

Mémoire de fin d'études
Présenté en vue d'optention du diplôme
de Master spécialisé

***Nutrition humaine, Sécurité alimentaire
et Management qualité***

**Caractérisation d'une collection de blé tendre
pour les attributs morphologiques et les paramètres
de qualité technologique et nutritionnel**

Soutenu le Mardi 07 Mai 2019 par : **Mr. NAJI OUSSAMA** devant :

Pr. BENGUEDDOUR Rachid	Président
Pr. LRHORFI Aicha	Encadrante
Dr. Miguel SANCHEZ-GARCIA	Encadrant
Dr. BOUHADDIOUI Bouchra	Examinatrice

Avant-propos

Le présent travail est réalisé dans le cadre de l'obtention du diplôme de fin d'études du cycle Master au sein de la Faculté des Sciences de Kénitra, intitulé *Master Nutrition Humaine, Sécurité Alimentaire et Management Qualité* coordonné par **Pr. Rachid BENGUEDDOUR**.

Il est le fruit d'une collaboration entre le **Département de Biologie** de la Faculté des Sciences, Université Ibn Tofail, Kénitra et le **Laboratoire de Qualité Technologique**, Centre International de Recherche Agricole dans les Zones Arides (ICARDA).

Il a été dirigé par **Pr. LRHORFI Aicha** du Département de Biologie et **Dr. Miguel Sanchez-Garcia** au Laboratoire de Qualité Technologique, intitulé **Caractérisation d'une collection de blé tendre pour les attributs morphologiques et les paramètres de qualité technologique et nutritionnel**.

Cette étude entre dans la stratégie de l'ICARDA qui vise à améliorer la qualité technologique nutritionnelle et morphologique de blé tendre au niveau du Maroc dans le but d'augmenter l'utilisation des variétés locales par l'industrie, ce qui permet un développement économique dans le secteur agricole et industrielle lié à cette matière. L'amélioration de la qualité de blé tendre est réalisée par la création des nouvelles variétés qui portent les traits demandés par l'industrie. Pour déclencher un programme d'amélioration il faut tout d'abord définir une source des traits demandés. Dans tous les programmes d'amélioration déclenchés par l'ICARDA, les populations locales présentent une source riche en ces traits, et elles sont caractérisées par une grande diversité génétique.

Dédicaces

Je dédie ce mémoire à

Ma Mère et mon Père

Aucune dédicace ne saurait exprimer l'amour, l'estime, le dévouement et le respect que j'ai toujours eu pour vous.

Rien au monde ne vaut les efforts fournis jour et nuit pour mon éducation et mon bien être.

Ce travail est le fruit de vos sacrifices que vous avez consentis pour mon éducation et ma formation.

Mes chères sœurs

Je vous dédie ce travail en témoignage de mon amour et mon attachement.

Mes ami(e)s

Je vous remercie pour votre agréable compagnie et pour tout le soutien que vous m'avez offert.

Tous ceux qui me sont trop chers et que j'ai omis de citer.

Tous ceux qui ont contribué, de près ou de loin à l'élaboration de ce travail.

Que Dieu le tout puissant vous préserve tous et vous procure sagesse et bonheur.

Remerciements

Tout d'abord, je remercie DIEU de m'avoir accordé la santé et les moyens de réaliser ce travail.

J'adresse mes vifs remerciements à :

Pr. Azzouz ESSAMRI, Doyen de faculté des sciences de Kénitra.

Pr Rachid BENGUEDDOUR, Coordinateur du Master Nutrition Humaine, Sécurité Alimentaire et Management Qualité (NHSAMQ), pour son accompagnement, ses conseils directifs ainsi que sa disponibilité permanente ; Qu'il trouve dans ce modeste travail l'expression de ma profonde gratitude et de ma haute considération.

Pr LRHORFI Aicha, mon encadrante interne, pour son encadrement et ses conseils ainsi que son omniprésence.

Dr. Miguel Sanchez-Garcia, mon encadrant externe, chercheur associé à l'ICARDA spécialiste d'amélioration génétique de blé tendre et responsable de laboratoire d'analyses de qualité de légumes et céréales, de m'avoir accueilli au sein de son unité de recherche, pour avoir encadré et dirigé ce travail avec une grande rigueur scientifique. Il a quotidiennement participé à l'encadrement de ce travail, je le remercie pour sa disponibilité, sa rigueur, sa confiance et sa gentillesse.

Ing. EL BAOUCHI Adil, assistant de recherche au sein du laboratoire de qualité de légumes et céréales. Je le remercie pour sa disponibilité, sa gentillesse et d'avoir mis à ma disposition tout le matériel nécessaire à réaliser ce travail, pour sa disponibilité et ses conseils.

Que toute personne ayant contribué de près ou de loin à la réalisation de ce travail, trouve ici l'expression de ma reconnaissance, de mes vifs remerciements et de mes salutations les plus distinguées.

J'adresse aussi mes vifs remerciements à tous les membres du jury, qui ont accepté de juger ce travail.

Résumé

Les céréales sont considérées comme une ressource alimentaire importante dans la nutrition humaine en raison de leurs valeurs nutritives. De plus, le blé constitue la principale culture céréalière à l'échelle nationale et internationale, dont le blé tendre qui est très utilisé dans les industries agroalimentaires.

L'objectif de ce travail est de réaliser une caractérisation morphologique, technologique et nutritionnelle chez 236 échantillons d'une collection de blé tendre cultivée dans deux différentes stations du territoire marocain (Annoceur et Merchouch), d'évaluer la diversité entre les géotypes étudiés, ainsi que de déterminer d'éventuelles corrélations entre les paramètres étudiés chez cette collection, dans le but d'étudier la différence de son comportement dans les deux environnements.

Les résultats obtenus de l'analyse de la variance ont montré des effets significatifs de l'effet génétique vis-à-vis des paramètres morphologiques et des éléments minéraux étudiés.

D'autre part certains traits technologiques ont été significativement affectés par l'environnement ou la génétique, tandis que les autres sont affectés par l'effet génétique et environnemental.

En outre, l'effet de l'interaction G*E a été observé chez les trois types de paramètres (morphologiques, technologiques et minéraux).

L'étude de corrélation entre les différents paramètres a révélé la présence de corrélation positive et significative entre certains de ces paramètres et une corrélation négative et significative entre d'autres.

Mots clés : blé tendre, diversité génétique, qualité technologique, traits morphologiques, minéraux, effet génétique, effet environnemental.

Abstract

Cereals are considered as an important food source in human nutrition because of their nutritional values. In addition, wheat is the main national and international cereal crop, including bread wheat, which is widely used in the agri-food industries.

The objective of this work is to perform a morphological, technological and nutritional characterization in 236 samples from a collection of bread wheat grown in two different stations of the Moroccan territory (Annoceur and Merchouch), to evaluate the diversity between the genotypes studied, as well as to determine possible correlations between the parameters studied in this collection, in order to study the difference of its behavior in the two environments.

The results obtained from the analysis of the variance showed significant effects of the genetic effect vis-à-vis the morphological parameters and the mineral elements studied.

On the other hand, certain technological traits have been significantly affected by the environment or genetics, while the others are affected by the genetic and environmental effect.

In addition, the effect of the G * E interaction was observed in all three types of parameters (morphological, technological and mineral).

The correlation study between the different parameters revealed the presence of positive and significant correlation between some of these parameters and a negative and significant correlation between others.

Keywords: bread wheat, genetic diversity, technological quality, morphological traits, minerals, genetic effect, environmental effect.

Liste des abréviations

ADN : Acide Désoxyribonucléique.

ANOVA : Analyse de la variance.

CEIBM : Centre d'Echange d'Information sur la Biodiversité du Maroc.

CIELAB : Espace chromatique L*a*b CIE.

CIMMYT : Centre International pour l'Amélioration du maïs et du blé à Mexico.

FAO : Food and Agriculture Organization.

G*E : Génotype * Environment.

ICARDA : Centre International de Recherches agricole sur les Région Arides.

ICP-OES : Spectromètre d'émission optique couplé à plasma inductif.

INRA : Institut National de recherches Agronomiques.

IPGRI : Institut International des Ressources Phytogénétiques.

JC : Jésus Christ.

NIRS : Near infra-red spectroscopy.

PM : Poids moléculaires.

PMG : Poids de mille grains.

RPGAA : Ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture.

SG-FPM : Sous-unités de gluténines de faible poids moléculaires.

SG-HPM : Sous-unités de gluténines de haut poids moléculaires.

SDS : Sodium Dodécyl Sulfate.

SPIR : Spectroscopie proche infrarouge.

USDA : Département des Etats-Unis.

Liste des tableaux

Tableau 1 : La composition chimique du tissu d'un grain de blé, (Feuillet, 2000).	5
Tableau 2 : Analyse statistique par le test ANOVA pour les caractères morphologiques.....	31
Tableau 3 : Analyse statistique par le test ANOVA pour les caractères technologiques.	32
Tableau 4 : Analyse statistique par le test ANOVA de 15 génotypes après ajout d'autres paramètres	34
Tableau 5 : Corrélation entre les paramètres des 15 génotypes étudiés des deux stations.	39

Liste des figures

Figure 1 : Origines possibles du blé d'après (Sears ,1954) et (Okamoto ,1962) et (Auriau et al., 1992).	3
Figure 2 : Morphologie du grain de blé (Surget et Barron, 2005).	4
Figure 3 : Couches cellulaires de grain de blé (Surget et Barron, 2005).	4
Figure 4 : Composition protéique de la farine du blé, rapprochement de classification de (Osborne et Shewry 1986).....	6
Figure 5 : La production et la demande en blé dans le monde en 2015 (Source: Département des Etats-Unis (USDA) – www.usda.gov).....	8
Figure 6 : Echantillon de blé tendre analysé par logiciel « Grainscan ».....	21
Figure 7 : Agitateur automatique	23
Figure 8 : Tubes de sédimentation 25 mL.....	23
Figure 9 : Broyeur (BUHLER -Quadromat Junior).	25
Figure 10 : Protocole de détermination de volume de pain	26
Figure 11 : Schéma de l'appareillage d'un spectromètre ICP-OES (ici en visée radiale).	27
Figure 12 : Spectre de raies d'émission d'une solution de plomb à 100 mg. ^{L-1}	28
Figure 13 : Pic présentant une interférence spectrale.....	29
Figure 14 : Comparaison de la concentration en éléments minéraux dans les grains au niveau des environnements étudiés.....	33
Figure 15 : Corrélacion entre la longueur de la graine et le poids de 1000 grains (station d'Annoceur).	35
Figure 16 : Corrélacion entre la longueur de la graine et le poids de 1000 grains (station de Merchouch).	35
Figure 17: Corrélacion entre la largeur de la graine et le PMG (station d'Annoceur).	36
Figure 18 : Corrélacion entre la largeur de la graine et PMG (station de Merchouch).	36
Figure 19: Corrélacion entre la largeur de la graine d'Annoceur et celle de Merchouch.....	37
Figure 20 : Corrélacion entre la longueur de la graine au niveau d'Annoceur et celle de Merchouch.....	38
Figure 21: Corrélacion entre la longueur et la largeur de la graine (station d'Annoceur).....	38
Figure 22 : Corrélacion entre la longueur et la largeur de la graine (station de Merchouch).	38
Figure 23 : Schéma de principe de l'excitation et de l'émission.	56
Figure 24 : Schéma de principe du système optique par dispersion croisée.	58

Table des matières

Avant-propos	i
Dédicaces	iii
Remerciements	iv
Résumé	v
Abstract	vi
Liste des abréviations	vii
Liste des tableaux	viii
Liste des figures	ix
Introduction	1
Partie I : Etude Bibliographique	2
I. Historique et origine du blé tendre.....	2
II. Structure et composition du grain de blé.	3
II.1. Structure du grain de blé	3
II.1.1. Les enveloppes	4
II.1.2. Le germe.....	5
II.1.3. L'albumen	5
II.2. Composition chimique du grain de blé	5
II.2.1. Les protéines du grain de blé.....	6
III. Production du blé.	8
III.1. Production mondiale et importance nutritionnelle	8
III.2. Production et importance économique au Maroc	9
IV. Ressources phytogénétiques du blé.....	9
IV.1. Types des ressources phytogénétiques	10
IV.1.1. Populations locales	10
IV.1.2. Lignées pures.....	10
IV.1.3 Variété	11
IV.1.4. Hybrides	11
IV.2. Conservation des ressources phytogénétiques.....	11
IV.2.1. Conservation in situ	11
IV.2.2. Conservation ex situ	12
V. Sélection génétique et moyennes de mesure de la variabilité génétique.....	13
V.1. La variabilité génétique	13

V.2. La sélection génétique	14
V.3. Les moyennes de mesure de la variabilité génétique.....	15
V.3.1. Les paramètres agro-morphologiques	15
V.3.2. Les paramètres technologiques	17
V.3.3. Les marqueurs biochimiques	18
Partie II : Etude expérimentale.....	2
I. Matériel biologique.....	21
II. Méthodes utilisées.	21
II.1. Caractérisation agro-morphologique	21
II.2. Analyses des paramètres technologiques.....	22
II.2.1. Spectroscopie proche infrarouge	22
II.2.2. Force de gluten (Indice de sédimentation Zeleny)	22
II.2.3. Technique d'électrophorèse	23
II.2.4. Rendement en farine.....	25
II.2.5. Panification.....	25
II.3. Analyses des paramètres nutritionnels.....	26
II.3.1. Le Spectromètre d'émission optique couplé à plasma inductif (ICP-OES)	26
II.3.2. Mise en pratique d'une analyse en ICP-OES	28
IV. Analyse statistique.	30
Partie III : Résultats et Discussion.....	21
I. Analyse de la variance des caractères des génotypes étudiés.	31
I.1. Analyse statistique par le test ANOVA pour les caractères morphologiques.....	31
I.2. Analyse statistique par le test ANOVA pour les traits de qualité technologiques.	32
I.3. Analyse statistique par le test ANOVA de 15 génotypes après ajout d'autres paramètres	33
II. Analyse de résultats de corrélation de Pearson des génotypes étudiés entre les paramètres morphologiques et technologiques étudiés.	35
Conclusion et perspectives	41
Références	43
ANNEXES.....	50

Introduction

Le secteur agricole occupe une place privilégiée dans l'économie du pays. Par ailleurs, ce secteur a accompli de grands progrès en termes de modernisation et de diversification. Or, les céréales sont considérées comme une ressource alimentaire importante dans la nutrition humaine en raison de leurs valeurs nutritives.

Le blé constitue la principale culture céréalière à l'échelle nationale et internationale, dont le blé tendre qui est très utilisé dans les industries agroalimentaires pour la production de farine, du pain, des biscuits, etc.

Selon l'Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture (FAO), les marocains prennent plus de 43% de leurs besoins quotidiens de protéines et plus de 40% de calories à partir des blés et de ses dérivés.

De ce fait, et afin de garantir une meilleure qualité technologique et nutritionnelle du blé tendre pour assurer les besoins du consommateur marocain, les centres de recherches agronomiques au niveau national, tels que l'ICARDA et l'INRA ont déclenché des programmes de sélection génétique, pour produire des variétés résistantes aux stress biotiques et abiotiques ainsi que des variétés possédant des caractéristiques technologiques et nutritionnelles de qualité recherchée par l'industrie.

L'objectif de ce travail est de réaliser une caractérisation des paramètres morphologiques, technologiques et nutritionnels d'une collection de blé tendre cultivée dans deux différentes stations, à savoir Annoceur et Merchouch, d'évaluer la diversité entre les génotypes étudiés, ainsi que de déterminer d'éventuelles corrélations entre les paramètres étudiés chez cette collection, dans le but d'étudier la différence de son comportement dans les deux environnements.

Partie I : Etude Bibliographique

I. Historique et origine du blé tendre.

Comme les autres céréales, le blé est l'une des principales ressources alimentaires de l'humanité. Il s'agit d'une monocotylédone qui appartient au genre *Triticum* de la famille des *Gramineae* (*Poaceae*).

La famille des *Poaceae* regroupe près de 12 000 espèces. Elle revêt un intérêt économique majeur, car une grande partie des ressources alimentaires humaines repose sur des espèces qui la composent, notamment d'autres céréales, à savoir ; le riz (*Oriza spp*) et le maïs (*Zea mais*). La tribu des *Triticées* regroupe des espèces relativement proches du blé telles que l'orge (*Hordeum vulgare*) et le seigle (*Secale cereale*).

Le blé est une céréale dont le grain est un fruit sec et indéhiscence, appelé Caryopse, constitué d'une graine et de téguments (Feillet, 2000). Il est composé de deux espèces ; le blé dur *Triticum turgidum var durum* possédant ($2n = 4X = 28$ chromosomes), dont l'aire d'extension est surtout constituée de zones arides et semi-arides (figure 1), Le blé tendre *Triticum aestivum var aestivum* possédant ($2n = 6X = 42$ chromosomes) dont l'adaptation agrotechnique est très large (Bonjean et Picard, 1990 ; Feldman *et al.*, 2001). L'aire d'origine des blés est le proche Orient, dans la zone dite du Croissant fertile, l'Irak, la Syrie et la Turquie (Baldy, 1986). La diffusion du blé vers l'Europe, l'Asie et l'Afrique du Nord est très ancienne.

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

D'après (Sears,1954) (Okamoto ,1962) (Auriau *et al.*,1992), (Belaid ,1996), Feillet,2000) et De Buyser H., 2001), les deux espèces des céréales les plus cultivées sont :

- Le blé dur (*Triticum durum*) : AABB ($2n = 4x = 28$) Tétraploïde ;
- Le blé tendre (*Triticum aestivum*) : AABB DD ($2n = 6x = 42$) Hexaploïde.

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

dur cultivé). Les blés tendres cultivés (AABBDD) seraient issus d'un croisement, également naturel, entre *Triticum turgidum* ssp, *Dicoccum* (AABB) et *Aegilops squarrosa* (DD) (Sears1954, Okamoto1962, Auriou *et al.*, 1992).

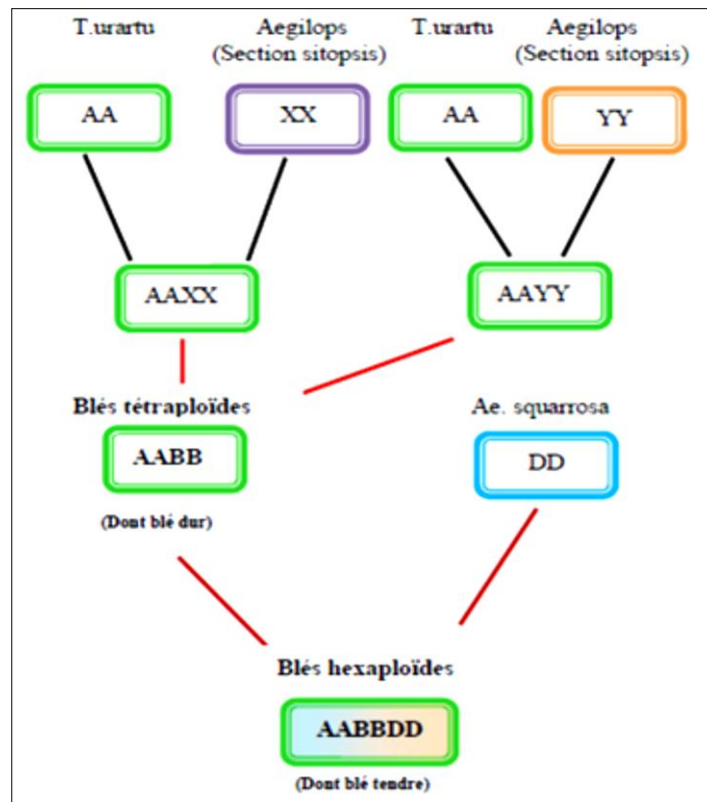


Figure 1: Origines possibles du blé d'après (Sears ,1954) et (Okamoto ,1962) et (Auriou *et al.*, 1992).

II. Structure et composition du grain de blé.

II.1. Structure du grain de blé

Le grain de blé a une forme ovoïde et présente sur la face ventrale un sillon qui s'étend sur toute la longueur (Figure 2). Il est obtenu après le battage, c'est-à-dire une fois que les balles enveloppant le grain ont été supprimées. A la base dorsale du grain, se trouve le germe qui est surmonté par une brosse. Le grain de blé mesure entre 5 et 7 mm de long, et entre 2,5 et 3,5 mm d'épaisseur, pour un poids compris entre 20 et 50 mg (Surget et Barron, 2005). Par ailleurs, selon Calvel, 1983, la couleur de blé varie du roux au blanc. En rapport avec le pays d'origine, le sol, la culture et le climat. En outre, d'après (Emillie, 2007).

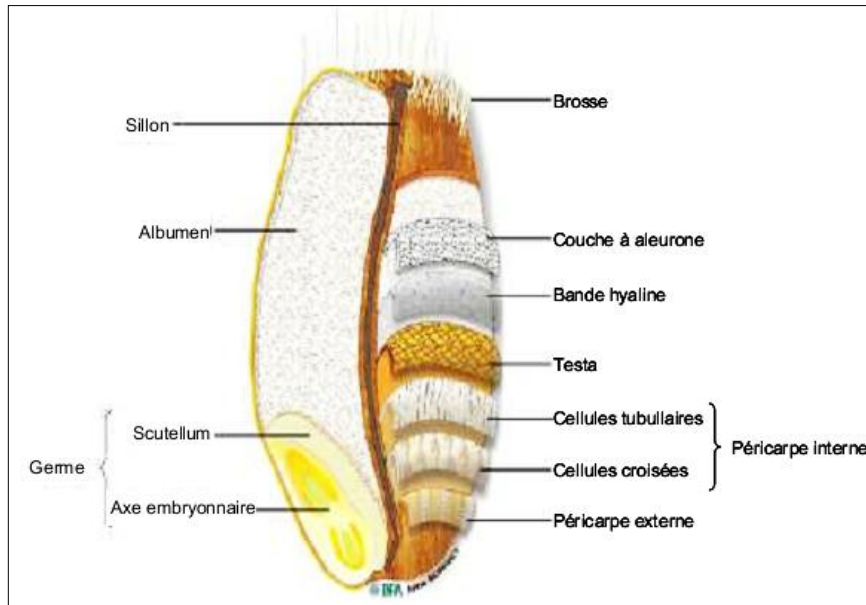


Figure 2: Morphologie du grain de blé (Surget et Barron, 2005).

À la maturité, le grain de blé est constitué de trois grandes parties : les enveloppes, l'albumen et le germe.

II.1.1. Les enveloppes

Les enveloppes sont constituées de quatre tissus : le péricarpe externe, le péricarpe interne, la testa et la couche nucellaire ou bande hyaline (qui correspond à l'épiderme du nucelle). Ces enveloppes et la couche à aleurone sont composées principalement de polysaccharides (arabinoxylanes, xyloglucanes et cellulose) mais aussi d'acides phénoliques, lignine et de protéines (principalement albumines globulines localisées dans la couche à aleurone) (Figure 3).

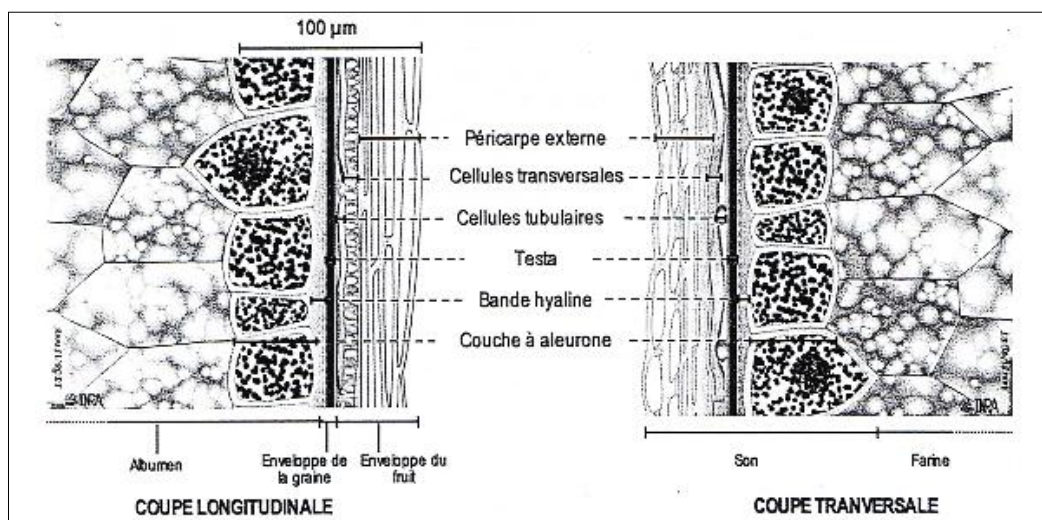


Figure 3: Couches cellulaires de grain de blé (Surget et Barron, 2005).

II.1.2. Le germe

Le germe est le résultat de fusion des gamètes mâles et femelles, il est constitué d'une part de l'axe embryonnaire qui donnera la tigelle, la mésocotyle et la radicule et d'autre part du scutellum qui donnera le cotylédon (Evers et Millar, 2002 ; Surget et Barron, 2005).

II.1.3. L'albumen

L'albumen constitue le plus important compartiment du grain et représente environ 80% de son poids (Pomeranz, 1988). Il correspond au tissu de réserve. L'albumen amylicé est essentiellement constitué des granules d'amidon enchâssés dans une matrice protéique composée en grande partie de prolamines (gliadines, gluténines de hauts et faibles poids moléculaires) mais aussi d'albumines et de globulines.

Les cellules de l'albumen amylicé possèdent des parois fines et peuvent être classées en trois grands groupes (Evers et Millar, 2002) :

- Les cellules périphériques situées sous la couche à aleurone et mesurant 60µm ;
- Les cellules prismatiques situées sous les cellules périphériques qui mesurent entre 128-200µm de long et 40-60µm de large ;
- Les cellules situées dans la partie centrale de l'albumen qui sont de forme arrondie ou polygonale mesurant entre 72-144µm de long et 69-120µm de large.

II.2. Composition chimique du grain de blé

La quasi-totalité de grain de blé est constituée de glucides, ils représentent 65% à 75% (amidon et fibres), les protéines constituent 8% à 17% (selon les variétés et les conditions de culture), mais aussi de lipides (2-6%), d'eau (12-14%) et de micronutriments (Pomeranz, 1988).

Ces constituants se répartissent de manière inégale au sein des différentes fractions histologiques du Caryopse (Tableau 1).

Tableau 1 : La composition chimique du tissu d'un grain de blé, (Feuillet, 2000).

Teneur (en %)	Péricarpe	Aleurone	Albumen
Protéines	10	30	12
Lipides	0	9	2
Amidon	0	0	82
Sucre réducteur	0	0	1,8
Pentosanes	43	46	1,6
Cellulose	40	3	0,1
Matières minérales	7	2	0,5

II.2.1. Les protéines du grain de blé

L'albumen de grain est la partie la plus intéressante et qui présente le plus grand intérêt en point de vu de l'utilisation.

En effet, les protéines de réserve qui le constituent ; ont la capacité de former en présence d'eau des liaisons covalentes, hydrogènes et des interactions notamment de type hydrophobe, aboutissant sous l'action du pétrissage à un réseau glutineux qui possède des propriétés viscoélastiques aux multiples usages notamment la panification.

La classification des protéines du blé a été déclenchée par Osborne en 1907. En 1924, il définit quatre groupes de protéines caractérisés par leur solubilité dans des milieux différents (Osborne, 1924) (Figure 4) :

- Les albumines qui sont solubles dans l'eau ;
- Les globulines qui sont solubles dans les tampons salins ;
- Les gliadines qui sont solubles dans une solution d'alcool à 70% ;
- Les gluténines qui sont solubles dans une base ou un acide ou des détergents en présence d'un réducteur.

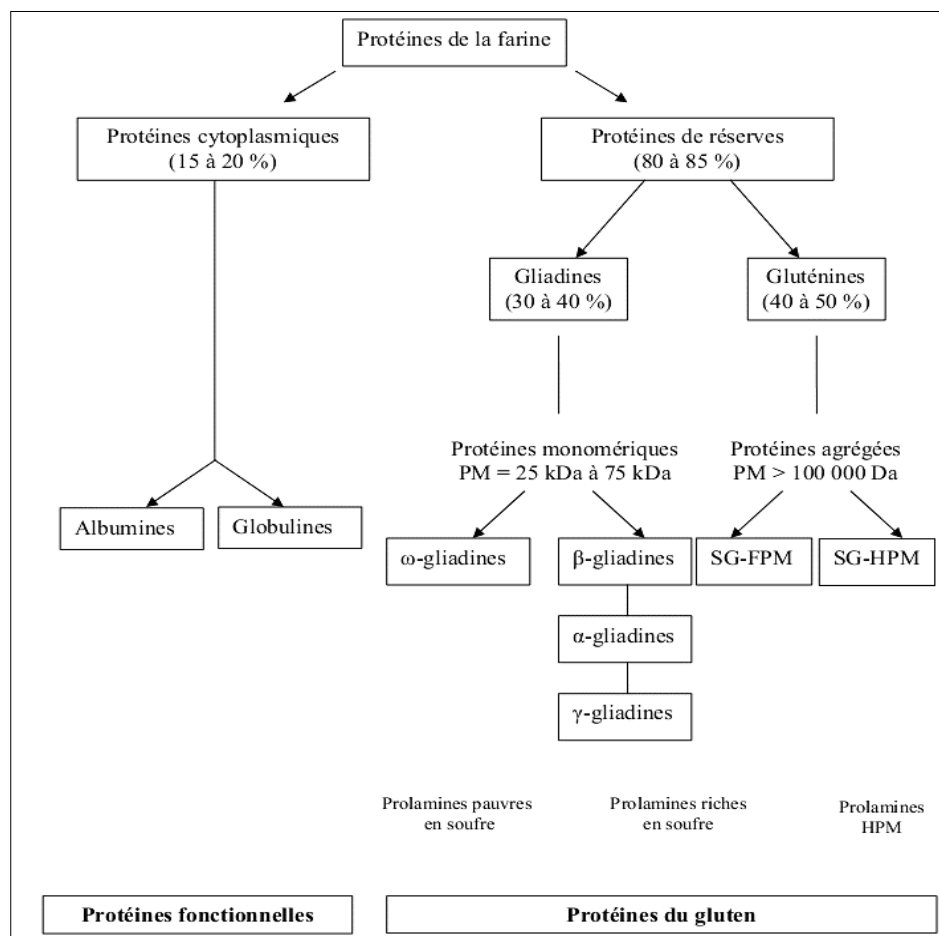


Figure 4: Composition protéique de la farine du blé, rapprochement de classification de Osborne et Shewry en 1986.

Cette classification a été revue en 1986 par Shewry et ses collaborateurs qui ont proposé deux grandes catégories :

- Les protéines métaboliques : les albumines et globulines, les amphiphiles ;
- Les protéines de réserves : les gliadines et les gluténines.

II.2.1.1. Les protéines métaboliques

❖ Les albumines et globulines

Elles représentent 15 à 20% des protéines de la farine de blé, et participent à la formation de graine et l'accumulation des réserves au niveau d'albumen (Vensel *et al.*, 2005). Ce groupe de protéines est très diversifié de par ses propriétés physicochimiques (compositions en acides aminés, points isoélectriques et poids moléculaires).

❖ Les protéines amphiphiles

Les protéines amphiphiles représentent entre 5 et 9% des protéines de la farine de blé. Elles possèdent un pôle hydrophobe et un pôle hydrophile. Elles jouent un rôle important dans la qualité, notamment les puroindolines qui sont connues pour avoir un effet sur les propriétés technologiques de la pâte (Dubreil *et al.* 1997) (Igrejas *et al.*, 2001).

II.2.1.2. Les protéines de réserve

Les protéines de réserves ou les protéines de gluten, font partie de la famille de prolamines, ces protéines sont largement étudiées du fait de leur relation avec la qualité technologique de la pâte.

La famille des prolamines est constituée de deux groupes des protéines ; (les gliadines) qui sont des protéines monomériques, et les gluténines qui sont-elles même constituées de deux groupes ; les sous-unités de gluténines de haut poids moléculaire (SG-HPM) et les sous-unités de gluténines de faible poids moléculaire (SG-FPM). En générale, la proportion entre ces différentes prolamines est la suivante : 40% de gliadines, 40% SG-FPM et 20% de SG-HPM. Ces protéines ont aussi été classées selon leur composition et séquences. On distingue :

- Les prolamines riches en soufre ;
 - Les prolamines pauvres en soufre ;
 - Les prolamines de haut poids moléculaire.
- Les prolamines riches en soufre ; représentent 70% des prolamines et sont constituées des gliadines de type α , β , γ et des SG-FPM.

- Les prolamines pauvres en soufre représentent entre 10 et 12% des prolamines totales et sont exclusivement constituées des gliadines de type ω .
- Les prolamines de haut poids moléculaire représentent 20% des prolamines. Les SG-HPM peuvent être de deux types différents : x et y. Ces prolamines ont la capacité de former des structures polymériques avec les SG-FPM et certaines gliadines par l'intermédiaire de ponts disulfures. La masse du réseau polymérisé, en fonction des allèles de gluténines et gliadines, va de 600000 Da à plus de 10^7 Da.

III. Production du blé.

III.1. Production mondiale et importance nutritionnelle

Le blé est une culture importante fournissant 20% des calories consommées dans le monde entier (www.wheatworld.org). De plus, la demande en blé est prévue d'augmenter avec l'augmentation de la population mondiale. Il est estimé que la population mondiale s'élèvera à 9.6 milliards avant 2050 (UN DESA, 2015) ; par conséquent, la production du blé aura un impact crucial sur la sécurité alimentaire et l'économie mondiale dans les décennies prochaines (<http://iwyp.org/the-global-challenge>).

La consommation mondiale du blé a été multipliée par 5 en espace d'un demi-siècle passant ainsi de moins de 150 millions de tonnes consommées en 1946 à plus de 700 millions de tonnes en 2014. En 2014, la production mondiale du blé a augmenté de 10% et la consommation mondiale du blé a augmenté de 5% par rapport à 2012. La production mondiale en 2015 atteint 721Mt, soit la deuxième plus importante après le record de l'année 2014 qui est arrivé à 726 Mt (Figure 5).

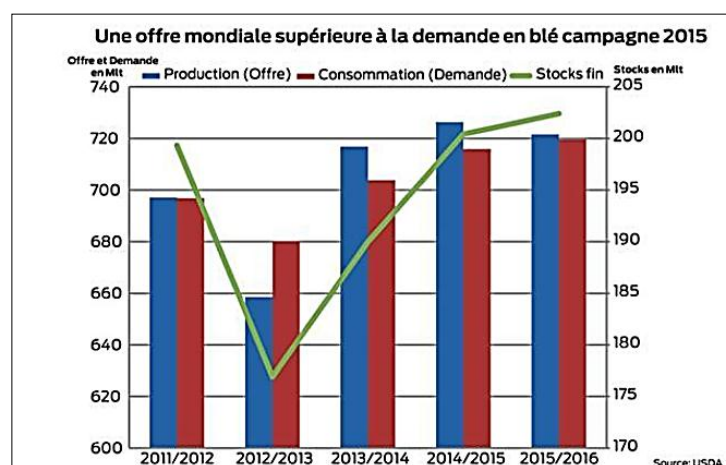


Figure 5 : La production et la demande en blé dans le monde en 2015.

(Source : Département des Etats-Unis (USDA) – www.usda.gov).

La consommation annuelle moyenne du blé au niveau mondial s'élève à 90 kg par individu, essentiellement en pain, qui est la forme d'utilisation la plus connue depuis des millénaires. Et si la consommation du blé est universelle, la production par contre est concentrée dans un nombre limité de régions du globe. L'Union Européenne est le plus grand producteur en 2014 (155 millions tonnes) suivi par la Chine (126 millions tonnes), et Union soviétique (112 millions tonnes). Autres pays sont aussi des grands producteurs du blé : Inde (95 millions tonnes), Russie (59 millions tonnes), États-Unis (55 millions tonnes), Canada (29 millions tonnes), Australie (26 millions tonnes), Ukraine (24 millions tonnes) et Argentine (12 millions tonnes). Tandis que les majeurs exportateurs du blé sont les États-Unis, Canada, l'Australie, L'Union Européenne, la Russie, l'Ukraine et l'Argentine (USDA, 2015 ; <http://www.fas.usda.gov/data/world-agricultural-production>).

III.2. Production et importance économique au Maroc

La production du blé est une activité agricole majeure qui a une implication importante sur l'économie nationale du Maroc. En moyenne, environ 3 millions hectares du blé sont cultivés annuellement au Maroc avec 2 millions hectares du blé tendre (USDA, 2014). La superficie moyenne occupée par les fermes est moins que 5ha, impliquant que la plupart de production du blé est entreprise par des pauvres fermiers avec de petites participations. Environ 94% de la superficie totale et 74% de la production se trouve dans les zones pluviales (Dahan *et al.*, 2012). La production totale du blé en 2015 atteint 8 Mt, cette valeur a connu une augmentation par rapport à l'année 2014, dont la quantité était de 5 Mt.

Le Maroc est parmi l'un des plus grands importateurs du blé. Chaque année, l'importation du blé dépasse les 1 Mt. A l'année 2015, la quantité importée du blé est arrivée à 2,8 Mt dont 2,3 Mt est du blé tendre (USDA, 2015). La consommation interne est estimée actuellement à 258 kg par personne, qui est parmi les valeurs les plus hautes dans le monde (USDA, 2015). Cette augmentation est due à la fois à la diversification des produits du blé, et à la croissance démographique (USDA, 2015). La consommation totale est estimée à 8,7 Mt dont un tiers vient de l'importation.

IV. Ressources phytogénétiques du blé.

De manière générale, le vocable de « ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture » (RPGAA) désigne le matériel génétique d'un certain nombre de plantes utiles à l'alimentation et l'agriculture (M. GLACHANT et F. LEVEQUE, 1993). Plus précisément, le Traité international portant sur ces ressources les définit comme « le matériel génétique

d'origine végétale ayant une valeur effective ou potentielle pour l'alimentation et l'agriculture » ; le matériel génétique étant « le matériel génétique végétal., y compris le matériel de reproduction et de multiplication végétative, contenant des unités fonctionnelles de l'hérédité ».

Les RPGAA représentent un ensemble précieux de caractéristiques héréditaires, c'est un matériel renfermant toutes les données génétiques constituant le bagage héréditaire d'une plante et dont la diversité est largement exploitée par l'Homme. La préservation de ce potentiel s'effectue soit pour sa valeur patrimoniale, soit pour son utilisation à des fins de recherche ou commerciales (agriculture, industrie, médecine...) et la sauvegarde de ce patrimoine est une garantie pour répondre à des besoins futurs, aujourd'hui imprévisibles.

Selon le Centre d'Echange d'Information sur la Biodiversité du MAROC (CEIBM) ; Le Maroc comporte des ressources phytogénétiques importantes. Il est, en effet, considéré comme un centre important de diversité génétique pour un grand nombre d'espèces cultivées et leurs formes sauvages apparentées.

IV.1. Types des ressources phytogénétiques

IV.1.1. Populations locales

Les populations locales sont formées par la multiplication en masse d'une population naturelle, c'est-à-dire développée par l'Homme. Il peut y avoir, dans certaines situations, une sélection par l'agriculteur au passage d'une génération à une autre ; ce sont des variétés évolutives. Dans le contexte d'une agriculture plus intensifiée, quel que soit le type de plantes, l'hétérogénéité génétique des populations locales ne permet pas de bonnes performances, mais elle procure une assez bonne régularité de comportement dans des milieux variés et variables.

IV.1.2. Lignées pures

En théorie, les lignées pures sont formées d'un seul génotype homozygote à tous les locus, qui par autofécondation donne des descendants tous homozygotes, identiques entre eux et identiques à ceux de la génération précédente. Les lignées pures sont très homogènes et reproductibles. Leur sélection étroite permet d'obtenir de bonnes performances.

IV.1.3 Variété

Une variété est un génotype avec des caractéristiques agronomiques bien définies, créée pour que la production qui en est issue réponde mieux à des demandes des utilisateurs (agriculteurs, industriels, consommateurs) et au respect de l'environnement.

Elle est le résultat d'une sélection dite créatrice, mettant en œuvre des méthodes et des outils permettant d'associer le maximum de gènes favorables chez les individus qui la composent.

D'un point de vue génétique, une variété peut être définie comme une population artificielle à base génétique plus ou moins étroite, voire réduite à un génotype, de caractéristiques agronomiques assez bien définies et reproductible.

IV.1.4. Hybrides

Les hybrides résultent du croisement contrôlé de deux lignées qui permettent d'utiliser au maximum la variation génétique de la valeur des croisements. Ce type d'hybride est parfaitement reproductible et génétiquement homogène, dans la mesure où ses ascendants, deux lignées pures, sont maintenus. Sur le plan pratique, ce type d'hybride impose un renouvellement des semences à titre d'exemple, dans le cas où il existe chez un parent cinq locus de résistance à des agents pathogènes, chacun étant occupé par un allèle dominant, et chez l'autre parent cinq autres locus de résistance à d'autres agents pathogènes, chacun étant également occupé par un allèle dominant, l'hybride obtenu en une seule génération sera résistant aux dix agents pathogènes. En revanche, pour créer une lignée homozygote pour les dix gènes de résistance par autofécondation à partir de cet hybride, la probabilité d'obtenir une telle lignée serait très faible ; ce qui justifie l'existence des variétés F1 de la tomate, plante autogame qui possède de nombreux gènes dominants de résistance aux maladies.

IV.2. Conservation des ressources phytogénétiques

La gestion et la conservation des RPGAA impliquent de très nombreux acteurs. Elles sont détenues dans les banques de gènes, les collections publiques (les jardins botaniques), les collections privées et à la ferme par les agriculteurs.

Les principales stratégies en matière de conservation de ces ressources phytogénétiques sont la conservation in situ et la conservation ex situ.

IV.2.1. Conservation in situ

La conservation in situ désigne tout mode de conservation des ressources sur le site, c'est-à-dire sans déplacer les ressources de leur milieu naturel. Manifestement, les agriculteurs sont, du fait de leur travail, les premiers acteurs historiquement parlant de la conservation in situ.

En plus, plus récemment, on a vu se développer un mécanisme juridique : les espaces naturels protégés.

En effet, la conservation in situ présente l'avantage d'être dynamique et vise à maintenir le processus évolutif des ressources qui permet de les conserver tout en bénéficiant de leur évolution et de leur adaptation à l'environnement pour répondre aux exigences des paysans.

A ce propos, en 1994, l'Institut International des Ressources Phytogénétiques (IPGRI) à Rome, (1994) actuellement baptisé BIOVERSITY, a établi un programme de coopération pour le projet du renforcement des bases scientifiques de la conservation in situ de la biodiversité agricole « composante marocaine » avec la collaboration de neuf pays à travers le monde, à savoir : Burkina Faso, Ethiopie, Hongrie, Maroc, Mexique, Népal., Pérou, la Turquie et le Vietnam (FAO, 1998).

IV.2.2. Conservation ex situ

La conservation ex situ fait référence à différentes méthodes de conservation que sont la culture traditionnelle en plein champ ou en serre, la conservation in vitro, la cryoconservation, etc. Bien que différentes selon leurs principes, elles ont toutes une caractéristique commune : conserver les variétés en dehors de leur habitat.

Trois groupes de détenteurs sont concernés : les jardins botaniques, les banques de gènes publiques et les banques de gènes privées. Au niveau mondial., ils conservent plus de 90% des six millions d'entrées des RPGAA ex situ (FAO, 1997).

Elle assure le maintien, en l'état, de l'intégralité des ressources depuis leur collecte et pour une durée, la plus longue possible. Cette méthode de conservation a permis le stockage d'un nombre considérable de semences de blé dur dans les différents centres internationaux de conservation. Actuellement, environ 79 000 tétraploïdes et 253000 accessions de *Triticum* non spécifiées sont disponibles dans les collections des banques de gènes dans le monde entier (Skovmand *et al.*, 2005).

Parmi les centres qui gèrent les collections du matériel génétique au nom de la communauté mondiale on peut citer :

CIMMYT : Centre international pour l'amélioration du maïs et du blé à Mexico ; est une organisation sans but lucratif dont la mission est de contribuer à l'amélioration des moyens de subsistance des populations des pays émergents par l'amélioration des semences de blé et de maïs, principales cultures vivrières du monde. Cette organisation est issue d'un

programme pilote menée au Mexique en 1943 sous le parrainage conjoint du gouvernement mexicain et de la Fondation Rockefeller.

L'ICARDA : Centre international de recherche agricole sur les régions arides ; est créé en 1977 à Alep en Syrie, actuellement basé à Rabat, Maroc. Ce centre comporte une banque de gène adapté à la conservation à long terme et a cours terme d'un nombre énorme des populations et ligné des céréales (blé tendre, blé dure, orge et maïs) et légumes (pois chiche, lentilles, féverole, fève et petit pois).

L'INRA : l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRA, Maroc) ; est une institution de recherche agricole créée en 1980. Il comprend des centres régionaux de recherches et des stations expérimentales réparties à travers tout le royaume conservent près de 23 594 accessions de lignées de blé en tant que stock génétique en collection de base en petites quantités à la banque de gènes de Settat. La caractérisation du germoplasme maintenu dans ces banques de gènes est cruciale afin d'exploiter la variabilité génétique existante pour des caractères d'importance économique tels que : le rendement et sa stabilité, la qualité du grain et la tolérance aux stress biotiques et abiotiques (Aguiriano *et al.*, 2006).

V. Sélection génétique et moyennes de mesure de la variabilité génétique.

V.1. La variabilité génétique

La variabilité génétique d'une population est une mesure globale des différences génétiques entre les individus. Ces différences génétiques sont à l'origine des multiples phénotypes observés. Elle constitue le substrat de la sélection, moteur de l'évolution.

Dans le cadre d'un programme de sélection, la variabilité est la base du progrès génétique ; elle assure à la fois le maintien de la capacité à répondre à la sélection artificielle et à des évolutions des objectifs de sélection.

La variabilité présente entre les différents génotypes d'une espèce est appelée la diversité génétique. Elle surgit en raison des changements dans l'environnement, des mutations, des recombinaisons dans les chromosomes, les gènes ou l'ADN (Yadav *et al.*, 2014).

L'étude de la diversité génétique est essentielle au succès de l'amélioration et la sélection des plantes. Elle fournit des informations sur le quantum de la divergence génétique et sert comme une plate-forme dans le programme de sélection. L'analyse de la variabilité génétique entre les variétés, permet de faciliter le choix de croisement et d'identifier diverses

combinaisons de parents qui peuvent être utilisées dans le programme de sélection, afin de créer une descendance portant maximum de variabilité génétique (Barrett et Kidwell, 1998).

L'étude de diversité génétique est le processus par lequel la variation entre les individus ou les groupes d'individus ou les populations est analysée par une méthode spécifique ou une combinaison de méthodes. Elle peut se mesurer en utilisant des paramètres agromorphologiques (whan *et al.*, 2014, C. Gegas 2010, Salem *et al.*, 2008), des paramètres technologiques (F.Morris *et al.*, 2004), des marqueurs biochimiques tel que les protéines (Payne, 1987 ; Nieto-Taladriz *et al.*, 1997 ; Moragues *et al.*, 2006), ou encore des marqueurs moléculaires (Autrique *et al.*, 1996 ; Moragues *et al.*, 2002, 2003).

V.2. La sélection génétique

La sélection génétique est un processus qui permet d'isoler et de multiplier un trait bénéfique dans le but d'améliorer une espèce. C'est un processus qui se déroule naturellement sous la pression des facteurs de milieu ou artificiellement par l'intervention de l'homme. Ainsi, la sélection peut se définir comme programme d'élevage sélectif où l'on ne garde que les individus ou les familles qui satisfont à des critères phénotypiques déterminés préalables pour ce qui est des phénotypes quantitatifs ou encore les individus qui présentent le phénotype qualitatif souhaité.

La sélection génétique des plantes consiste en la création de nouvelles variétés à partir de la diversité existante (populations locales, espèces sauvages, etc.). Elle consiste à croiser deux plantes choisies pour leurs caractères intéressants et complémentaires afin de les réunir dans une seule. Par le choix des meilleures plantes dans la descendance, les sélectionneurs aboutissent après un long travail d'épurations successives à la création d'une nouvelle variété.

Les populations locales de blé sont le résultat d'une sélection massale qui été faite durant des milliers d'années à partir des espèces sauvages. Elles constituent un composant dynamique et essentielle de la biodiversité, et une source des traits qualitatives et quantitatives demandés et utilisées dans les programmes de sélection génétiques (Tsegaye *et al.* 2007).

Dans les pays développés, les programmes de sélection génétique ciblent l'amélioration de rendement, la qualité du gain ne présente pas une cible de ces programmes mais reste avec une importance, la corrélation, souvent, négative entre le rendement et la qualité est un facteur limitant pour l'amélioration de qualité de cette dernière (Sanchez-Garcia *et al.* 2015 ; Pena *et al.* 2002). Des sources génétiques comme, les populations locales et les alternatives sauvages,

(Davies *et al.*, 2006 ; Ogonnaya *et al.*, 2013; Rasheed *et al.* 2014), ces sources génétiques présentent des traits morphologiques et de qualité qui sont très importants.

V.3. Les moyennes de mesure de la variabilité génétique

V.3.1. Les paramètres agro-morphologiques

L'analyse de la diversité génétique par les marqueurs phénotypiques (agronomiques et morphologiques) permet de révéler la diversité telle qu'elle est perçue (Emperaire, 2003). Ces marqueurs sont déjà utilisés avec succès dans l'étude de la diversité génétique (Moragues *et al.* 2006 ; Naghavi et Amirian 2005, Gegas 2010).

V.3.1.1. Les dimensions de la graine

Les dimensions de la graine sont fortement utilisées lors de l'étude de la variabilité génétique notamment la largeur et la longueur car ils sont des caractères fortement héréditaires. Ces caractères représentent un majeur composant de rendement ; ils contribuent à la vigueur des semis (Lafond *et al.*, 1986), ils ont une forte corrélation avec le rendement en farine (Berman M *et al.*, 1996) (Marshall DR *et al.*, 1986) et avec le poids spécifique qu'est un caractère critique, utilisé par les moulins avant la mouture. Ces caractères sont aussi associés avec différentes caractéristiques de la farine tels que le contenu en protéines et les activités des enzymes hydrolytiques ; ce qui a un effet sur l'utilisation finale de la farine en terme de panification (Millar *et al.*, 1997 ; Evers, 2000).

V.3.1.2. Le poids de mille grains

Le poids de 1000 grains ; est un critère très important, employé dans la sélection des variétés pour caractériser la grosseur et la densité des grains. Généralement, ce poids diminue lorsque la fertilité de l'épi augmente. Il 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 ; les grains échaudés, ceux qui ont souffert de mauvaises conditions de croissance, petits, « mal nourris », ou ceux qui ont été partiellement vidés de leur amande par des prédateurs aux champs ou lors du stockage, vont donner une masse bien inférieure à la normale. (Rignac, 1981).

V.3.1.3. La couleur de la graine

La couleur de la graine qui est due à l'accumulation des pigments ; représente un trait important dans les programmes de sélection génétique, car ces pigments possèdent une valeur nutritionnelle importante et affectent la qualité du grain lors de l'utilisation finale. Ce trait est fortement héréditaire et il est contrôlé par l'effet génotype et l'environnement (Abdel-Aal et

Hucl, 2003) avec une dominance de l'effet de génotype et faible effet de l'interaction **G*E** (Eloufi *et al.* 2001 ; Clarke *et al.* 2006).

Les caroténoïdes incluent deux classes chimiques ; les carotènes qui sont des hydrocarbures insaturés et les xanthophylles qui sont des dérivés hydroxylés des carotènes. Ils sont responsables à l'apparition de la couleur jaune dans la quasi-totalité des systèmes biologiques (Goodwin, 1980 ; Krinsky *et al.* 1993). Ainsi, ils sont responsables sur le degré de jaunissement de la graine de blé, cette dernière est corrélée avec la biosynthèse et la dégradation de ces composants (Hentschel *et al.* 2002 ; Panfili *et al.* 2004).

Les anthocyanines sont des produits secondaires du métabolisme des flavonoïdes, ils contribuent à l'apparition de la couleur bleue, pourpre et rouge dans la plupart des fruits et fleurs (Delgado-Vargas *et al.* 2000 ; Winkel-Shirley 2001). En ce qui concerne le blé tendre, les anthocyanines sont localisées au niveau de la graine, coléoptile, l'anthere, les glumes, et le pied de la plante (Khlaestkina *et al.* 2010). Pour la graine, les anthocyanines sont situées dans les couches extérieures (Adom *et al.* 2005).

L'association de la couleur rouge de la graine avec la stimulation de la dormance a été démontrée depuis plus d'un siècle, Nilsson-Ehle, 1914 a suggéré qu'il y a trois gènes impliqués dans l'apparition de la pigmentation rouge dans le blé, par la suite la cartographie de ces 3 locus a été faite, se sont trois locus homéologues situés dans le bras long de chromosome groupe 3 (Nelson JC *et al.*, 1995). Ces locus codent pour des facteurs de transcription Myb-Type qu'ils sont impliqués dans la stimulation de la dormance et l'expression des gènes impliquées dans les voies de biosynthèse des flavonoïdes (Himi E *et al.*, 2005).

Les chroma-mètres sont des instruments standards ; permettant d'acquérir la détermination de la couleur dans plusieurs industries et domaines de recherche, elles sont adaptées à l'utilisation dans la production céréalière durant toute la chaîne de production, incluant les grains, la farine, la pâte, la semoule, et les pâtes alimentaires. Les chroma-mètres mesurent la couleur dans l'espace chromatique $L^* a^* b^*$ CIE, généralement nommé CIELAB, est un espace des couleurs particulièrement utilisé pour la caractérisation des couleurs de surface.

L'espace chromatique est composé de trois grandeurs qui caractérisent la couleur : la luminance L^* du 0 à 100, la grandeur a^* avec des valeurs négatives et positives qui représentent la couleur verte et rouge respectivement, et b^* qui représente la couleur bleue (négative) et la couleur jaune (valeur positive).

V.3.2. Les paramètres technologiques

Les traits technologiques représentent un composant intégral dans les programmes de sélection. Cela est expliqué par le fait que ces traits sont héréditaires et affectent directement la valeur de blé dans le marché. Ces paramètres sont déjà utilisés dans l'étude de diversité génétique par (F. Morris *et al.*, 2004 ; G. Branland, 2001).

V.3.2.1. Le rendement en farine

Le rendement en farine, exprimée en pourcentage ; est la quantité de farine extraite à partir d'une masse initiale de grains. Ce paramètre est très important à l'échelle industrielle et économique ; chaque augmentation de 1% du rendement en farine augmentera le bénéfice de deux dollars par tonne (D. R. Marshall, 1986).

V.3.2.2. La force de gluten

La force de gluten est appréciable par le test Zélény (l'indice de sédimentation), le principe de ce test repose sur l'aptitude des protéines à se gonfler dans un milieu acide ; en présence de l'acide lactique et du Sodium Dodecyl Sulfate (SDS) (Monneveux, 1984). Cet indice est déterminé par Axford et Redman (cette dernière a été publiée dans *Cereal Chemistry*, 56 : 582-584 en 1979).

Une meilleure force du gluten de qualité donne lieu à une sédimentation plus lente et un volume de sédimentation plus élevé (Kumar *et al.* 2013). En fait, c'est le gluten qui communique à la pâte ses propriétés rhéologiques : cohésion, élasticité, ténacité.

Un gluten fort ; confère une plus grande fermeté et stabilité aux pâtes durant le pétrissage, alors que les pâtes réalisées à partir d'une farine à gluten faible ont tendance à se détériorer rapidement et deviennent mouillées avec sur-pétrissage (Payne, 1987).

V.3.2.3. La teneur en protéines

La teneur en protéines ; est un caractère très important sur les deux plans ; technologique et nutritionnel (Blanco *et al.*, 2011 ; Zhao *et al.*, 2010). C'est la propriété du grain qui influe le plus sur la qualité culinaire des pâtes alimentaires (Matsuo *et al.*, 1982 ; Autran *et al.*, 1986).

V.3.2.4. La couleur de la farine

L'aspect ainsi que la couleur ; jouent un rôle primordial dans la qualité technologique de la farine du blé tendre, une farine avec un aspect blanchâtre est souhaitable.

La couleur de la farine est corrélée avec la quantité des caroténoïdes et des xanthophylles dans le grain (Blanco *et al.*, 2011). Elle est affectée par plusieurs facteurs ; la dureté de la graine, le volume de particules de la farine, le contenu de la farine en son ainsi que, l'humidité de grain durant le blutage (Posner, 2009 ; Symons & Dexter, 1991).

Une farine avec un aspect idéal ; doit présenter des valeurs proches que celles citées en dessous (Wheat Marketing Center, USA) :

- **L*** (aspect blanchâtre) = + 92.5
- **a*** (couleur verte-rouge) = - 2.4
- **b*** (couleur jaune-bleu) = + 6.9

V.3.2.5. *Le volume du pain*

Le volume du pain est un paramètre technologique important de la qualité du blé, il dépend directement à la force du gluten qui est un paramètre responsable sur les propriétés rhéologiques de la pâte (Finney1943).

Le volume du pain est augmenté avec une grande capacité d'absorption d'eau et long temps de pétrissage ainsi qu'une grande stabilité (S. P. ROELS, 1993).

V.3.3. Les marqueurs biochimiques

V.3.3.1. *Composition et structure de la protéine du gluten*

Le nom « gluten » regroupe en réalité un ensemble de protéines complexes, également appelés prolamines, qui constituent la réserve protéique du grain. (Charbonnier *et al.* 1980).

V.3.3.2. *Polymorphisme de protéines du gluten*

Les protéines sont des marqueurs efficaces de la qualité du blé (Payne, 1987). Des études ont montré qu'entre 20% et 60% de la variabilité entre les variétés au niveau de la qualité de panification peut être expliqué par la variation au niveau des protéines de stockage (Payne, 1987 ; Lukow *et al.* 1989 ; Kolster *et al.* 1991).

Dans l'électrophorèse par gel d'Acrylamide (SDS-PAGE), deux bandes représentent deux groupes de protéines ; les protéines de haut poids moléculaire (SG-HPM) et de faible poids moléculaire (SG-FPM) (Payne *et al.*, 1980 ; Jackson *et al.*, 1983).

Les constituants du gluten sont génétiquement déterminés et leurs polymorphismes suffisent souvent à caractériser une variété de blé. Ces protéines résultent de l'expression d'une centaine de gènes répartis en douze locus principaux.

Ce sont les locus Glu-A1 et Glu-B1 et Glu-D1, respectivement sur les longs bras des chromosomes 1A, 1B et 1D codant pour les sous-unités gluténines de haut poids moléculaire (SG-HPM). Trois allèles sont identifiés pour le locus 1A (la sous-unité 1, 2* et le génotype nul), sept allèles et paire d'allèles sont identifiés pour le locus 1B (6 + 8, 7, 7 + 8, 7 + 9, 13 + 16, 17 + 18, 20) et quatre allèles sont identifiés pour le locus 1D (2 + 12, 3 + 13, 4 + 12, et 5 + 10).

Les locus Glu-A3, Glu-B3 et GLU-D3 sur les bras courts des chromosomes 1A, 1B et 1D codant pour les sous unités gluténines de faible poids moléculaire (SG-FPM). Sur ces mêmes bras courts et à proximité de locus Glu-3 se trouvent les locus Gli-1 codant principalement pour les oméga-gliadines. L'alpha, beta et gamma gliadines sont codés par les locus Glu-2 sur les bras courts des chromosomes 6A, 6B et 6D. Sur un même chromosome 1A, 1B et 1D, le locus Glu-1 est relativement distant du locus Glu-3, de fréquentes recombinaisons se produisent au sein d'un même chromosome entre ces deux locus (Payne, 1987).

Les locus Gli-1 et Gli-2 sont constitués de groupes de plusieurs dizaines de gènes avec une grande similarité entre les séquences codantes. De rares recombinaisons se produisent au sein d'un groupe de gènes au locus complexe des gliadines, les formes alléliques observés pour chacun des locus Glu-1, Glu-3, Gli-1 et Gli-2 sont particulièrement nombreuses (Branlard, 2012).

C'est en général plusieurs dizaines de formes alléliques que l'on observe à chacun des douze locus lors de l'analyse de collection mondiale des blés tendres. En plus de recombinaisons génétiques entre les locus, les gliadines et les gluténines sont excessivement polymorphes.

Au total., la diversité génétique des protéines de gluten est immense. Plusieurs milliards de blés sont tous génétiquement différents et donc distincts par la composition protéique du gluten et donc de qualité technologique de la pâte et du pain.

Les sous unités gluténines de haut poids moléculaire sont présentent en petite quantités dans le grain, mais avec un effet important sur la qualité de panification (Payne, 1987). Des études génétiques sur les (SG-HPM) (Pogna *et al.* 1986 ; Payne *et al.* 1987) ont montré que la sous unité (5+10) à un effet positif sur la qualité de panification, et la sous unité (2+12) à un effet négatif. En général., la sous unité nulle codé par le locus Glu A1, la sous unité (6+8) codé par Glu B1 et la sous unité (2+12) codé par Glu-D1 sont négativement liées avec la qualité de panification (Weegels *et al.*, 1996).

Plusieurs programmes de sélection génétique de blé ont caractérisé chez des lignées et des cultivars des (SG-HPM) liées positivement avec la qualité de panification tels que (1, 2*, 7+9, 7+8, 5+10), ces sous unité sont incorporées par la suite dans des nouvelles variétés (Lukow, 1991).

Partie II : Etude expérimentale

I. Matériel biologique.

Le matériel biologique (matériel végétal) utilisé dans cette étude est constitué de 236 échantillons de blé tendre (*Triticum aestivum*. L), soit un total de 59 accessions.

Ce matériel végétal est disponible à la Banque des gènes de l'ICARDA à Rabat, il est multiplié dans deux stations, à savoir ; la station de Merchouch et celle d'Annoceur. Les essais ont été plantés suivant un dessin Alpha-Lattice avec deux répétitions. Les échantillons sont récoltés en 2018 et soumis à une caractérisation agro-morphologique, technologique et nutritionnelle.

II. Méthodes utilisées.

II.1. Caractérisation agro-morphologique

Les caractères morphologiques des échantillons étudiés ; sont déterminés à l'aide du logiciel Grainscan développé par Whan *et al.* 2013.

Il s'agit d'une méthode logicielle permettant de mesurer les dimensions de chaque graine (la surface, le périmètre, la longueur, la largeur et la hauteur) ainsi que, sa couleur à partir d'images capturées avec des scanners à plat (Imagerie de l'échantillon). (Source : *BMC Plant Methods*).



Figure 6 : Echantillon de blé tendre analysé par logiciel « Grainscan ».

II.2. Analyses des paramètres technologiques

II.2.1. Spectroscopie proche infrarouge

▪ Principe

La SPIR est une méthode instrumentale basée sur le fait que chacun des composés chimiques majeurs d'un échantillon a une propriété d'absorption dans le proche infrarouge qui peut être utilisée pour différencier un composé parmi d'autres. La sommation de ces propriétés d'absorption combinée avec les propriétés de diffraction de l'échantillon constitue la réflectance diffuse de l'échantillon. Par conséquent, le signal de réflectance dans le proche infrarouge contient une information sur la composition de l'échantillon. (Norris *et al.*, 1989) Cette analyse non destructive consiste à mesurer par infrarouge les paramètres suivants du blé tendre : la teneur en protéines, de gluten ainsi que celui d'humidité.

II.2.1.1. Taux de protéines (Prot)

Dans la présente étude, la teneur en protéines a été mesurée à l'aide d'un appareil à infrarouge (NIRS : Near Infra-Red Spectroscopy). Cet appareil permet d'obtenir un spectre avec une gamme de longueurs d'onde comprises entre 750 nm et 1100 nm par pas de 2 nm.

II.2.1.2. Taux de gluten (Glu)

Le taux de gluten est mesuré par l'appareil (NIRS), par réflexion en proche infrarouge [750 – 1100 nm].

II.2.1.3. Taux d'humidité (H)

Le taux d'humidité est mesuré à l'aide du même appareil à infrarouge (NIRS) et selon les mêmes conditions de mesure. Les résultats sont exprimés en pourcentage d'humidité par rapport à la matière sèche.

II.2.2. Force de gluten (Indice de sédimentation Zeleny)

II.2.2.1. Principe

La force de gluten a été estimée par l'indice de sédimentation Zeleny selon la méthode AACCI 56-63.01. Le principe de cette méthode repose sur la capacité des protéines de blé de se gonfler dans un milieu acide.

Elle consiste à mesurer le volume de sédimentation formé à partir d'une suspension de la farine dissous dans une solution d'acide lactique (ANNEXE I). Ce volume est en relation avec la teneur et la force de gluten de l'échantillon, plus on obtient un grand volume de sédimentation plus la teneur et la force de gluten est grande.

L'appréciation des résultats des mesures de la force de gluten sont illustrées dans le tableau suivant :



Figure 7 : Agitateur automatique

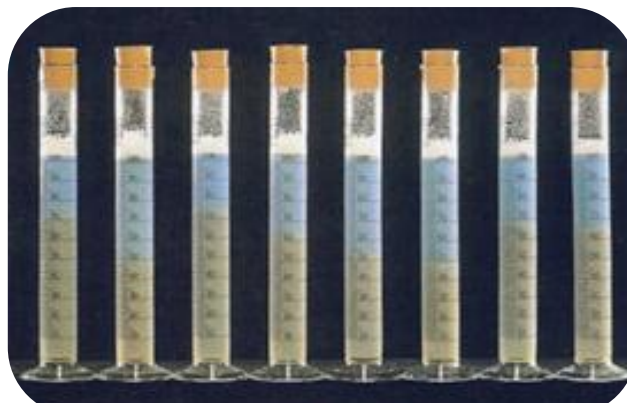


Figure 8 : Tubes de sédimentation 25 mL

II.2.3. Technique d'électrophorèse

II.2.3.1. Principe

Les techniques électrophorétiques sont basées sur le principe de la mobilité différentielle des molécules protéiques dans un support soumis à un courant électrique. Cette mobilité est en fonction de la charge électrique, de la dimension, la forme des protéines, de l'intensité du champ électrique, la température de l'électrolyte.

II.2.3.2. Extraction des protéines de réserve

L'extraction séquentielle des gluténines est réalisée selon la méthode de Singh *et al.*, 1991. Cette méthode décrit une procédure simplifiée pour la séparation des sous-unités gluténines.

Elle permet une meilleure résolution de SG-HPM et SG-FPM et est testée sur des variétés de blé tendre. Les modifications apportées par cette méthode ont permis la séparation des gluténines avec seulement une légère contamination des protéines des autres classes et l'obtention de gluténines hautement purifiées. Trois solutions de base sont nécessaires (ANNEXE II).

II.2.3.3. Extraction des gluténines

Les gluténines sont extraites (30 min) à partir du résidu dans une solution B1 (0.1 mL) contenant 1% P/V Dithiothréitol (DTT) ajouté à l'état frais après une bonne agitation au vortex. Après 5 minutes de centrifugation, la solution B2 (0.1mL) contenant 1.4% (V/V) du 4-vinylpyridine mélangé à l'état frais est ajoutée à chaque tube, lequel est incubé pendant 15 minutes pour une alkylation des protéines.

L'échantillon est ensuite centrifugé (2 min) et un aliquote (0.1 mL) de surnageant est transféré dans un autre eppendorf contenant la solution C (0.1mL). Ce même échantillon est agité brièvement ensuite incubé (15 min) pour une complexation du SDS avec le polypeptide des gluténines réduites et alkylées. Après la centrifugation (2 min), les extraits protéiques sont déposés dans les puits du gel pour une séparation SDS-PAGE des sous-unités gluténines (ANNEXE III).

II.2.3.4. Electrophorèse monodimensionnelle des Gluténines

La technique d'électrophores utilisée est celle proposée par Laemmli, 1970 modifiée par Payne *et al.*, 1979. La séparation se fait sur gel vertical en système discontinu, en présence de Sodium Dodecyl Sulfate (SDS).

Les ponts disulfures sont rompus par l'action du DTT et les liaisons faibles sont détruites par le SDS, ceci abouti à la formation d'un complexe SDS-protéine dénaturée, le SDS a pour but de masquer la charge des protéines par une charge négative, il annule ainsi le fractionnement en fonction de la charge électrique, et assure donc une séparation selon la taille, la conformation et la masse moléculaire (Beccari I. B., 1745).

- Préparation des gels

La technique SDS-PAGE nécessite la préparation de deux types de gels : un gel de séparation à T = 14% et un gel de concentration à T = 4%. Ces deux gels sont préparés à base d'acrylamide, de NN'-méthylène bis-acrylamide, du SDS et de Tris-HCl. Ces deux gels sont polymérisés en présence de catalyseurs, le TEMED et de l'APS (ANNEXE V).

Le gel de séparation ; permet la séparation des protéines selon leur poids moléculaire, alors que le gel de concentration ; permet de stocker les impuretés et de tasser les protéines avant leur entrée dans le gel de séparation.

On prépare le gel de séparation en premier puis on le coule entre deux plaques de verre verticales, en laissant un vide d'environ 4 cm pour le gel de concentration.

La polymérisation s'effectue à une température ambiante pendant environ 45 minutes. Ensuite, le gel de concentration est préparé, bien mélangé puis coulé au-dessus du gel de séparation, puis des peignes à 15 puits sont délicatement insérés. Le gel de concentration prend en l'espace de 20 à 40 min, les peignes sont retirées soigneusement pour ne pas détruire les puits formés, on verse le tampon (ANNEXE IV) dans les puits puis on procède au dépôt des échantillons à raison de 10-20 µl (Laemmli, 1970).

- Migration

Le bac supérieur qui porte les deux plaques est rempli de tampon de migration (ANNEXE IV) à un niveau qui dépasse celui des gels, on le place dans la cuve d'électrophorèse ou le bac inférieur, rempli au paravent de solution de tampon de telle sorte que les faces inférieures des gels soient immergées. La cuve d'électrophorèse est maintenue à une température constante 13.5 °C grâce à un système de refroidissement (**N.B** : plus la température est élevée plus la migration sera rapide). Le gel est soumis à une intensité constante de 19.7 mA et un voltage de 80 V. Les protéines chargées négativement migrent vers l'anode et sont séparées selon leur encombrement moléculaire. La migration se réalise généralement après 18 voire 20 heures, et l'appareil est arrêté généralement 3h après la sortie du front coloré.

- Coloration et décoloration des gels

Les gels sont recouverts de solution de coloration contenant un fixateur de protéines le TCA et le bleu de Coomassie R250 (ANNEXE IV), ils sont placés en agitation pendant 24h. Les gels sont ensuite décolorés par l'eau de robinet.

II.2.4. Rendement en farine

Le rendement en farine est déterminé selon la méthode AACC 26-50, par une machine broyeuse (BUHLER - Quadromat Junior) capable de broyer les grains et séparer la farine du son. Le rendement en farine est calculé après trois extractions de la farine pour chaque accession. Avant de procéder au broyage ; il est nécessaire de maintenir l'humidité à 15% voire 17%.



Figure 9 : Broyeur (BUHLER -Quadromat Junior).

II.2.5. Panification

Les échantillons de pain ont été préparé selon la formulation suivante : farine (300g), sucre (12g), sel (6g), huile (10mL), en utilisant l'appareil de panification (UNOLD BACKMEISTER EXTRA). Selon le programme suivant: préchauffage ,22 min, 30C ;

retournement, 3 min ; pétrissage, 18 min, 35C ; levé, 45 min, 45C ; lissage, 1 min; levé, 25 min, 40C ; lissage, 1 min; levé, 50 min, 40C ; cuisson, 65 min, 210C). Ensuite, fait refroidir les échantillons à une température ambiante durant deux heures.

- Détermination du volume du pain

Les grains de colza ont la propriété de prendre la forme de tous les volumes et corps, aussi ils ont un mouvement flexible et facile. A l'aide d'une éprouvette graduée, le volume des graines de colza ayant permis de remplir la bassine dans laquelle les mesures seront effectuées est mesurée, dans un autre bassin de même volume en met le pain et on ajoute de colza de premier bassin jusqu'à ce que le deuxième bassin soit complètement rempli. Ainsi, le volume de pain est équivalent au volume de colza qui reste dans le premier bassin (Figure 10).

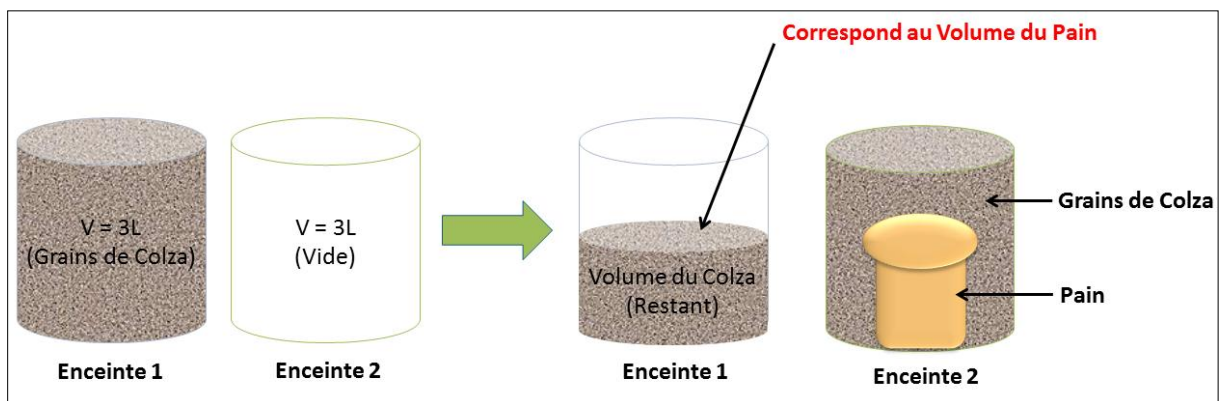


Figure 10 : Protocole de détermination de volume de pain

II.3. Analyses des paramètres nutritionnels

II.3.1. Le Spectromètre d'émission optique couplé à plasma inductif (ICP-OES)

L'ICP-OES est une technique basée sur le couplage d'une torche à plasma et d'un spectromètre d'émission atomique. C'est une technique d'analyse qui est de plus en plus répandue dans les laboratoires d'analyses. Elle tend à remplacer les spectromètres d'absorption atomique. Elle est utilisée pour la détermination de la composition chimique élémentaire d'un élément.

L'analyse de métaux par ICP-OES repose sur la spectrométrie d'émission atomique (ANNEXE VI).

II.3.1.1. Principe de l'ICP-OES

- La source :

La source utilisée en ICP-OES est un plasma généré par couplage inductif. Un plasma est un gaz atomique électriquement neutre mais très ionisé. Il est constitué d'atomes neutres (atomes du gaz) et d'autant de charges positives (cations du gaz) que négatives (électrons).

Le plasma le plus utilisé est le plasma d'argon car l'argon ne se recombine pas avec les espèces chimiques d'une façon stable et possède un potentiel d'ionisation très élevé (15,6 eV), ce qui permet l'excitation de la majorité des ions. De plus, il s'agit d'un gaz rare, il est ainsi difficile à ioniser et peut atteindre une température de plasma très élevée (de l'ordre de 10 000 K). En outre, l'argon possède l'avantage d'être un des gaz les plus présents sur Terre. L'hélium pourrait être utilisé, mais possède l'inconvénient d'être cher.

- Composition d'un spectromètre ICP-OES :

Un spectromètre ICP peut être divisé en quatre parties (ANNEXE VII):

- le système d'introduction de l'échantillon ;
- le système d'atomisation et d'excitation ;
- le système optique ;
- le système de détection.

L'ensemble de la composition d'un spectromètre ICP-OES est visible sur la figure 10.

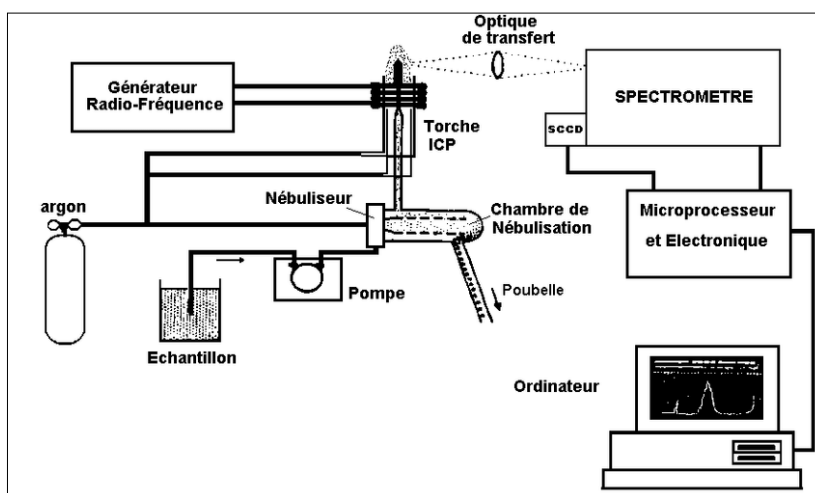


Figure 11 : Schéma de l'appareillage d'un spectromètre ICP-OES (ici en visée radiale) [CORNEILLAT].

- Spectre d'émission atomique :

Selon la quantité d'énergie fournie par le plasma (plasma d'argon : 15,6 eV) et selon l'énergie d'ionisation de l'élément, des transitions atomiques et éventuellement des transitions ioniques, si l'énergie d'ionisation n'est pas trop élevée, peuvent être observées sur le spectre de raies d'émission de l'échantillon (Figure 12). Ce dernier est spécifique à chaque élément et

dépend de la température de la source. Suivant l'espèce qui est excitée, les raies sont appelées raie I ; lorsque l'émission provient d'un atome, raie II ; lorsque l'émission provient d'un ion une fois ionisé et raie III ; lorsque l'émission provient d'un ion deux fois ionisé. Les raies III sont peu observées en ICP-OES (MOUTTE, DESBOEUF).

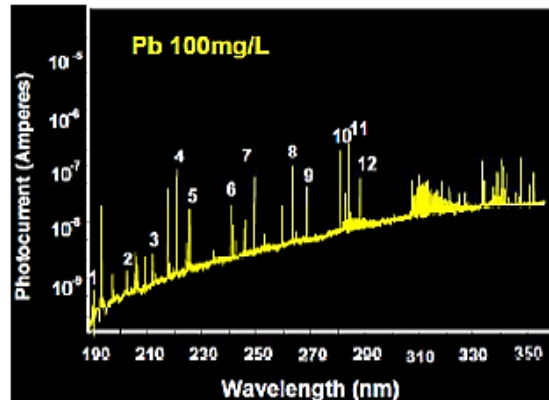


Figure 12 : Spectre de raies d'émission d'une solution de plomb à 100 mg.^{L-1}(DESBOEUF).

II.3.2. Mise en pratique d'une analyse en ICP-OES

- Préparation des échantillons et d'appareil

Il est possible d'analyser en ICP-OES un échantillon solide (grains de blé, etc.), mais celui-ci doit en général être sous forme liquide, excepté pour certains appareils récents où l'échantillon peut être sous forme de poudre. Il est donc nécessaire pour les solides d'extraire la matière organique par le biais d'une digestion.

Lors de notre analyse, les échantillons que nous envisageons d'analyser en ICP ; ont tous subi une digestion à base d'acide nitrique 70% dans une température comprise entre 90° et 100°C. Ensuite, le digérât résultant de la digestion, subi une oxydation grâce au peroxyde. Après une dilution de 1/10^{ème} du substrat, le produit obtenu est introduit au niveau l'ICP-OES. (ANNEXE VIII).

- Mesure des séries analytiques

Chaque série analytique débute par des solutions étalons. Ces dernières sont des solutions dont la concentration en chaque élément est connue. Une certaine proportionnalité doit être respectée pour le passage d'un étalon à un autre entre chaque élément. Ces gammes d'étalonnage sont définies pour chaque élément entre leur limite de quantification et leur étalon maximal. Elles sont préparées à partir de solutions multi ou mono élémentaires certifiées et se conservent une semaine. Les conditions d'analyses doivent être identiques pour les étalons et les échantillons.

- Mesure du signal en ICP-OES

- Le problème des interférences : elles peuvent être de nature physico-chimique ou de nature spectrale (Figure 12). On distingue deux types d'interférences : les interférences de transport (reposent sur la différence de viscosité des échantillons par rapport aux étalons et entraînent une différence de rendement de nébulisation) et l'effet de matrice (repose sur une différence de réponses lors d'un ajout d'un élément. Plus un échantillon est composé d'éléments, plus le risque d'effet de matrice est important). Les interférences de nature physico-chimique peuvent être évitées par la maîtrise de l'étalonnage. Les interférences de nature spectrale correspondent à une superposition de signaux. Le choix des raies d'analyses est donc important (DESBOEUF).

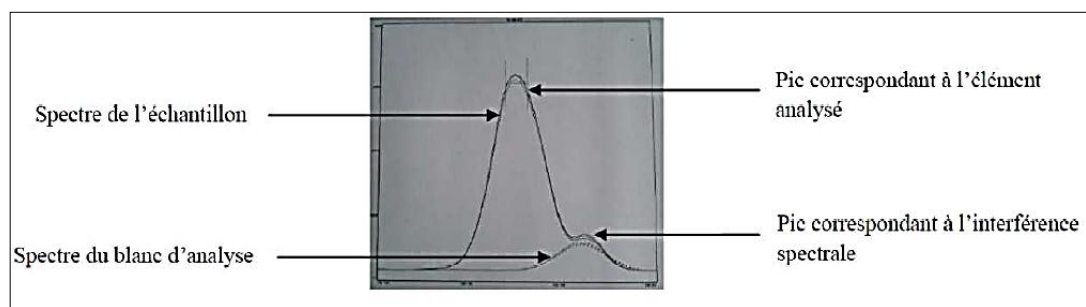


Figure 13: Pic présentant une interférence spectrale.

- Mesure de la concentration : Après la mesure de l'échantillon, un spectre est obtenu. La mesure du signal et de ce fait la déduction de la concentration de l'élément dans l'échantillon, est obtenue par intégration du pic obtenu en retranchant l'intensité obtenue pour les blancs à ceux des échantillons.

Il y a une proportionnalité entre l'intensité du signal et la concentration de l'élément présent dans l'échantillon dans une certaine plage de concentrations qui dépendent des conditions d'analyses et pour une raie donnée : $I = K.C$ (K étant une constante déterminée pour chaque raie à partir des courbes d'étalonnage).

La linéarité $I = K.C$ doit être observée pour les solutions étalons. Une droite d'étalonnage est validée lorsque le facteur de corrélation est au moins égale à 0,95. Si l'on obtient un facteur inférieur à 0,95, on peut supprimer une valeur pour obtenir la condition voulue.

IV. Analyse statistique.

Les résultats obtenus dans cette étude ont été traités par le logiciel SPSS version 20.

Nous avons choisie comme modèle, un modèle mixte linéaire, avec Génotype G, Environnement E et l'interaction G*E comme effets fixes et Répétition*Environnement et Répétition*Environnement*Block comme effets aléatoires.

En premier lieu, un test d'analyse de la variance ANOVA à un facteur a été réalisé, ce dernier permet de comparer les moyennes de populations, à partir d'échantillons aléatoires et indépendants prélevés dans chacune d'elles. Ces populations sont en général des variantes (ou niveaux k) d'un ou plusieurs facteurs contrôlés de variation (facteurs A, B, ...) (Bertrand *et al.* 2011).

Ensuite, des tests de corrélations entre les paramètres morphologiques et technologiques ont été réalisés dans le but de déterminer l'absence ou la présence d'une relation linéaire significative entre les variables. Il s'agit d'une quantification de la relation linéaire entre des variables continues. Le calcul du coefficient de corrélation de Pearson repose sur le calcul de la covariance entre deux variables continues. Il quantifie le degré d'association ou de variation commune aux deux variables quantitatives. Le signe du coefficient indique le type d'association ; cette standardisation permet d'obtenir une valeur qui variera toujours entre -1 et +1, peu importe l'échelle de mesure des variables mises en relation : négatif (-) si la relation est inversée et positif (+) si la relation est directe. Si le coefficient s'approche de 1, les deux descripteurs sont étroitement corrélés. Par contre, si la valeur s'approche de zéro, cela peut indiquer qu'il existe une indépendance entre les variables (Legras *et al.* 2007).

Partie III : Résultats et Discussion

I. Analyse de la variance des caractères des géotypes étudiés.

I.1. Analyse statistique par le test ANOVA pour les caractères morphologiques

Les résultats de l'analyse de la variance des traits morphologiques des géotypes étudiés sont résumés dans le tableau ci-dessous.

Tableau 2 : Analyse statistique par le test ANOVA pour les caractères morphologiques.

Facteurs Fixes	Long	Larg	a*	PMG
Environnement	3,60%***	0,58%*	21,61%***	0,58%***
Géotype	81,84%***	55,13%***	55,49%***	66,72%***
G*E	6,08%*	28,13%***	11,21%**	32,71%***
CV	1,67%	3,09%	0,65%	2,13%
Erreur standard	0,111	0,099	17,352	0,845
Total	18,945	7,253	18549,685	3316,799

Long : Longueur de la graine (mm), **Larg :** Largeur de la graine (mm), **a* :** Espace chromatique a*,
PMG : Poids de 1000 grains (g), **CV :** Coefficient de variation.
*(p<0,05), **(p<0,01) et ***(p<0,001)

D'après le tableau 2, les échantillons du blé tendre étudiés ont tous montré des effets très hautement significatifs de l'effet géotype vis-à-vis des paramètres morphologiques, à savoir ; la longueur, la largeur, la couleur de la graine ainsi que le poids de mille grains, avec une prédominance de la longueur de la graine (soit 81,84%***).

De même, parmi les 4 traits morphologiques, la largeur et le poids de mille grains ont été affectées par l'effet de l'interaction G*E, soit respectivement 28,13%*** et 32,71%***.

En effet, les atouts morphologiques du blé tendre sont indépendants et contrôlés génétiquement (Gegas *et al.* 2010). Cependant, la largeur et le poids de mille grains sont plus affectés par l'interaction G*E, cela semble logique étant donné que la largeur détermine le poids de mille grains. Selon Eloufi *et al.* 2001 ; Clarke *et al.* 2006, la couleur de la graine est un trait fortement héritable contrôlé génétiquement avec une dominance de l'effet génétique et un faible effet de l'interaction G*E. Ces résultats sont en accord avec ceux de notre étude.

I.2. Analyse statistique par le test ANOVA pour les traits de qualité technologiques.

Les résultats de l'analyse de la variance des caractères technologiques sont résumés dans le tableau ci-dessous.

Tableau 3 : Analyse statistique par le test ANOVA pour les caractères technologiques.

Facteurs fixes	Pro	SDS	Glu	Se	Fe	Zn
Environnement	37,16%***	31,50%***	32,76%***	1,23%***	2,05%***	1,24%***
Génotype	22,88%*	31,61%***	26,02%*	51,98%***	46,03%***	45,13%***
G*E	16,37%	15,44%*	15,21%	37,11%***	45,68%***	49,27%***
CV	4,37%	9,74%	4,04%	16,18%	4,79%	4,21%
Erreur standard	0,48	0,66	0,94	0,17	1,56	1,66
Total	573,74	676,06	4631,28	1,68	18398,74	25163,12

Pro : Teneur en protéines (g), **SDS** : Volume de sédimentation, **Glu** : Taux de gluten (g), **Se** : Teneur en Sélénium (ppm), **Fe** : Teneur en Fer (ppm), **Zn** : Teneur en Zinc (ppm), **CV** : Coefficient de variation. *($p < 0,05$), **($p < 0,01$) et ***($p < 0,001$)

D'après le tableau 3, les traits technologiques qui représentent la concentration en protéines au niveau des grains de blé tendre, à savoir ; la teneur en protéines et le taux de gluten ont tous montré des effets significatifs de l'effet de l'environnement, soit respectivement 37,16%*** et 32,76%***, avec un effet non négligeable de l'interaction G*E.

Effectivement, ces résultats concordent avec ceux trouvés par Taulemesse (2015) qui a travaillé sur l'analyse écophysiological et génétique de l'absorption d'azote post-floraison chez le blé tendre en relation avec la concentration en protéines des grains, et qui a révélé que la concentration en protéines est fortement soumise aux effets de l'environnement.

A l'encontre, d'après nos résultats, les traits technologiques qui représentent la qualité protéique sont affectés à la fois, par l'effet génétique et environnemental., avec une dominance de l'effet génétique.

Ces résultats sont en accord avec ceux de nombreuses études antérieures (Graybosch *et al.*, 1996 ; Branlard *et al.*, 2001; Johansson *et al.*, 2001, 2013 ; Dupont *et al.*, 2006 ; Plessis *et al.*, 2013), qui ont montré que l'abondance relative des différentes fractions protéiques est sous influences environnementale et génétique.

En ce qui concerne les éléments minéraux (le Sélénium, le Fer ainsi que le Zinc), l'effet génétique présente une dominance avec un effet G*E presque similaire. Tandis que, l'environnement présente un effet minime sur les éléments en question. Cette indépendance entre l'environnement et la concentration en minéraux est souhaitable en termes d'amélioration génétique. Cette dernière est bien visualisée au niveau de la figure 14 qui présente une comparaison entre les moyennes de la teneur en éléments minéraux dans les deux environnements étudiés.

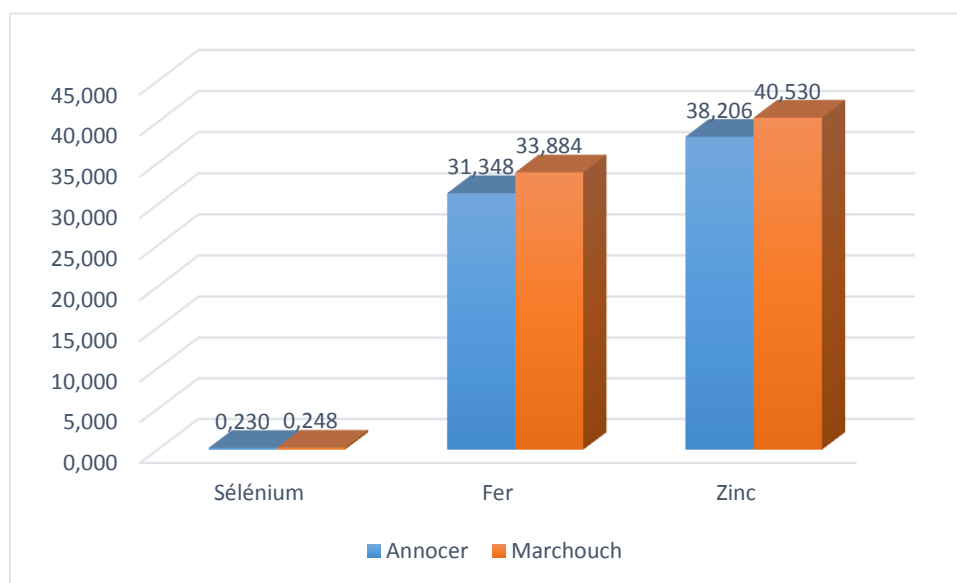


Figure 14 : Comparaison de la concentration en éléments minéraux dans les grains au niveau des environnements étudiés.

Les résultats de la figure ci-dessus révèlent des concentrations presque similaires en Sélénium, Fer et Zinc dans les grains semés dans les deux environnements étudiés.

I.3. Analyse statistique par le test ANOVA de 15 géotypes après ajout d'autres paramètres

Des 59 accessions de grains de blé tendre étudiés, nous avons choisi 15 géotypes représentatifs de la collection pour lesquels d'autres paramètres sont ajoutés, à savoir : l'absorption de l'eau, le rendement et le volume du pain.

Les résultats de l'analyse de la variance pour les caractères morphologiques et technologiques de la collection représentative choisie sont résumés dans le tableau ci-dessous.

Tableau 4 : Analyse statistique par le test ANOVA de 15 géotypes après ajout d'autres paramètres

Facteurs fixes	Long	Larg	a*	Pro	SDS	Se	Fe	Zn	RF	VP	Abs
Environnement	5,46	0,61	24,79	51,89	63,69	1,76%	0,84%	5,93%	16,25%	52,50%	40,12%
Géotype	83,39	46,85	64,2	31,88	29,55	64,62%	46,55%	27,32%	32,33%	30,82%	36,48%
G*E	11,16	52,55	11,01	16,23	6,75	33,62%	52,61%	66,75%	48,88%	16,68%	23,39%
CV	1,42%	3,16%	0,64%	4,90%	9,65%	74,96%	4,43%	2,96%	0,43%	0,53%	0,38%
Erreur standard	0,09	0,10	0,81	0,56	0,72	0,19	1,47	1,32	0,31	5,59	0,23
Total	1,7	0,633	1561,507	71,807	73,482	0,265	1885,96	2347,893	173,656	1017221,875	79,369

Long : Longueur de la graine (mm), **Larg :** Largeur de la graine (mm), **a* :** Espace chromatique a*, **Pro :** Teneur en protéines (g), **SDS :** Volume de sédimentation, **Se :** Teneur en Sélénium (ppm), **Fe :** Teneur en Fer (ppm), **Zn :** Teneur en Zinc (ppm), **RF :** Rendement en farine (%), **VP :** Volume du pain, **Abs :** Absorption de l'eau, **CV :** Coefficient de variation. *(p<0,05), **(p<0,01) et ***(p<0,001)

D'après le tableau 4, le rendement en farine de la collection du blé tendre choisie a révélé des effets remarquables pour l'effet génétique ainsi que l'effet de l'interaction G*E, avec une dominance de l'effet de l'interaction, soit 48,88%. Selon Jouve (1984), les rendements des céréales dépendent des caractéristiques endogènes spécifiques à chaque cultivar (structure génétique) dont l'expression est fonction des facteurs du milieu.

Cependant l'absorption de l'eau et le volume du pain ont tous été affectés par l'effet de l'environnement, soit respectivement 52,50% et 40,12%.

II. Analyse de résultats de corrélation de Pearson des génotypes étudiés entre les paramètres morphologiques et technologiques étudiés.

L'analyse de corrélation de Pearson entre les paramètres de qualité morphologiques et technologiques concernant les 59 génotypes étudiés a été réalisée en se basant sur 11 paramètres quantitatifs. La matrice a révélé la présence de 12 coefficients de corrélation significatifs différents de zéro pour la station d'Annoceur et 9 pour la station de Merchouch.

Des corrélations positives et moyennement significatives entre la longueur de la graine et le PMG, avec un coefficient de corrélation de 0,428** ($p < 0.01$) au niveau d'Annoceur et de 0,326* ($p < 0.05$) au niveau de Merchouch (Figure 15 et 16).

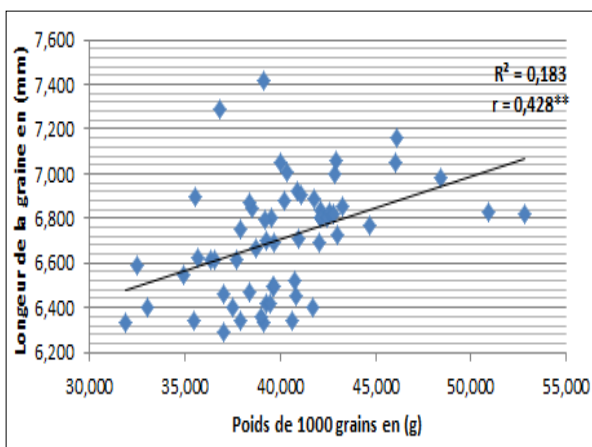


Figure 16 : Corrélation entre la longueur de la graine et le poids de 1000 grains (station d'Annoceur).

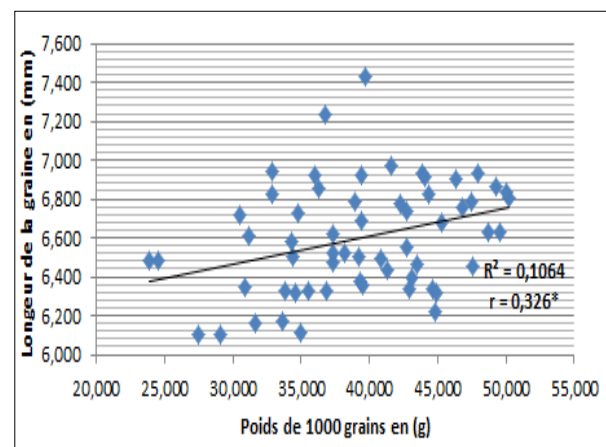


Figure 15 : Corrélation entre la longueur de la graine et le poids de 1000 grains (station de Merchouch).

Les figures 17 et 18 ; présentent la corrélation entre la largeur de la graine et le PMG, avec un coefficient de corrélation presque similaire au niveau de la station d'Annoceur et celle de Merchouch, qui sont respectivement de 0,811** ($p < 0,01$) et de 0,816** ($p < 0,01$).

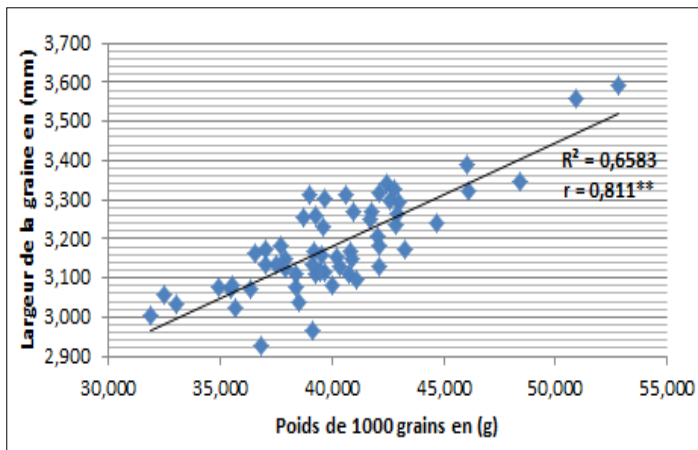


Figure 17: Corrélacion entre la largeur de la graine et le PMG (station d'Annoceur).

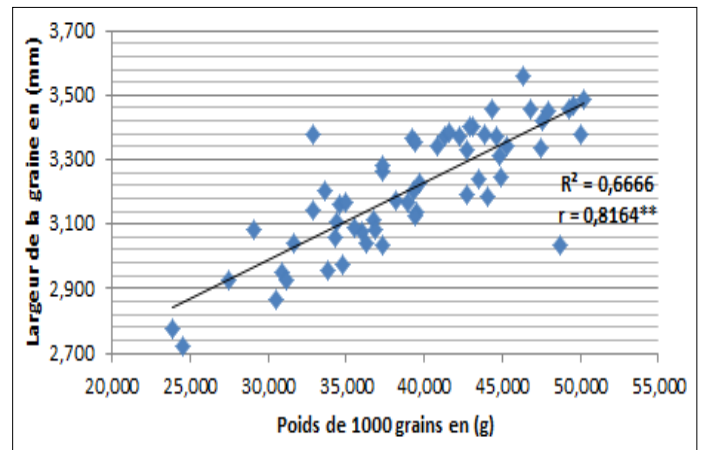


Figure 18 : Corrélacion entre la largeur de la graine et le PMG (station de Merchouch).

D'après les figures ci-dessus, l'augmentation de la largeur de la graine correspond à une augmentation du PMG dans les deux environnements étudiés.

Par conséquent, la plupart des différences des PMG sont dues à des différences dans la largeur et non pas dans la longueur. La largeur est plus affectée par l'interaction G*E.

En plus, la largeur de la graine explique une contribution d'environ 66% du PMG. En effet, la largeur est créée après la floraison, dans les milieux méditerranéens, les plantes sont exposées à des stress et à des maladies dues à la chaleur et à la sécheresse. Cette variabilité en termes de tolérance envers ces conditions de stress définit la largeur du génotype, étant donné que la longueur est plus génétiquement contrôlée que la largeur, comme il est montré précédemment au niveau des résultats de l'ANOVA pour les traits morphologiques (Tableau 2). Ce qui explique cette forte dépendance entre la largeur et le PMG similairement au niveau des deux environnements étudiés.

La figure 19 ; présente la corrélation entre la largeur de la graine au sein de la station d'Annoceur et dans celle de Merchouch.

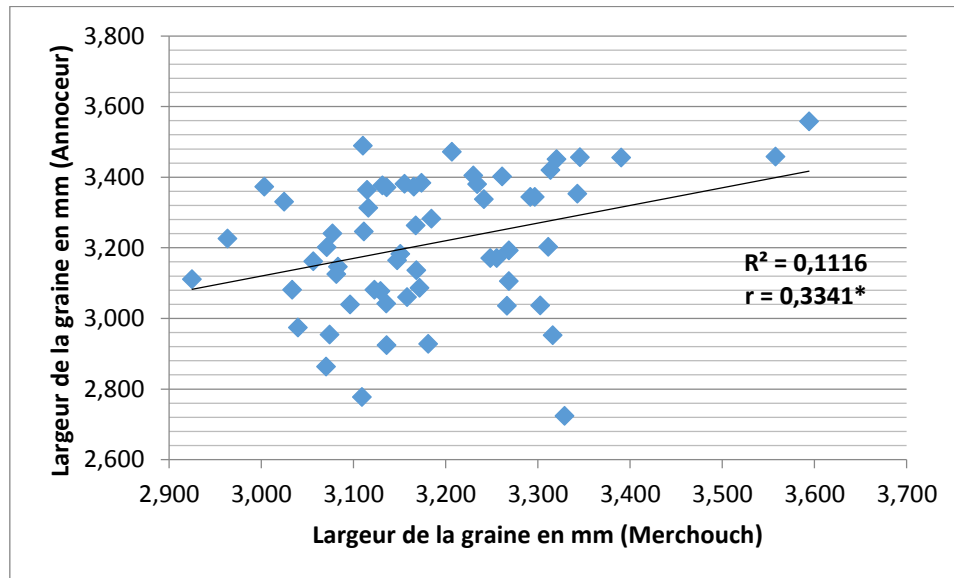


Figure 19: Corrélation entre la largeur de la graine d'Annoceur et celle de Merchouch

D'après la figure 19, il existe une corrélation positive et moyennement significative entre la largeur de la graine au niveau de la station d'Annoceur et dans celle de Merchouch, avec un coefficient de corrélation de 0,334* ($p < 0,05$). En effet, le facteur génétique n'explique que 11% du comportement de la graine ce qui est très faible par rapport à l'aspect environnemental. Ceci indique que la différence entre la largeur des graines semées dans les deux environnements est très peu influencée par la génétique.

La figure 20, présente la corrélation entre la longueur de la graine au niveau d'Annoceur et celle de Merchouch.

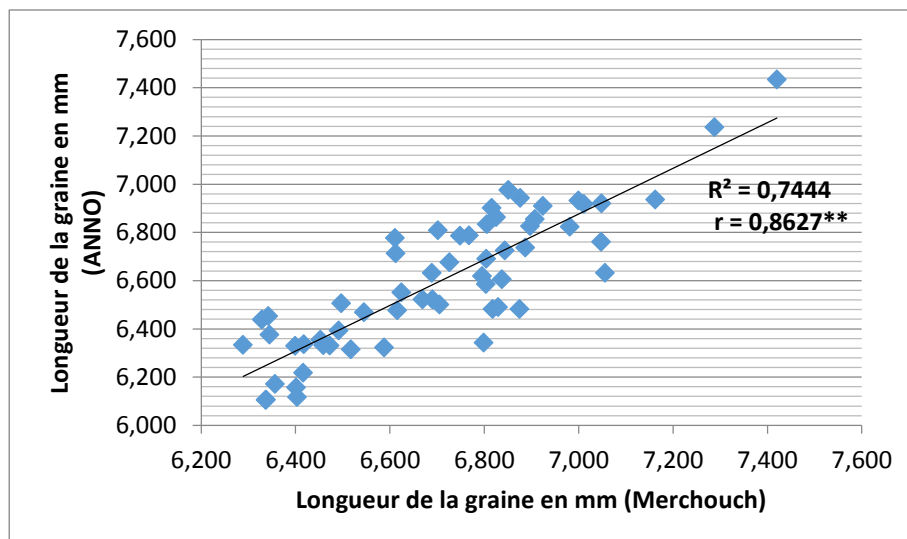


Figure 20 : Corrélation entre la longueur de la graine au niveau d'Annoeur et celle de Merchouch.

D'après la figure 20, il existe une corrélation positive et hautement significative entre la longueur de la graine au niveau d'Annoeur et dans celle de Merchouch, avec une différence d'environ 26%. La graine présentant une meilleure longueur au niveau de la station d'Annoeur présentera le même comportement au sein de la station de Merchouch et vice versa. De ce fait, une sélection génétique dans l'un des environnements aura un effet similaire vis-à-vis de la longueur des grains dans l'autre environnement.

En effet, la longueur de la graine est déterminée génétiquement avec 82%, avec un effet d'interaction G*E de 6% (Tableau 2).

De plus, une corrélation positive et moyennement significative entre la longueur et la largeur de la graine $r = 0,264^*$ ($p < 0,05$) au sein de la station de Merchouch (Figure 21). Cette liaison est absente au niveau d'Annoeur (Figure 22).

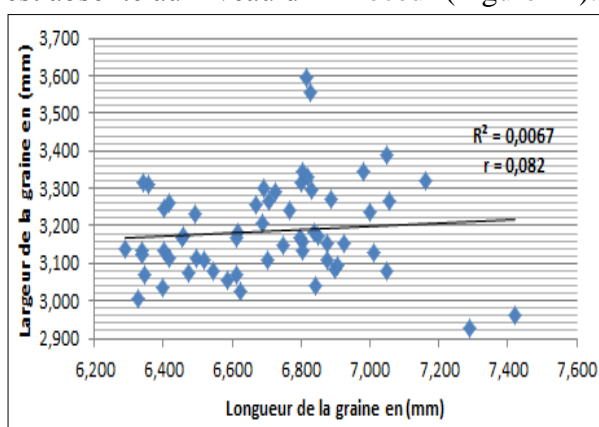


Figure 22: Corrélation entre la longueur et la largeur de la graine (station d'Annoeur).

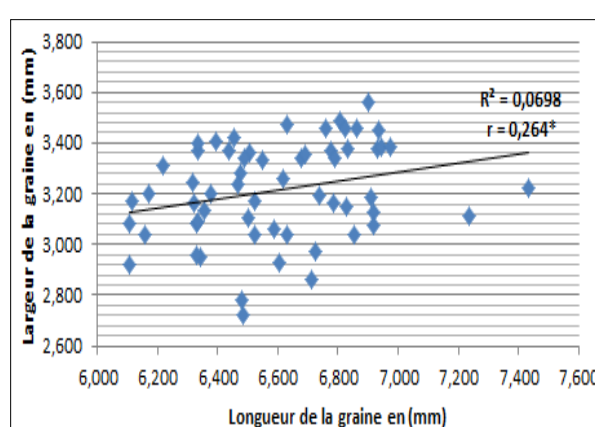


Figure 21 : Corrélation entre la longueur et la largeur de la graine (station de Merchouch).

En effet, cette liaison qui est presque absente dans les deux environnements ; peut être expliquée par le fait que ; la longueur est déterminée génétiquement avec un effet négligeable d'environnement, à l'inverse de la largeur qui présente une prédominance en terme d'effet d'environnement et d'interaction G*E. En réalité, cette indépendance est souhaitable en termes d'amélioration génétique, étant donné qu'on peut modifier l'un de ces traits sans influencer dans le comportement de l'autre.

Par ailleurs, d'un point de vue technologique, des corrélations positives et hautement significatives entre le volume de sédimentation et la teneur en protéines ou le taux de gluten au niveau des deux stations étudiées ont été observées. Cela semble logique étant donné que le volume de sédimentation est un paramètre qui définit la qualité ainsi que la quantité des protéines.

Aucune corrélation n'a été enregistrée dans les deux stations, entre la teneur en protéines et l'indice de sédimentation, entre la teneur en protéines et la longueur ou la largeur de la graine et entre la teneur en protéines et celles des éléments minéraux étudiés. Ces absences de corrélation ont été signalées par plusieurs études antérieures (Matsuo *et al.*, 1982 ; Vazquez *et al.*, 1996 ; Brites et Carrillo, 2001).

Le tableau ci-dessous présente la corrélation entre les 11 paramètres morphologiques et technologiques de la collection représentative choisie (15 génotypes).

Tableau 5 : Corrélation entre les paramètres des 15 génotypes étudiés des deux stations.

	Station d'Annoceur			Station de Merchouch		
	Abs	RF	VP	Abs	RF	VP
Long	0,268	-0,270	-0,151	0,403	0,412	-0,207
Larg	0,164	-0,168	-0,261	0,630*	0,643**	-0,048
a*	0,501	-0,595	-0,384	0,022	-0,373	-0,405
Pro	-0,146	0,006	0,416	-0,753**	-0,245	0,121
SDS	-0,209	0,286	0,617*	-0,198	-0,136	0,268
Se	0,377	-0,169	-0,170	-0,150	-0,220	0,028
Fe	-0,231	0,607*	0,348	0,044	-0,336	0,090
Zn	0,285	0,449	0,230	-0,151	0,336	0,111

Long : Longueur de la graine (mm), **Larg** : Largeur de la graine (mm), **a*** : Espace chromatique, **Pro** : Teneur en protéines (g), **SDS** : Volume de sédimentation, **Se** : Teneur en Sélénium (ppm), **Fe** : Teneur en Fer (ppm), **Zn** : Teneur en Zinc (ppm), **RF** : Rendement en farine (%), **VP** : Volume du pain, **Abs** : Absorption de l'eau. *(p<0,05), **(p<0,01) et ***(p<0,001)

L'analyse de corrélation de Pearson entre les paramètres de qualité morphologiques, technologiques ainsi que les traits de panification ajoutés concernant les 15 géotypes étudiés a été réalisée en se basant sur 11 paramètres quantitatifs. La matrice a révélé la présence de 2 coefficients de corrélation significatifs différents de zéro au niveau de la station d'Annoeur tandis que celle de Merchouch a révélé 3.

Le volume du pain est positivement corrélé à la force de gluten (SDS sédimentation), avec un coefficient de corrélation de 0,617*($p < 0,05$) au niveau d'Annoeur et 0,268 dans celle de Merchouch. Ce trait technologique est aussi corrélé avec la teneur en protéines soit 0,416 au niveau d'Annoeur et 0,121 dans celle de Merchouch. Ces résultats sont expliqués par le fait qu'un fort gluten évite le colapse des alvéoles durant la fermentation et donne comme résultat un pain volumineux contrairement à un gluten faible. Ces résultats sont similaires à ceux de Cacak-Pietrzak *et al.* (1999), Duma, (1992) et Aydogan *et al.*, (2015).

Par ailleurs, les paramètres morphologiques n'affectent pas les traits de panification, à l'exception de l'absorption de l'eau et le rendement en farine au niveau de la station de Merchouch qui sont moyennement associés à la largeur de la graine, avec des coefficients de corrélation respectivement de, 0,630*($p < 0,05$) et 0,643**($p < 0,001$). Ces résultats signifient que les grains de grande taille possèdent à la fois, une grande teneur en farine et donc une forte absorption d'eau. Shuey (1960) et Shuey et Gilles (1969) ont trouvé des corrélations similaires.

Conclusion et perspectives

Les produits céréaliers font partie des aliments les plus consommés au Maroc, en raison de leurs valeurs nutritives. La production de blé tendre est en hausse d'année en année en vue du besoin du consommateur marocain et de leur grande utilisation dans les industries céréalières.

Le présent travail a permis de réaliser une caractérisation des paramètres morphologiques, technologiques et nutritionnels de 59 génotypes étudiés de blé tendre semés dans deux stations (Annoceur et Merchouch), d'évaluer leur diversité, ainsi que de déterminer d'éventuelles corrélations entre les paramètres étudiés chez cette collection, dans le but d'étudier la différence de leur comportement dans les deux environnements.

Les résultats relatifs à l'analyse de la diversité des génotypes étudiés ont indiqué une variabilité génétique entre tous les génotypes.

Les résultats relatifs au comportement des génotypes étudiés ont montré des effets très hautement significatifs de l'effet génétique vis-à-vis des quatre paramètres morphologiques étudiés, avec une prédominance de la longueur de la graine soit 81,84% ***($p < 0,001$). Tandis que, la largeur et le poids de mille grains ont été affectées par l'effet de l'interaction G*E, soit respectivement 28,13% ***($p < 0,001$) et 32,71% ***($p < 0,001$).

D'une autre part, les traits technologiques représentant la quantité en protéines au niveau des grains de blé tendre ont été significativement affectés par l'environnement, avec une prévalence de 37,16% ***($p < 0,001$) et 32,76% *** ($p < 0,001$) concernant la teneur en protéines et le taux de gluten respectivement et avec un effet non négligeable de l'interaction G*E. Tandis que les traits technologiques qui représentent la qualité protéique ont été affectés à la fois, par l'effet génétique et environnemental., avec une dominance de l'effet génétique.

En ce qui concerne les éléments minéraux étudiés, l'effet génétique a présenté une dominance avec un effet G*E presque similaire. Tandis que, l'environnement a présenté un effet minime sur les éléments en question.

Les résultats de l'ANOVA pour les caractères morphologiques et technologiques de la collection représentative choisie pour lesquels d'autres paramètres sont ajoutés, ont montré des effets remarquables de l'effet génétique ainsi que l'effet de l'interaction G*E, avec une dominance de l'effet de l'interaction pour le rendement en farine, soit 48,88%. Cependant l'absorption de l'eau et le volume du pain ont été affectés par l'effet de l'environnement, soit respectivement 52,50% et 40,12%.

Les résultats de l'analyse de corrélation entre les paramètres morphologiques étudiés concernant les 59 géotypes ont d'abord révélé la présence de corrélations positives et moyennement significatives entre la longueur de la graine et le PMG, avec un coefficient de corrélation de 0,428**($p < 0.01$) au niveau d'Annoceur et de 0,326*($p < 0,05$) au niveau de Merchouch ; et la présence de corrélations positives et hautement significatives entre la largeur de la graine et le PMG, avec des coefficients de corrélation de 0,811**($p < 0.01$) et de 0,816**($p < 0.01$) au niveau d'Annoceur et de Merchouch respectivement.

Ensuite, ils ont montré la présence d'une corrélation positive et moyennement significative entre la largeur de la graine au niveau de la station d'Annoceur et dans celle de Merchouch, avec un coefficient de corrélation de 0,334*($p < 0.05$), ainsi qu'une corrélation positive et hautement significative entre la longueur de la graine au niveau d'Annoceur et dans celle de Merchouch, avec une différence d'environ 26%.

Par ailleurs, d'un point de vue technologique, des corrélations positives et hautement significatives entre le volume de sédimentation et la teneur en protéines ou le taux de gluten au niveau des deux stations étudiées ont été observées. Cependant, aucune corrélation n'a été enregistrée dans les deux stations, entre la teneur en protéines et l'indice de sédimentation, entre la teneur en protéines et la longueur ou la largeur de la graine et entre la teneur en protéines et celles des éléments minéraux étudiés.

L'étude de corrélation entre les paramètres de qualité morphologiques, technologiques ainsi que les traits de panification ajoutés concernant les 15 géotypes, a montré que le volume du pain est positivement corrélé à la force de gluten (SDS sédimentation), avec un coefficient de corrélation de 0,617*($p < 0,05$) au niveau d'Annoceur et 0,268 dans celle de Merchouch, et à la teneur en protéines soit respectivement 0,416 et 0,121.

Par ailleurs, cette étude a révélé que les paramètres morphologiques n'affectent pas les traits de panification, à l'exception de l'absorption de l'eau et le rendement en farine au niveau de la station de Merchouch qui sont moyennement associés à la largeur de la graine, avec des coefficients de corrélation de 0,630*($p < 0,05$) et 0,643**($p < 0,001$) respectivement.

Références

- **Abdel-Aal ESM, Hucl P (2003)**. Composition and stability of anthocyanins in blue grained wheat. *Journal of Agricultural and food chemistry* 51, 2174, 350-354.
- **Adom KK, Sorrells ME, Liu RH (2005)**. Phytochemicals and antioxidant activity of milled fractions of different wheat varieties. *Journal of Agricultural and food chemistry* 53, 2297-2306.
- **Aguiriano E, Ruiz M, Fite R. et Carrillo JM. 2006**. Analysis of genetic variability in a sample of the durum wheat (*Triticum durum* Desf.) Spanish collection based on gliadin markers. *Genet Resour. Crop Ev.* 53: 1543–1552.
- **Alex P Whan, B Smith, R Cavanagh, F Ral., M Shaw, (2014)**. A Howitt and L.Bischof. GrainScan: a low cost, fast method for grain size and colour measurements . *Plant Methods*,10:23. mesurer en utilisant des paramètres agro-morphologiques.
- **Autran J.G, Abecassis J, Feillet P, (1986)**. Statistical evaluation of different technological and biochemical tests for quality assessment in durum wheats. *Cereal Chem.* 63:390–394.
- **Autrique E, Nachit M, Monneveux P, Tanksley S.D. Sorrells M.E. (1996)**. Genetic diversity in durum wheat based on RFLP, morphophysiological traits and coefficient of parentage. *Crop Sci.* 36: 735–742.
- **Baldy C.1986**. Comportement des blés dans les climats méditerranéens. *Ecologia Mediterranea*, (12): 73-88.
- **Barrett BA, Kidwell KK (1998)**. AFLP-based genetic diversity assessment among wheat cultivar from the Pacific Northwest. *Crop Sci* 38:1261–1271.
- **Beccari, I. B. (1745)**. *De Bobniensi Scientiarum et Artium Atque academias*.2 :122-127.
- **Belaid D. (1996)**. Aspects de la céréaliculture Algérienne. Ed. Office des publications universitaires, Ben Aknoun .Alger, 206 p.
- **Berman M, Bason ML, Ellison F, Peden G, Wrigley CW, (1996)**. Image analysis of whole grains to screen for flour-milling yield in wheat breeding. *Cereal Chem*, 73:323–327.
- **BERTRAND.F, MAUMY-BERTRAND.M. (2011)**. Statistiques pour les scientifiques, Ed : DOUNOD, Paris, p195.
- **Blanco A. Colasuonno P, Gadaleta A. Mangini G. Schiavulli A. Simeone R. Digesù A. M. De Vita P. Mastrangelo A.M. and Cattivelli L. (2011)**. Quantitative trait loci for yellow pigment concentration and individual carotenoid compounds in durum wheat. *J. Cereal Sci.* 54: 255-264.

- **Blanco, A, Colasuonno, P. Gadaleta, A. Mangini, G. Schiavulli, A. Simeone, R. (2011).** Quantitative trait loci for yellow pigment concentration and individual carotenoid compounds in durum wheat. *Journal of Cereal Science*, 54,255–264.
- **Bonjean A., 2001.** Histoire de la culture des céréales et en particulier celle de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) Dossier de l'environnement de l'INRA, N°21 :29-37.
- **Boulal H., Zaghouane O., EL Mourid M. et Rezgui S. (2007).** Guide pratique de la conduite des céréales d'automne (blés et orge) dans le Maghreb (Algérie, Maroc, Tunisie). Ed. ITGC, INRA, ICARDA, Algérie, 176 p.a
- **Branlard G. (2012).** La qualité du gluten : variations de sa composition et de ses propriétés. *Méd. Nutr.* 48: 19-23.
- **Calvel R. (1984).** La boulangerie moderne. EYROLLES, 10ème Edition Paris, 460 p.
- **C. Gegas, A. Nazari, S. Griffiths, J. Simmonds, L. Fish, S. Orford, Liz Sayers, H. Doonan, W. Snape, (2010).** A Genetic Framework for Grain Size and Shape Variation in Wheat. *The Plant Cell*, Vol. 22: 1046–1056.
- **Clarke FR, Clarke JM, McCaig TN, Knox RE, DePauw RM (2006).** inheritance of yellow pigments concentration in durum wheat crosses. *Canadien Jornaal of Plant Science* 86, 133-141.
- **Dahan R., Nsarellah N. (2012).** Status of wheat production and food security in Morocco. Institut National de la Recherche Agronomique. Rabat, Morocco. Published on 1 novembre 2012.
- **Doussinault G., Kaan F., Lecomte C. et Monneveux P. (1992).** Les céréales à paille : présentation générale. In : Gallais A. et Bannerot H. (Eds.), *Amélioration des espèces végétales cultivées*. Ed. INRA, Paris, pp. 13-21.
- **Dubreil L., Compoin J.P., Marion D. (1997).** Interaction of puroindolines with wheat flour polar lipids determines their foaming properties. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 45, 108-116.
- **Eloufi I, Nachit MM, Martin LM. (2001).** Identification of a microsatellite on chromosome 7B showing a strong linkage with yellow pigment in durum wheat (*triticumturgidum* L. var. durum). *Hereditas* 135. 255-261.
- **Emillie. (2007).** *Connaissance des aliments Base alimentaire et nutritionnelles de la diététique*. ED : Tec et Doc, Lavoisier, paris.
- **Empereire L, Gilda SM, Fleury M, Robert T, Mckey D and Pujol B: 2003.** Approche comparative de la diversité génétique et de la diversité morphologique des maniocs en Amazonie (Brésil et Guyanes). *Actes du BRG 4: 247-267.*

- **Evers, A.D. (2000).** Grain size and morphology: Implications for quality. In *Wheat Structure, Biochemistry and Functionality*, D. Schofield, ed (London: Royal Society of Chemistry), pp. 19–24.
- **Evers, T. Millar, S, (2002).** Cereal grain structure and development: some implication for quality. *Journal of Cereal Science* 36, 261-284.
- **Feillet P. 2000.** « Le grain de blé : composition et utilisation », Editions Quae, p (124 – 128).
- **Feillet P. 2000.** « Le grain de blé : composition et utilisation », INRA, Paris, p 308.
- **Feldman M. 2001.** « Origin of Cultivated Wheat », In Bonjean A.P. et W.J. Angus (éd.) *The World Wheat Book : a history of wheat breeding*. Intercept Limited, Andover, Angleterre, p 3-58.1600.
- **F. Morris. G. Campbell and E. King, (2004).** Characterization of the end-use quality of soft wheat cultivars from the eastern and western US germplasm ‘pools’. *Plant Genetic Resources*2(1); 59 – 69.
- **Finney, K.F. Yamazaki, W.T. Youngs, V.L. Rubenthaler, G.L. (1987).** Quality of hard, soft, and durum wheats. *Wheat and Wheat Improvement-Agronomy Monograph No.13*, second ed. pp.677–748.
- **Finney, K. F. (1943).** Fractionating and reconstituting techniques as tools in wheat flour research. *Cereal Chem.* 20: 381.
- **GLACHANT, M., LEVEQUE, F. 1993.** L’enjeu des ressources génétiques végétales : aspects scientifiques, écologiques et économiques, Les éditions de l’environnement, Paris, 209 p.
- **Goodwin TW (1980).** ‘ Thebiochemistry of carotenoids. Vol. 1; Plants. (Capman and Hall
- **Hentschel V, Kranl K, Holman J, LindhauerMG, Bhoum V, Bitsch R (2002).**Spectrophotometric determination of yellow pigments content and evaluation of carotenoids by high-performance liquid chromatography in durum wheat grain. *Journal of Agricultural and food chemistry* 50, 6663-6668.
- **Himi E, Noda K. 2005.** Red grain colour gene (R) of wheat is a Myb-type transcription factor. *Euphytica*, 143:239–242.
- **Igrejas, G. Gaborit, T, Oury, F.X. Chiron, H. Marion, D. Branlard, G. (2001).** Genetic and environmental effects on puroindoline-a and puroindoline-b content and their relationship to technological properties in French bread wheats.*Journal of Cereal Science* 34, 37-47.
- **Jackson, E. A. Holt, L. M. and Payne, P. I. (1983).** Characterization of high-molecular-weight gliadin and low-molecular-weight glutenin subunits of wheat endosperm by two-dimensional electrophoresis and chromosomal localisation of their controlling genes. *Theoretical and Applied Genetics* 66:29-37.

- **Kolster, P. van Eeuwijk, F .A. and van Gelder, W.M.J. (1991).** Additive and epistatic effects of allelic variation at the high molecular weight glutenin subunit loci in determining the bread-making quality of breeding lines of wheat. *Euphytica* 55:277-285.
- **Krinshy NI (1993).** Action of carotenoids in biological systems, annual review of nutrition 13, 561-587.
- **Laemmli, U.K. (1970).** Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4.” *Nature*.**227** (259) : 99-680.
- **Lafond GP, Baker RJ. (1986).** Effects of genotype and seed size on speed of emergence and seedling vigor in nine-spring wheat cultivars1.*Crop Sci*, 26:341.
- **LEGRAS.B, KOHLER.F. (2007).** Eléments de statistique a l’usage des etudiants en medecine et en biologie, ed : ellips, Paris, P21.
- **Lukow, O.M. Payne, P .I. and Tkachuk, R. (1989).** The HMW glutenin subunit composition of Canadian wheat cultivars and their associations with break making quality. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 46:451
- **Lukow, O.M. (1991).** Screening of bread wheats for milling and baking quality-A Canadian perspective. *Cereal Foods World* 36 (6):497-501.
- **Marshall DR, Mares DJ, Moss HJ, Ellison FW, (1986).** Effects of grain shape and size on milling yields in wheat . 2. experimental studies .*Aust J Agric Res*, 37:331–342.
- **Matsuo R.R. Dexter J.E. Kosmolak F.G. Leisle D. (1982).** Statistical evaluations of test for assessing spaghetti-making quality of durum wheat. *Cereal Chem.* 59: 222-228.
- **Millar, S.J. Whitworth, M.B. and Evers, A.D. (1997).** Image analysis: The prediction and assessment of wheat quality and milling proper-ties. In *Proceedings of the International Wheat Quality Conference*, J.L. Steele and K.O. Chung, eds (Manhattan, KS: Grain Industry Alliance), pp. 141–151
- **Moragues M. Moralejo M.A. Villegas D. and Royo C. (2003).** Genetic and agronomic variability of durum wheat within the Mediterranean region. In: Maggioni L. Faberova I. Blanc A.L. and Lipman E. (eds), *Report on Working Group on Wheat. European Cooperative Programme for Crop Genetic Resources Networks (ECPGR)*, Interantional Plant Genetic Resource Institute (IPGRI), pp. 116-118.
- **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* convar. *durum* (Desf.) MacKey] from the Mediterranean basin. *Genet. Resour. Crop Ev.* 53:993-1002.

- **Naghavi M.R. Amirian R. (2005).** Morphological characterization of accessions of *Aegilopstauschii*. *Int. J. Agric. Biol.* 7: 392-394.
- **Nelson JC, Deynze AEV, Sorrells ME, Autrique E, Lu YH, Negre S, Bernard M, Leroy P, (1995).** Molecular mapping of wheat: homoeologous group 3. *Genome*, 38:525–533.
- **Nieto-Taladriz M.T. Ruiz M. Martinez M.C. Vazquez J.F. and Carrillo J.M. (1997).** Variation and classification of B low-molecular- weight glutenin subunit alleles in durum wheat. *Theor. Appl. Genet.* 95: 1115–1160.
- **Nilsson-Ehle H, (1914).** Zur Kenntnis der mit der Keimungsphysiologie des Weizens in Zusammenhang stehenden inneren Faktoren. *Z Für Pflanzenzüchtung*, 2:153–187.
- **Norris K.M. (1989).** In *Near Infrared Reflectance Spectroscopy (NIRS) : analysis of forage quality*, edited by United States Department of Agriculture, 6.
- **Osborne T.B. (1924).** *The vegetable proteins* 2nd edition. Longmans, Green & Co edition London, England, pp 154.
- **Panfili G, Tratianni A, Irano M (2004).** Improved normal-phase high-performance liquid chromatography procedure for the determination of carotenoids in cereals, *Agricultural and food chemistry* 52, 6373-6377.
- **Payne, P. I. Law, C. N. and Mudd, E. E. (1980).** Control by homoeologous group 1 chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm. *Theoretical and Applied Genetics* 58:113-120.
- **Payne, P. I. Mark A. N. Krattiger A.F. and Holt L.M. (1987).** The relationship between HMW glutenin subunits composition and the bread making quality of British-grown wheats. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 40:51-65.
- **Payne P.I. (1987).** Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. *Annu. Rev. Plant Phys.* 38: 141-153.
- **Pogna, N.E. and Mellini, F. (1986).** Alla ricerca delle basi biochimiche e genetiche della qualità della glutine. *L'Inform Agr* 42:65-66.
- **Pomeranz, Y. (1988).** Chemical composition of kernel structures. *Wheat: chemistry and technology*. Volume I, 97-158.
- **Posner, E. S. (2009).** Wheat flour milling. In K. Khan, & P.R. Shewry (Eds.), *Wheat chemistry and technology* (pp. 119–152) (4th Ed.). St Paul, MN, USA: AACC International.

- **Shewry, P.R. Tatham, A.S. Forde, J. Kreis, M. Miflin, B.J.(1986).** The classification and nomenclature of wheat gluten proteins: a reassessment. *Journal of Cereal Science* 4, 97-106.
- **Skovmand B, Warburton M.L, Sullivan S.N, Lage J. 2005.** Managing and collecting genetic resources. In: C. Royo, M. Nachit, N. DiFonzo, J.L. Araus, W.H. Pfeifferand G.A. Slafer (Eds.), *Durum Wheat Breeding: Current Approaches and Future Strategies*. Food Products Press, New York, pp. 143–163.
- **S. P. Roels, G. Cleemput, X. Vandewalle, M. Nys, and J. A. Delcour. (1993).** Bread Volume Potential-Quality flour with Constant protein Level AS Determined by Factors Governing Mixing Time And Baking Absorbtion Levels. *Journal of Cereal Chem.* 70(3) : 318-323.
- **Surget A., Baron C. (2005).** Histologie du grain de blé. *Industrie des céréales*.
- **Symons, S. J. & Dexter, J. E. (1991).** Computer analysis of fluorescence for the measurement of flour refinement as determined by flour ash content, flour grade color, and tri-stimulus color measurements. *Cereal Chemistry*, 68,454–460.
- **Tsegaye, B. and T. Berg. 2007.** Utilization of durum wheat landraces in East Shewa, central Ethiopia: are home uses an incentive for on-farm conservation *Agriculture and Human Values* 24:219-230.
- **USDA Foreign Agricultural Service (2014).** Morocco: grain and feed update (10/22/2014). <http://www.fas.usda.gov/data/moroccograin-and-feed-update>. Accessed 8 June 2015.
- **USDA Foreign Agricultural Service (2015).** <http://www.fas.usda.gov/data/world-agricultural-production>. Accessed 20 July 2015.
- **Yadav S. K., Singh A. K., Baghel S. S., Jarman M., Singh A. K. (2014).** Assessment of genetic variability and diversity for yield and its contributing traits among CIMMYT based wheat germplasm. *Journal of Wheat Research* 6:154-159.
- **Vensel, W.H., Tanaka, C.K., Cain, N., Wong, J.H., Buchanan, B.B., Hurkman, W.J.,(2005).** Developmental changes in the metabolic protein profiles of wheat endosperm. *Proteomics* 5, 1594-1611.
- **Weegels, P. L, Hamer, R. J. and Schofield, J. D. (1996).** Functional properties of wheat glutenin. *Journal of Cereal Science*23:1-18.
- **W. Tadesse*, F. C. Ogbonnaya. A. Jighly, M. Sanchez-Garcia, Q. Sohail, S. Rajaram. M. Baum. (2015).** Genome-Wide Association Mapping of Yieldand Grain Quality Traits in Winter WheatGenotypes. *PLoS ONE* 10(10): e0141339. doi:10.1371/journal.pone.0141339.

- **Zhao L. Zhang K.P. Liu B. Deng Z.Y. Qu H.L. Tian J.C. (2010).** A comparison of grain protein content QTLs and flour protein content QTLs across environments in cultivated wheat. *Euphytica* 174:325-335.

ANNEXES

ANNEXE 1 :

Protocole de Test de Sédimentation (SDS)

❖ Réactifs :

- Réactif 1 : Solution de Coomassie Brilliant Blue (CBB) R-250 : 10 mg de CBB dans 1 L d'eau distillée.
- Réactif 2 : Solution d'Acide lactique : 10 mL d'Acide lactique 85% + 80 mL d'eau distillée.
- Réactif 3 : Sodium dodecyl sulfate (SDS) 3% : 30 g SDS dans 1 L d'eau distillée.
- Réactif 4 : Réactif 2 (Ac. Lactique + eau distillée) + Réactif 3 (solution SDS 3%) :

Réactif 2	17 mL
Réactif 3	480 mL

❖ Application :

1. Mettre 1 g de mouture de grains dans un tube de 25 ml.
2. Ajouter 6 mL de solution de Bleu Brilliant de Coomassie (CBB) R-250.
3. Laisser reposer la solution durant 4 min et 30 seconds avec trois agitations manuelles régulières.
4. Ajouter 19 mL de la solution contenant du SDS et de l'acide lactique suivi par une agitation automatique de 2 minutes.
5. On laisse la solution pour se décanter pendant 14 minutes, puis on déclenche la lecture des résultats.
6. Appréciation des mesures.

ANNEXE 2 :

Solutions utilisées dans l'extraction des gluténines

❖ **Solution A** : 50 % (v/v) Propan-1-ol.

❖ **Solution B** : 50 % (v/v) Propan-1-ol, 0.08 M Tris-HCl, pH 8.

- **Solution B₁** : à préparer le jour même.

Solution B	10 mL
DL-Dithiothréitol DH	0,1 g

- **Solution B₂** : à préparer le jour même.

Solution B	10 mL
4-vinyl-pyridine	0,14 mL

❖ **Solution C** : Sample buffer; 2% (w/v) SDS, 40% (w/v) glycerol, 0,02 % (w/v) bromophenol blue, 0,08 M Tris-HCl, pH 8.0.

ANNEXE 3 :

Extraction des gluténines HPM, FPM et oméga gliadines

D'après Singh, Shepherd et Cornish, 1991. Journal of cereal science.14 : 203-208

❖ Etape de lavage pour éliminer les oméga gliadines :

- Ecraser 1 grain de blé tendre (l'équivalent de 20 mg de mouture de grains) et le mettre dans un eppendorf contenant 1 mL de la solution A ;
- Attendre 30 min avec agitation régulière ;
- Centrifugation (1 min, 10000 rpm) ;
- Elimination du surnageant ;
- Reprendre le culot avec 1mL de la solution A (répétition des étapes citées au-dessus une deuxième fois) ;
- Récupération du culot ;
- Introduire 0,5 mL de la solution A ;
- Centrifugation (5min, 10000 rpm) ;
- Elimination du surnageant.

❖ Extraction des gluténines :

- Introduire 100µl de la solution B₁ contenant 1% P/V Dithiothréitol (DTT) ajouté à l'état frais après une bonne agitation au vortex ;
- Centrifugation (5 min, 10000 rpm) ;
- Ajouter 100µl de la solution B₂ contenant 1.4% (V/V) du 4- vinylpyridine mélangé à l'état frais ;
- Incubation (15 min, 65 °C) pour une alkylation des protéines ;
- Centrifugation (2 min, 10000 rpm) ;
- Un aliquote 0.1mL de surnageant est transféré dans un autre eppendorf contenant la solution C 0.1mL ;
- Ce même échantillon est agité brièvement ensuite incubé (15 min) pour une complexation du SDS avec le polypeptide des gluténines réduites et alkylées. Après la centrifugation (2 min), les extraits protéiques sont déposés dans les puits du gel pour une séparation SDS-PAGE des sous-unités gluténines.

ANNEXE 4 :

I. Tampon d'électrophorèse :

Tris base	45.0 g
Glycine	216.0 g
SDS	15.0 g
L'eau distillée	3000 mL

- Diluer 300 ml de solution de réserve 5x avec 1,2 L d'eau distillée pour un cycle d'électrophorèse.
- Conserver à 4 ° C.

II. Solution de coloration /décoloration :

Solution de coloration	12% Trichloroacetic acid 1% Brillant Blue R250 (in ethanol absolute)
Solution de décoloration	Eau de robinet

ANNEXE 5 :

Solutions pour la préparation des gels (2 gel)

1. Acrylamide/ Bis (30% T, 2.67% C) (à préparer avec gants et masque) :

Acrylamide	146.0 g
NN Methylene-Bis Acrylamide	4.0 g
Eau distillée	Jusqu'à 500 ml

2. 1.5 M Tris-HCl, pH 8.8 (à préparer sous la hotte, avec gants et masque) :

Tris Base	54.45 g
Eau distillée	150 ml
Ajuster le pH à 8.8	Compléter avec l'eau distillée jusqu'à 300 mL.

3. 0.5 M Tris-HCl, pH 6.8 (à préparer sous la hotte, avec gants et masque) :

Tris Base	6.0 g
Eau distillée	60 ml
Ajuster le pH à 6.8	Compléter avec l'eau distillée jusqu'à 100 mL.

4. Solution de SDS à 10% :

SDS	6.0 g
Eau distillée	60 ml avec agitation
Eau distillée	Compléter avec l'eau distillée jusqu'à 100 mL.

5. Solution d'APS (Ammonium PerSulfate) à 10% (à préparer ex-temporairement) :

Ammonium PerSulfate	100 mg
Eau distillée	1 mL

ANNEXE 6 :

Principe de l'émission atomique

Un atome possède de très nombreux niveaux d'énergie possibles. Pour qu'il y ait émission, l'atome doit avant tout être excité. L'excitation correspond à l'absorption d'une quantité d'énergie par l'atome suite à la collision de cet atome avec une autre particule. Cette quantité d'énergie absorbée entraîne le déplacement d'un électron de l'atome vers un niveau d'énergie supérieure. L'atome est alors dit « excité ». Par contre, un atome excité est instable. Il va donc chercher à retrouver son état fondamental par une ou plusieurs transition(s) électronique(s) d'un état d'un niveau énergétique supérieur à un état énergétique inférieur. La transition électronique d'un état d'un niveau énergétique supérieur à un état énergétique inférieur conduit à l'émission d'un photon ayant une énergie correspondant à la différence d'énergie entre les deux niveaux énergétiques. Il s'agit de l'émission.

L'énergie des photons est spécifique de l'élément et de la transition concernée. A une transition d'un niveau d'énergie E à un niveau E_0 correspond l'émission d'un photon de fréquence ν transportant l'énergie $h.\nu$:

$$\Delta E = E - E_0 = h.\nu = \frac{h.c}{\lambda}$$

Avec ν la fréquence du rayonnement lumineux, h la constante de Planck ($h = 6,626 \cdot 10^{-34}$ J.s), c la vitesse de la lumière ($c = 2,998 \cdot 10^8$ m.s⁻¹) et λ la longueur d'onde du rayonnement lumineux.

Le phénomène d'excitation et d'émission est résumé dans la figure ci-dessous :

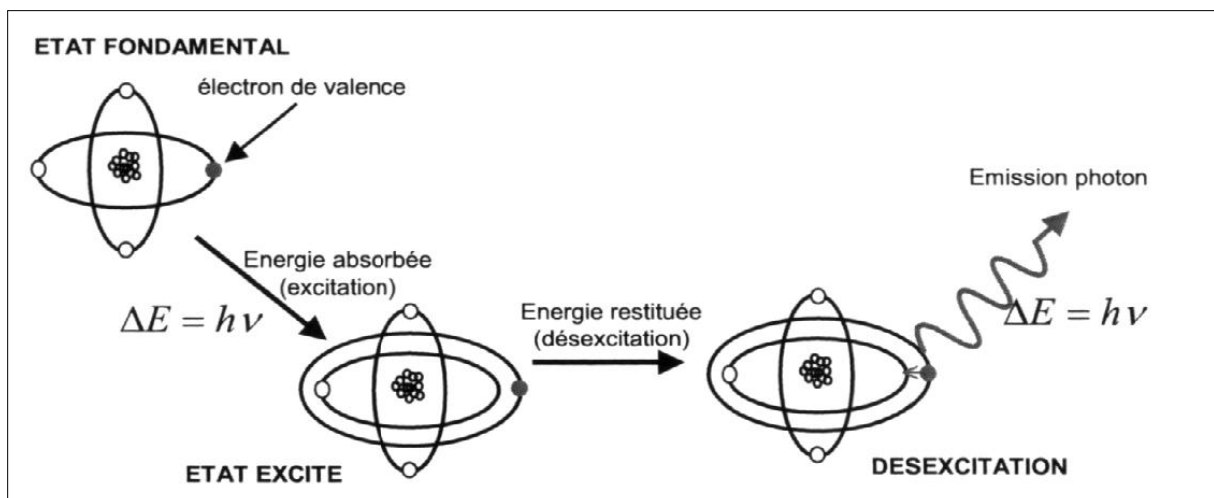


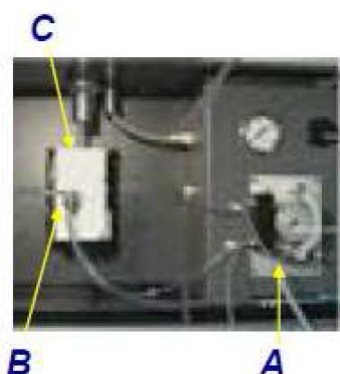
Figure 23 : Schéma de principe de l'excitation et de l'émission (Manuel VARIAN).

ANNEXE 7 :

Composition d'un spectromètre ICP-OES

1. Le système d'introduction de l'échantillon :

Le système d'introduction de l'échantillon est constitué d'une pompe péristaltique, d'un nébuliseur et d'une chambre de nébulisation (Figure ci-dessous).



A : pompe péristaltique

B : nébuliseur

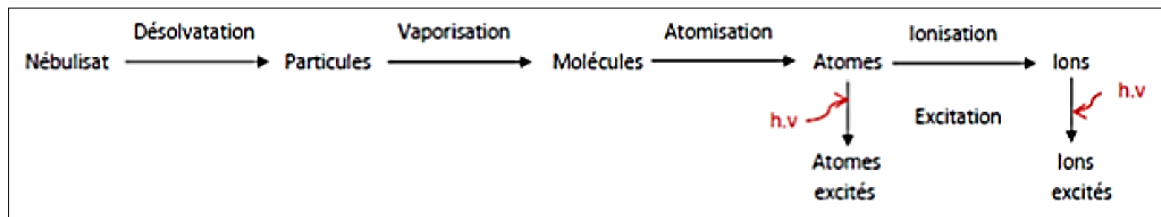
C : chambre de nébulisation

En premier lieu, un volume d'échantillon est prélevé à l'aide d'une sonde. Ce volume est ensuite entraîné vers une pompe péristaltique ; afin de permettre un entraînement de l'échantillon dans le système d'introduction à un débit constant. La caractéristique principale des pompes de ce type est l'affranchissement de la viscosité des solutions. Cette pompe peut utiliser deux ou trois voies. La première voie permet le transfert de l'échantillon, la deuxième sert à retirer l'excès de liquide dans la chambre de nébulisation et la troisième peut servir à insérer un étalon interne.

Mais avant d'être excité, l'échantillon doit subir au préalable deux étapes, à savoir ; la génération d'un aérosol ; qui consiste à mettre en suspension les particules liquides de l'échantillon dans le plasma (interaction gaz-liquide) pour former un nuage de particules très fines. Cette étape est réalisée au niveau du nébuliseur. Les nébuliseurs sont désignés en fonction des différents paramètres d'analyses, prenons l'exemple de AR30-07-FSS2 : ce nom signifie que le nébuliseur opère avec de l'argon (AR), que la pression nominale d'argon est de 30 psig (30), que le débit d'argon à la pression nominale de 7 L.min⁻¹ (07) et que le modèle utilisé est un Seaspray (FSS) pour un débit de 2 mL.min⁻¹ (2). [Manuel VARIAN] Ensuite, la sélection des gouttes les plus fines est réalisée au sein de la chambre de nébulisation.

2. Le système d'atomisation et d'excitation :

Le système d'excitation représente tous les phénomènes se produisant dans le plasma. Le nébulisat obtenu après nébulisation de l'échantillon ; subit différents processus :



Il y a deux manières différentes d'observer les signaux émis par un plasma : par visée radiale (ou latérale) ou par visée axiale. La différence entre ces deux visées repose sur la position du système optique par rapport à l'axe du plasma. On parle de visée radiale lorsque l'axe du plasma et l'axe d'observation sont perpendiculaires et de visée axiale lorsque ceux-ci sont superposés.

3. Le système optique :

Le rôle du système optique est de séparer les photons en fonction de leur longueur d'onde. Ceci est réalisé à partir d'un système dispersif. On dénombre actuellement deux types de systèmes dispersifs : le prisme et le réseau de diffraction. Le réseau de diffraction est une surface optique permettant la dispersion de la lumière via une série de traits gravés. Le système optique le plus utilisé en ICP-AES est la dispersion croisée qui appartient à la catégorie des réseaux de diffraction.

Le système de dispersion croisée est composé d'un réseau, d'un prisme en fluorure de calcium (CaF₂) et d'un miroir (Figure 24). La combinaison du réseau et du prisme permet l'étalement du spectre en deux dimensions. L'image est par la suite focalisée par le miroir et renvoyée sur le détecteur.

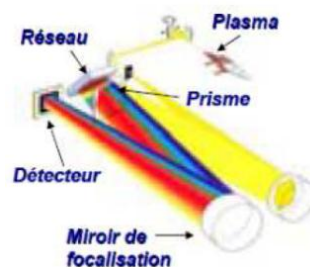


Figure 24 : Schéma de principe du système optique par dispersion croisée [DEBEAUVAIS].

4. Le système de détection :

Le système de détection permet de convertir des photons en courant électrique.

ANNEXE 8

Protocole de digestion /ICP-OES (A. pequerul, et al. ; Alcock et al., 2009)

I. Préparation des échantillons :

- 1) Mettre 0,5 g de mouture de grains dans un tube en verre ;
- 2) Ajouter 6-8 mL d'acide nitrique 70% ;
- 3) Laisser la solution pendant la nuit qui précède l'analyse (OVERNIGHT) ;
- 4) Placer les tubes dans un bloc de digestion à 90° - 95°C pendant une heure ;
- 5) Agiter à $t = 15min$ et $t = 45min$;
- 6) Ajouter 3 – 4 mL d'H₂O₂ (30%) à 90°C ;
- 7) Après accomplissement de la digestion, retirer les tubes du bloc de digestion et laisser les refroidir à température ambiante (la digestion complète est indiquée par l'arrêt de la fumée brune provenant des tubes de digestion) ;
- 8) Filtration du digérât avec dilution 1 :10 avec 6M HCL.

II. Préparation du matériel :

- 1) Ouvrir la vanne du réservoir d'argon / azote. La pression doit être à 90psi. Laisser l'instrument se purger pendant 20 min ;
- 2) Après la purge, allumez le refroidisseur. La température doit être à 18°C ;
- 3) Activer l'extraction ;
- 4) Positionner le tuyau de pompe et positionner les colliers sur l'instrument. Placer la pince sur la tubulure de rinçage de l'échantillonneur automatique ;
- 5) Ouvrir le logiciel *Qtegra*. Ouvrir les paramètres de fonctionnement en cliquant sur l'icône "torche" (en bas à droite). Cliquer sur «Statut de l'instrument». Régler le débit de la pompe sur 50 tr / min et régler le nébuliseur sur «marche». Cliquer sur «appliquer» ;
- 6) Confirmer que l'eau de rinçage est pompée dans la tubulure et que le drainage fonctionne correctement ;
- 7) Enflammer le plasma. Laisser l'instrument se stabiliser (15 minutes).

III. Logiciel : *Qtegra*

- 1) Ouvrir "*Qtegra*" Sélectionner une méthode dans la liste ou créer une nouvelle ;
- 2) Cliquer sur «Analyser», puis sélectionner le minéral à analyser, sélectionner également la longueur d'onde en fonction de l'interférence et de l'intensité ;

- 3) Cliquer sur «Mode Méthode» et sélectionner le mode d'analyse «Axial (pour faible concentration) ou Radial (pour concentration élevée)» ;
- 4) Cliquer sur «Standards» et créer la liste des standards avec la concentration à utiliser ;
- 5) Cliquer sur «Liste d'échantillon» et créer l'ordre, la position et le type d'analyse ;
- 6) Enregistrer et démarrer l'analyse.

IV. Fermeture :

- 1) Éteindre le plasma en cliquant sur l'icône «torche» ;
- 2) Connecter la tubulure de la pompe à échantillon au rinçage manuel. Démarrer la pompe à échantillon pour rincer la tubulure ;
- 3) Régler la vitesse de la pompe à zéro. Détacher le tube de la pompe ;
- 4) Éteindre le refroidisseur ;
- 5) Libérer le tube de l'échantillonneur automatique ;
- 6) Attendre quelques minutes que l'azote se purge, puis fermer la vanne du réservoir.
Laisser l'instrument allumé.