,5	95	10	16
160	±	7	85	10,5	18
161	-	-	95	11	33
162	+	7	102	13	44
163	+	7	90	10	20
164	-	-	73	11	25
24 F	±	4	127	10	28
25 K	+	9	75	7,5	19

+ = barbe

- = Pas de barbe

± = barbe/pas de barbe

Annexe 4

Capacité de tallage chez la population F5

Plante N°	Tallage	Plante N°	Tallage	Plante °	Tallage	Plante N°	Tallage	Plante N°	Tallage
1	H	33	ML	64	ML	97	VH	134	MH
2	L	34	ML	65	MH	98	H	135	MH
4	L	35	L	66	H	101	VH	136	MH
6	L	36	VL	68	H	102	VH	137	MH
7	L	37	MH	69	L	103	VH	138	MH
8	L	38	MH	70	VH	104	VH	139	VH
9	H	39	VL	71	VH	105	L	140	VH
10	VL	40	L	72	H	106	H	142	L
11	MH	41	H	73	MH	108	VH	143	MH
12	ML	42	H	76	MH	109	VH	144	VH
13	H	43	H	78	VH	110	VH	147	VH
14	H	44	VH	79	H	111	VH	148	H
15	ML	45	H	80	H	112	VH	151	MH
16	VL	46	MH	81	H	113	MH	152	H
17	L	48	H	83	H	114	MH	153	H
18	VL	51	VH	84	MH	115	VH	156	MH
19	ML	52	H	85	MH	117	H	157	H
20	H	53	H	86	VH	119	H	158	L
21	VH	54	MH	87	H	121	VH	159	MH
22	ML	55	MH	88	MH	123	MH	160	MH
23	MH	56	MH	89	MH	126	H	161	H
26	MH	57	H	90	H	127	MH	162	VH
27	L	58	MH	91	H	128	MH	163	MH
28	MH	59	H	92	VH	129	MH	164	H
29	H	60	L	93	H	130	MH	24 F	MH
30	H	61	VH	94	H	131	MH	25Kh	H
31	H	62	L	95	MH	132	MH		
32	H	63	H	96	MH	133	MH		

H = élevé **L** = Bas **VL** = très bas
MH = Moyennement élevé **ML** = Moyennement bas **VH** = Très élevé

Annexe 5

Caractérisation génétique de la population F5

	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>Lr34</i>	<i>Sr2</i>	<i>Lr37/Yr17/Sr3</i> 8	<i>Lr68</i>	<i>Lr19/Sr2</i> 5	<i>Lr67</i>	<i>Sr22</i>	<i>Lr46</i>
	T:T	T:T	:-	A:A	T:T	T:T	T:T	C:C	A:A	A:A
KxF_F5_0001	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0002	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0004	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0006	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	Uncallable	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0007	C:C	G:G	-:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0008	T:T	G:G	:-	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0009	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	C:C	T:T	A:A
KxF_F5_0001 0	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
KxF_F5_0001 1	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	C:C	T:T	A:A
KxF_F5_0001 2	C:C	G:G	:-	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0001 3	C:C	G:G	:-	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A

KxF_F5_0001 4	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	?	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0015	C:C	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0016	C:C	G:G	-:	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0017	C:C	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0018	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0019	C:C	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0020	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0021	T:T	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0022	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0023	T:T	G:G	-:	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0026	T:T	G:G	-:	G:G	C:C	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0027	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	?	C:C	C:C	T:T	?	T:T	A:A
KxF_F5_0028	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0029	T:T	G:G	-:	?	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A

KxF_F5_0030	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0031	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0032	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0033	T:C	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0034	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0035	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0036	T:C	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0037	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0038	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0039	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0040	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0041	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0042	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0043	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A

KxF_F5_0044	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0045	T:T	G:G	-:-	G:G	Uncallable	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0046	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0048	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	Uncallable	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0051	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0052	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0054	T:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	Uncallable	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0055	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0056	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0057	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0058	T:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0059	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0060	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0061	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A

KxF_F5_0062	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0063	C:C	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0064	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0065	T:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0066	T:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0068	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0069	T:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0070	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0071	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0072	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0073	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0076	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0078	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0079	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A

KxF_F5_0080	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0081	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	Uncallable	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0083	T:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0084	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0085	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0086	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0087	?	G:G	INSERTION:INSERTION	?	Uncallable	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0088	T:T	G:G	Uncallable	G:G	Uncallable	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0089	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0090	T:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0091	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0092	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0093	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0094	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A

KxF_F5_0095	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0096	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0097	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0098	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0101	C:C	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0102	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0103	C:C	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0104	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0105	C:C	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0106	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0108	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
kharoba	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
florence	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0109	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A

KxF_F5_0110	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0111	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	?	A:A
KxF_F5_0112	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0113	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0114	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0115	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0117	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0119	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0121	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:T	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0123	C:C	G:G	-:-	G:G	C:T	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0126	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0127	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0128	?	G:G	INSERTION:INSERTION	?	C:T	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0129	T:C	G:G	-:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A

KxF_F5_0130	T:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0131	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0132	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	Uncallable	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0133	C:C	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0134	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0135	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0136	T:T	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0137	C:C	G:G	-:-	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0138	T:T	G:G	-:-	G:G	C:T	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0139	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0140	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	?	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0142	C:C	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0143	C:C	G:G	-:INSERTION	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0144	T:T	G:G	-:-	G:G	C:C	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A

KxF_F5_0147	C:C	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0148	T:T	G:G	-:	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0151	T:T	G:G	-:	G:G	Uncallable	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0152	T:T	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0153	C:C	G:G	-:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0156	T:C	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0157	T:T	T:G	INSERTION:INSERTION	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0158	T:T	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0159	C:C	G:G	-:	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0160	C:C	G:G	-:	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0161	C:C	G:G	-:	G:G	C:T	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0162	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	Uncallable	C:C	T:C	G:G	T:T	A:A
KxF_F5_0163	C:C	G:G	-:	G:G	C:C	C:C	T:C	?	T:T	A:A
KxF_F5_0164	T:T	G:G	INSERTION:INSERTION	G:G	Uncallable	C:C	T:C	?	T:T	A:A

