

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
UNIVERSITE DE TLEMCCEN



Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie, Sciences de la Terre et de l'Univers
Département d'Agronomie

THESE

EN VUE DE L'OBTENTION DU DIPLOME DE DOCTORAT EN AGRONOMIE

OPTION : Amélioration de la Production Végétale et Biodiversité

Intitulé :

*Caractérisation génétique des variétés d'orges locales dans l'Ouest algérien, par
l'utilisation des marqueurs moléculaires.*

Présentée par: M^{elle} TAIBI Warda

Devant la commission du jury : le /08/07 / 2020

Président : GHEZLAOUI Bahaa Eddine

Prof. Université de Tlemcen

Rapporteur : GAOUAR Semir Bechir Souheil

Prof. Université de Tlemcen

Examineur : BENMAHIOUL Benamer

Prof. Université de Tlemcen

Examineur : MEHDADI Zoheir

Prof. Université de Sidi Bel Abbas

Examineur : HADDAD Mostéfa

Dr. Université de Sidi Bel Abbas

Année universitaire : 2019-2020

Dédicace

À vous, Mes parents : AbdElKarrim Kaddour, Safia Tounsi

À mes sœurs : Fatima Zohra et Nafissa

Et mes frères : Bellal, Hamza, Mohammed et Abd ElHak

Remerciements

Tout d'abord, je voudrais remercier mon Dieu pour m'avoir permis d'être ce que je suis devenu aujourd'hui, et pour m'avoir guidé vers le bon chemin.

Je tiens à exprimer mes remerciements les plus sincères et mon profond respect à Mr Gaouar semir bechir suheil, Professeur à l'université Abou Bekr Belkaid Tlemcen, pour son judicieux encadrement, pour sa disponibilité, ses conseils précieux et et son suivi permanent. Je le remercie d'avantage de m'avoir fait confiance pour mener à bien ce travail. Qu'elle trouve ici le témoignage d'une profonde gratitude.

Au président du jury Pr, Ghezlaoui Bahaa ElDinne, Professeur à l'université Abou Bekr Belkaid Tlemcen qui nous a fait l'honneur de présider le jury. Veuillez accepter, Professeur, mes sentiments de sincère reconnaissance.

Mes sincères remerciements vont au Pr Benmahiou Benamer, Professeur à l'université Abou Bekr Belkaid Tlemcen, pour avoir accepté d'examiner ce travail. Je suis particulièrement reconnaissant et honoré par sa participation au jury de cette thèse.

Mes remerciements vont aussi à Mr Haddad Mostéfa, Docteur à l'université de sidi bel Abbess, d'avoir accepter de critiquer et de juger ce travail. Qu'il trouve ici mes sincères sentiments de gratitude et de respect.

Je tiens à remercier également Mr Mehdadi Zoheir, Professeur à l'université de sidi bel Abbess, d'avoir accepté, malgré ses préoccupations, de lire et de juger ce travail. Qu'il trouve ici mes sincères sentiments de gratitude et de respect.

Mes vifs remerciements sont adressés pareillement à toute l'équipe de Formation d'amélioration génétique, y compris mes collègues de la promo, avec qui j'ai partagé de très bons moments et dont les échanges scientifiques m'ont beaucoup apporté et encouragé.

I am heartily thankful to co-supervisor Dr. Sripada UDUPA,(co supervisor) Biotechnologist/Geneticist, ICARDA (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas) /INRA (Institut National de la Recherche Agronomique), Rabat whose guidance and support for the genetic part enabled me to develop an understanding of the subject.

Mes remerciements les plus vifs à ma sœur Henkrar Fatima, de la faculté des sciences Mohamed V à Rabat, docteur au laboratoire de biologie moléculaire du CRRA de Rabat, pour l'énorme aide qu'elle m'a offert durant la période du stage,

Merci aussi à tous mes camarades du ICARDA leur aide me fut précieuse. Je leur exprime ma profonde sympathie et leur souhaite beaucoup de bien.

Une pensée émue pour tous les étudiants avec qui j'ai partagé une salle, un repas ou petit bout de chemin pendant ces années de doctorat.

Et sans oublier encore, toutes celles et tous ceux, qui de loin et de près ont participé : directement ou indirectement à ce travail.....

Résumé

La présente étude est considérée comme le premier rapport sur la diversité génétique des accessions d'orge algériennes. Dans ce contexte, un inventaire a été réalisé dans l'ouest de l'Algérie (Nord et Sud) pour recueillir les variétés et accessions locales d'orge (*Hordeum vulgare* L.) pour leur caractérisation morphologique. Dans sa deuxième partie les semences collectées ont été semées dans des carrés expérimentaux afin de fixer le facteur environnemental et voir son impact sur ses derniers. La caractérisation a porté sur plusieurs accessions à savoir 34 accessions au niveau agro-morphologique (utilisation de 30 caractères quantitatifs et qualitatifs) et au niveau moléculaire (utilisation de 27 marqueurs microsatellites).

La diversité phénotypique a été déterminée par l'indice de diversité Shannon-Weaver (H') à différents niveaux (Totalité de l'échantillon, par type d'orge et par nom de variété). Les estimations H' ont montré une grande variabilité phénotypique pour différents caractères avec un H' moyen de 0,74 pour les caractères quantitatifs et 0,53 pour les caractères qualitatifs (enquête sur terrain), et un H' de 0,69 pour les caractères quantitatifs et de 0,50 pour les caractères qualitatifs (carré expérimentaux). Les résultats de l'analyse des correspondances multiples et du regroupement hiérarchique ont montré une nette distinction entre les différentes accessions. Les résultats de ce travail ont révélé une grande diversité phénotypique des accessions de l'orge qui ne correspond que partiellement aux noms des variétés en raison de l'existence d'homonymes et de synonymes dans les noms des accessions. Les informations recueillies dans le cadre de cette étude pourraient être utilisées dans des programmes de sélection conventionnelle et de conservation in situ de cette diversité.

Au total, 27 marqueurs microsatellites, répartis sur l'ensemble du génome de l'orge, ont été utilisés pour la caractérisation et l'analyse de la diversité des 33 accessions d'orge. 110 allèles ont été identifiés sur les 27 loci génétiques étudiés, avec une moyenne de 4,1 allèles par locus et un contenu moyen d'information sur le polymorphisme (PIC) de 0,46, le marqueur Ebma0806 présentant la plus grande valeur de PIC avec 0,83. La diversité génétique pour 27 loci microsatellites variait de 0 (Bmac 0032, Hvm65 et Hvm14) à 0,84 (Bmag0009 et Ebmac0,806) avec une moyenne de 0,50. La distance génétique entre les accessions variait de 0,02 à 0,85. Le dendrogramme utilisé dans l'étude a montré un niveau élevé de diversité parmi toutes les accessions d'orge. Ces résultats révèlent que les marqueurs choisis étaient suffisamment efficaces pour détecter la diversité des accessions algériennes étudiées. Cette étude nous donne un réel potentiel génétique sur l'orge en Algérie, ce résultat peut être très utile dans la gestion de la biodiversité et l'amélioration génétique.

Mots clés : orge, accessions, diversité morphologique, ACP, polymorphisme, marqueurs microsatellites (SSR), Algérie

Abstract: Genetic characterization of local varieties of barley in Western of Algeria, using molecular markers.

This study is considered as the first report on the genetic diversity of Algerian barley accessions. In this context, an inventory was carried out in western Algeria (North and South) to collect local accessions of barley (*Hordeum vulgare* L.) for their morphological and genetic characterization. The characterization covered several accessions, including 34 accessions at the morphological level (use of 30 quantitative and qualitative characters) and at the molecular level (use of 27 microsatellite markers).

Phenotypic diversity was determined by the Shannon-Weaver diversity index (H') at different levels (total sample, by barley type and variety name). H' estimates showed a high phenotypic variability for different characteristics with an H' mean of 0.74 for quantitative characteristics and 0.53 for qualitative characteristics (field investigation) and 0.69 for quantitative characteristics and 0.50 for qualitative characteristics (bloc experimental). The results of multiple correspondence analysis and hierarchical clustering showed a clear distinction between the different accessions. The results of this work revealed a great phenotypic diversity of barley accessions which only corresponded to a limited extent to the variety names due to the existence of homonyms and synonyms in the names of the accessions. The information gathered in this study could be used in conventional breeding programmes and in situ conservation of this diversity.

A total of 27 microsatellite markers, distributed throughout the barley genome, were used for the characterization and analysis of the diversity of the 33 barley accessions. 110 alleles were identified out of the 27 genetic loci studied, with an average of 4.1 alleles per locus and an average polymorphism information content (PIC) of 0.46, with the marker Ebma0806 having the highest PIC value of 0.83. The Ebma0806 marker had the highest PIC value of 0.83. Genetic diversity for 27 microsatellite loci ranged from 0 (Bmac 0032, Hvm65 and Hvm14) to 0.84 (Bmag0009 and Ebmac0.806) with a mean of 0.50. The genetic distance between accessions ranged from 0.02 to 0.85. The dendrogram used in the study showed a high level of diversity among all barley accessions. These results indicate that the selected markers were sufficiently effective in detecting the diversity of the Algerian accessions studied. This study gives us a real genetic potential on barley in Algeria, this result can be very useful in biodiversity management and genetic improvement.

Keywords: barley, accessions, morphological diversity, PCR, polymorphism, microsatellite markers (SSR), Algeria

تلخيص التشخيص الجيني لأصناف الشعير المحلية في الغرب الجزائري باستعمال التوصيفات الجزيئية.

وتعتبر هذه الدراسة أول تقرير عن التنوع الوراثي لأصناف الشعير المحلية. وفي هذا السياق، أُجري جرد في غرب الجزائر (الشمال والجنوب) لجمع هاته الاصناف المحلية للشعير لتوصيفهم المورفولوجي والجيني. وشمل هذا الوصف عدة اصناف، منها 34 صنف على المستوى المورفولوجي (استخدام 30 من الصفات الكمية والنوعية) وعلى المستوى الجزيئي (استخدام 27 صفة وراثية). تم تحديد التنوع الظاهري بواسطة مؤشر التنوع على مستويات مختلفة (عينة إجمالية، حسب نوع الشعير واسم العينة).

أظهرت تقديرات مؤشر التنوع تباينا ظاهريا عاليا بمتوسط 0.74 للصفات الكمية و 0.53 للصفات النوعية بالنسبة لعملنا الاستقصائي على مستوى الاراضي المزروعة وبمتوسط 0.69 للصفات الكمية و 0.50 للصفات النوعية بالنسبة لنتائج العمل التجريبي. وأظهرت نتائج تحليل المكونات الاساسية والتكتل الهرمي تمييزا واضحا بين الاصناف المختلفة. وقد كشفت نتائج هذا العمل عن تنوع كبير في التنوع الظاهري من اصناف الشعير التي لا تتطابق إلا بقدر محدود مع الأسماء المتنوعة بسبب وجود مرادفات في مسميات الاصناف. ويمكن استخدام المعلومات التي تم جمعها في هذه الدراسة في برامج الزراعة الانتقائية وفي الحفاظ على هذا التنوع

وقد استخدم مجموعه 27 صفة وراثية موزعة على جميع أنحاء جينوم الشعير لوصف وتحليل تنوع اصناف الشعير البالغ 33 صنفا. تم التعرف على 110 أليلات في 27 موقعا جينيا الذي تمت دراسته، مع متوسط من الأليلات لكل موقع (4.1). ومتوسط محتوى التعدد الجيني (0.46). يتراوح مؤشر التنوع الجيني ما بين القيمتين 0 و 0.84.

وتراوحت المسافة الجينية بين الاصناف من 0.02 إلى 0.85. وقد أظهر توزيع الاصناف المستخدم في الدراسة مستوى عالياً من التنوع بين جميع اصناف الشعير. وتكشف هذه النتائج أن المؤشرات المختارة كانت فعالة بما يكفي لكشف تنوع الاصناف الجزائرية التي تمت دراستها. وهذه الدراسة توفر لنا إمكانية توصيف جينية على نبتة الشعير في الجزائر، ويمكن أن تكون هذه النتيجة مفيدة جدا في معرفة التنوع البيولوجي وتحسين الجينات.

الكلمات الرئيسية

الجزائر، (SSR)، تعدد الأشكال، الACP، الشعير، الانضمامات، والتنوع المورفولوجي.

Productions scientifiques

Ce travail s'inscrit dans le cadre d'un projet de caractérisation génétique des accessions locales des céréales et des légumineuses.

Les travaux effectués au cours de cette thèse ont contribué aux publications et communications orales et affichées suivantes :

Publications:

*- Taibi Warda, Belletreche Amina, Kharsi Mohammed, Gaouar Semir Bechir Suheil. Phenotypic diversity for quantitative and qualitative characters of barley (*Hordeum vulgare*) accession from Algeria. Biodiversitas, Volume 20, Number 12, December 2019.*

*- Taibi Warda, Henkrar Fatima, Tsivelikas Athanasios, Udupa Sripada Mahabala, Gaouar Suheil Bechir Semir. Genetic diversity of barley (*hordeum vulgare* L.) Accessions from algeria using simple sequence repeat (ssr) markers. Acta agriculturae Slovenica, Vol x 2020.(sous press).*

Communication orale:

*Taibi Warda, Bellatreche A., Mahdad Y.M, Kharsi Mohammed , Gaouar S.B.S-agro-morphological diversity of some accessions of barley(*Hordeum vulgare* L.) in western of algeria-2eme workshop international management and genetic improvement of plant and microbial resources " GRPM 2017" Tlemcen, 19 - 21 march 2017-Tlemcen -Algeria.*

Communications affichées:

*Taibi Warda, Bellatreche Amina, Gaouar Suheil Bechir Semir - Study of Agro-morphological diversity of some accessions of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Algeria-the first international conference on biotechnology. December 18and 19December 2017-Beni Mellal Morocco.*

*Taibi Warda, Bellatreche Amina, Bouri Amina, Gaouar Suheil Bechir Semir. Phenotypic diversity for quantitative and qualitative characters of barley (*Hordeum vulgar* L.) Accession collections from Algeria. 5ème Workshop International MGIBR : « les parties prenantes du secteur équidés : caractéristiques, points critiques et potentialités ». 27-28 Avril, 2019*

*Warda Taibi, Amina Bellatreche, Suheil Bechir Semir Gaouar. Genetic diversity analysis by the morphometric tool of some barley (*hordum vulgare* L.) Accession collections from western of Algeria. "AGROSYM 2019». Jahorina, 3-6 October 2019, Bosnia and Herzegovina*

Formations et ateliers scientifiques:

o 30/09/2012 to 04/10/2012: Training in «**Initiation to statistical analysis** (genetic characterization of animals and plants) » University Abu Bekr Belkaid Tlemcen.

o May 13, 2013: Participation in the national workshop entitled "**Introduction to the extraction of genomic DNA from camel blood**" organized by the Laboratory of Molecular and Cellular Genetics.held in Oran -Algeria

o April 23-24, 2014: Participation in the national workshop entitled "**molecular genetics**" organized by the Laboratory of Physiology, Physiopathology and Biochemistry of Nutrition.

o 20 to 25 february 2016: Training in «**bioinformatic applied to genetic quantitative** »held in tlemcen-Algeria.

o 21/10/2017 to 19/12/2018: Training in «**Application of molecular marker techniques in cereal improvement** » at ICARDA-rabat –morocco.

Les Figures

Figure 01 : Historique de domestication et origine génétique d'orge (Rachel et al,2012).	4
Figure 02 : Section d'orge à six rangs à gauche et d'orge à deux rangs à droite (Soltner, 2005)	5
Figure 03 : Inflorescence, fleur et pièces florales d'orge (Hordeum vulgare L). (Cédric Jacquard.2007).	8
Figure 04 : Vue ventrale et dorsale du grain d'orge (GNIS, SD a).	9
Figure 05 : Production mondiale (millions de tonnes) (FAO, 2016)	24
Figure 06 : Evolution de ta production d'orge dans la région de Tlemcen (2015-2019). (DSA,2020)	24
Figure 07 : Evolution du rendement d'orge dans la région de Tlemcen (2015-2019)	25
Figure 08 : Pays fournisseurs de l'Algérie en orge en 2017/2018(GNIS,2018)	25
Figure09 : Comparaison des principales techniques de marquage moléculaire (Najimi et al,2003). ..	31
Figure 10 : Carte d'Algérie (Position des régions d'étude : Adrar, Bechar, Tlemcen, Sidi BelAbbes, Ain defla et Media)	39
Figure 11 : Situation géographique de la wilaya d'Adrar	41
Figure 12 : Situation géographique de la wilaya de Bechar	42
Figure 13 : Situation géographique de la wilaya de Sidi Bel Abbes.	43
Figure 14 : Situation géographique de la wilaya de Tlemcen	45
Figure 15 : Situation géographique de la wilaya de Médea.	46
Figure 16 : Situation géographique de la wilaya d'Ain Defla.	47
Figure 17 : Variétés d'orge étudiées	49
Figure 18 : Carte climatique en 1980 de la région de Tlemcen.....	50
Figure 19 : Mise en place du semis et germination des graines.	56
Figure 20 : Etapes d'extraction de l'ADN	57
Figure 21 : Electrophorèse sur gel d'Agarose	59
Figure 22 : Amplification de l'ADN extrait par PCR	60
Figure 23 : Electrophorèse sur gel d'acrylamide.....	61

Figure 24 : Analyse en composantes principales (ACP) des accessions d’orge selon les moyennes des caractères quantitatifs pour tous les individus et toutes les régions étudiées.	71
Figure 25 : Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions d’orge pour les caractères quantitatifs.	73
Figure 26 : ACP des accessions d’orge (carrés expérimentaux) selon les moyennes des différents caractères étudiés pour tous les individus et toutes les régions étudiées	80
Figure 27 : Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions d’orge pour les caractères quantitatifs (Carré expérimental)	81
Figure 28 : Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions d’Orge étudié (Comparaison entre terrain et carrés expérimentaux).....	82
Figure 29 : ACP comparatif des accessions d’orge (enquête sur terrain et carrée expérimentales) selon les moyennes des différents caractères étudiés pour tous les individus et toutes les régions étudiées..	83
Figure 30 : Profils électrophorétiques de l'ADN génomique des échantillons étudiés sur gel d'agarose 1,0%	84
Figure 31 : Quantité de l'ADN génomique des échantillons étudiés (1,15,19,32) avec Nanogram	85
Figure 32 : Profils électrophorétiques sur gel d’acrylamide dénaturé de certains marqueurs microsatellites parmi les 27 marqueurs utilisés chez l’orge.	87
Figure 33 : Dendrogramme obtenu par la méthode NJ basée sur la distance génétique des allèles partagés entre 33 accessions d’orge.	92
Figure 34 : Analyse de la coordination principale (PCoA) générée à partir des calculs des distances génétiques utilisant GenAlEx pour les 33 accessions (Rouge : accessions du Nord et Vert : accessions du Sud)	93
Figure 35 : Dendrogramme obtenu par la méthode NJ basée sur la distance génétique des allèles partagés entre les populations (régions)	95

Les tableaux

Tableau 01 : Principales maladies de l'orge recensées en Algérie	12
Tableau 02 : Comparaison des six marqueurs moléculaires les plus utilisés chez l'orge (Lamara,2010).	32
Tableau 03 : Origine des accessions d'orge étudiés	40
Tableau 04 : Caractères qualitatifs étudiés : nom, code, variabilité et unité (UPOV ,1994)	51
Tableau 05 : Caractères quantitatifs mesurés : nom, code et classes	53
Tableau 06 : Réactifs utilisés dans la PCR et leurs concentrations.....	60
Tableau 07 : Nom du locus, la localisation chromosomique, la séquence d'amorces et le motif répétitif des 27 marqueurs SSR utilisés	61
Tableau 08 : Indice relatif de diversité des différents caractères quantitatifs et régions étudiés (enquête sur terrain).....	67
Tableau 09 : Indice relatif de diversité des différents caractères qualitatifs et régions étudiés (enquête sur terrain).....	68
Tableau 10 : Indice relatif de diversité des différents caractères quantitatifs et accessions d'orge étudiés (Carré expérimental).	74
Tableau 11 : Indice relatif de diversité des différents caractères qualitatifs et accessions d'orge étudiés (Carré expérimental).....	75
Tableau 12 : Les valeurs moyennes et les déviations standard (DS) de la totalité des caractères quantitatifs mesurés	79
Tableau 13 : Paramètres de diversité génétique des accessions d'orge de 27 loci testés	89
Tableau 14 : Structure génétique des accessions d'orge	91
Tableau 15 : Résultats de l'Analyse de Variance Moléculaire (AMOVA)	93
Tableau 16 : Diversité génétique entre les régions	94

Liste des abréviations

ADN : L'Acide Désoxyribonucléique.

AFLP : Amplified Fragment Length Polymorphism; Polymorphisme de longueur de Fragments d'Amplification.

Amorce F : Amorce Forward ; Amorce sens.

Amorce R : Amorce Reverse ; Amorce anti-sens.

BET: Bromide d'Ethidium.

CTAB: Cetyl-Trimethyl Ammonium Bromide.

EDTA : Éthylène Diamine Tétra-Acétique.

FAO: Food and Agriculture Organization.

g: Gramme

ha: Hectare

HCl: Chlorure d'hydrogène

H₂O UP: Eau ultra pure.

ICARDA: International Center for Agricultural Research in the Dry Areas

INRAA : Institut Nationale de la Recherche Agronomique d'Algérie.

INRAM : Institut National de la Recherche Agronomique du Maroc.

ITGC : Institut Technique des Grandes Cultures.

Kg : kilogramme

L : Litre

M : Molaire

Mg Cl₂ : Chlorure de magnésium

mg : milligramme

min : minute

ml : millilitre

µl: microlitre.

NaCl: Sodium Chloride

NaOH: Sodium Hydroxide

ng: nanogramme

Pb : Paire de bases.

PCR : Polymerase Chain Reaction; La Réaction de Polymérisation en Chaîne.

pH : pouvoir hydrogène

PIC : Polymorphic Information Content

Pmol: picomole

QTL : Quantitative Trait Loci ; un locus de caractère quantitatif.

RAPD : Randomly Amplified Polymorphic DNA ; l'amplification aléatoire d'un ADN polymorphe.

RFLP : Restriction Fragment Length Polymorphism; Polymorphisme de longueur de
Fragments de restriction.

SAM : La sélection assistée par marqueurs.

SSR : Simple Sequence Repeat; Répétition de séquence simple ou Microsatellites.

TBE: Tris-HCl, Boric acid et EDTA.

TEMED: Tetra Methyl Ethylene Diamine

Taq: Thermus aquaticus

TBE: Tampon Tris-Borate-EDTA

Trs / min: tours par minute

UV: Ultra Violet

UPGMA: Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean

UPOV : Union Internationale Pour La Protection Des Obtentions Végétales.

V : Volt.

Table des matières

Dédicaces.....	I
Remerciements	II
Résumé	IV
Abstract	V
تلخيص.....	VI
Productions scientifiques	VII
Liste des figures	IX
Liste des tableaux	XI
Liste des annexes	XII
Liste des abréviations	XII
Table de matières	XIV
Introduction	1
Partie I : Synthèse bibliographique.....	3
Chapitre 01 : Données générales sur l’orge	3
1.1. Domestication de l’orge	3
1.2. Origine génétique et géographique	3
1.3. Classification botanique et génétique	4
1.4. Ressources génétiques :	6
1.5. Description de la plante :	7
1.5.1. Caractéristiques morphologiques et physiologiques	7
1.5.2. Cycle de développement	9
1.6. Exigences de la culture	9
1.7. Valeur agronomique	10
1.8. Pathologies de l’orge	12
1.9. Constat sur la situation de l’orge	13
1.9.1. Production mondiale.....	13
1.9.2. Production nationale	13
1.9.3. Production nationale	14
Chapitre 02 : Diversité génétique chez l’orge.....	15
2.1. La sélection variétale chez l’orge	15
2.2. Étude des variétés locales	16
2.3. Etude de la biodiversité et son rôle dans la sélection variétale de l’orge	17

2.3.1. Définition de la biodiversité	17
2.3.2. Les niveaux de la biodiversité	17
2.3.3. La conservation de la biodiversité	18
2.4. Le nombre de variétés	19
2.5. Caractérisation morphologique d'orge	19
2.5.1. Méthodes et observations	20
2.5.2. Déterminisme génétique des caractères de production et d'adaptation	21
2.5.2.1. Notion de production	21
2.5.2.2. Notion d'adaptation.....	22
Chapitre 03 : Principales techniques du marquage génétique :	25
3.1. Les marqueurs morphologiques	25
3.2. Les marqueurs biochimiques	26
3.3. Les marqueurs moléculaires	27
3.4. Caractéristiques des principaux types de marqueurs moléculaires employés chez l'orge.....	27
3.4.1. Les marqueurs RFLP	27
3.4.2. Les marqueurs microsatellites (SSR)	28
3.4.3. Les marqueurs RAPD	29
3.4.4. Les marqueurs AFLP	29
3.4.5. Les marqueurs SNP	30
3.4.6. Les marqueurs DArT	30
3.5. Comparaison des marqueurs moléculaires employés chez l'orge	31
3.6. Mesures de la diversité génétique	32
3.6.1. L'analyse de variance sur les données moléculaires	33
3.6.2. Distance génétique	33
3.6.3. Représentation graphique : UPGMA	34
3.6.4. Pedigree	35
3.7. Caractérisation génétique de l'orge	35
3.7.1. Techniques de la réaction de polymérisation en chaîne (PCR)	35
3.7.1.1. Principe et définition	35
3.7.1.2. Réalisation de la PCR	36
3.7.1.3. But de la PCR.....	36
3.7.1.4. Étapes de la réaction de polymérisation en chaîne (PCR).....	36
3.7.1.5. Limites de la PCR.....	37

3.9. Corrélation entre la diversité moléculaire et phénotypique	38
Partie II : Matériels et méthodes	39
1. Objectifs de l'étude	39
2. Caractérisation morphologique :	39
2.1. Matériel végétal et sites de collecte	39
2.1.1. Région Adrar	40
2.1.1.1. Situation géographique	40
2.1.1.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture	41
2.1.2. Région Bechar	42
2.1.2.1. Situation géographique	42
2.1.2.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture	42
2.1.3. Région Sidi Bel Abbas.....	43
2.1.3.1. Situation géographique	43
2.1.3.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture	44
2.1.4. Région Tlemcen	45
2.1.4.1. Situation géographique	45
2.1.4.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture	45
2.1.5. Région Médéa.....	46
2.1.5.1. Situation géographique	46
2.1.5.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture	46
2.1.6. Région d'Ain Defla.....	47
2.1.6.1. Situation géographique	47
2.1.6.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture	47
2.2. Les caractéristiques des variétés d'orges étudiées.....	47
2.2.1. Variétés du Sud	48
2.2.2. Variétés du Nord.....	48
2.3. Conditions expérimentales : Site, climat, matériel végétal et dispositif expérimental	50
2.4. Paramètres mesurés	51
2.4.1. Caractères qualitatifs	51
2.4.2. Caractères quantitatifs	53
2.5. Analyses statistiques	54

2.5.1. Indice de diversité de Shannon-Weaver :	54
2.5.2. L'analyse en composants principales (ACP) :	55
2.5.3. Classification hiérarchique ascendante (CAH) :	55
3. Caractérisation moléculaire et diversité génétique	56
3.1. Germination et plantation.....	56
3.2. Extraction de l'ADN	56
3.3. Test de qualité de l'ADN	57
3.4. Microsatellite markers	59
3.5. Electrophorèse sur gel d'acrylamide	62
3.6. Analyses des données moléculaires :	63
3.6.1. Calcul des fréquences alléliques	64
3.6.2. Calcul du Polymorphic information content (PIC)	64
3.6.3. Calcul de l'indice de la diversité génétique (H)	64
3.6.4. Calcul des distances génétiques	64
3.6.5. Le dendrogramme Neighbor-Joining (NJ).....	65
3.6.6. L'analyse AMOVA (Analyse de la Variance Moléculaire) et PCoA (Analyse de la Coordination Principale).....	65
Partie III : Résultats et discussions	66
1. Caractérisation morphologique	66
1.1. Zones d'études des accessions et variétés d'orge	66
1.2. Etude variétale d'orge	66
1.3. Diversité des échantillons collectés (enquête sur terrain).....	66
1.3.1. L'indice de diversité Shannon et Weaver (Indice relatif de diversité des différents caractères)	69
1.3.1.1. Les caractères quantitatifs	69
1.3.1.2. Les caractères qualitatifs	70
1.3.2. L'analyse en composants principales (ACP)	71
1.3.3. Classification hiérarchique ascendante (CAH) des génotypes	72
1.4. Diversité des échantillons collectés (enquête sur terrain).....	73
1.4.1. L'indice de diversité Shannon et Weaver (Indice relatif de diversité des différents caractères)	76
1.4.1.1. Les caractères quantitatifs	76
1.4.1.2. Les caractères qualitatifs	77

1.4.1.3. Les valeurs moyennes et les déviations standard (DS) de la totalité des caractères quantitatifs mesurés	77
1.4.2. L'analyse en composants principales (ACP)	80
1.4.3. Classification hiérarchique ascendante (CAH) des géotypes	81
1.5. Etude comparative entre les accessions d'orge échantillonnées sur le terrain et semés dans les carrés expérimentaux	82
2. Caractérisation génétique :	84
2.1. Test de qualité de l'ADN	84
2.2. Polymorphisme des marqueurs microsatellites	85
2.3. Structure génétique des accessions	89
2.4. Dendrogramme	91
2.5. Distance génétique	92
2.6. Analyse des coordonnées principales (PCoA)	93
2.7. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)	93
3. Diversité génétique des accessions d'orge originaires des régions du Nord, du Nord-Ouest et du Sud Ouest de l'Algérie	94
Conclusion	96
Références bibliographiques	98
Annexes	111

Introduction

Introduction

L'orge (*Hordeum vulgare* L.) est l'une des céréales les plus importantes du monde. Elle est l'une des premières cultures domestiquées et a été utilisée pendant des siècles pour l'alimentation humaine (Badr et al., 2000). L'orge est également une plante modèle bien connue et utilisée pour développer des méthodologies de sélection végétale, génétique et cytogénétique (Avila Ospina, 2014).

L'orge a un pool génétique qui a le potentiel de contenir suffisamment de diversité génétique à exploiter pour l'adaptation à différentes conditions environnementales. En outre, les vastes ressources en matériel génétique d'orge, disponibles dans le monde, contiennent probablement une variation allélique bénéfique que les nouvelles technologies génomiques et de sélection peuvent exploiter (Muñoz-Amatriaín et al., 2014b). Le faible nombre de chromosomes et la facilité de croisement renforcent l'utilité de l'orge comme un modèle biologique pertinent (Bouhadjera, 2005).

Parmi les milliers d'accessions du genre *Hordeum* disponibles dans les banques de gènes, une proportion importante représente des land races d'orge présumés être adaptés à une large gamme d'environnements. L'orge est un excellent modèle pour comprendre les réponses agricoles aux changements climatiques (Dawson et al., 2015). Dans les conditions défavorables, les land races peuvent donner de meilleurs rendements que les variétés modernes, avec ou sans intrants (Ceccarelli S., Grandi S., 1996).

Les ressources génétiques cultivées sont peu connues en Algérie, et très peu valorisées. Selon Mediouni (2000), la diversité biologique algérienne (naturelle et cultivée) compte environ 16 000 espèces, mais l'économie algérienne n'utilise que moins de 1% de ce chiffre. La diversité génétique au sein de l'orge moderne a généralement diminué par rapport à celle des anciennes variétés locales (Land races) (Sato et al., 1996). La préservation de la diversité des ressources génétiques des espèces rustiques en général et leur valorisation est impérative pour le développement durable et constitue l'une des mesures pour l'adaptation aux changements climatiques (Rahal-Bouziane, 2016).

La diversité génétique peut être évaluée par la détermination des caractères morphologiques (Schut et al., 1997), par l'analyse biochimique (Metakovsky et Branlard, 1998) et récemment par marqueurs d'ADN (Lamara, 2010).

Les caractères morphologiques et anatomiques sont à la base de la distinction des différentes espèces du genre *Hordeum* et peuvent être associés à la productivité agricole de nombreuses façons. Par exemple, la longueur de la paille et de la résistance à la verse, les composantes du rendement, la réponse à diverses maladies, la photosynthèse, la période et la quantité des besoins en eau, les engrais et les

pesticides appliqués et les effets des stress environnementaux tels que la sécheresse, les carences du sol et la toxicité sont tous liés en partie à l'anatomie végétale et la morphologie de la plante (Reid, 1985).

L'essor des techniques de marquage moléculaire au cours des dernières années a induit des changements considérables dans plusieurs branches de la biologie, notamment la biologie moléculaire (clonage positionnel), la génétique évolutive (cartographie comparative), la génétique quantitative (détection et identification des locus contrôlant les caractères quantitatifs (QTL)) et l'amélioration des espèces (sélection assistée par marqueurs) (Najimi et al, 2003). Les avancées technologiques réalisées au cours de ces dernières années, permettent de disposer d'un grand nombre de méthodes et de marqueurs moléculaires en biologie fondamentale et appliquée, l'une d'entre elles, La méthode SSR « Simple Sequence Repeats » ou microsatellites. Ces marqueurs se sont révélés très utiles dans la sélection assistée par marqueurs, l'analyse de la diversité génétique et l'analyse de la génétique des populations chez plusieurs espèces (Gupta 2000 ; Budak et al. 2003).

L'objectif de ce travail est l'utilisation de marqueurs morphologiques et moléculaires pour l'analyse de la diversité génétique ainsi que la structure génétique des orges au niveau de l'Ouest algérien. A cet effet, deux étapes majeures ont été suivies :

1-Etude de la diversité variétale, par la caractérisation de 34 accessions d'orge (*Hordeum vulgare L*) locales à l'aide de 30 descripteurs morphologiques quantitatifs et qualitatifs. Ces accessions ont été récoltées à partir de différentes régions agro-climatiques. Dans un deuxième temps nous avons abordé l'aspect variétal par une étude phénotypique des variétés et accessions d'orge au sein de même région.

2-Etude de la diversité génétique par l'utilisation des marqueurs microsatellites (SSR) choisis uniformément sur l'ensemble des 14 chromosomes d'orge (*Hordeum vulgare L*). En effet, les données collectées et les conclusions tirées pourraient constituer une importance pour un éventuel programme d'identification d'orge et surtout l'orge saharienne.

Partie I

Synthèse bibliographique

Chapitre 1

Données générales sur l'orge

Chapitre I : Données générales sur l'orge

1.1 Domestication de l'orge :

La domestication des orges était plus ancienne que celle du blé puisque les études archéologiques effectuées en Syrie et en Iraq ont mis en évidence la présence de caryopses d'orge datant de 10.000 ans avant J-C (Badr et *al.*, 2000). La domestication est basée sur le choix des plantes dont la culture, la récolte et la conservation correspondaient le mieux aux exigences de l'Homme. Certaines adaptations étaient préférables pour la culture des céréales dont une bonne germination des grains, malgré un sol variable et peu adéquat à la plantation, ainsi qu'une récolte facile (Purugganan et Fuller, 2009). Les espèces qui répondaient à ces critères étaient cueillies et cultivées. Les critères de domestication étant limités, les anciens agriculteurs ont cherché rapidement à améliorer les cultures en se basant sur des caractères liés au rendement et à des adaptations à l'environnement local. Une fois les critères voulus bien définis, il était important de pouvoir les conserver et aussi qu'ils soient transmis au fil des générations. Ce processus de sélection a entraîné l'amélioration des cultures et la création des variétés telles que nous les connaissons aujourd'hui avec un nombre de grains accru, une architecture différente, des changements de la taille et de l'aspect visuel des grains ainsi que la période de floraison propice aux différents environnements (Gauthier M., 2010).

L'orge a été domestiquée en Asie occidentale avant 7000 ans avant J-C. Sa culture s'est répandue dans l'Afrique du nord et a remonté le Nil jusqu'à atteindre l'Ethiopie, où elle est devenue l'une des céréales les plus importantes. L'orge a gagné le sud de l'Espagne vers 4000–5000 avant J-C. et elle a atteint l'Europe du Nord et centrale, ainsi que l'Inde, vers 2000–3000 avant J-C. En Chine, elle est arrivée en 1000–2000 avant J-C. Au Sahara, elle était cultivée dans les oasis en 100–300 avant J-C. De nos jours, c'est la céréale dont l'aire de culture couvre les zones écologiques les plus diverses (Von Bothmer, 1992).

1.2. Origine génétique et géographique :

L'orge est l'une des plus anciennes céréales cultivées sur terre. Les études génétiques, incluant les analyses récentes en Biologie moléculaire confirment que l'orge cultivée actuellement a évolué à partir de *Hordeum spontaneum* L. (Nevo, 1992), espèce d'orge spontanée présente encore au Proche et Moyen-Orient qui porte des épis à deux ou six rangs (Bonjean et Picard, 1990). Jestin (1992) rapporte que *Hordeum spontaneum*. Orge à 2 rangs, très répandue depuis la Grèce jusqu'au Moyen Orient (figure 1), est reconnue comme étant la forme ancestrale de l'orge cultivée, avec laquelle, elle est parfaitement inter-fertile.

Selon Nevo (1992), les formes cultivées à deux rangs à rachis non fragile sont provoquées par mutation d'*Hordeum spontaneum* aux locus Bt1 ou Bt2, et puis les formes cultivées à six rangs ont surgi, pendant la domestication, par mutation aux locus V et N respectivement.

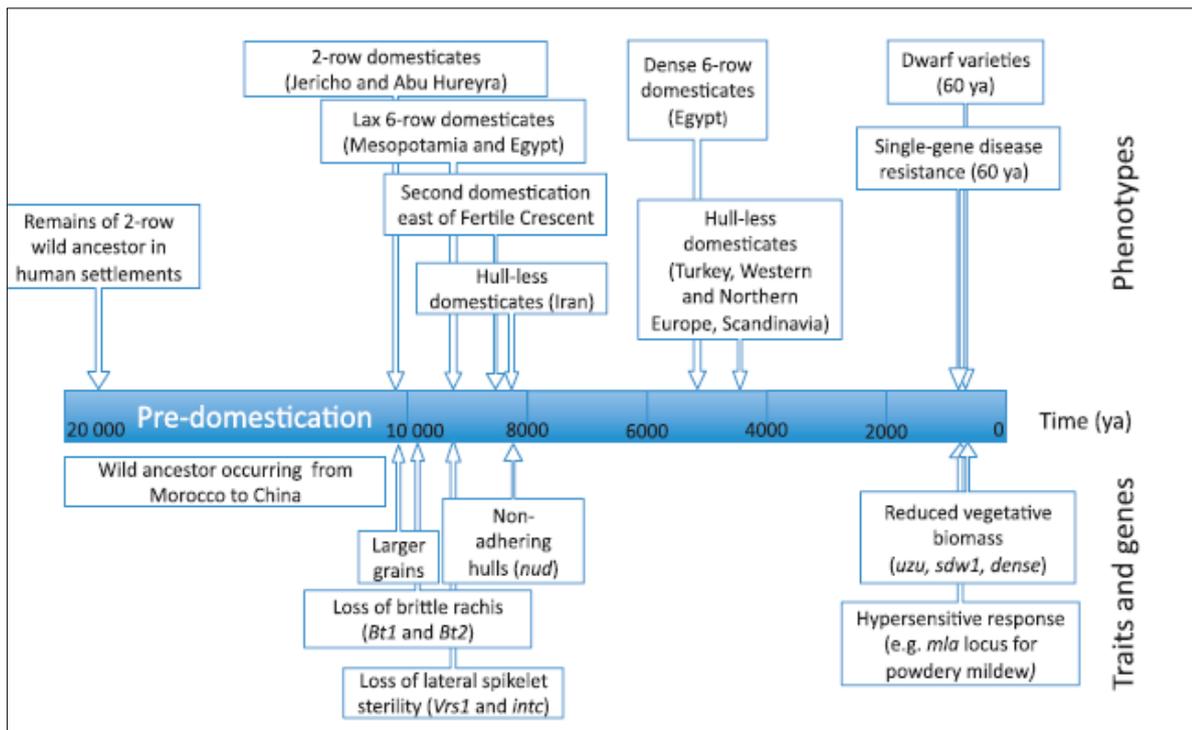


Figure 01 : Historique de la domestication et origine génétique des orges (Rachel et al,2012).

1.3. Classification botanique et génétique :

D'après Chadeaud et Emberger (1960), Prats (1960) et Feillet (2000), l'orge cultivée est appartenue à la classification suivante :

Règne	<i>Plantae</i>
Division	<i>Magnoliophyta</i>
Classe	<i>Liliopsida</i>
S/Classe	<i>Commelinidae</i>
Ordre	<i>Poale</i>
Famille	<i>Poaceae</i> (ex Graminées)
S/Famille	<i>Hordeoideae</i>
Tribu	<i>Hordeae</i> (Hordées)
S/Tribu	<i>Hordeinae</i>
Genre	<i>Hordeum</i>
Espèce	<i>Hordeum vulgare</i> L.

Rasmusson (1987), note que le genre *Hordeum* comprend des espèces diploïdes ($2n=14$) dont les biotypes cultivés comme *Hordeum vulgare*, *Hordeum distichum*, *Hordeum intermedium*, et sauvage comme *Hordeum spontaneum*, *Hordeum agriocrithon* et *Hordeum pusillum*. Malgré son complément chromosomique limité, la taille du génome du *H. vulgare* est considérable puisqu'elle est estimée à $5,44 \times 10^3$ Mb (Soleimani et al. 2006).

L'espèce tétraploïde ($2n=28$) est constituée uniquement des biotypes sauvages comme *Hordeum murinum*, *Hordeum bulbosum*, *Hordeum jubatum* et *Hordeum nodosum*.

Le genre *Hordeum* est représenté en Algérie par les taxons spontanés suivants : *Hordeum bulbosum* L., *H. nodosum* L., *H. maritimum* With [ssp. *Eu-maritimum* Hayek, ssp. *Gussoneanum* (Perl.) Asch et Gr. var. *annuum* (Lange) M. et W. et var. *incetum* M.], *H. murinum* [ssp. *Eumurinum* Briq, ssp. *Leporinum* (Link) Asch. et Gr.], (Quezel et Santa, 1962).

Sa classification est basée sur la fertilité des épillets latéraux, la densité de l'épi et la présence ou l'absence des barbes (Rasmusson, 1992).

Liné (1755) in Grillot (1959), classent les orges selon le degré de fertilité des épillets et la compacité de l'épi en deux groupes (Figure 02) :

- **Le groupe des orges à six rangs** dont les épillets médians et latéraux sont fertiles et qui se subdivise selon le degré de compacité de l'épi en :
 - ❖ *Hordeum hexastichum* L. (escourgeon) a un épi compact composé sur chaque axe du rachis de 3 épillets fertiles.
 - ❖ *Hordeum tétrastichum* L. a un épi lâche composé sur chaque axe du rachis de 2 épillets fertiles.
- **Le groupe des orges à 2 rangs** dont les épillets médians seuls sont fertiles. Ce sont :
 - ❖ *Hordeum distichum* L. a un épi aplati et lâche composé de deux rangées d'épillets fertiles, sur chaque axe du rachis, entouré de 4 épillets stériles.

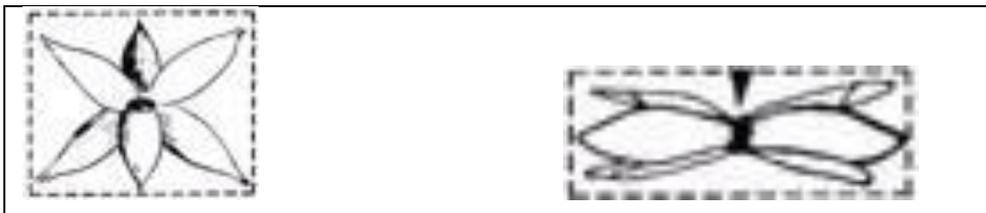


Figure 02 : Section d'orge à six rangs à gauche et d'orge à deux rangs à droite (Soltner, 2005)

Erroux (1956) distingue au niveau de l'espèce *Hordeum vulgare* L. les types *Pallidum*, dont l'épi est de faible densité à section rectangulaire, ce sont les orges à quatre rangs et les types *Parallelum* et *Pyramidatum*, dont les épis sont plus denses à section hexagonale dites orges à six rangs.

Vu l'importance de ce caractère en agriculture, cette variation a été définie récemment. Le gène principal qui détermine si une orge sera à deux rangs ou à six rangs est *Vrsl* et il a été cloné par Komatsuda et al. (2007). Cette même équipe avait cartographié le gène *Vrsl* sur le chromosome 2 et a démontré que la protéine codée par ce dernier empêche le développement des épillets latéraux. Une

orge qui porte l'allèle dominant (Vrsl) se caractérise par un épi à deux rangs. Une orge à six rangs est porteuse de l'allèle récessif (vrsl) qui comporte une mutation et qui occasionnera la perte de fonction de la protéine codée.

Chez l'orge, il y a d'autres gènes qui peuvent être en lien avec l'architecture de l'épi. Par exemple, des lignées à deux rangs ont montré une variation pour un phénotype en lien avec la densité de l'épi dans un essai au champ (Mélanie Chapleau, 2008, données non publiées). Un fort contraste entre des épis lâches et des épis denses a été observé. Les lignées avec épis denses portaient des épis courts avec un nombre de grains élevé. À l'opposé, les lignées avec des épis lâches portaient des épis longs avec un nombre de grains réduit. La position du gène qui contrôle ce phénotype chez l'orge est encore inconnu (Gauthier M., 2010).

Quant à Soltner (2005) il classe les orges selon leur milieu de culture en trois groupes qui sont :

- **Les orges d'hiver** dont le cycle de développement varie de 240 à 265 jours, s'implantent en automne. Ces orges ont besoin pour assurer leur montaison, de température vernalisante qui manifeste un degré plus au moins élevé de résistance au froid hivernal.
- **Les orges de printemps** dont le cycle de développement est très court (environ 120 à 150 jours), s'implantent au printemps. Ces orges n'ont aucun besoin de vernalisation pour assurer leur montaison.
- **Les orges alternatives** qui sont intermédiaires au plan tolérance au froid, entre les orges d'hiver et celles de printemps.

1.4. Ressources génétiques :

Les collections de ressources génétiques actuellement conservées à l'ICARDA (Centre international de recherche agricole sur les régions arides, à Alep, Syrie) contiennent plus de 25000 entrées. L'international Barley Core Collection a été constituée depuis 1989 par un consortium international auquel appartient l'ICARDA.

En Algérie, le matériel génétique qui subsiste encore jusqu'à nos jours est disponible dans des collections de l'Institut Technique des Grandes Cultures (I T G C) au niveau de ses différentes stations ; il est répertorié en annexe (les principales variétés cultivées en Algérie). Certaines variétés algériennes sont aussi disponibles dans les banques de gènes internationales (France, USA, ICARDA, Russie, CIMMYT...). (Chouaki S et all., 2006).

L'orge cultivée est représentée par un petit nombre d'espèces et de variétés mais par de nombreuses sortes dont certaines donnent de très beaux grains. Nous pouvons citer :

- Les orges Carrées d'Algérie ;
- L'orge noire a été essayée à différentes époques depuis le milieu du siècle dernier, mais vers les années 30, elle était très peu cultivée et ne se rencontrait déjà qu'en mélange avec l'orge carrée ;
- L'orge nue ou céleste (Chaïr ennebi), cultivée depuis longtemps, n'existe déjà en 1937 que dans quelques fermes de l'Ouest du pays ;
- Les orges à deux rangs (*H. distichum* L.) ;
- L'orge Saïda (six rangs) et l'orge Tichedrett (deux rangs) qui ont fait l'objet de sélection durant la période coloniale et qui se sont maintenues jusqu'à nos jours grâce à leur adaptation et à leur utilité (utilisation à double fin : pâturage et production de grain et de paille).

Dans les Aurès, il existe certains cultivars de terroir à paille assez courte et épis assez grand (Chouaki S et al., 2006).

1.5. Description de la plante :

1.5.1. Caractéristiques morphologiques et physiologiques :

Le genre *Hordeum*, auquel l'orge cultivée appartient, se caractérise par des épillets uniflores groupés par trois, avec un central flanqué de deux latéraux, disposés alternativement à chaque étage du rachis (Von Bothmer et Jacobsen 1985).

L'orge (*Hordeum vulgare* L.) est une plante annuelle, autofécondée très semblable au blé dans la morphologie de ses organes végétatifs et floraux. Au stade herbacé, elle se distingue principalement des autres céréales par un feuillage vert clair, la présence d'une ligule très développée, des oreillettes glabres, et un fort tallage herbacé (Boulal et al., 2007).

La fleur d'orge est constituée d'un verticille de trois anthères, chacune constituée d'une anthère fixée au filet, et d'un ovaire surmonté de deux stigmates plumeux (Figure 03) (Jestin 1992 ; Von Bothmer et al. 1995). L'anthère représente l'organe reproducteur mâle de la fleur qui produit les grains de pollen. La floraison débute vers le tiers supérieur de l'épi puis s'étend à l'épi entier. L'orge est le plus souvent autogame, c'est à dire que les anthères émettent une grande partie de leur pollen dans leur fleur d'origine, induisant une autopollinisation (Ritala et al. 2002).

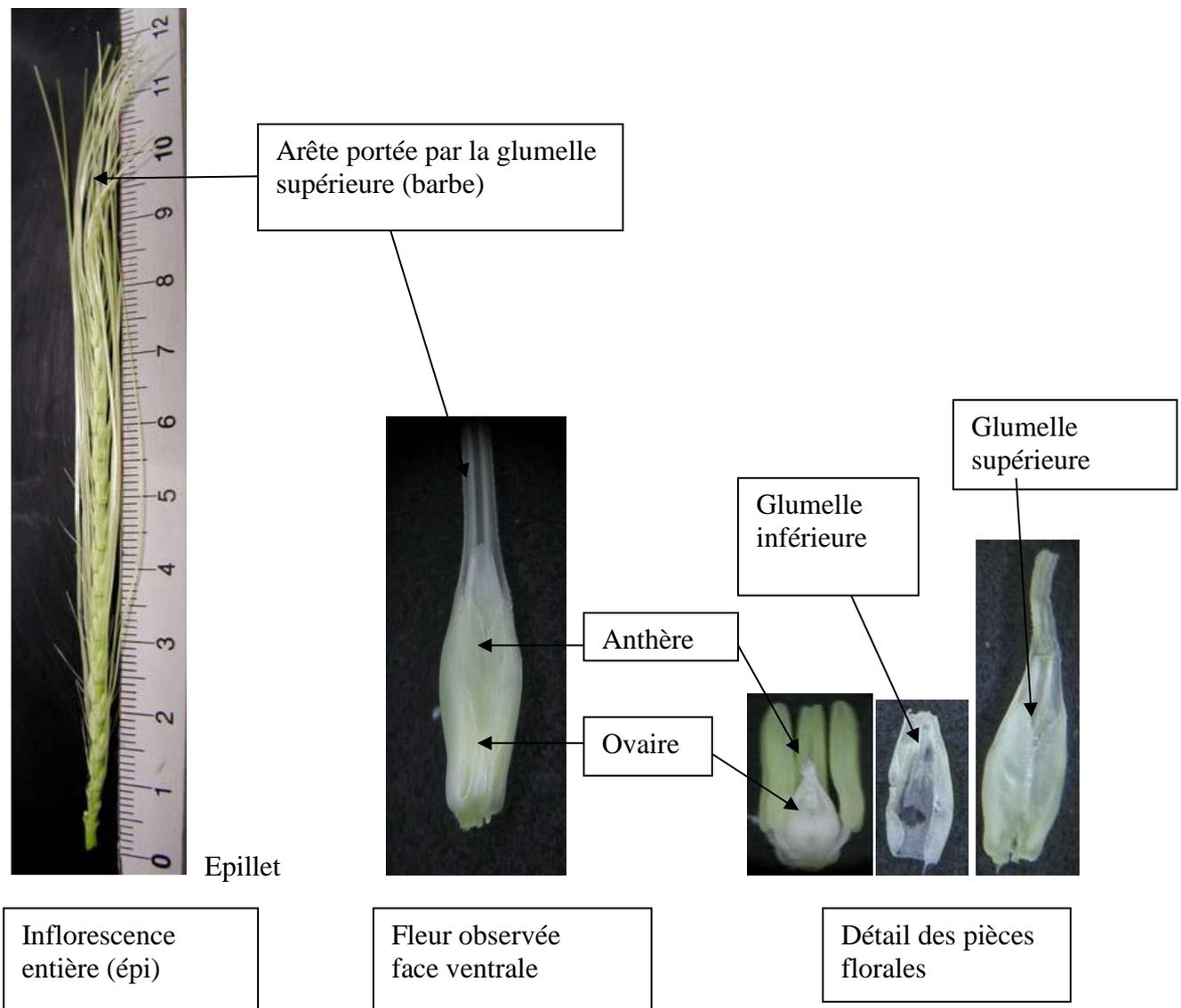


Figure 03 : Inflorescence, fleur et pièces florales d'orge (*Hordeum vulgare* L.). (Cédric JACQUARD.2007).

La hauteur de la plante varie de 30 à 120cm selon la variété et les conditions (Prats et Grandcourt, 1971). La plante a une tige cylindrique et creuse, entrecoupée de noeuds là où se forment les feuilles (Gomez- Macpherson, 2001). Ces dernières sont à nervures parallèles et formées de deux parties : la partie inférieure entourant la jeune pousse ou la tige (la gaine), la partie supérieure en forme de lame (le limbe) (Belaid, 1986).

Le grain d'orge est un caryopse à glumelles adhérentes chez les variétés cultivées. Une coupe transversale du grain, montre les mêmes assises de cellules que chez le blé, cependant l'assise à aleurone comporte trois couches de cellules au lieu d'une seule. La forme de ce grain est elliptique et de couleur blanc pâteux, il peut aussi être de couleur noire ou pourpre (Prats et Grandcourt, 1971).

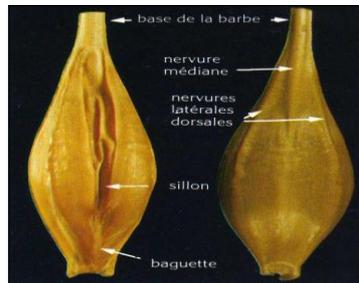


Figure 04 : Vue ventrale et dorsale du grain d'orge (GNIS, SD a).

Le système racinaire est fasciculé bien que moins puissant que les autres céréales (Soltner, 2005). Deux systèmes se forment au cours du développement : un système primaire et un système secondaire, le premier ou système de racines séminales fonctionne de la germination à la ramification de la plantule (tallage). Les racines séminales ne restent pas longtemps fonctionnelles et sont remplacées par un système de racines adventives qui assureront la nutrition et le développement de la plante (Simon *et al.*, 1989).

Une caractéristique essentielle de l'espèce orge est son extraordinaire adaptation à des conditions extrêmes (Hadria, 2006).

1.5.2. Cycle de développement

La plantule lève en 5-6 jours après la germination. Des talles sont produites sur la pousse principale jusqu'à l'initiation florale. Le nombre de talles par plante est influencé par la densité de plantation, le cultivar et les facteurs du milieu : une seule plante forme généralement 1-6 tiges, mais de faibles densités peuvent multiplier plusieurs fois ce nombre. Le moment de l'initiation florale varie selon le cultivar, mais en général l'orge fleurit plus tôt que le blé. Espèce de jours longs à réaction quantitative, l'orge fleurit plus tôt lorsque la photopériode est plus longue ; mais la sensibilité photopériodique diffère d'un cultivar à l'autre, allant de très sensible à pratiquement insensible. Les fleurs s'autofécondent largement, mais la pollinisation croisée peut atteindre les 10%. Le grain mûrit en 10-20 jours. L'orge peut mûrir dans une courte saison de 3-4 mois, ce qui est moins long que la durée requise pour les autres céréales importantes (Belay et Brink., 2006).

1.6. Exigences de culture

1.6.1. Exigences climatiques

Les exigences culturales de l'orge sont variables en fonction de la variété, pour cette raison certaines sont dites d'hiver (supportant le gel et plus exigeantes en eau) et d'autres de printemps (Hanchane, 2009).

Généralement, les besoins en eau de l'orge sont satisfaits par des précipitations entre 350 et 370 mm et les températures optimales pour sa croissance sont situées entre 15 et 20°C (Hanchane, 2009). Certaines variétés nécessitent peu d'eau et sont tolérantes à la salinité et à d'autres conditions de stress. Par

conséquent, cette espèce est d'une grande importance dans les zones où le blé ne peut pas être cultivé en raison d'un sol inadéquat et d'une irrigation insuffisante (Sriman *et al.*, 2018). Il prédomine dans les régions arides et semi-arides, caractérisées par des pluies rares et irrégulières et par des températures souvent élevées (Hanchan, 1998).

L'orge peut végéter dans des sols calcaires alluvial, limoneux, ayant un pH de 8,1, une teneur de 0,38 de carbone organique, et où N, P et K sont disponibles (185,0 kg ha⁻¹, 15,25 kg ha⁻¹ et 265,0 kg ha⁻¹ respectivement) (Sriman *et al.*, 2018).

1.6.2 Exigence culturale :

L'orge peut venir après le blé ou se succéder à elle-même pendant 2 à 3 ans. L'orge de printemps vient après une plante sarclée récoltée tard : maïs ou betterave, ou choux fourragers. L'orge d'hiver suit les récoltes précoces : colza, protéagineux, ou même maïs ou betterave fourragères lorsqu'ils libèrent le sol avant la mi octobre. De printemps ou d'hiver, les orges libèrent le champ plus tôt que les autres céréales d'où leur intérêt comme précédent de la luzerne et du colza que l'on doit implanter tôt, avant fin septembre pour qu'ils résistent aux gelées d'hiver (Soltner, 2006).

L'orge demande des terrains sains ameublés, bien pourvus en chaux. Les terres légères, calcaires ou siliceuses conviennent bien. Tandis que les terres lourdes, humides, tourbeuses sont défavorables. On ne doit confier le grain qu'à une terre meuble et saine, aussi la préparation du sol doit être soignée. L'orge se contente du reliquat de fumier qu'elle trouve dans le sol, et que l'on complète par un apport d'engrais minéraux (Henri, 1968).

D'une façon générale, les meilleurs rendements et la meilleure qualité sont obtenus pour des orges semées précocement (Alaoui, 2003). Si l'on pratique des hersages ou des sarclages, il faut éviter de travailler trop profond entre les lignes, avec la herse ou le sarclage, pour ne pas faire souffrir les jeunes céréales, il est fait recourt aux herbicides (Henri, 1968).

1.7. Valeur agronomique

Pour les céréales, ce sont classiquement les grains que l'on utilise pour l'alimentation humaine et animale. (Godon, 1991). L'orge est un aliment de base important dans certaines régions d'Afrique du Nord et de Proche-Orient, dans les hauts plateaux de l'Asie centrale, dans la Corne de l'Afrique, dans la région andine et dans les pays baltiques (Grando et al, 2001).

En Algérie, au début du XIXe siècle, l'orge était en tête des cultures par son importance, elle était destinée à l'autoconsommation humaine et servait de complément fourrager aux troupeaux entretenus pendant la plus grande partie de l'année dans les régions steppiques (Hakimi, 1993). Actuellement, l'orge n'est pas d'emploi courant dans l'alimentation humaine. Ses formes d'utilisation sont surtout la galette, le couscous et la soupe suivant les régions (Ait-Rachid, 1991).

Dans toutes les régions, du nord au sud, elle reste l'une des plus importantes sinon la plus importante ressource fourragère (Boulal *et al.*, 2007). Dans la région d'Adrar, les germes d'orge utilisés comme

salade deviennent de nos jours une pratique rare. Rappelons ici que ces germes ont de grandes vertus sur la santé humaine prouvées par la science moderne (Rahal Bouziane H,2005).

Les variétés d'orge européennes importées ont des valeurs nutritives moins importantes que celles des variétés locales. Leur teneur moyenne en matières azotées totales est de 13,3% de MS avec une valeur maximale pour la variété Tichedrett de 15,5% de MS. Le taux de cellulose brute est de 7,8% de MS et celui de la lignine est le double de celui des orges européennes (Arbouche et *al.*2008).

Par ailleurs, l'orge est riche en fibres solubles, dont la consommation peut contribuer à une normalisation des concentrations sanguines de cholestérol, de glucose et d'insuline (McIntosh et *al.*, 1991).

Il est possible d'améliorer les moyens de subsistance de la population rurale dans les régions où l'orge est un aliment de base, non seulement en augmentant la productivité agricole durable mais aussi en améliorant la nutrition, la réduction du travail pénible et le développement des industries locales à base d'orge (Grando et *al.*,2005).

Malgré tous ses bienfaits, l'orge a malheureusement régressé en tant qu'aliment pour les humains non seulement en Algérie mais à l'échelle mondiale (Hakimi, 1993)

L'orge est prise comme base pour le calcul de la ration animale ; on dit que 1Kg d'orge équivaut à une unité fourragère (Gondé et Jussiaux ,1980). Le reste de la plante est parfois valorisée en alimentation animale soit à l'état sec sous forme de paille (Godon, 1991).

Dans les pays d'Afrique du Nord, les résidus lignocellulosiques, particulièrement les chaumes de céréales après les pailles, représentent une importante ressource alimentaire pour les ovins (Houmani, 2002 in Houmani, 2007). Durant la période estivale, les chaumes constituent l'essentiel de la ration de base pour les brebis en début de gestation (Houmani, 2007).

En Algérie, les troupeaux ovins transhument vers le nord et passent l'été dans les hautes plaines céréalières se nourrissant de chaumes, le plus souvent non complétés ou complétés avec de l'orge en grain, du gros son. Ces compléments plutôt riches en énergie sont peu appropriés pour accompagner les chaumes (Houmani, 2007).

La paille des céréales est ramassée après la moisson, elle est mise en botte et conservée pour être distribuée au cours de l'automne et en hiver, lorsque le froid ne permet pas une croissance suffisante de l'herbe en plein champs. Elle contient 85 % de matière sèche, formée de 60 % de cellulose, 25 % d'hémicellulose et de 10 % de lignine. Elle contient des quantités variables de glucides (1,5 %) et des matières azotées (2 à 4 %) et des éléments minéraux en très faibles quantités 2 à 5 g/Kg de matière sèche. La cellulose et l'hémicellulose isolées de la lignine dégradée par les enzymes du rumen, sont les principales sources d'énergie utilisable par les animaux (Mossab, 2007). La paille qui reste après moisson sur les champs peut être rentrée à la ferme ou enfouie dans le sol. Il ne faut jamais la brûler, car on perd ainsi une matière organique précieuse, l'humus (Gondé et Jussiaux, 1980).

1.8. Pathologie de l'orge

L'orge, tout comme la plupart des céréales peut être attaquée par des agents phytopathogènes d'origine fongique, bactérienne et virale qui provoquent d'importantes maladies (Boungab ,2013).

Les maladies cryptogamiques constituent la contrainte biotique majeure de la culture de l'orge. Des prospections organisées en Algérie ont permis de recenser les maladies de l'orge les plus fréquentes en particulier la rayure réticulée (*Pyrenophora teres*), et la strie foliaire (*P. graminea*). Leur incidence varie entre 11 et 80%. Quant aux autres maladies telles que l'oïdium, la rouille brune et le charbon nu leur incidence et leur sévérité sont plus faibles (Sayoud et Benbelkacem, 1996). Les principales maladies de l'orge en Algérie sont regroupées dans le tableau 01.

Tableau 01 : Principales maladies de l'orge recensées en Algérie

Maladies (Agents pathogènes)	Organes Touchés	Symptômes	Références
Oïdium (<i>Erysiphe graminis</i> f. <i>hordei</i>)	Graines Feuilles Glumes	Coloration jaune de feuilles qui se recouvrent par la suite d'un feutrage blanc	Sayoud et <i>al.</i> , 1999).
Rouille brune (<i>Puccinia hordeitita</i>)	Feuilles et tiges	Pustules brunes sur feuilles devenant noires par la présence des téléospores	Sayoud et <i>al.</i> , 1999.)
Jaunisse nanisante (<i>Virus BYDV</i>)	Plante entière	Rabougrissement des plantes, jaunissement des feuilles, grains petits, ridés et de mauvaise qualité	Sayoud et <i>al.</i> , 1999.)
Strie foliaire (<i>Pyrenophora graminea</i>)	Feuilles	Stries longitudinales jaunes pâles parallèles aux nervures	Sayoud et <i>al.</i> , 1999.)
Rhynchosporiose (<i>Rhynchosporium secalis</i>)	Feuille, Tiges	Taches assez irrégulières bordées de couleur brunâtre et sèche au centre	Sayoud et <i>al.</i> , 1999.)
Rayure réticulée (<i>Pyrenophora teres</i>)	Feuilles	Taches en réseau de stries longitudinales formant des rayures brunes foncées, entourées de zones chlorotiques.	Lacroix (2002) ; Aouali et Douici-kahlfi (2009)
Charbon couvert (<i>Ustilago hordei</i>) Charbon nu (<i>Ustilago nuda</i>)	Epi	-Spore recouverte d'une membrane blanchâtre -Les épis sont totalement détruits	Sayoud et <i>al.</i> , 1999).
Helminthosporiose (<i>Drechslera tritici repentis</i>)	Feuilles et épis	Stries parallèles entre elles et aux nervures de couleur vert pâle et s'étend jusqu'au limbe de la feuille. Epis quasiment stériles	Aouali et Douici-kahlfi (2009)

1.9. Constat sur la situation de l'orge :

1.9.1. Production mondiale :

Les prévisions mondiales concernant la production d'orge de 2016 s'établissent à 145,8 millions de tonnes, soit environ 1,6% (4,6 millions de tonnes) de plus que le niveau de 2015 (FAO 2016).

On distingue 3 producteurs majeurs qui sont : L'Australie, l'Union Européenne et l'Ukraine qui exportent chacun plus de 3 millions de tonnes d'orge par an et assurent les 2/3 des exportations (USDA 2016). La figure ci-dessous nous montre la production (2009-2016) :

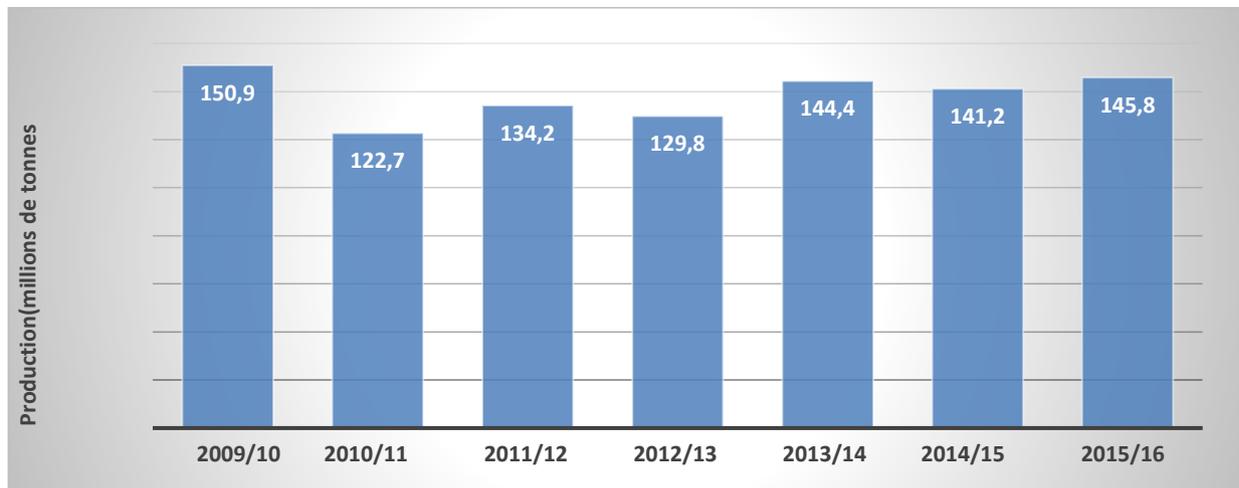


Figure05 : Production mondiale (millions de tonnes) (FAO, 2016)

1.8.2. Production nationale :

Les productions céréalières, dont l'orge, en Algérie demeurent toujours irrégulières et semblent être étroitement liées à un certain nombre de facteurs tant abiotiques (irrégularité dans les précipitations pluviales, techniques agricoles ; etc.) que biotiques (potentiel génétique, maladies, ravageurs, etc.).

1.8.2.1. Production dans la Wilaya de Tlemcen :

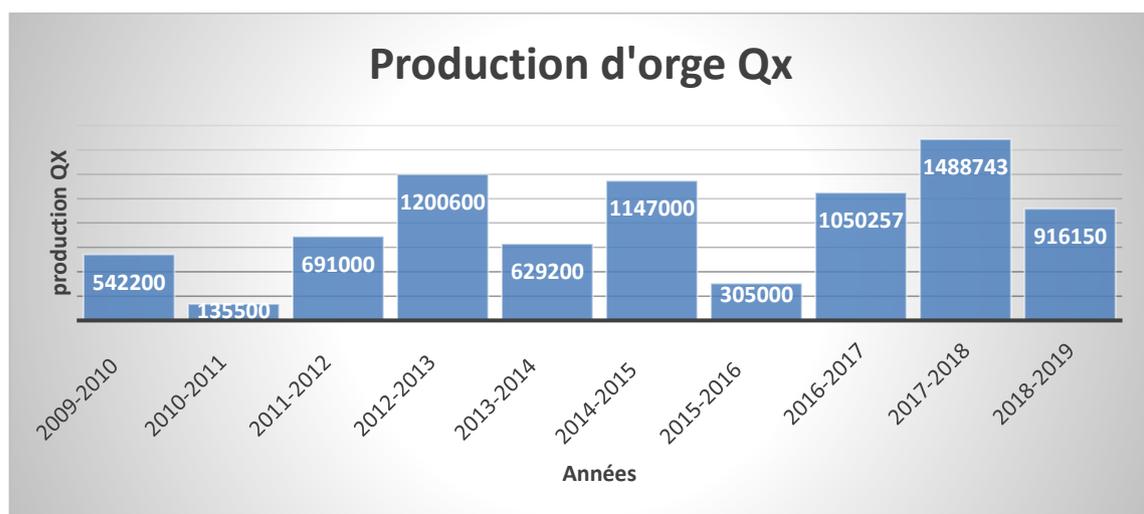


Figure 06 : Evolution de la production d'orge dans la région de Tlemcen (2009-2019). (DSA,2020).

La figure 07 montre que les campagnes 2014-2015 et 2018-2019 sont celles qui ont donné une bonne production par rapport aux autres campagnes et la faible production a été obtenue à la campagne 2010-2011 à cause de la faible précipitation .

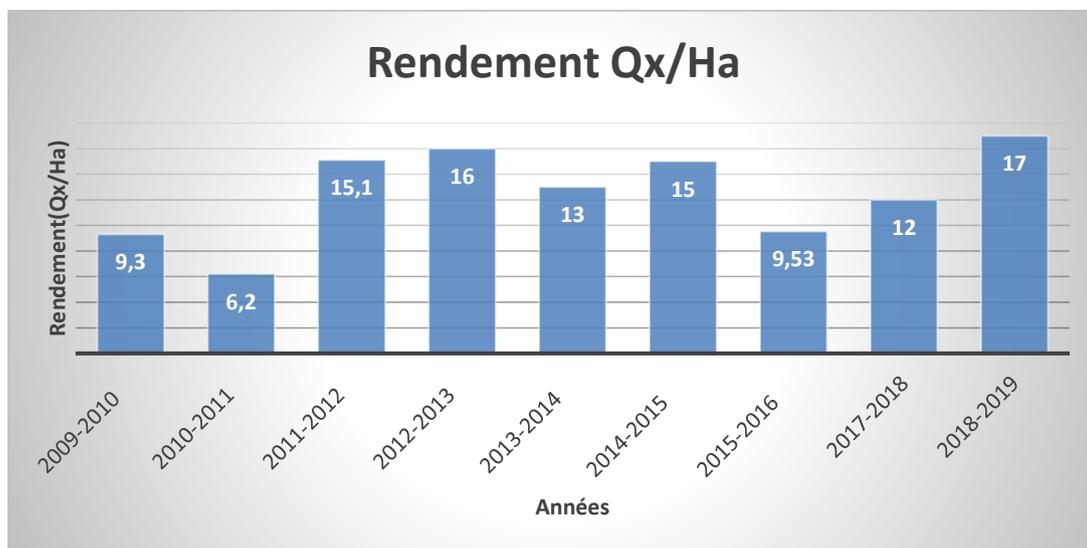


Figure 07 : Evolution du rendement d'orge dans la région de Tlemcen (2009-2019). (DSA,2020).

Les rendements de la période 2009 et 2019 oscillent entre 6,2 et 17 Qx/ha selon la figure 08, la campagne 2018-2019 est celle qui a donné le meilleur rendement par rapport aux autres campagnes.

1.8.3. Importation d'orge :

L'Algérie a importé 289644 tonnes durant les onze premiers mois de l'année 2018 (60 millions USD), soit une diminution de 39 % en quantité et 33 % en valeur par rapport à l'année écoulée (ONFAA ,2019).

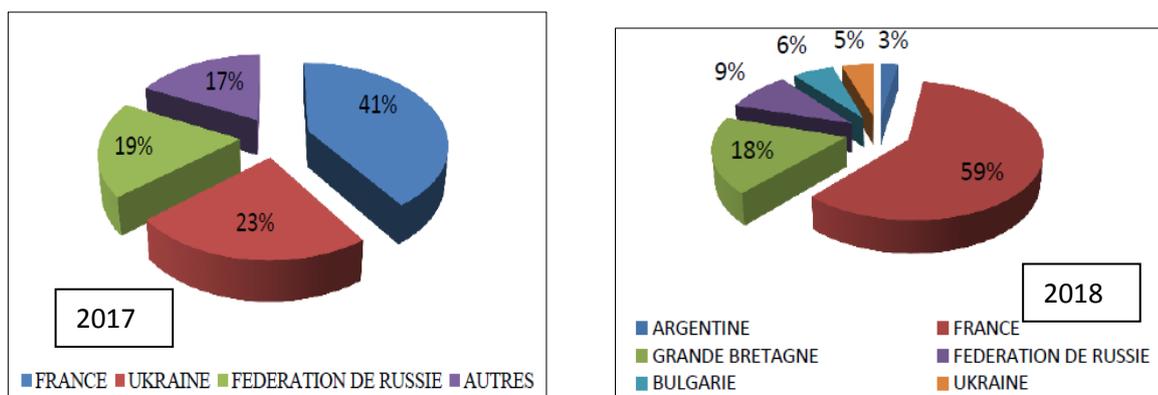


Figure 08 : Pays fournisseurs de l'Algérie en orge en 2017/2018(GNIS,2018)

La France est le principal fournisseur de l'Algérie en orge ces deux dernières années avec respectivement 171023 tonnes les onze premiers mois de l'année 2018 et 198 113 tonnes à la même période de l'année 2017(ONFAA ,2019).

Chapitre 2

Diversité génétique chez l'orge

Chapitre 02 : Diversité génétique chez l'orge

Objectif de la recherche agronomique en génétique et amélioration chez les plantes

L'objectif majeur de la recherche agronomique en génétique et amélioration des plantes est de sélectionner de nouvelles variétés, performantes, productives et de meilleure qualité. Pour cela, il est nécessaire d'exploiter efficacement et de manière raisonnée la diversité génétique des plantes cultivées et de leurs apparentées sauvages. Le principe est d'étudier la variabilité génétique (des allèles) au niveau interspécifique (entre espèces) et au niveau populationnel (entre populations).

L'objectif recherché est d'identifier et dénombrer des entités distinctes et quantifier la variabilité génétique au niveau intra-spécifique. Cette variabilité génétique peut se décomposer en "variabilité intra-population" (variabilité génétique entre les individus d'une même population), et en "variabilité inter-population" (variabilité génétique entre populations) (Charafi, 2007).

L'amélioration des plantes peut être définie comme la modification volontaire des plantes par l'homme pour mieux les adapter à ses besoins (Gallais, 2002) ou l'art et la science de la création des variétés. C'est la façon de construire une variété selon certaines règles issues de connaissance biologiques, génétiques, biométriques et économiques (Gallais, 1990).

D'un point de vue génétique, elle correspond à l'ensemble des opérations qui permettent de passer d'un groupe d'individus n'ayant pas certaines caractéristiques au niveau recherché à un nouveau groupe, plus reproductible, apportant un progrès. Il s'agit de réunir dans un même individu le maximum de gènes favorables (Gallais, 2002) pour aboutir à des plantes plus efficaces et mieux adaptées à leur milieu.

2.1. La sélection variétale chez l'orge :

Le but principal de tout programme de sélection est la production de variétés possédant un rendement élevé et stable. L'environnement dans lequel se fait la sélection joue un rôle important. Tous les milieux n'ont pas la même aptitude à révéler les différences entre les différents génotypiques. L'existence d'une interaction génotype \times environnement complique les efforts de la sélection. Le processus de sélection est différent, selon qu'on voudra chercher l'adaptation spécifique ou l'adaptation générale (Annichiarico *et al*, 2006).

Les méthodes de sélection utilisées pour l'orge sont typiques des espèces autogames. Jusqu'en 1950, la principale méthode d'amélioration était soit la sélection massale soit la sélection de lignes pures au sein des variétés-populations, ces dernières étant toujours cultivées de nos jours dans de nombreux pays comme l'Ethiopie. Une nouvelle variabilité a été créée par croisement, croisement en retour et mutation. La sélection récurrente est employée pour augmenter la recombinaison, par croisement entre les plantes F1 et en répétant les croisements entre un certain nombre de F2 ou bien en ayant recours à des gènes de

stérilité male. L'amélioration génétique par mutations, provoquées par radiations ou agents chimiques, et les techniques des haploïdes doublés ont été largement utilisés chez l'orge.

La sélection moderne a donné naissance à des types dont la composition en acides aminés est améliorée. L'accent a été mis surtout sur la production de cultivars résistants aux maladies et ravageurs et adaptés à des environnements agro écologiques particuliers. Une résistance aux pucerons a été incorporée à certains cultivars.

Les premières cartes génétiques du génome de l'orge sont apparues en 1991 et à ce jour il en a été publié plus de 40.

2.2. Étude des variétés locales :

« Une race locale autochtone est une variété avec une grande capacité à tolérer le stress biotique et abiotique, résultant en une stabilité à haut rendement et un niveau de rendement intermédiaire dans un système agricole à faible entrée » (Zeven, 1998).

Une variété locale est une variété locale d'espèces végétales ou animales domestique qui s'est développé en grande partie par des processus naturels, Par l'adaptation à l'environnement naturel et culturel dans lequel elle vit. Il diffère d'une race officielle qui a été élevé sélectivement délibérément de se conformer à une norme particulière formelle : pure breed. Les agriculteurs leur donnent généralement des noms locaux. Une forme locale possède des propriétés ou des caractéristiques particulières. Certains sont considérés comme précoces et d'autres tardives. Chacune de ces variétés locales a une valeur d'adaptation à certains types de sol et en fonction de la classification des sols paysannes traditionnelles, par exemple, lourd ou léger, chaud ou froid, sec ou humide, fort ou faible et aussi classées en fonction de l'utilisation. Tous les composants de la population locale sont adaptés aux conditions climatiques locales, les pratiques culturelles et les maladies et les ravageurs. » (Harlan, 1975).

Les variétés locales sont généralement plus génétiquement et physiquement diversifiées que les races officielles (Harlan, J. R., 1975).

La faible variation des rendements et le niveau de production modérée sont les principales caractéristiques d'une race locale (Mansholt, 1909 et Schindler, 1918).

Sur l'espèce *Hordeum vulgare*, en Algérie, les études ont concerné les variétés locales homologuées « Saïda » et « Tichedrett ». Des cultivars oasiens d'orges du Touat, Gourara et Tidikelt ont été caractérisés (Rahal-Bouziane, 2006). Récemment, des études ont montré l'existence d'une grande diversité génétique au sein d'un germoplasme local d'orge, provenant de plusieurs régions sahariennes (Rahal-Bouziane et al, 2015a).

A travers ces études, de grandes performances morphologiques et agronomiques ont été constatées sur le matériel végétal local par comparaison à plusieurs témoins (Rahal-Bouziane et al, 2015b).

2.3. Etude de la biodiversité et son rôle dans la sélection variétale de l'orge :

2.3.1. Définition de la biodiversité :

L'expression **biological diversity** a été inventée par Thomas Lovejoy en 1980 tandis que le terme **biodiversity** lui-même a été inventé par Walter G. Rosen en 1985 lors de la préparation du **National Forum on Biological Diversity** organisé par le National Research Council en 1986 ; le mot « **biodiversité** » apparaît pour la première fois en 1988 dans une publication, lorsque l'entomologiste américain E.O. Wilson en fait le titre du compte rendu de ce forum.

En agriculture, la biodiversité a été très largement enrichie par l'homme à partir d'espèces sauvages qu'il a domestiquées depuis la préhistoire. L'homme a ainsi créé des variétés pour les plantes, il a largement recomposé le paysage. Il a sans cesse amélioré l'expression du patrimoine génétique des plantes cultivées pour leurs différents usages. Le patrimoine génétique des plantes est contenu dans les semences ou graines qui les transmettent (GNIS, 2006).

La biodiversité agricole fait partie de la biodiversité globale et revêt une grande importance pour deux raisons fondamentales. Premièrement, elle intègre une énorme variété des formes distinctes de vie végétale et animale vitales pour la sécurité alimentaire. Deuxièmement, la variabilité génétique est la seule source de résistance naturelle aux agressions biotiques et abiotiques auxquelles sont exposées les productions agricoles. De ce fait, la diversité agricole répond à la fois aux besoins immédiats et aux intérêts à long terme des populations (Fadlaoui, 2006).

2.3.2. Les niveaux de la biodiversité :

La notion de biodiversité a un caractère plus général, plus unificateur que la notion de diversité (souvent qualifiée de spécifique) : il s'agit d'étudier à la fois la diversité au niveau des gènes, des espèces ou du paysage (Marty *et al.*, 2005).

1-La diversité génétique :

La diversité génétique est le fondement de la biodiversité. Elle est constituée par la variabilité génétique qui existe au sein des organismes vivants, en autre terme par les différences génétiques entre populations d'une même espèce et entre individus appartenant à la même population (Glowka *et al.*, 1996). Elle se définit par la variabilité des gènes au sein d'une même espèce ou d'une population. 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'analyse de la diversité génétique des différentes collections de germoplasme peut faciliter aussi la classification d'accessions et l'identification des sous-groupes qui peuvent servir dans des propos précis du programme d'amélioration (Mohammadi et Prasanna, 2003). L'étude de la diversité génétique est essentielle au succès de l'amélioration et la sélection des plantes. Il 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).

2- La diversité spécifique :

L'espèce est une unité de base du monde vivant (dans des conditions naturelles de vie ne procède à aucun échange de gènes avec des espèces voisines), et une unité de reproduction (d'où l'espèce n'est pas absolument homogène). Les individus qui la composent peuvent différer les uns des autres par quelques traits héréditaires. Cette variabilité au sein de l'espèce permet parfois de la scinder en sous espèce, biotypes, races et variétés. Ces niveaux sub-spécifiques sont souvent difficiles à définir (Demol *et al.* 2002).

Selon Glowka *et al.*, (1996), la diversité interspécifique est une expression qui désigne la variabilité des espèces sauvages ou domestiques dans une zone géographique particulière. La diversité spécifique fait référence à l'existence de plusieurs espèces différentes sur un même territoire de dimensions modestes (biotope : forêt, marécage, vallée).

3- La diversité éco systémique :

Elle correspond à la diversité des écosystèmes présents sur Terre, des interactions des populations naturelles et de leurs environnements physiques : la nature des sols, l'hydrographie, le climat, la topographie, et les grands cycles qui régulent ces systèmes.

Ces mécanismes sont complexes mais ce sont eux qui permettent la continuation de l'existence des espèces et la préservation de la biodiversité (Marty *et al.*, 2005).

Concernant les différents habitats avec l'ensemble de ses composantes (biotiques et abiotiques ainsi que les différentes relations qui peuvent exister entre elles), les relations entre êtres vivants sont très complexes, elles peuvent être d'ordre trophique (chaînes alimentaires, symbioses, parasitismes...), génétique (flux de gènes).

Les relations milieu-êtres vivants ont également une importance capitale dans l'expression de la biodiversité. En effet, la diversité génétique continue (de type quantitatif) à la fois sous le contrôle des gènes, du milieu, et de l'interaction génotype x milieu.

La formule phénotypique pour un caractère génétique quantitatif donné s'écrit (Abdelguerfi A. 2003) :

$$P \text{ (phénotype)} = G \text{ (génotype)} + E \text{ (milieu)} + G \times E \text{ (interaction génotype-milieu)}$$

2.3.3. La conservation de la biodiversité :

Si nous ne prenons pas les mesures nécessaires, nous perdrons l'opportunité de tirer profit des avantages potentiels que la diversité génétique offre à l'humanité. Enfin, on reconnaît maintenant que la diversité biologique joue un rôle dans les grands équilibres de la biosphère.

La conservation de la diversité biologique s'articule ainsi autour de deux lignes bien distinctes qui tendent néanmoins à converger :

La conservation *in situ* :

Ce type de conservation permet aux espèces animales et végétales de poursuivre leur évolution en s'adaptant aux changements de l'environnement, et concerne un grand nombre d'espèces. Toutefois, la conservation *in situ* n'est pas toujours possible à cause de la disparition de nombreux habitats et la perturbation de certains autres.

La conservation *in situ* est la meilleure stratégie de conservation et d'utilisation durable de la diversité biologique. C'est dans cet objectif et pour pouvoir conserver des milieux naturels et les espèces qu'ils hébergent qu'il y a eu la création de onze parcs nationaux en Algérie.

La conservation *ex situ* :

Elle consiste à préserver les espèces en dehors de leur habitat naturel. C'est l'un des rôles réservés aux jardins botaniques et parcs zoologiques animaliers, mais on fait également appel à d'autres méthodes comme les banques de gènes et collections vivantes.

La conservation *ex situ* est d'un apport très important dans la conservation des espèces de faune et flore sérieusement menacées (Adamou, 2005).

2.4. Le nombre de variétés :

C'est souvent le critère qui est utilisé pour indiquer que le passage des variétés locales aux variétés améliorées a provoqué une forte baisse de la diversité génétique.

Si l'on utilise le nombre de variétés il faut aussi, selon Donald Duvick (1999). Noter qu'aujourd'hui les agriculteurs et les sélectionneurs ont au moins trois sources de diversité pour assurer la stabilité de leur production et de leur revenu, à savoir la diversité dans le temps, la diversité en place et la diversité en réserve. La diversité dans le temps est illustrée par le changement séquentiel de variétés par l'agriculteur, la mise en marché régulière de nouvelles variétés par les sélectionneurs et la rotation des cultures. La diversité en place concerne pour une même culture la culture en mélange de différentes variétés sur la même parcelle ou la culture de variétés différentes sur les parcelles de l'exploitation. Enfin la diversité en réserve correspond aux milliers de variétés expérimentales, au grand nombre de matériels très divers des pools de sélection et des banques de gènes *ex situ* et *in situ*.

2.5. Caractérisation morphologique d'orge :

Caractérisation morpho-agronomiques : Déterminisme génétique des caractères de production et d'adaptation

Les descripteurs morpho-agronomiques peuvent être qualitatifs ou quantitatifs et incluent des caractères botaniques et taxonomiques mais aussi d'autres qui n'identifient pas nécessairement l'espèce mais qui sont importants du point de vue agronomique, de l'amélioration génétique, du marché ou du

point de vue culinaire. Souvent ces descripteurs sont influencés par les changements environnementaux, mais les descripteurs homologués à niveau international sont normalement des caractères stables avec une haute héritabilité (Aci, 2012).

Un descripteur végétal est une caractéristique identifiable et quantifiable d'une espèce. Les descripteurs sont utilisés dans la caractérisation et dans l'évaluation des populations pour faciliter leur différenciation et rendre facile la classification, le stockage, la récupération et l'utilisation des données (Painting *et al.*, 1993).

La diversité phénotypique peut être estimée à partir de données recueillies sur les individus étudiés ou sur leurs descendances (Lefort-Buson *et al.*, 1988). Elle est conditionnée par le choix des caractères. Leur nombre et leur nature posent un certain nombre de questions auxquelles seul le sélectionneur, confronté à des objectifs spécifiques peut répondre (Pernès, 1984).

De nombreux descripteurs de caractérisation ont été publiés et pour un grand nombre d'espèces végétales comme le blé (IBPGR et CEC, 1985 ;UPOV 1994), le sorgho et le millet (IBPGR et ICRISAT, 1993), le poids chiche (IBPGR, ICRISAT et ICARDA, 1999 ;UPOV, 1994), le riz (Biodiversity International, 2007 ;UPOV, 1994) ...etc., et pour l'orge (IPGRI, 1994 ;UPOV, 1994), ce qui témoigne de l'importance accordée aux marqueurs morphologiques qui résultent d'une interaction entre le génotype et l'environnement.

Les caractéristiques morphologiques et agronomiques telles que la taille des graines et des fruits sont souvent utilisées dans l'estimation de la variabilité génétique. Malgré les critiques de l'utilisation de ces marqueurs, qui sont habituellement polygéniques et influencés par les conditions environnementales (Kongkiatngam *et al.* 1995),

2.5.1. Méthodes et observations

1. Toutes les observations pour la détermination de la distinction et la stabilité doivent porter sur 20 plantes.
2. Pour évaluer l'homogénéité des caractères sur la base de l'ensemble de la parcelle (une évaluation visuelle fondée sur une seule observation faite sur un ensemble de plantes ou parties de plantes), le nombre de plantes ou parties de plantes aberrantes ne doit pas dépasser 5 sur 2000.
3. Pour évaluer l'homogénéité des caractères sur la base des épis-lignes, de plantes ou parties de plantes individuelles (une évaluation visuelle fondée sur des observations faites individuellement sur un certain nombre d'épis- lignes, de plantes ou parties de plantes), le nombre d'épis lignes, de plantes ou parties de plantes aberrantes ne doit pas dépasser 3 sur 100(UPOV, 1994).

Les unités à utiliser sont données entre crochets, à la suite du descripteur UPOV ;

· Plusieurs caractères quantitatifs qui ont une variation continue sont notés sur la base d'une échelle de 1 à 9, où par exemple le caractère : longueur de la glume et de sa barbe par rapport au grain

.1=plus courtes ;2=de même longueur ;3=plus longues

- La présence/absence de caractères est notée ainsi :
- 1 Présent ; 9 Absent

2.5.2. Déterminisme génétique des caractères de production et d'adaptation

2.5.2.1. Notion de production

La production est une mesure de la vitesse de formation de matière organique dans un compartiment (organe, plante, population... etc.) pendant un temps donné et par unité de surface, ou de volume ; pour une culture ou un écosystème terrestre, elle s'exprime par exemple en tonnes de matière sèche produite par hectare et par an (Hookins., 2003).

La productivité en agronomie est définie par Clément (1981) comme la capacité de production d'une espèce ou d'une variété dans un milieu donné lorsque les conditions optimales de culture sont réunies, autrement dit rendement maximal d'une espèce ou d'une variété dans une zone géographique déterminée.

Alors que Berthet (2006) définit la productivité comme la quantité de matières organiques produites par unité de temps par un écosystème ou par une de ses parties.

Caractères de production :

Le rendement représente la production de la culture à l'unité de surface. La notion de rendement doit être liée à la notion de rentabilité de la culture, la recherche du meilleur rendement par l'agriculteur étant motivée par le désir d'obtenir le revenu maximal (Prevost, 1999).

Pour comprendre l'élaboration d'un rendement de parcelle cultivée, il est commode de la décomposer selon ses composantes. Cette décomposition est opérationnelle pour plusieurs raisons :

- 1-Chaque composante s'élabore pendant des phases bien définies et faciles à dater par rapport aux stades phénologiques.
- 2- Chaque composante enregistrée, mémorise plus ou moins les événements (facteurs limitants) que le peuplement végétal a vécu pendant sa phase d'élaboration.
- 3-Chaque composante a une valeur potentielle fixée par le nombre maximal d'organes différenciés ou par la taille de l'ovule et une valeur réelle qui est directement proportionnelle à la qualité d'organes formés qui poursuivent leur développement normal (Graciela, 1990).

La formation des composantes du rendement (talles, épis, épillets, fleurs et grains) est déterminée par la fourniture d'assimilations nécessaires pour la création d'organe viable.

Le rendement d'une céréale est souvent formulé comme étant le produit des trois composantes qui sont : le nombre d'épis /m², le nombre de graines/épis et le poids unitaire des grains (pois de mille grains) (Belaid D., 1986).

Le nombre de grains / épi

Il est mis en place au moment de l'induction florale, dès la fin du tallage. En même temps que la tige s'allonge, les pièces florales se différencient, quelques jours après la fin de montaison, le nombre

d'ovules par épi est fixé (Maurer, 1978). Il est sensible à la variation climatique de cette période ainsi qu'à toute déficience de fourniture des assimilats (Triboi *et al.*, 1985). Il influe sur la capacité du puits en conditions de déficit hydrique c'est un bon indicateur de la tolérance à la sécheresse (Annichiarico et Pecetti, 1993).

La taille et le poids moyen du grain

Participent à la stabilité de la production d'un cultivar donné. Ils dépendent des conditions de croissance post-anthèse (vitesse de transfert), de l'activité photosynthétique durant le remplissage du grain (durée de vie de la feuille étandard) et du nombre de cellules formés par l'endosperme (Benlaribi, 1984 ; Bouzerzour, 1998).

Les déficits hydriques servent pendant la phase précoce réduisent le nombre d'épillets. Alors que les déficits survenant pendant l'étape plus tardive augmentent la mort des fleurs et d'épillets complets (Graciela., 1990).

DAY et al (1978) ont trouvé que le nombre de grains par épis est plus étroitement lié à la disponibilité en eau pendant la phase végétative de la tige.

Nombre d'épis/m²

Le peuplement est influencé par la dose de semis, le poids de mille grains, la qualité des semences, les caractéristiques de lit de semences et les conditions climatiques (Belaid D., 1986).

Selon Buckman (1990), la densité de la culture est fonction du nombre de grains semés et de la survie des plantes après la germination et la levée.

Boisgontier (1985), note que le nombre de plants à la sortie d'hiver est inférieur au nombre de grains semés. Masse et Thevent (1982) notent que l'essentiel des disparitions des pieds a lieu pendant la phase germination - levée et au cours de l'hiver. Jouve, (1984), ajoutent que tous les semis dont la phase germination-levée a coïncidé avec la sécheresse d'hivers, ont une levée médiocre.

Pois de mille grains (PMG)

La nutrition azotée et les conditions climatiques (chaleur et humidité) affectent considérablement le PMG (Soltner, 1990).

2.5.2.2. Notion d'adaptation

L'adaptation fait suite à l'action modificatrice des facteurs extérieurs qui influencent le comportement et la structure de la plante. L'adaptation est définie aussi comme la capacité d'une plante à croître et à donner des rendements satisfaisants dans des zones sujettes à des stress de périodicités connues (Monneveux, 1991).

Selon Berthet (2006), l'adaptation c'est la modification d'une structure ou d'une fonction, ou processus de modification d'une structure ou d'une fonction, dont on peut supposer ou démontrer qu'il

est favorable à la survie de l'individu ou à sa multiplication dans un milieu donné. On a deux types d'adaptation :

➤ **L'adaptation génotypique :**

C'est la modification du génome d'une population qui, dans un milieu donné, augmente sa probabilité d'être transmis à la descendance. En générale, elle se traduit par un phénotype mieux adapté à la survie des individus ; elle peut éventuellement être défavorable à la survie mais favorable à la reproduction des individus dont le génome présente cette adaptation. Cette adaptation est due à des mutations aléatoires suivies de sélection dont le seul mécanisme connu.

➤ **L'adaptation phénotypique :**

C'est la modification du phénotype d'un individu sous l'influence du milieu d'origine biotique (parasitisme, prédation...etc) ou abiotique (hautes et basses température, Sécheresse...etc), augmentant sa probabilité de survie ou d'avoir des descendants. Elle se traduit par une modification des propriétés morphologiques, métaboliques ou physiologiques de certains organes (caractères acquis). Elle est sans influence sur le génome.

Caractères d'adaptation

La plupart des caractères végétatifs étudiés sont influencés par les conditions climatiques et agronomiques et qu'ils peuvent subir sur le terrain des modifications, comme il a été souligné par l'UPOV (1994 b) et certains auteurs comme Boufenar- Zaghouane et Zaghouane (2006). Ces modifications peuvent être :

-Des fluctuations (modifications non héréditaires) qui sont dues à l'influence du milieu (la hauteur de la plante, les différences de glaucescence, la longueur des barbes, la longueur des épis, les caractères du bec et de la troncature des glumes et des glumelles...etc.).

-Des variations génétiques (modifications génétiques héréditaires) cela veut dire que quel que soit l'année ou le milieu, l'aspect du caractère se maintient (la couleur et la forme du grain...etc.).

Quelques caractères d'adaptation :

La longueur de la plante (LP) :

La longueur de la plante apparaît comme un critère de sélection important. Meklich– Hanifi (1983) trouve une liaison positive et significative entre le rendement et la hauteur de la tige. Ceci s'expliquerait par le fait qu'une paille haute s'accompagne souvent d'un système racinaire profond ce qui conférerait à la plante une capacité d'extraction de l'eau supérieure (Bagga *et al*,1970).

Hauteur de la tige (HT) :

La hauteur élevée de la paille est souvent associée à une bonne résistance à la sécheresse par les quantités d'assimilés stockés au niveau des tiges qui sont les principaux organes de réserves (Masse et Gate, 1990 ; Benabdallah et Bensalem, 1993).

Longueur, Largeur d'épi avec ou sans barbes :

L'épi assure une fonction photosynthétique importante au cours du remplissage du grain Koudri (1999). Selon Baldy (1993) cité par Boukecha (2001), en conditions de stress hydrique, la part de la photosynthèse de l'épi serait plus importante que celle de la dernière feuille. La même idée est exprimée par Bammoun (1993).

Une longueur importante de l'épi est un paramètre prédictif d'un indice de récolte et du potentiel de rendement élevé (Djekoun *et al*, 2002). D'après ces auteurs, il est évident que la longueur de l'épi est un caractère de rendement et d'adaptation au stress hydrique.

Le rôle essentiel des épis (et en particulier des glumes) en tant qu'organes photosynthétiques a enfin été confirmé chez le blé à l'aide de la méthode de discrimination isotopique de carbone (Romagosa et Araus, 1990).

Longueur des barbes (LB) :

Les barbes contribuent à l'adaptation à la sécheresse grâce à leur capacité à compenser la sénescence foliaire (Gate *et al*, 1992), Baldy (1973) trouve que le rendement photosynthétique des épis barbus peut atteindre 80% du rendement photosynthétique de la dernière feuille et 38% seulement pour les non barbus. Les barbes par leur surface développée, leur port dressé et leur position au voisinage immédiat de la graine favorisent sa formation.

Autres caractères :

Pour la couleur des glumes et des barbes on ne connaît pas bien leurs rôles, mais il semble que celle-ci intervient très probablement dans la réflectance et donc dans l'utilisation des rayonnements (Bamoun, 1997).

Chapitre 3

Principales techniques du marquage génétique

Chapitre 03 : Principales techniques de marquage génétique :

Par définition, un marqueur génétique est un caractère mesurable à hérédité mendélienne (Swynghedauw 2000).

L'utilisation de la diversité génétique dans un programme de sélection passe inévitablement par son estimation et par le choix du type de marqueur susceptible de la traduire le plus fidèlement possible. Les marqueurs génétiques sont des caractéristiques héréditaires qui renseignent sur le génotype de l'individu qui les porte (Devienne 1998).

Un marqueur génétique « idéal » doit être :

- a. Polymorphe : la « matière première » du généticien est la variabilité.
- b. Multi-allélique.
- c. Co-dominant : l'hétérozygote présente simultanément les caractères des deux parents homozygotes ; il peut donc être distingué de chacun des homozygotes parentaux.
- d. Non épistasique : son génotype peut être « lu » à partir de son phénotype quel que soit le génotype aux autres locus. La codominance et la non-épistasie peuvent être respectivement définies comme l'absence d'interactions intra et inter locus.
- e. Neutre : une substitution des allèles au locus marqueur n'a pas d'autres effets phénotypiques que ceux qui permettent de déterminer son génotype ; un marqueur neutre révèle, directement, les modifications génétiques qu'elles se traduisent ou non par une modification phénotypique.
- f. Insensible au milieu : le génotype peut être inféré à partir du phénotype quel que soit le milieu.
- g. Facilement observable et sans ambiguïté,
- h. Reproductible d'une expérience à une autre (Ferreira et Grattapaglia 1998),

Trois types sont largement utilisés pour l'évaluation de la variabilité génétique, à savoir les marqueurs morphologiques, les marqueurs biochimiques et les marqueurs de l'ADN.

3.1. Les marqueurs morphologiques

En sélection classique, les sélectionneurs recherchent des marqueurs simples du génome des plantes pour suivre les variations de différents caractères d'intérêt agronomique. Chaque lignée est examinée à travers son aspect phénotypique, c'est-à-dire la résultante de l'expression de ses gènes dans un milieu donné (Lamara, 2010).

Le passage de la variabilité observée à la variabilité génétique nécessite de prendre en compte correctement les effets du milieu. Par ailleurs, les caractères mesurés sont souvent soumis à la sélection (Rognon et Verrier, 2005).

Les marqueurs morphologiques ont été retenus dans un premier temps parce qu'ils présentaient l'avantage d'être immédiatement disponibles et nécessitent seulement un équipement simple. Ils représentent des variations de type qualitatif (couleur.), morphologiques (forme), des résistances à des maladies ou des ravageurs. Ces critères sont utilisés pour décrire et identifier les lignées et les variétés chez les végétaux. Cependant, ces marqueurs sont peu polymorphes et en général dominants, ils ont fréquemment une base génétique complexe, sont limités en nombre et leur expression est souvent fortement influencée par l'environnement (Lamara, 2010).

Ces caractères sont utilisés de même pour estimer la variation intra- et inter-populations.

Ils sont généralement limités en nombre de caractères relevés et directement influencés par l'environnement. Néanmoins, ils fournissent des informations utiles pour décrire et identifier le matériel biologique (Andersson *et al.* 2006).

3.2. Les marqueurs biochimiques :

Les marqueurs biochimiques ont été les premiers marqueurs à avoir été mis en œuvre pour étudier la variabilité génétique. En 1966, deux avancées, l'une conceptuelle et l'autre technologique, ont permis d'appréhender pour la première fois la variabilité génétique. En effet, l'étude des gènes pouvait être faite de façon indirecte au travers de l'étude de la séquence des acides aminés codés par ces gènes. En partant du principe que toute variation de la séquence d'acides aminés reflète une variation au niveau du gène codant pour cette protéine. L'avancée technologique repose sur la mise au point de l'électrophorèse des protéines (Harry 2001).

Les marqueurs biochimiques, généralement des isozymes ou des protéines de réserve, ont un pouvoir de discrimination plus élevé que les marqueurs morphologiques, traduisent directement l'activité des gènes, sont neutres et peuvent être révélés dans plusieurs organes à différents stades de développement (Lamara., 2010). Ils sont mis en évidence par électrophorèse, sur la base des propriétés de migration des protéines, et révélés par la coloration histochimique spécifique des enzymes qui sont analysées. Les protéines ont l'avantage d'être plus nombreuses que les marqueurs morphologiques, mais dépendent également de l'organe considéré (Devienne, 1998).

Les limitations majeures à l'emploi des isozymes sont le faible nombre de locus susceptibles d'être révélés (rarement plus de quelques dizaines) et la spécificité de l'organe analysé. De plus, les marqueurs biochimiques sont soumis à l'influence de l'environnement. En conséquence, la capacité d'utiliser un marqueur pourra varier selon l'environnement dans lequel la plante aura été cultivée, une situation qui est évidemment indésirable.

3.3. Les marqueurs moléculaires

Les marqueurs moléculaires représentent la dernière génération de marqueurs utilisés dans les études de diversité génétique. Ils reposent sur la mise en évidence du polymorphisme de la taille de fragments d'ADN. Les qualités attendues pour un marqueur moléculaire sont principalement un niveau de polymorphisme adéquat et une abondance élevée (Hartl 1988, Vekemans et Jacquemart 1997). L'analyse par ces marqueurs peut être réalisée tout au long du développement de la plante. Ces marqueurs ont le potentiel d'exister en nombre illimité, couvrant le génome entier, et ils ne sont pas influencés par l'environnement (Lamara., 2010).

Depuis les premières applications des RFLP au règne végétal au début des années 1980 les marqueurs moléculaires sont de plus en plus utilisés pour étudier la diversité génétique des variétés cultivées par les agriculteurs. Comme pour toutes les autres méthodes les résultats doivent être analysés avec précaution du fait de biais statistiques ou méthodologiques possibles.

3.4. Caractéristiques des principaux types de marqueurs moléculaires employés chez l'orge :

De nombreux marqueurs moléculaires ont été mis à la disposition des chercheurs, et de nouveaux sont régulièrement décrits.

RFLP («Restriction Fragment Length Polymorphism»),

SSR («Simple Sequence Repeats»),

RAPD («Random Amplified Polymorphic DNA») et AFLP («Amplified Fragment Length Polymorphism»).

Récemment, deux nouvelles technologies de marqueurs moléculaires à haut débit ont été développées chez l'orge :

Les marqueurs SNP (« Single Nucleotide Polymorphism ») et DArT (« Diversity Arrays Technology »).

3.4.1. Les marqueurs RFLP

La technique RFLP développée par Botstein et all. (1980) a été la première technique utilisée pour l'analyse de la diversité génétique chez l'orge (Saghai-Marooft et all. 1984). Elle repose sur la mise en évidence de la variabilité de la séquence nucléotidique de l'ADN génomique après digestion par des enzymes de restriction.

Cette technique repose sur la digestion d'un ADN cible par une ou plusieurs enzymes de restriction spécifiques des sites de restriction portés par l'ADN. Après électrophorèse, les fragments séparés sont hybridés avec un ADN sonde, provenant souvent de banques de ADN génomique ou complémentaire. Cette sonde peut provenir d'une espèce proche de l'espèce à étudier. Par exemple, un événement simple comme la substitution d'un seul nucléotide peut distinguer entre deux génotypes. Quand une substitution de base élimine un site de restriction, il modifie la longueur de fragment d'ADN qui peut être détectée

par cette méthode. Elle représente donc un marqueur discret qui est directement représentatif du génotype d'un individu. (Melake, 2000).

Ces marqueurs ont été utilisés par certains laboratoires pour l'identification et l'isolement de gènes contrôlant des caractères d'intérêt agronomique en exploitant la synténie entre le blé et le riz (Kurata et al. 1994).

Cette technique est robuste et facilement transférable entre les laboratoires, mais elle a aussi des limites. La première limite est la quantité d'ADN requise (50m-200 microgrammes d'ADN par individu) pour générer une empreinte génétique de l'ensemble du génome. L'extraction d'ADN à grande échelle est fastidieuse et laborieuse. (Najimi et al., 2003).

3.4.2. Les marqueurs microsatellites (SSR)

Les microsatellites sont de courts segments d'ADN composés de séquences répétées en tandem d'un motif de 2 à 6 paires de bases (suivant les définitions) que l'on peut amplifier par PCR. Le polymorphisme détecté est un polymorphisme de longueur : Un allèle donné correspondra le plus souvent à un nombre de répétition (en théorie) déduit de la taille d'amplification (en pratique) (Arnaud, 2006).

Ils sont composés de séquences répétées en tandem de deux à cinq nucléotides tels que (AT) $_n$, (GT) $_n$, (ATT) $_n$, ou (GACA) $_n$ répartis dans le génome eucaryotique (Tautz et Renz, 1984). Ces répétitions sont très polymorphes, même parmi les cultivars étroitement liés, en raison de mutations qui provoquent des variations dans le nombre d'unités répétitives. Contrairement aux autres techniques de marqueurs basés sur la PCR, les microsatellites sont hérités de façon co-dominante. Cela permet de discriminer entre homozygote et l'état hétérozygote, et augmente l'efficacité de la cartographie génétique et les études de génétique des populations. (Melake, 2000).

Les avantages principaux des SSRs sont la nature codominante pour le polymorphisme observé (cela signifie que l'hétérozygote présente simultanément les caractères des deux parents homozygotes), la robustesse de l'analyse, le grand nombre de polymorphisme observé, et la reproductibilité. Leur inconvénient principal est le coût sensiblement élevé dû au séquençage génomique pour le développement des SSRs (Ribaut et al., 2001).

Ces marqueurs ont été très utiles pour des études de diversité génétique, phylogénétiques, ainsi que pour l'évaluation des ressources génétiques et la construction de cartes génétiques. Chez l'orge, leur grand nombre, leur polymorphisme et la facilité du génotypage font des SSR d'excellents marqueurs pour l'analyse de la diversité génétique (Saghai-Marouf et coll. 1994 ; Struss et Plieske 1998 ; Matus et Hayes 2002), le génotypage (Russell et coll. 1997 ; Pillen et coll. 2000) et la cartographie génétique (Liu et coll. 1996 ; Ramsay et coll. 2000) in (Lamara., 2010).

3.4.3. Les marqueurs RAPD

La technique RAPD est une méthode simple qui consiste en une amplification enzymatique de l'ADN à l'aide d'amorces de petite taille choisie aléatoirement. Elle demande peu d'investissement technique et permet d'obtenir rapidement des fragments variés d'ADN génomique fournissant beaucoup de polymorphisme (Lynch et Milligan, 1994 ; Hadrys et al., 1992).

Les marqueurs obtenus par cette technique ont généralement une transmission mendélienne. Ils peuvent être utilisés comme marqueurs d'introgression ou dans certains cas pour déterminer la paternité et les relations de parenté entre individus. Par ailleurs, ils sont utilisés dans la construction des cartes de liaison génétique. Cette technique n'est pas limitée par le nombre d'amorces et permet d'identifier fréquemment le polymorphisme qui existe entre individus étudiés (Khadari et al., 1994). Les variations de séquences nucléotidiques entre les génomes, révélées par ces marqueurs, sont le résultat d'une modification (mutation ou insertion) au niveau de site de fixation de l'amorce (Park et al., 1991).

Les produits d'amplification sont généralement séparés sur gel d'agarose et révélés avec du bromure d'éthidium (Bardakci, 2001). Le polymorphisme, de la présence ou l'absence des fragments, est donc étudié chez les différents individus de la population. Chez la plupart des organismes, il est courant d'identifier un grand nombre de RAPDs qui peuvent servir de marqueurs génétiques dans différentes sortes d'études génétiques (Hartl, 1988).

Les marqueurs RAPD ont été utilisés chez plusieurs espèces pour l'analyse de la diversité génétique, la caractérisation de ressources génétiques, l'identification de cultivars et la cartographie des génomes. Chez l'orge, ces marqueurs ont été utilisés pour déterminer la diversité génétique (Baum et coll. 1997 ; Matus et Hayes 2002), en cartographie génétique (Dávila et coll. 1999) et pour l'identification de cultivars (Tinker et coll. 1993). Dans ce dernier exemple, les auteurs ont montré qu'avec neuf marqueurs RAPD polymorphes et un total de sept amorces arbitraires on pouvait distinguer 27 lignées d'orge cultivées (Lamara., 2010).

3.4.4. Les marqueurs AFLP

Le principe de la technique AFLP repose sur la comparaison de profils de coupure par les enzymes de restriction suite à l'existence d'un polymorphisme dans la séquence d'une molécule d'ADN par rapport à une autre. Des mutations apparaissant sur une séquence d'ADN reconnue par une enzyme de restriction vont provoquer des longueurs de fragments de restriction différentes. L'ADN des individus à comparer est donc digéré par une ou plusieurs enzymes de restriction. Les produits de restriction sont ensuite séparés sur gel d'acrylamide ou d'agarose en présence d'un marqueur de poids moléculaire (Tagu, 1999).

Les produits amplifiés sont alors révélés par électrophorèse sur gel de poly-acrylamide. En général, de 75 à 150 fragments sont amplifiés avec chaque combinaison d'amorces, et que chaque fragment

correspond à un site unique, la proportion du génome dosé avec chaque combinaison d'amorces est beaucoup plus élevée que toute autre méthode d'analyse de l'ADN (Melake, 2000).

AFLP combine la spécificité de l'analyse de restriction avec l'amplification PCR. La variation de la séquence détectée est la même que celle détectée par analyse RFLP, mais le nombre de polymorphismes détectés par cette analyse est plus élevé (Melake, 2000).

Les AFLP ont été utilisés notamment dans des études de diversité chez de nombreuses espèces cultivées comme le maïs (Smith et coll. 1993) et le blé (Soleimani et coll. 2002). Chez l'orge, ces marqueurs ont été utilisés pour la cartographie génétique (Becker et coll. 1995 ; Hayes et coll. 1997 ; Powell et coll. 1997) ainsi que pour la saturation d'une région du génome proche d'un gène d'intérêt comme le gène *vrsl* (He et coll. 2004) ou le gène *Mlo* (Simons et coll. 1997) in (Lamara., 2010).

3.4.5. Les marqueurs SNP

Des marqueurs SNP ont été développés chez de nombreuses espèces d'intérêt agronomique. Leur utilisation relativement routinière, et la diversité des techniques de génotypage constituent les avantages principaux de ce type de marqueurs (Gupta et coll. 2001).

Chez l'orge, ces marqueurs ont été utilisés pour étudier la diversité génétique (Bundock et Henry 2004 ; Chiapparino et coll. 2004 ; Varshney et coll. 2008). La cartographie par les SNP basée sur les gènes exprimés en réponse aux stress abiotiques a aussi été rapportée (Rostoks et coll. 2005) in (Lamara., 2010).

3.4.6. Les marqueurs DArT

Les marqueurs DArT sont présentement applicables sur plusieurs espèces pour la caractérisation rapide des ressources génétiques, la cartographie génétique, la sélection assistée par marqueurs et la diversité génétique. Chez l'orge, les marqueurs DArT ont été utilisés pour la réalisation de cartes génétiques de haute densité (Wenzl et coll. 2004 ; Wenzl et coll. 2006 ; Hearnden et coll. 2007) et la cartographie des QTL pour la fusariose de l'épi (Zhang et coll. En rédaction). Ces marqueurs permettent d'examiner la diversité génétique chez l'orge à une échelle et une vitesse inégalée (Lamara., 2010).

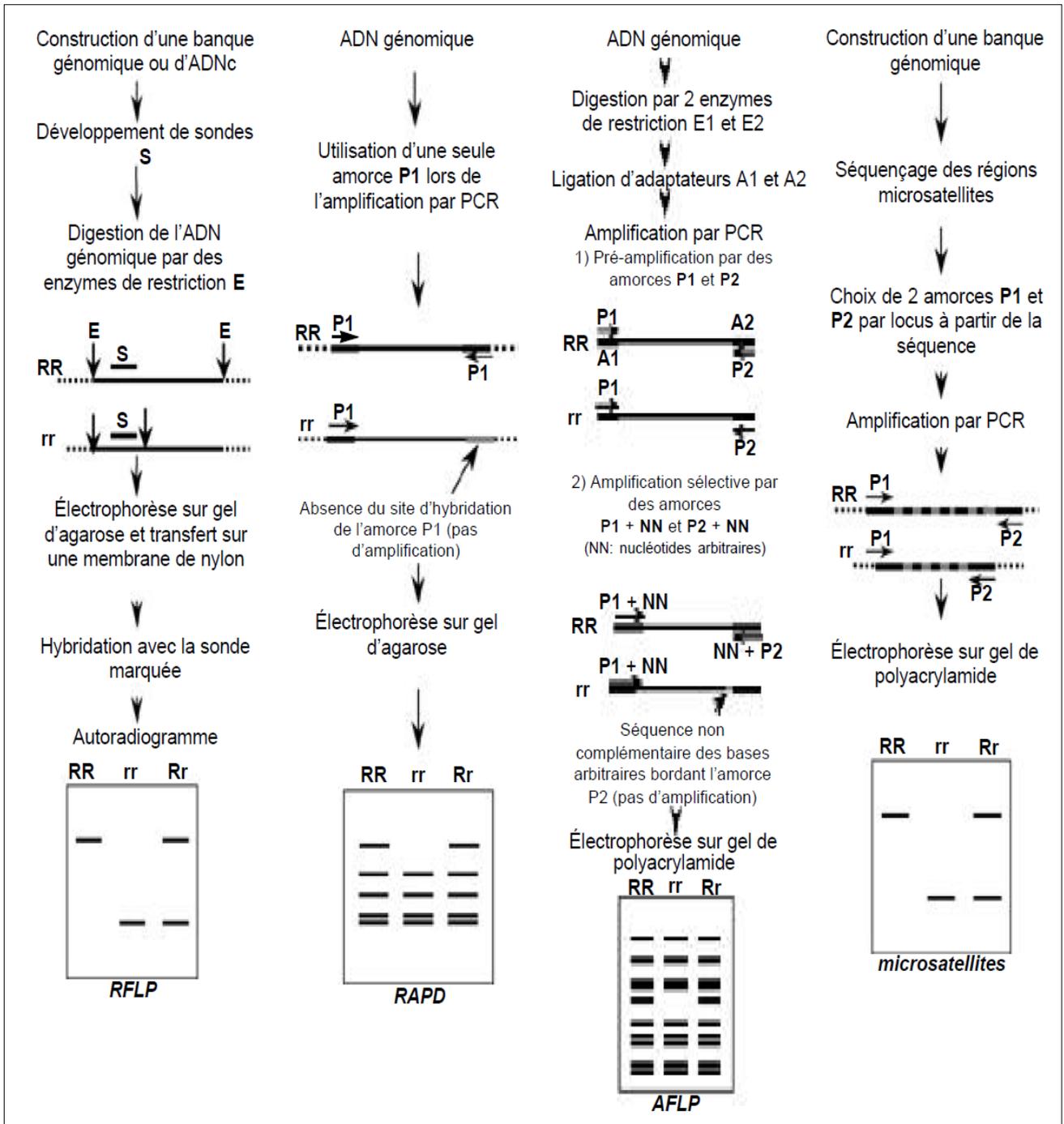


Figure 09 : Comparaison des principales techniques de marquage moléculaire (Najimi et al,2003).

3.5. Comparaison des marqueurs moléculaires employés chez l'orge :

Nous comparons, dans le Tableau 02, les différentes caractéristiques des six principales techniques de marquage moléculaire qui ont été utilisées pour identifier la diversité génétique chez l'orge. Les critères utilisés sont basés sur l'expérience et les résultats décrits dans la littérature (Lamara,2010) :

Tableau 02 : Comparaison des six marqueurs moléculaires les plus utilisés chez l'orge (Lamara,2010).

	RFLP	SSR	RAPD	AFLP	SNP	DArT
Quantité d'ADN (pg)	10	0,05	0,02	0,5-1,0	0,05	0,05
Qualité d'ADN	Haute	Moyenne	Haute	Moyenne	Haute	Moyenne
PCR	Non	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Nombre de locus	1-3	1-3	1,5-50	20-200	1	>100
Polymorphes analysés						
-Codominance	Oui	Oui	Non	Non	Oui	Non
-Facilité d'usage	Difficile	Facile	Facile	Facile	Facile	Facile
Automatisation	Faible	Grande	Moyenne	Moyenne	Grande	Grande
Reproductibilité	Grande	Élevée	Faible	Élevée	Élevée	Élevée
Coût de développement	Faible	Élevé	Faible	Moyen	Élevé	Élevé
Coût par analyse	Élevé	Faible	Faible	Moyen	Faible	Faible

3.6. Mesures de la diversité génétique

L'étude de la 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. Les données impliquent souvent des mesures numériques et dans des nombreux cas, nécessitent des combinaisons des types différents de variables. Des ensembles de données diverses ont été utilisés par des chercheurs pour analyser la diversité génétique des céréales; parmi l'ensemble de données les plus importants sont les données de pedigree (Messmer et al., 1993 ;Bernardo, 1993; van Hintum et Haalman, 1994), données morphologiques (Bar Hen et al., 1995 ;Smith, 1992;), données biochimiques obtenues à partir des analyses par les isozymes (Hamrick and Godt, 1997) et données des protéines stockées de la graine (Smith et al., 1987), et enfin, les données par les marqueurs d'ADN qui permettent une différenciation plus fiable des génotypes. Puisque chacun de ces ensembles de données fournit différentes informations, le choix de méthode (s) analytique dépend de l'objectif (s) de l'expérience, le niveau de résolution exigée, les ressources et l'infrastructure technologique disponible et les contraintes de temps (Karp et al., 1997 ;Henkrar,2017).

L'étude de la diversité génétique est une des applications les plus répandues pour les marqueurs moléculaires. Le choix du marqueur approprié dépendra en partie du matériel au sein duquel on cherche à mesurer la diversité génétique, Selon le but de l'étude, on peut être intéressé à mesurer la diversité génétique entre des espèces (niveau interspécifique) ou encore entre divers individus ou populations au sein d'une même espèce (niveau intraspécifique) (Lamara,2010).

Diversité interspécifique

Pour décrire la diversité génétique des populations, Wright (1951) a développé l'indice F_{ST} qui est la corrélation entre deux gamètes tirés au hasard et provenant de deux sous-populations différentes. Cet indice s'applique aux locus bialléliques et en l'absence de sélection. Lorsque les locus sont multialléliques, on utilise une généralisation de cet indice, dénommé G_{ST} de Nei (1973).

Diversité intraspécifique

La diversité intraspécifique est la diversité à l'intérieur d'une même espèce. Cette diversité est à l'origine de la création de nouvelles variétés. Plusieurs marqueurs moléculaires ont été utilisés pour l'évaluation de cette diversité au sein d'un matériel génétique et lorsqu'on opte pour un type de marqueur moléculaire, il faudra s'assurer que celui-ci soit utile en raison du nombre de locus polymorphes disponibles ainsi que la diversité allélique présente à ces locus. L'indice de diversité génétique de Nei sert à décrire combien un marqueur moléculaire est informatif au sein d'un matériel génétique (Henkrar ,2017).

L'analyse de la structuration hiérarchique des populations peut être abordée à l'aide de différents paramètres. Le principe général repose sur la décomposition de la variabilité observée entre les différents niveaux de regroupement des individus (Lamara ,2010).

3.6.1. L'analyse de variance sur les données moléculaires, AMOVA (Excoffier et coll. 1992) : relève du même principe de décomposition de la diversité présente à chaque niveau hiérarchique ; elle facilite aussi l'identification des niveaux qui procurent le plus de variabilité. L'AMOVA présente l'intérêt aussi d'être basée sur une mesure de diversité intégrant des mesures de distance entre entités et de proposer des procédures d'inférence. Les tests de permutation de données permettent de s'affranchir de la normalité des distributions. Les analyses multivariées conduites sur les données alléliques ou génotypiques sont de bons outils pour représenter la variabilité observée. Elles permettent d'exploiter les génotypes individuels et donc d'évaluer la diversité intra population et la différenciation inter population par des analyses hiérarchiques menés sur chaque axe (Lamara,2010).

Les analyses multivariées sont aussi de bons outils pour révéler la différenciation génétique entre sous-populations pour des caractères quantitatifs en tenant en compte des corrélations entre caractères.

3.6.2. Distance génétique

La distance génétique est la différence entre deux entités qui peuvent être décrites par la variation allélique (Nei, 1973). Cette définition était élaborée par Nei (1987) comme "la mesure de la différence génique entre des populations ou des espèces, qui est mesurée par une certaine quantité numérique". Une définition plus compréhensive de la distance génétique est "n'importe quelle mesure quantitative de la différence génétique, soit au niveau de la séquence soit au niveau de la fréquence allélique, calculé entre des individus, des populations ou des espèces" (Beaumont et al., 1998).

La distance et la similitude génétique entre deux génotypes, populations, ou individus peuvent être calculées par des mesures statistiques diverses selon l'ensemble de données. Le choix d'une mesure appropriée pour évaluer la diversité génétique et déterminer les relations entre les individus dans une population ainsi que l'utilisation d'une méthode statistique appropriée sont aussi importants que le choix du marqueur utilisé. Plusieurs études et revues discutent les différentes mesures existantes et elles sont

valables dans la littérature (Felsenstein, 1984 ; Nei, 1987 ; Weir, 1990, 1996 ; Beaumont et al., 1998 ; Lamara,2010).

Les mesures de similarité (S) et les distances génétiques (D) sont les plus généralement utilisées. Ces mesures servent à mesurer la ressemblance ou la dissemblance entre deux individus et on peut passer de l'une à l'autre par une simple transformation linéaire où $D=1- S$.

De très nombreux indices de distance ont été identifiés sur les données binaires et la plupart varient de 0 à 1. Parmi les plus utilisés, nous mentionnerons le coefficient de Jaccard (Jaccard 1908), l'indice de Sokal et Michener (1958), la distance corrigée de Rogers (Wright 1978) et la distance de Nei et Li (1979). Ces indices sont choisis en fonction des caractéristiques des marqueurs utilisés. Les distances sont d'autant plus précises que le nombre de locus qui sert à les établir est élevé.

L'estimation de la distance génétique permet non seulement une meilleure compréhension et l'organisation de l'ensemble du germoplasme mais aboutit aussi au choix biologiquement orienté du croisement (Vieira et al., 2007).

3.6.3. Représentation graphique : UPGMA

Pour une représentation graphique de la structure de la diversité génétique entre les lignées ou individus, la matrice de distances obtenue peut être représentée sous forme de dendrogramme. Les lignées sont agrégées de telle sorte que les plus proches génétiquement soient aussi les plus proches sur le dendrogramme. Diverses méthodes d'analyse de la structure sont disponibles mais la plus simple est celle qui utilise l'algorithme UPGMA (« Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages»), qui génère un seul arbre à partir d'une matrice des distances génétiques. Pour réduire l'information d'un ensemble de données multidimensionnelles à seulement deux aux trois axes, les techniques d'Analyse en Composantes Principales (PCA) et d'Analyse en Coordonnées Principales (PCoA) sont utilisées pour visualiser les relations entre les lignées. De nombreux programmes d'analyse phylogénétique peuvent être utilisés (PAUP, PHYLIP, Arlequin,...)(Lamara ,2010).

3.6.4. Pedigree

Le pedigree constitue en quelque sorte l'arbre généalogique d'une variété ou d'un individu. La connaissance du pedigree des variétés fournit plusieurs types d'informations. Il peut être utilisé pour prévoir des potentiels de performance ou d'adaptation, pour calculer un coefficient de parenté entre deux lignées ou individus, pour guider le choix des parents en vue de croisements, ou encore pour suivre la transmission des variants d'un gène spécifique (Tinker et Deyl 2005). Beaucoup d'études de diversité génétique se sont appuyées sur l'étude du pedigree, la distance entre deux lignées étant calculée au moyen d'un coefficient de parenté. Ce coefficient de parenté a été défini comme « la probabilité que deux allèles à un locus soient identiques par descendance (Cox et al ,1985). Cette approche exige de

tracer l'histoire évolutive de chaque lignée, ce qui nécessite une grande quantité d'information, laquelle n'est pas toujours disponible (Lamara,2010).

Comment se comparent les mesures de similarité (ou « dissimilarité » ou « distance ») obtenues avec les marqueurs moléculaires et l'étude du pedigree ? Malheureusement, il n'y a pas de réponse simple ou unique à cette question, plusieurs situations ayant été rencontrées ce qui rend difficile la détermination de ce qui représente le mieux la « réalité ». La similarité, évaluée d'une part avec les marqueurs moléculaires et d'autre part par examen du pedigree, a été étudiée chez plusieurs céréales à l'aide de différents marqueurs. Dans l'ensemble, les corrélations entre les deux types d'informations sont faibles mais significatives (Lamara ,2010). Chez l'orge, une corrélation de $r = 0,51$ a été obtenue entre les marqueurs RAPD et le pedigree (Tinker et coll. 1993). Pour les marqueurs RFLP, elle a été estimée à $r = 0,21$ pour l'orge d'hiver et à $r = 0,42$ pour l'orge de printemps (Graner et coll. 1994). Récemment, une faible corrélation $r = 0,24$ a été rapportée entre la distance génétique mesurée avec des SNP et la distance mesurée sur la base du pedigree (Soleimani et coll. 2007).

La faiblesse des corrélations observées pourrait s'expliquer par le fait que plusieurs facteurs liés au développement du cultivar tel que la sélection, la dérive génétique, ne sont pas pris en compte. Il est possible que cela découle aussi du faible nombre de marqueurs employés par ces auteurs et du nombre de générations examinées lors de l'étude du pedigree, ainsi que du calcul des coefficients d'apparentement qui repose sur des hypothèses irréalistes. Dans tous les cas, plus la concordance sera élevée entre les diverses descriptions des relations qui existent entre un groupe de lignées, plus on aura confiance qu'il s'agit là d'une description juste de ces relations (Lamara,2010).

3.7. Caractérisation génétique de l'orge

3.7.1. Techniques de la réaction de polymérisation en chaîne (PCR)

Le développement de la technique PCR offre l'avantage d'analyser les marqueurs moléculaires en un temps court tout en utilisant des concentrations faibles d'ADN. Les marqueurs basés sur la technique PCR tendent à remplacer les systèmes classiques (les marqueurs morphologiques, iso-enzymatiques et RFLP) et deviennent très nombreux (Najimi et al,2003).

3.7.1.1. Principe et définition

La Polymerase Chain Reaction (PCR) est une technique permettant d'amplifier *in vitro* des séquences d'ADN par répétition de réactions d'élongation en présence d'amorces nucléotiques spécifiques et d'une ADN polymérase (Tagu et Moussard, 2003). Cette technique, créée par Saiki et *al.* (1985), est devenue la base de nombreux marqueurs moléculaires. Son principe est relativement simple, basé sur une amplification enzymatique de l'ADN (White et *al.* 1989 ; Vekemans et Jacquemart, 1997, Claros et Quesada, 2000).

La technique PCR utilise les éléments de base de la duplication naturelle de l'ADN, mais en réalisant seulement la duplication et l'amplification de courts fragments de la molécule d'ADN, dans une simple solution qui permet l'amplification.

Le processus démarre avec une augmentation de température généralement entre 90 et 95°C pour dénaturer ou séparer les deux brins d'ADN. Puis la température est ramenée approximativement entre 35 et 70°C, afin que les amorces trouvent les emplacements cibles. Une fois l'hybridation réalisée, la copie par la *Taq* polymérase commence. La température est ensuite remontée pour entamer un nouveau cycle, lequel sera répété un certain nombre de fois selon les nécessités de l'étude et la technique à employer. On obtient finalement un produit spécifique amplifié, lequel sera révélé par électrophorèse sur gel (Vekemans et Jacquemart, 1997, De Vienne 1998, McPherson et Moller, 2000).

3.7.1.2. Réalisation de la PCR

La PCR permet d'amplifier une séquence spécifique d'ADN dans un mélange réactionnel approprié (Master Mix). Ce mélange contient :

- **l'enzyme Taq polymérase** : c'est une polymérase thermostable, extraite d'une bactérie (*Thermus aquaticus*) des sources chaudes (80-90°C). Elle permet la synthèse des nouveaux brins d'ADN lors de l'amplification.

- **les nucléotides triphosphates** : ce mélange contient les différentes bases A, T, G, C sous la forme ATP, TTP, CTP, GTP.

- **les ions magnésium** : ils servent de stabilisateurs pour les nucléotides et activent l'enzyme. Ne pas mettre de MgCl₂ augmente l'astringence de la réaction

- **les amorces (primers)** : Pour parvenir à amplifier sélectivement des séquences nucléotidiques à partir d'un extrait d'ADN par PCR, il est indispensable de disposer d'au moins une paire d'oligonucléotides. Ces oligonucléotides, qui vont servir d'amorces pour la réplication, sont synthétisés par voie chimique et doivent montrer la meilleure complémentarité possible avec les deux extrémités de la séquence d'intérêt que l'on souhaite amplifier.

3.7.1.3. But de la PCR

La PCR permet donc d'obtenir par réplication in vitro de multiples copies d'un fragment d'ADN à partir d'un extrait. L'ADN matriciel peut tout autant être de l'ADN génomique que de l'ADN complémentaire obtenu par RT-PCR à partir d'un extrait d'ARN messagers (ARN poly-A), ou encore de l'ADN mitochondrial.

3.7.1.4. Étapes de la réaction de polymérisation en chaîne (PCR)

Les tubes contenant le mélange réactionnel sont soumis à des cycles de température recommencés plusieurs dizaines de fois dans le bloc chauffant d'un thermocycleur (appareil qui comporte une enceinte

où l'on dépose les tubes échantillons et dans laquelle la température peut varier, très rapidement et précisément, de 0 à 100°C par effet Peltier ou bien effet thermoélectrique. L'appareil permet la programmation de la durée et de la succession des cycles de paliers de température. Chaque cycle comprend trois périodes de quelques dizaines de secondes (Le Pennec & Beninger, 1991) :

-la dénaturation (94°C) : La première période s'effectue à une température de 94°C, dite température de dénaturation. À cette température, l'ADN matriciel, qui sert de matrice au cours de la réplication, est dénaturé : les liaisons hydrogène ne peuvent pas se maintenir à une température supérieure à 80°C et les ADN double-brin se dénaturent en ADN simple-brin (ADN monocaténares).

-L'hybridation (40 – 70°C) : La deuxième période s'effectue à une température généralement comprise entre 40 et 70°C, dite température d'hybridation des amorces. La diminution de la température permet aux liaisons hydrogène de se reformer et donc aux brins complémentaires de s'hybrider. Les amorces, courtes séquences monocaténares complémentaires de régions qui bordent l'ADN à amplifier, s'hybrident plus facilement que les longs brins d'ADN matriciel. Plus la température d'hybridation est élevée, plus l'hybridation est sélective, plus elle est spécifique.

- L'élongation (72°C) : La troisième période s'effectue à une température de 72°C, dite température d'élongation. À 72°C, la Taq polymérase se lie aux ADN monocaténares amorcés et catalyse la réplication en utilisant les désoxyribonucléosides triphosphates présents dans le mélange réactionnel. Les régions de l'ADN matriciel en aval des amorces sont ainsi sélectivement synthétisées.

Au cycle suivant, les fragments synthétisés au cycle précédent servent à leur tour de matrice et au bout de quelques cycles, l'espèce prédominante correspond à la séquence d'ADN comprise entre les régions où les amorces s'hybrident. Il faut compter 20 à 40 cycles pour synthétiser une quantité analysable d'ADN (environ 0,1 microgramme). Chaque cycle va théoriquement doubler la quantité d'ADN présente au cours du cycle précédent.

Il est recommandé de rajouter un cycle final d'élongation à 72°C, notamment lorsque la séquence d'intérêt est de grande taille (supérieure à 1 kilobase), à raison de 2 minutes par kilobase.

3.7.1.5. Limites de la PCR

La séquence nucléotidique du fragment à analyser doit être connue au niveau des régions d'amorçages. Si celles-ci sont inconnues, il est possible de contourner le problème en clonant le fragment dans un vecteur tel qu'un plasmide ou bactériophage. La séquence connue du vecteur sera utilisée pour choisir les amorces. La taille maximale du fragment est de quelques kilobases. Si celle-ci est exagérée, nous assisterons à des phénomènes perturbateurs tels que des interruptions prématurées dues à des formations de structures secondaires, des rapprochements des fragments entre eux (Le Pennec & Beninger, 1991).

Les contaminations sont très vite envahissantes. Il est donc conseillé d'utiliser une pièce pour la préparation des réactifs et une autre indépendante de la première pour effectuer la PCR elle-même.

3.8. Corrélation entre la diversité moléculaire et phénotypique

La question de base est : la variation moléculaire est-elle corrélée avec la variation génétique quantitative observée dans les populations biologiques ?

Les SSRs sont associés avec différents loci. Ils peuvent coder pour des éléments fonctionnels de protéines et servent comme éléments de transcription (Kashi et al. 1997). Ils présentent un haut niveau de mutations spontanées du nombre de répétitions, ce qui peut causer une variation quantitative dans la fonction des protéines et l'activité des gènes.

La valorisation des ressources génétiques passe par une accumulation de données préalables sur les bases génétiques de caractères agronomiques ciblés (Loudet et al. 2007).

Partie II

Matériels et méthodes

1. Objectifs de l'étude

Ce travail comporte deux objectifs

Le premier objectif c'est d'étudier les caractéristiques quantitatives et qualitatives de 34 accessions d'orge algériennes et de suivre leurs comportements dans une même parcelle sous les conditions de la région de Tlemcen.

Le deuxième objectif consiste à la caractérisation moléculaire et la diversité génétique de ces accessions en vue de leur identification dans la gamme variétale et génétique de l'orge en Algérie.

2. Caractérisation morphologique :

- Notre travail consiste à réaliser une prospection sur le terrain ainsi qu'un essai en blocs à partir des accessions et variétés collectées.

2.1. Matériel végétal et sites de collecte

La collecte a été réalisée sur 34 champs d'agriculteurs. Chaque échantillon collecté est désigné par le mot population correspondant à une accession donnée cultivée chez un agriculteur. Certaines accessions sont représentées par plusieurs populations. La collecte de chacune de ces populations s'est faite par la récolte de 30 épis individuels issus de 30 plantes différentes prises aléatoirement dans le champ. Au total, 1020 épis d'orge ont ainsi été collectés. Ainsi, 15 populations différentes (Saida 183, Acsad176, Rihane 03, Fouara, Tichedrett, Orge à 2 rangs, Azrir, Ras El Mouch, Safra, Saltt, Bourabaa, Ghir, et Chater, orge byad et orge beldi) d'orge ont été identifiées selon les dénominations des agriculteurs. La collecte a été réalisée en suivant un protocole d'échantillonnage stratifié géographiquement de manière à couvrir le maximum de diversité géographique (Figure 10, Tableau 03).

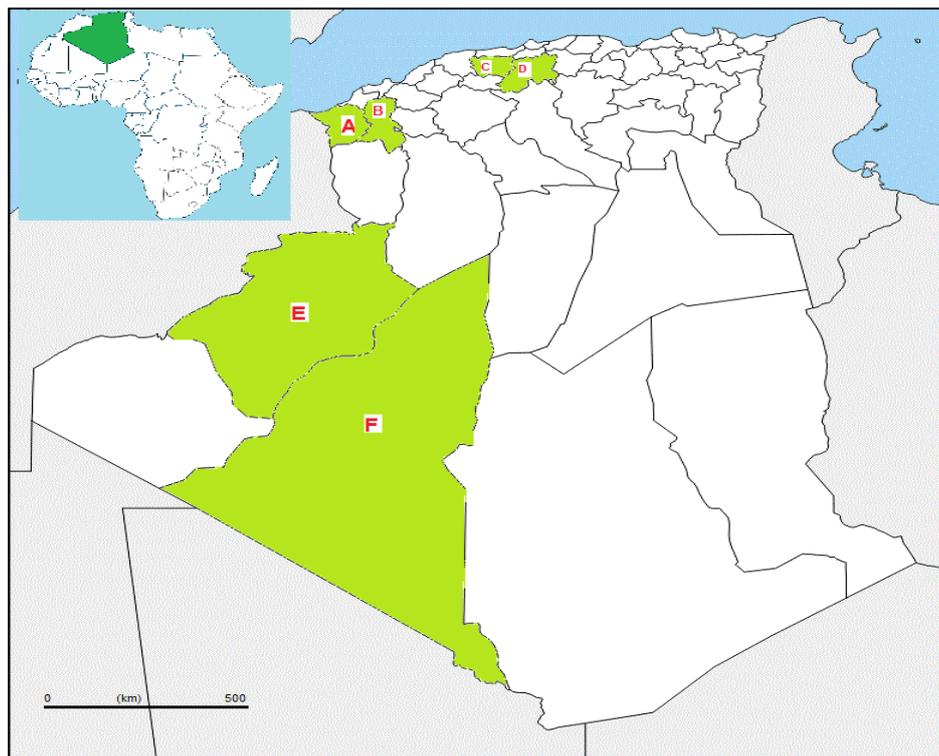


Tableau 03 : Origine des accessions d'orge étudiés

Figure10 : Localisation des régions d'échantillonnage : Tlemcen(A), Sidi Belabbes(B), Ain defla(C), Media(D), Bechar(E), Adrar(F).

Accessions	Region	Locations	Longitude	Latitude	Altitude
Saida G3	Tlemcen	Tlemcen	1°19'4.82"O	34°53'18.26"N	745m
Saida G4		Tlemcen	1°19'4.82"O	34°53'18.26"N	745m
Saida R1		Sid Abdli	1° 7'58.47"O	35° 3'49.79"N	465m
Saida	Sidi Belabbes	Sidi Belabbes	0°38'17.72"O	35°12'8.01"N	478m
Saida2		Sidi Belabbes	0°43'29.18"O	35°12'6.11"N	515m
2 Rangs		Sidi Belabbes	0°38'17.72"O	35°12'7.84"N	478m
Ascad		Sidi Belabbes	0°38'17.72"O	35°12'7.84"N	478m
Rihane		Sidi Belabbes	0°38'17.72"O	35°12'7.84"N	478m
Faouara		Sidi Belabbes	0°38'17.72"O	35°12'7.84"N	478m
Tichedrett		Sidi Belabbes	0°38'17.72"O	35°12'7.84"N	478m
Faouara2		Sidi Belabbes	0°38'17.72"O	35°12'7.84"N	478m
Azrir	Adrar	Oueled Ali	0° 5'52.95"O	28°42'51.56"N	251m
Safra		Oueled Ali	0° 5'52.95"O	28°42'51.56"N	251m
Bourabaa		Adrar	0°11'12.99"O	27°58'18.55"N	257m
Salt		Oueled Ali	0° 5'52.95"O	28°42'51.56"N	251m
Ras el mouch		Oueled Ali	0° 5'52.95"O	28°42'51.56"N	251m
Chater		Kerzaz	1°26'19.08"O	29°27'44.71"N	387m
Bourabaa		Kerzaz	1°26'19.08"O	29°27'44.71"N	387m
Chater 2		Adrar	0°11'12.99"O	27°58'18.55"N	257m
Zraa beldi		Zaouiet Konta	0°12'3.68"O	27°13'34.73"N	204m
Ras el mouch		Oueled Ali	0° 5'52.95"O	28°42'51.56"N	251m
Ghir	Bechar	Bechar	2°10'58.22"O	31°33'28.58"N	789m
Saida		Bechar	2°10'58.22"O	31°33'28.58"N	789m
Safra3		Beni Abbes	2°10'1.66"O	30° 7'56.89"N	505m
Saida		Beni Abbes	2°10'1.66"O	30° 7'56.89"N	505m
Safra2		Beni Abbes	2°10'1.66"O	30° 7'56.89"N	505m
Zraa byad1		Beni Abbes	2°10'1.66"O	30° 7'56.89"N	505m
Zraa byad2		Bechar	2°10'58.22"O	31°33'28.58"N	789m
Rihane	Ain Defla	Khemiss Meliana	2°12'49.78"E	36°15'12.70"N	281m
Saida		Khemiss Meliana	2°12'49.78"E	36°15'12.70"N	281m
Faouara		Khemiss Meliana	2°12'49.78"E	36°15'12.70"N	281m
Saida	Media	Beni Slimane	2°56'15.27"E	36° 3'12.55"N	588m
Rihane		Beni Slimane	2°56'15.27"E	36° 3'12.55"N	588m
Tichedrett		Beni Slimane	2°56'15.27"E	36° 3'12.55"N	588m

2.1.1. Region d'Adrar :

2.1.1.1. Situation géographique

La wilaya d'Adrar est située dans le Sud-Ouest de l'Algérie ; limitée dans le Sud Bayadh et de Ghardaïa, à l'Ouest par les wilayas de Béchar et Tindouf, à l'Est par la wilaya de Tamanrasset et au Sud par la Mauritanie et le Mali. Majoritairement occupée par le Sahara avec un climat aride saharien (Figure11). Elle s'étend selon les coordonnées géographiques : entre les longitudes 0°30' Est et 0°30' à l'Ouest, entre les latitudes 26°30' et 28°30' au Nord et une altitude moyenne de 222m.

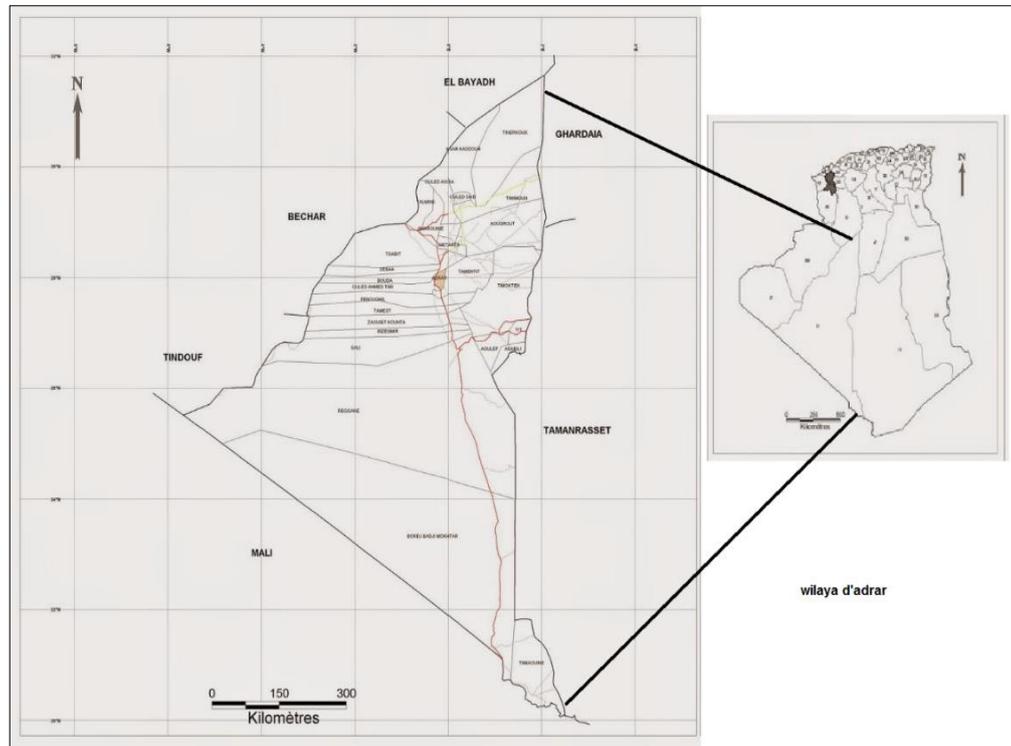


Figure 11 : Situation géographique de la wilaya d'Adrar [4].

2.1.1.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture

Le climat dans la région d'Adrar est connu pour sa température élevée, ses précipitations rares et irrégulières, ses tempêtes de sable violentes, ces conditions rendent la région très hostile. La précipitation moyenne annuelle ne dépasse pas les 38mm/an, avec une température moyenne de l'ordre de 26°C, le climat est saharien de type hyper aride. (Zaghtou, 2011).

Les sols sont secs où la proportion d'argile est faible et la fraction grossière est dominante (Berrached, 1996). Il existe des sols de textures limono-argileuses ou alluvionnaires sur lits d'oued formés par la sédimentation de l'argile et du calcaire, et les sols de Reg où il existe des croûtes gypso-salines (Dubost, 2002).

La wilaya d'Adrar est limitée géo morphologiquement au Nord par le grand Erg occidentale, à l'Est par le plateau de Tademaït, à l'Ouest par l'Erg chergui, au Sud par le plateau de Tanezrouft. Elle est située sur le rebord Sud occidental du vaste bassin secondaire, s'étendant de l'Atlas Saharien à la Hamada du Tinrhert et du Touat Gourara au golfe de Gabes. Dans le Touat et Gourara les terrains de cet ensemble qui affleurent, sont des formations gréseuses du continental intercalaire (albien) ou des formations marines du crétacé supérieur ou les terrains moipliocènes continentaux (Benhamza, 2013).

C'est au Villafranchien supérieur que s'organise dans son ensemble le grand réseau hydrographique du Sahara algérien, dont les vestiges plus ou moins dégradés ont été conservés jusqu'à l'époque actuelle, (Conrad, 1969). La quasi-totalité des besoins en eau de la région est satisfaite par les nappes souterraines, continentale intercalaires et le mi-pliocène (Bouziane, 2006).

L'agriculture dans cette région est principalement oasisienne (oasis et jardins des Ksour), avec quelques grandes exploitations de monocultures et quelques nouvelles extensions d'une agriculture moderne, Ce système de culture oasisien est tourné autour des plantations de palmier, associé ou non à d'autres cultures : céréalières, vivrières tel les légumineuses, fourragères et maraîchères, ou encore à l'élevage qui est aussi une activité importante dans la région (Zaghtou, 2011).

2.1.2. Region de Bechar

2.1.2.1. Situation géographique :

La wilaya de Béchar se situe au sud-ouest du territoire national. Elle est limitée à l'Est par la Wilaya d'Adrar, à l'Ouest par le Royaume du Maroc, au Nord par les Wilayate de Naâma et d'El Bayadh et au Sud par les Wilayat de Tindouf et d'Adrar (Figure 12) et elle s'étend selon les coordonnées géographiques : Latitude 31°.36'N et Longitude 2°13' Ouest, avec une superficie approximative de 161.400 Km² soit 6.77% environ du territoire national.

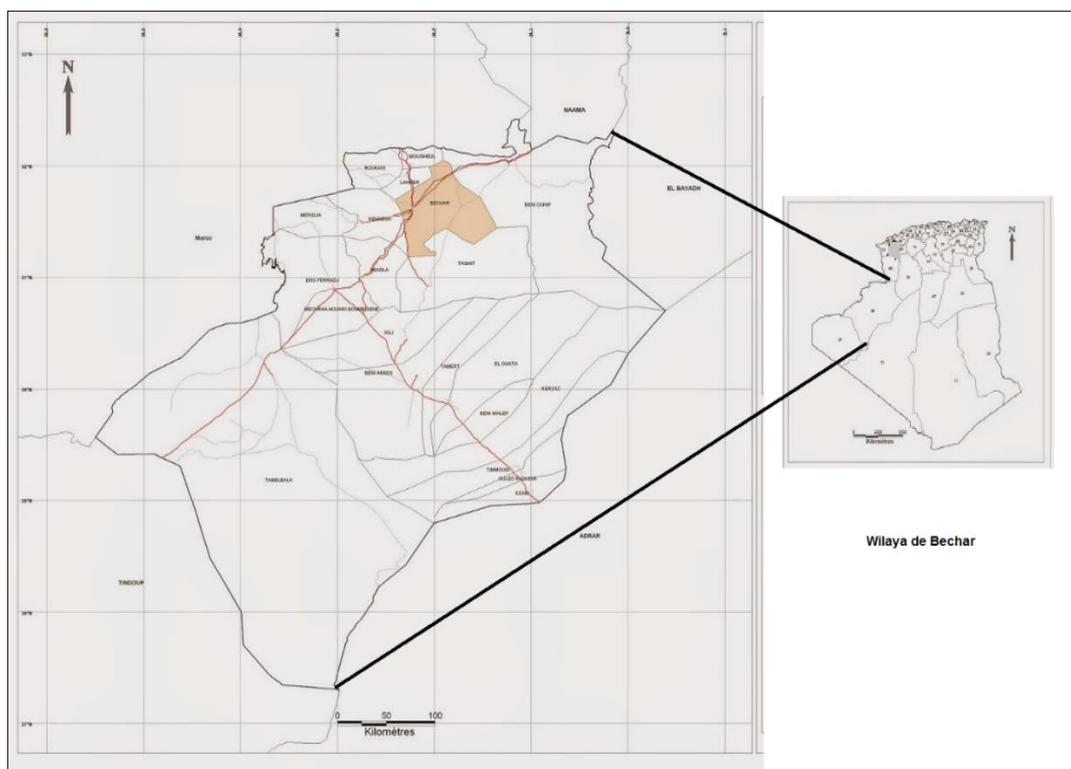


Figure 12 : Situation géographique de la wilaya de Bechar[4].

2.1.2.2. Climat, pédologie, géologie, hydrologie, agriculture

Le climat de la région de Bechar est caractérisé par un climat saharien de type hyper aride. Les précipitations annuelles sont moyennes, de l'ordre 45 mm, et du volume total de l'évapotranspiration potentielle 1088.8mm. La température moyenne mensuelle est très élevée durant toute l'année, et elle est de 21,55°C, et la vitesse du vent supérieure à 3.62 m/s (20km/h). La moyenne annuelle l'humidité

dans la région de Béchar ne dépasse guère 27.2 %, le diagramme Ombrothermique de Gausson montre que la saison sèche s'étale sur plusieurs mois entre Mai à Septembre.

Le système hydrographique est constitué de deux importants oueds, le Guire et le Zouzfana, alimentant le cours d'eau de la Saoura. Le bassin de la Saoura, fait partie du grand bassin versant du Sahara. Il est situé au Sud-Ouest du territoire algérien. Le bassin est composé de quatre sous bassins de taille variée. Ils sont drainés par des cours d'eau descendants de l'Atlas Marocain et de l'Atlas saharien et coulent du Nord vers le Sud (Fortas ,2016).

La géologie de la région est constituée par des formations non plissées tabulaires, du Miocène, du Pliocène et du Quaternaire reposant sur le substratum plissé et arasé en périplaine (Idrotecneco, 1979).

2.1.3. Region de Sidi Bel Abbès

2.1.3.1. Situation géographique :

Située au Nord-Ouest du pays. La wilaya de Sidi Bel Abbès limitée au Nord par la wilaya d'Oran, à Nord-Ouest par la wilaya d'Ain Témouchent, au Nord-Est par la wilaya de Mascara, à l'Ouest par la wilaya de Tlemcen, à l'Est par les wilayas de Mascara et Saida, au sud par les wilayas de Naama et El-Bayad, et au sud-est par la wilaya de Saida (Figure 13).

Elle s'étend sur une superficie de 9150,63 km², actuellement la wilaya de Sidi Bel Abbès comprend 52 communes regroupées en 15 Dairas.

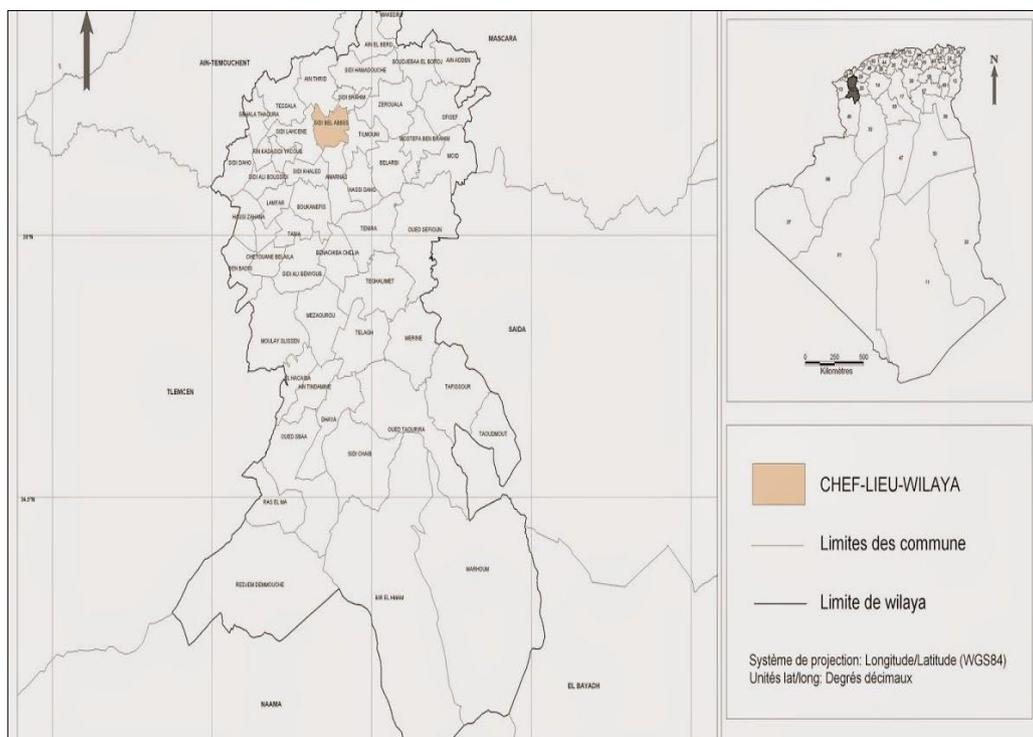


Figure 13 : Situation géographique de la wilaya de Sidi Bel Abbès [4].

2.1.3.2. Climat, hydrologie, géologie, pédologie, agriculture

La région de Sidi Bel Abbès, du fait de sa position géographique, est soumise aux conditions climatiques continentales et aux faibles influences maritimes. Son climat se définit par une période chaude et sèche et une période fraîche où prédominent les caractéristiques du climat méditerranéen, surtout à travers son régime de pluie très contrasté (Meterfi, 2001). Sidi Bel Abbès affiche une température annuelle moyenne de 15.7 °C. Sur l'année ; la précipitation est de 442 mm.

Concernant la pédologie, la région de Sidi Bel Abbès compte les classes de sols suivantes :

A. la classe des sols peu évolués : comprend 2 groupes distincts :

Le groupe des sols d'apport alluvial : Il s'agit de sols profonds apportés par l'eau. Ces sols jouent un rôle économique très important, ils sont généralement d'un grand intérêt agricole, ils offrent une gamme extrêmement variée de cultures. (Faraoun, 2002).

Le groupe des sols d'apport colluvial : Ce sont des sols formés à partir d'un matériel provenant de l'érosion des forêts en pente. La différenciation de deux horizons, indique qu'il s'agit de colluvion plus ou moins stabilisés. (Faraoun, 2002).

B. la classe des sols calcimagnésique : Occupe la plus grande partie de la couverture pédologique au niveau de la plaine de Sidi Bel Abbès, elle est représentée essentiellement par les sous classes des sols bruns calcaires et des rendzines (Faraoun, 2002).

C. la classe des sols à sesquioxyde de fer :

_ Groupe des sols fersiallitiques à horizon calcaire.

_ Groupe des sols bruns rouges.

Pour la géologie de cette région, la plaine de Sidi Bel Abbès est un fossé d'effondrement qui a été comblé progressivement par des alluvions charriées par l'Oued et qui se sont sédimentées, formées de terrains quaternaires et plio-quaternaires est limitée au Nord et à l'Est par des terrains post crétacés, au Sud par des terrains jurassiques et crétacés (Bensejad, 2011).

L'hydrologie est très développée et représentée fréquemment par des cours d'eau temporaires. Les oueds sont alimentés par des précipitations et par des sources dont la plus importante est localisée à Sidi Ali Benyoub.

La superficie totale des terres utilisées par l'agriculture est évaluée à 363 005 Hectares dont 7 215 Hectares, jugée très faible, sont à l'irrigués soit 2%. Les terres improductives s'élèvent à 177 296 Hectares de la superficie agricole totale soit 45,89%. Les parcours couvrent 39,70%. La superficie alfatière est dominante au sud de la wilaya.

2.1.4. Region de Tlemcen

2.1.4.1. Situation géographique de la Wilaya de Tlemcen

La Wilaya de Tlemcen se situe à l'extrême Nord-Ouest de l'Algérie, entre le 34° et 35° 40' de latitude Nord et entre 1° 20' et 2°30' de longitude Ouest. Bordée au Nord par la côte Méditerranéenne, au sud par la Wilaya de Naama, au Nord –Est par la Wilaya d'Ain Témouchent, à l'Est par la Wilaya de Sidi Bel Abbés et à l'Ouest par la frontière algéro-Marocaine (Figure 14). Elle s'étend sur une superficie de 901769km².

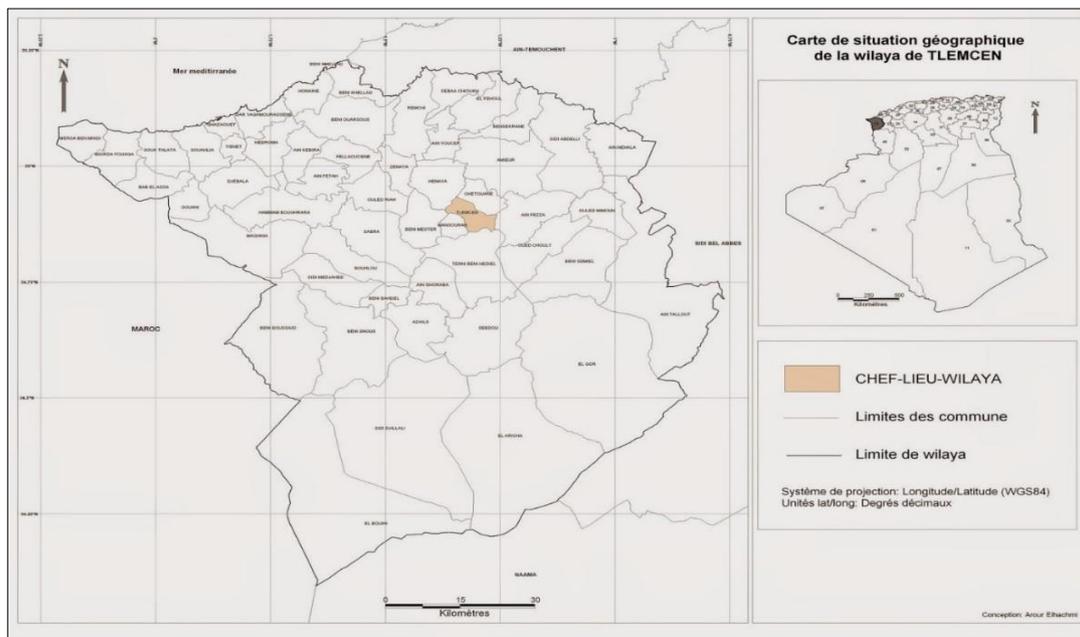


Figure 14 : Situation géographique de la wilaya de Tlemcen [4].

2.1.4.2. Climat, hydrologie, géologie, pédologie, agriculture

La région est sous l'influence du climat méditerranéen, qui est un milieu transitoire entre la zone tempérée et la zone tropicale ; ce climat est caractérisé par la clémence des températures, le nombre élevé des jours ensoleillés sans pluies. Sous ce climat, on peut distinguer plus ou moins deux périodes ou saisons différenciées : un été très sec et très chaud, un hiver pluvieux et très frais. La température annuelle moyenne est de 25°C, la pluviosité annuelle moyenne est de 600 mm,

La wilaya de Tlemcen demeure une région exposée à l'aridité, par cette situation géographique, comme le reste de l'Oranie, une aridité sensiblement aggravée au cours des dernières décennies. C'est en quelque sorte le prolongement vers l'Est des aspects semi désertiques de la basse Moulaya au Maroc (Ozouf M., Pinchemel Ph., 1961).

La région méditerranéenne de la Wilaya de Tlemcen caractérisée par des sols fersialitiques et ceux dits marron en relation avec la nature du couvert végétal (Duchauffour, 1977)

Concernant la géologie, la wilaya de Tlemcen présente une grande diversité de formes de terrains liées à la nature des roches d'où la diversité des sols. Géologiquement, cette zone est surtout formée à base de roches calcaires présentes sous différentes formes (calcaire, cristallin, dolomie, calcaire marneux ou de craie) (Gaouar, 1980).

Les cours d'eau dans la région sont caractérisés par l'irrégularité de l'écoulement et par des manifestations hydrologiques brutales. Le déficit hydrique d'été détermine un régime d'écoulement temporaire pour un grand nombre de petits cours d'eau (Kazi Tani, 1995).

2.1.5. Région de Média

2.1.5.1. Situation géographique :

Médéa est une wilaya de 8700 km² qui se situe à 80 km au Sud-Ouest de la capitale Alger, elle est limitée au Nord par la wilaya de Blida, au Sud par la wilaya de Djelfa à l'Est par M'sila et Bouira et à l'Ouest par les wilayas de Ain Defla et de Tissemsilt (Figure 15).

Situé au cœur de l'Atlas Tellien, la wilaya de Médéa est caractérisée par une altitude élevée et un relief mouvementé enserrant quelques plaines assez fertiles, mais de faible extension pour s'estomper ensuite aux confins des hautes plaines steppiques, en une série de collines faiblement ondulées [3].

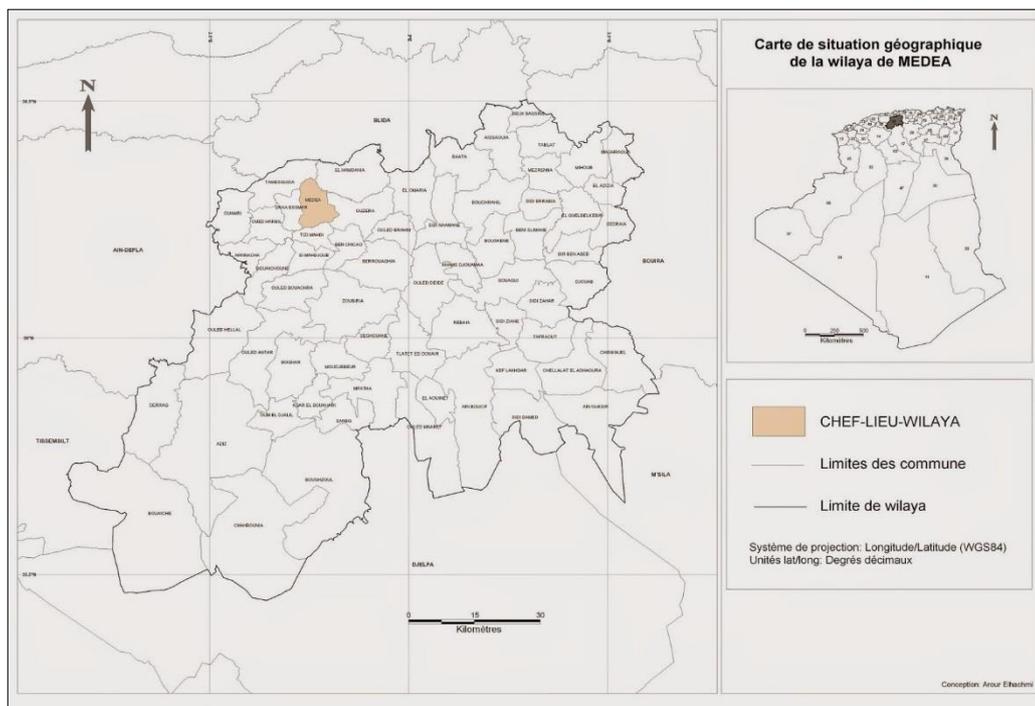


Figure 15 : Situation géographique de la wilaya de Médéa [4].

2.1.5.2. Climat, hydrologie, géologie, pédologie, agriculture

Le climat de Médéa est caractérisé par une température moyenne de 10 C° en hiver et 35 C° en été avec une pluviométrie annuelle de 800 mm, ce qui lui confère une capacité hydraulique de 31.794.000 m³ [2].

Médéa dispose d'une superficie agricole utile de 348 196 ha dont 2,83 % en irrigué, ces terres sont utilisées pour produire des fourrages, des agrumes, et principalement des céréales, où la production du blé en 2012 était estimée à 1 475 790 Qx pour le blé dur et 240 204 Qx pour le blé tendre.

2.1.6. Region d'Ain Defla

2.1.6.1. Situation géographique :

La wilaya d'Ain Defla est située à 145 km au sud-ouest de la capitale et s'étend sur une superficie de 4544,28 km². La wilaya d'Ain Defla est limitée par 05 wilayas (Figure 16) : au Nord la wilaya de Tipaza, au Nord-Est la wilaya de Blida, à l'Est la wilaya de Medea, à l'Ouest la wilaya de Chlef, au Sud la wilaya de Tissemsilt.

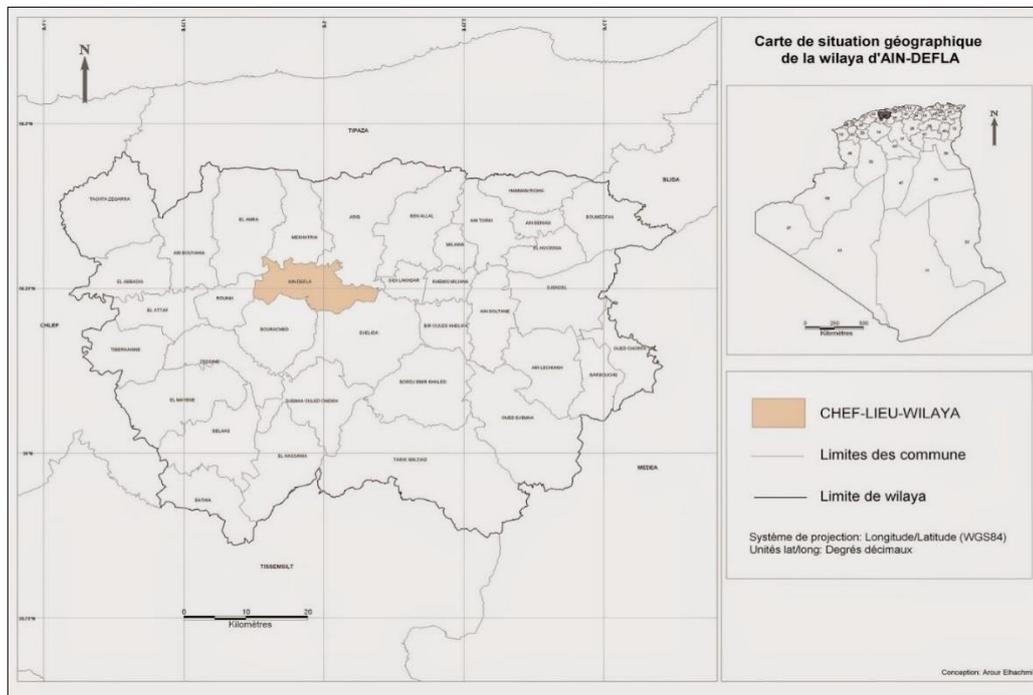


Figure 16 : Situation géographique de la wilaya d'Ain defla [4].

2.1.6.2. Climat, hydrologie, géologie, pédologie, agriculture

La wilaya d'Ain Defla présente un climat méditerranéen semi-aride avec un caractère de continentalité très marqué et un écart de température de 20°C entre les températures du mois de janvier et celle d'août. L'été s'étend sur 5 à 6 mois environ avec des masses d'air chaud à partir du mois de mai. La pluviométrie reste variable et atteint 500 à 600 mm/an.

2.2. Les caractéristiques des variétés d'orges étudiées :

Le matériel végétal est composé de 13 variétés d'orge (*Hordeum vulgare L.*).

2.2.1. Variétés du sud :

Azrir (Figure 17.A) : six rangs, accession d'orge locale Algérienne. Collectée à Adrar, tardif, productif dans les conditions favorables et sensible aux maladies fongiques.

Ras El Mouch (Figure 17.B) : six rangs, accession d'orge locale algérienne, collectée en Adrar, modérément précoce, assez productive dans les conditions favorables et sensible aux maladies fongiques.

Safra (Figure 17.C) : six rangs, accession d'orge locale Algérienne. Collecté à Adrar, productif dans les conditions favorables et sensible aux maladies fongiques.

Saltt (Figure 17.E) : accession d'orge locale Algérienne. Récolté à Adrar, tardif, productif dans les conditions favorables et sensible aux maladies fongiques. (Considéré comme la première variété d'orge cultivée dans le sud de l'Algérie).

Bourabaa, Ghir et Chater : ce sont des accessions locales traditionnelles cultivés dans les oasis par les agriculteurs.

2.2.2. Variétise du Nord :

Saida 183 (Figure 17.E) est une orge à 6 rangs, issue des populations locales. Elle est de type printemps, à paille haute, sensible à l'Helminthosporiose. Elle est cultivée sur une large gamme d'environnements, et occupe 74% de la sole réservée à la production de semences au niveau national (Boufenar et Zaghouane, 2004).

Acsad176 (Figure 17.F) est une orge à 6 rangs, de type printemps, sélectionnée par la station de Tiaret à la fin des années 1970 dans le cadre du programme de coopération avec l'ACSAD. Elle donne de bons rendements en absence du gel tardif. Elle a été retirée du programme de multiplication de semences des hauts plateaux de l'est, à cause de sa forte sensibilité au gel tardif (Bouzerzour, 1990).

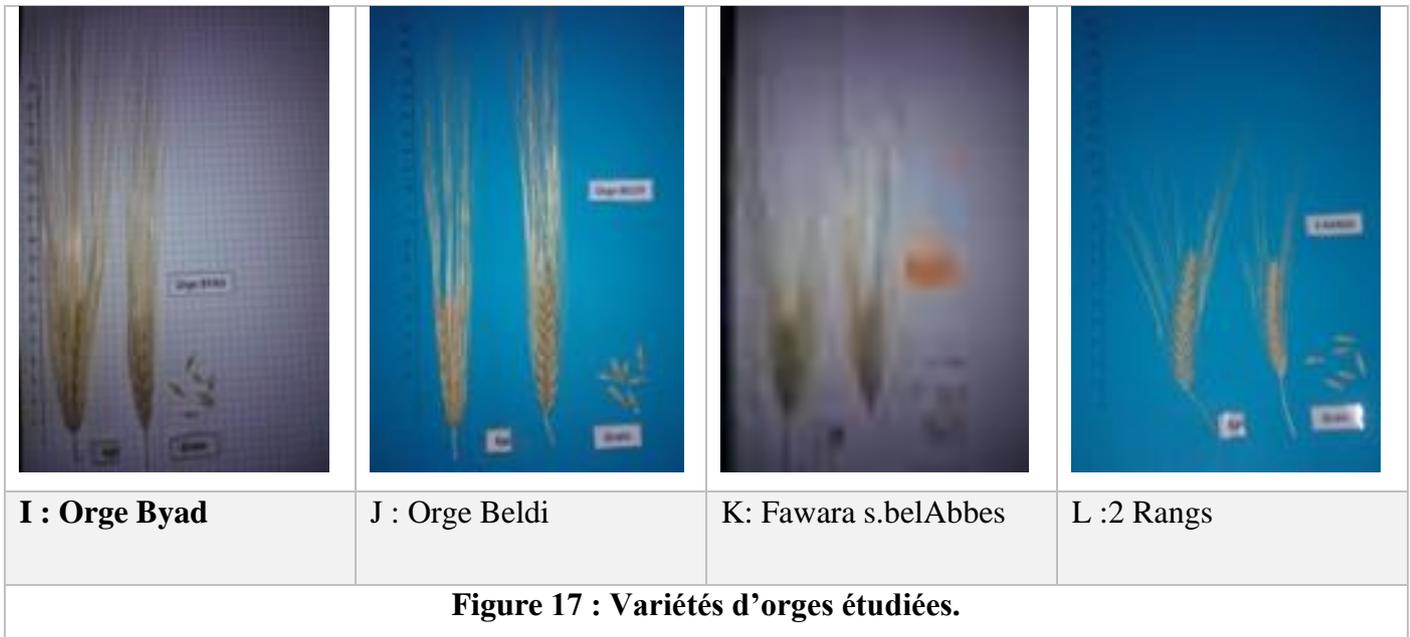
Rihane 03 (Figure 17.G) est une orge à 6 rangs, de type printemps, très sensible aux gels tardifs, très performante lors des années sans froid excessif. C'est une sélection de la station (ITGC) de Sidi Bel Abbés. C'est une variété très productive dans les plaines intérieures et les hauts – plateaux de l'ouest (Benmahamed *et al.* 2001).

Fouara (Figure 17.H) est une orge à 6 rangs, elle est le résultat d'une sélection de la station de l'institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) de Sétif, sélection faite à l'intérieur du matériel en ségrégation provenant de l'ICARDA (International Center of Agricultural Research in Dry Areas), en 1991/92 (Benmahammed *et al.* 2001). C'est une variété très productive et de bonne stabilité, elle fut inscrite au catalogue national depuis 1997 (Benmahammed *et al.* 2001, Menad *et al.* 2011).

Tichedrett : est une orge à 6 rangs, issue des populations locales, elle est le résultat d'une sélection de la station de l'institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) de Sétif. Résistante au froid. Très productive dans les plaines intérieures et hauts- plateaux.

Orge à 2 rangs (Figure 17.L) sélectionnée par la station de Sétif, au début des années 1990, à l'intérieur des pépinières de l'ICARDA. Elle est légèrement plus productive que les variétés locales. (Menad *et al.* 2011).





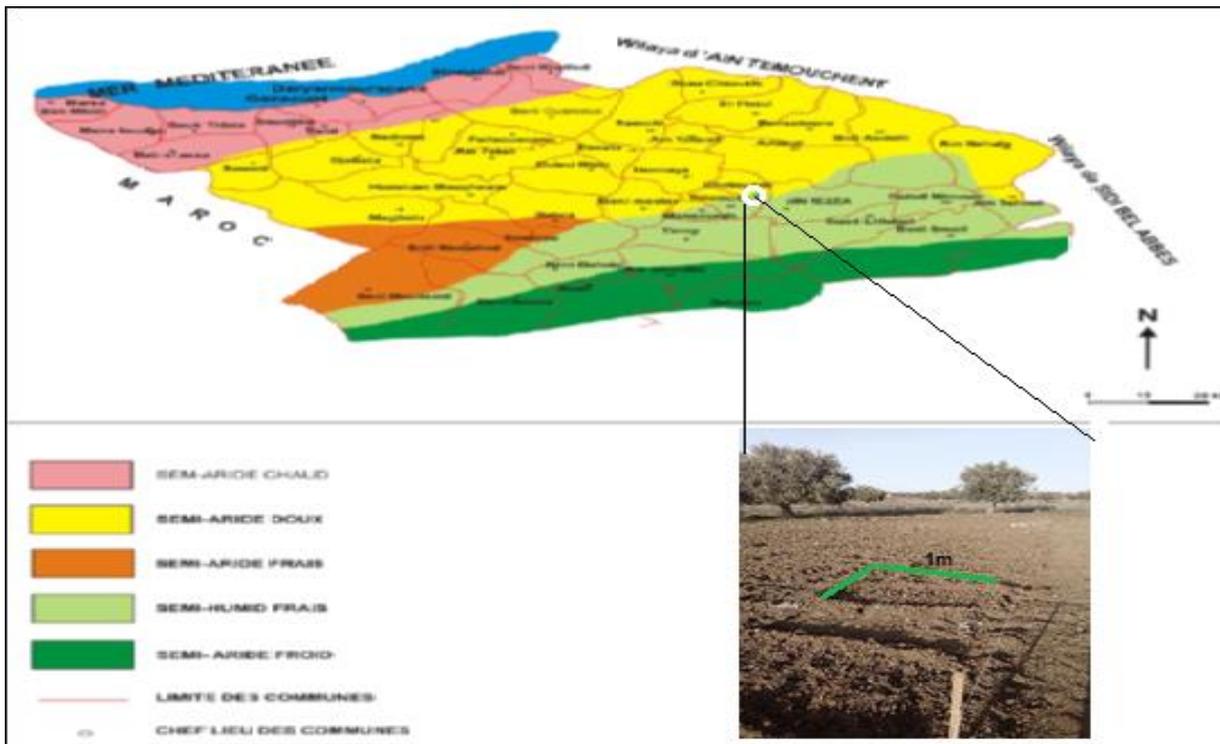
2.3. Conditions expérimentales :

Site, climat, matériel végétal et dispositif expérimental

Afin d'évaluer la diversité variétale, un essai de caractérisation agro-morphologique a été mené au cours de la campagne agricole 2016-2017, au site expérimental de Saf Saf ; localisé dans la partie occidentale du Nord-Ouest algérien (région de Tlemcen).

L'expérience a été conduite sur les terres de la Ferme pilote FSPP de Saf Saf, située à 10 km au Nord de Tlemcen -ville (34°52'N, 1°17' O, 678 m). Le sol est de texture limono-argileuse, avec 26% d'argile, 27% de limons et 47% de sable, le taux de calcaire total (CaCO₃) est moyen avec une valeur de (12 %) et de pH 7.56. (Taibi,2014).

Le site expérimental, dont l'altitude moyenne est de 678 m, appartient à l'étage bioclimatique Semi- aride (Figure 18), dont le climat est de type méditerranéen caractérisé par deux saisons : l'un est un Saison hivernale : courte et froide s'étale d'Octobre à Mars, caractérisée par l'irrégularité pluviométrique et l'autre est un Saison estivale : longue et sèche. Caractérisée par la moyenne des précipitations et de fortes chaleurs, peut s'étaler de 6 à 8 mois.et se caractérise par des précipitations qui varie entre 545 à 345,21 mm. Le mois de Janvier a le plus froid généralement avec le minimal de 2.92°C et les moyennes maximales du mois chaud d'Août (31.25°C).



○ Site expérimental

Figure 18 : Carte climatique en 1980 de la région de Tlemcen.

Le matériel végétal étudié au cours de notre expérimentation est composé de 34 accessions d'orge (*Hordeum vulgare* L.). Le dispositif expérimental a été réalisé après le travail du sol qui consiste en un ameublissement de ce dernier. Une fois le sol nivelé, un traçage des carrées a été effectuée.

Le matériel végétal est semé sur une parcelle élémentaire d'une rangée de 1m de long. L'écartement entre les lignes était de 0,2 m ; avec une distance inter-bloc de 1 m. Chaque carré n'est occupé que par une seule variété.

La conduite de l'essai a été suivie de façon régulière pendant toute la durée de l'expérimentation, où nous avons relevés régulièrement les données pour chaque opération.

2.4. Paramètres mesurés :

Au cours de la campagne agricole, sur chacune des lignées, les accessions ont été évaluées sur traits caractères (quantitatifs et qualitatifs). Le but de l'analyse de ces paramètres est d'identifier et caractériser les géotypes étudiés sur la base des recommandations de l'UPOV (1994).

2.4.1. Caractères qualitatifs :

Les 18 caractères qualitatifs sont : le port d'épi (EA), Nombre des rangs (NR), La forme d'épi (ES), Rachis: incurvation du premier article (CFS), Epillet stérile : disposition (au tiers moyen de l'épi) (ATE), Epillet médian : longueur de la glume et de sa barbe par rapport au grain MS/G), Grain : type de pilosité de la baguette (RH) , Glumelles : forme de la base (SB), Couleur des barbes(AC), Grain: denticulation

des nervures latérales internes de la face dorsale de la glumelle inférieure (SL) ,Disposition of lodicules(DL), Grain nu : couleur de la couche d'aleurone (Ck), Épi : forme de l'extrémité (ESE) , Alignement des articles au niveau intermédiaire de l'épi (zig zag),Grain : pilosité du sillon (HVF), Bosse d'articles au niveau intermédiaire de l'épi (BA), Barbes: pigmentation anthocyanique des pointes (Pig) Barbes : longueur par rapport à l'épi (AIE).

Tableau 04 : caractères qualitatifs étudiés : nom, code, variabilité et unité (UPOV ,1994)

Caractère	Code	Variabilité	Unité
Epi : port	EA	Dressé	1
		Demi-dressé	3
		Horizontal	5
		Retombant	7
		Très retombant	9
Epi : forme	ES	Pyramidal	3
		A bords parallèles	5
		Fusifforme	7
Barbes : longueur par rapport à l'épi	AIE	Courtes	3
		Moyennes	5
		Longues	7
Rachis: curvature of first segment	AC	Faible	3
		Moyenne	5
		Forte	7
Epillet stérile : disposition (au tiers moyen de l'épi)	ATE	Non divergents	1
		Non divergents à faiblement divergents	2
		Divergents	3
Rachis : incurvation du premier article	CFS	Nulle ou très faible	1
		Faible	3
		Moyenne	5
		Forte	7
		Très forte	9
Epillet médian : longueur de la glume et de sa barbe par rapport au grain	MS/G	Plus courtes	1
		De même longueur	2
		Plus longues	3
Grain : type de pilosité de la baguette	RH	Courte	1
		Longue	9
Grain : denticulation des nervures latérales internes de la face dorsale de la glumelle inférieure	SL	Nulle ou très faible	1
		Faible	3
		Moyenne	5
		Forte	7
		Très forte	9
Grain : pilosité du sillon	HVE	Absente	1
		Présente	9
Grain : disposition des lodicules	DL	Frontales	1
		Latérales	2
Grain nu : couleur de la couche d'aleurone	CK	Blanchâtre	1
		Faiblement colorée	2
		Fortement colorée	3
Barbes: pigmentation anthocyanique des pointes	Pig	Absente	1
		Présente	9
Epi : nombre de rangs	NR	Deux	1
		Plus de deux	2
Bosse d'articles au niveau intermédiaire de l'épi	BA	Absente	1
		Présente	9
Épi : forme de l'extrémité	ESE	Pyramidal	3

		A bords parallèles	5
		Fusifforme	7
Alignement des articles au niveau intermédiaire de l'épi	Zig	Faible	3
		Moyenne	5
		Forte	7
Glumelles : forme de la base	SB		

Les notations de la couleur des barbes (CB) la pigmentation anthocyanique des pointes des barbes (Pig) sont des estimations visuelles faites sur les épis à maturité et les grains après battage de chaque accession et la couleur de la couche d'aleurone des grains est observée après avoir mis le grain nu dans l'eau pour 12 heures, par l'utilisation d'une loupe. Les autres caractères sont des notations qui ont été faite au stade maturité et comprend chacun des classes suivant les codes (schémas) de l'UPOV (Annex 01).

2.4.2. Caractères quantitatifs

Les 12 caractères quantitatifs sont : Longueur de la plante (PL), Hauteur de la tige (SL), Longueur d'épi (EL), Longueur d'épi sans barbes (EL/excA), Nombre des grains par épi (NG/E), Longueur des barbes (AL), Densité des grains par épi (DG/E), Largeur d'épi (EW), Densité d'épi (ED), Rachis : Longueur du premier article (mm)(R/ls), Longueur du grain (mm)(GL), Largeur du grain (mm)(GW).

Une transformation des caractères quantitatifs en classes a été réalisée, ainsi toutes les données des accessions pour chaque caractère ont été prises en compte. Cette transformation a été réalisée avec la fonction cut du logiciel R, qui divise l'étendue des valeurs en nombre de classes souhaité (quatre), et détermine les limites de chacune des classes.

Tableau 05 : Caractères quantitatifs mesurés : nom, code et classes

Caractère	Code	Classe
Longueur de la plante	PL	[40.1-68.1 [[68,1;80,6 [[80,6 ;94[[94 ;134,2[
Hauteur de la tige	SL	[24,5;49,6 [[49,6; 60,5[[60,5;72,6[[72,6;113[
Longueur d'épi	EL	[10,2 ; 16,62[[16,62 ;18,45 [18,45;20,07[[20,07;25,2[
Longueur d'épi sans barbes	EL/excA	[3,2;5,2 [[5,2; 5,9[[5,9;6,8[[6,8;10,2[

Longueur des barbes	AL	[3,7;11 [[11;12,4 [[12,4;13,7[[13,7;17,9[
Largeur d'épi	EW	[0,49;0,95 [[0,95;1,05 [[1,05;1,13[[1,13;1,8[
Densité d'épi	ED	[0,3;0,42 [[0,42;0,88 [[0,88;2,43[[2,43;5,4[
Nombre des grains par épi	NG/E	[8;27 [[27 ; 35[[35 ;43[[43 ;69[
Densité des grains par épi	DG/E	[0,24 ;1,23[[1,2 ;1,65 [[1,65 ;2,15[[2,15 ;4,59[
Rachis : Longueur du premier article	R/l _s	[0,06 ;0,2 [[0,2 ; 0,24[[0,24 ;0,28[[0,28 ;0,52[
Longueur du grain	GL	[0,56 ;1 [[1 ;1,06 [[1,06 ;1,12[[1,12 ;1,4[
Largeur du grain	GW	[0,22;0,32 [[0,32;0,35 [[0,35 ;0,38[[0,38 ;0,46[

La hauteur de la plante (SL), est la hauteur moyenne de 30 plantes d'une accession, mesurée à maturité en cm, du sol jusqu'au sommet de l'épi. La hauteur est considérée comme étant la longueur depuis le collet jusqu'à la base de l'épi, les mesures ont été effectuées sur 30 tiges prises au hasard au niveau de chaque parcelle. La longueur de l'épi (LE) est la longueur moyenne (sans barbe) de 30 épis à maturité d'une accession à partir de la base de l'épi (1^{er} article du rachis) jusqu'au sommet des barbes. La longueur de la barbe (LB) est mesurée à maturité et en cm. La densité de l'épi (DE) est une mesure des épis d'une accession par l'utilisation d'une balance. La largeur d'épi, la longueur et la largeur des grains d'un échantillon de 30 épis ont été mesurés par l'utilisation du pied à coulisse. Le nombre de grains par épi a été obtenu par comptage manuel des 30 échantillons prélevés de chaque parcelle. Le poids de mille

grains (PMG) a été déterminé à partir d'échantillons secs de 1000 grains provenant de 30 plantes choisies au hasard par accession.

2.5. Analyses statistiques

Les tests statistiques ont été réalisés par le logiciel R (version R 2.13.1)

2.5.1. Indice de diversité de Shannon-Weaver :

L'indice est calculé comme suit :

$$H = - \sum_{i=1}^n P_i \ln P_i$$

Avec

H : Indice de diversité de Shannon et Weaver

P_i : Fréquence de chaque classe phénotypique i d'un caractère donné

n : Nombre de classes phénotypiques de chaque caractère

L'indice (H) est converti vers l'indice relatif de diversité phénotypique (H') en le divisant par sa valeur maximale H max (Ln (n)) afin d'obtenir des valeurs comprises entre 0 et 1.

$$H' = - \sum_{i=1}^n P_i \ln P_i / \ln(n)$$

L'indice relatif de diversité (H') atteint sa valeur minimale qui est égale à zéro pour les caractères monomorphes. Par ailleurs, la valeur de cet indice augmente avec le degré de polymorphisme et atteint une valeur maximale (1) lorsque toutes les classes phénotypiques présentes des fréquences égales.

2.5.2. L'analyse en composants principales (ACP) :

L'ACP a pour but de condenser et réduire des données quantitatives. Le prétraitement doit être soit centré soit centré-réduit. Le programme calcule la matrice des covariances, la diagonalise, en extrait les valeurs et vecteurs propres.

Les vecteurs propres de la matrice définissent les axes factoriels. Les données du tableau réduit sont ensuite projetées sur ces axes. Les coefficients de corrélation étant toujours compris entre -1 et +1, le programme affiche le cercle de corrélation de rayon 1. La méthode s'applique lorsque les données sont quantitatives (ou qualitatives avec recodage)

Cette méthode d'analyse permet de grouper les variables corrélées entre elles en un nombre réduit de facteurs principaux.

2.5.3. Classification hiérarchique ascendante (CAH) :

La classification hiérarchique ascendante des génotypes est réalisée par la méthode d'agrégation : Moyennes non pondérées des génotypes associés.

3. Caractérisation moléculaire et diversité génétique :

3.1. Germination et plantation

Pour chaque accession, 3 graines ont été mises en germination, dans des pots contenant 2/3 du sol avec 1/3 de la tourbe et placées dans la serre (Figure 19).

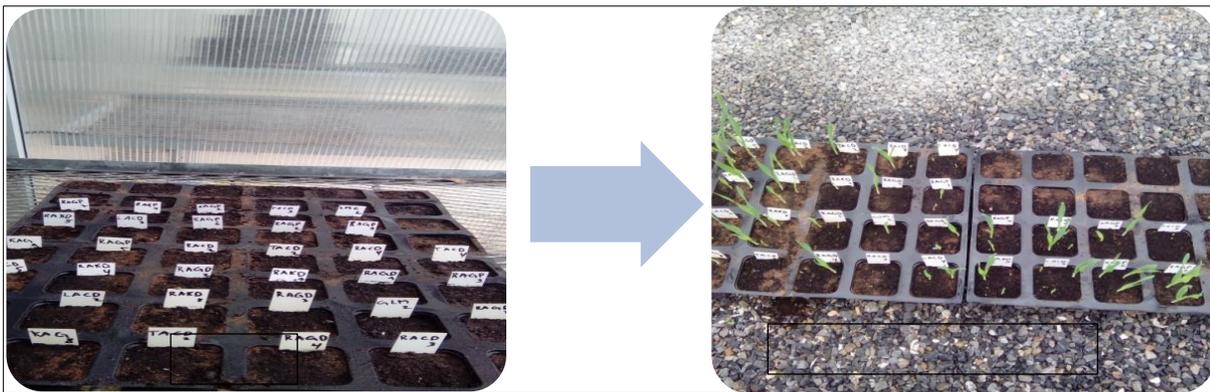


Figure 19 : Mise en place du semis et germination des graines.

3.2. Extraction de l'ADN

L'ADN a été extrait des feuilles collectées à partir des jeunes plantules âgées de 4 semaines en utilisant la technique de Céthyl Bromure de Trimethyl Ammonium (CTAB 2X) (Saghai-Marooft et *al.*, 1984), modifié par (Udupa et *al.*, 1999) [Utilisation de 2 % CTAB au lieu de 1 % CTAB et utilisation d'eau déminéralisée stérile pour dissolution de culot d'ADN au lieu de 10 mM NH₄OAc/0.25 mM EDTA]. 10 mg des feuilles lyophilisées sont mis dans un tube de 2 mL et ont été broyées mécaniquement, auxquelles sont ajoutées deux fois 750 μ L du tampon d'extraction CTAB 2X (Figure 20, b, c), (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, 2% CTAB et 0.2% β Mercapto-éthano 1 ; voir Annexe 2) préalablement chauffé à 65°C. L'extrait est légèrement mélangé, puis incubé dans un bain marie à 65°C pendant 45 min à 60 mn (Figure 20, f), avec agitation toute les 15 à 20 minutes. 500 μ L du mélange chloroforme/alcool isoamylique sont ajoutés à l'extrait, et agités vigoureusement pendant 5 mn (Figure 20, g). L'extrait est centrifugé à 13000 trs/mn à température ambiante pendant 15 mn (Figure 20, h). 1 mL du surnageant est récupéré dans de nouveaux tubes de 2 ml, puis l'ADN est précipité avec 750 μ l d'isopropanol (Figure 20, i) et en remuant doucement jusqu'à l'homogénéisation de la solution avec l'isopropanol et la formation des filaments d'ADN.

Le culot d'ADN est, ensuite, récupéré par centrifugation à 4°C à 13000 trs/mn pendant 10 mn. Puis lavé avec 1 mL d'éthanol à 70%. Sous la hotte, le culot est séché de toutes gouttes d'éthanol, Ensuite, le culot est dissout dans 100 µL d'eau distillée stérile et stocké à 4°C pendant une nuit. Après cette incubation à 4°C, le mélange est centrifugé pendant 5 mn à 13000 trs/mn afin de faire sédimenter toute impureté restante dans le tube. Par la suite, la solution d'ADN est récupérée dans de nouveaux tubes de 1.5 ml. Cette solution va être utilisée comme stock d'ADN. Des dilutions sont réalisées selon les résultats du test qualité de l'ADN.

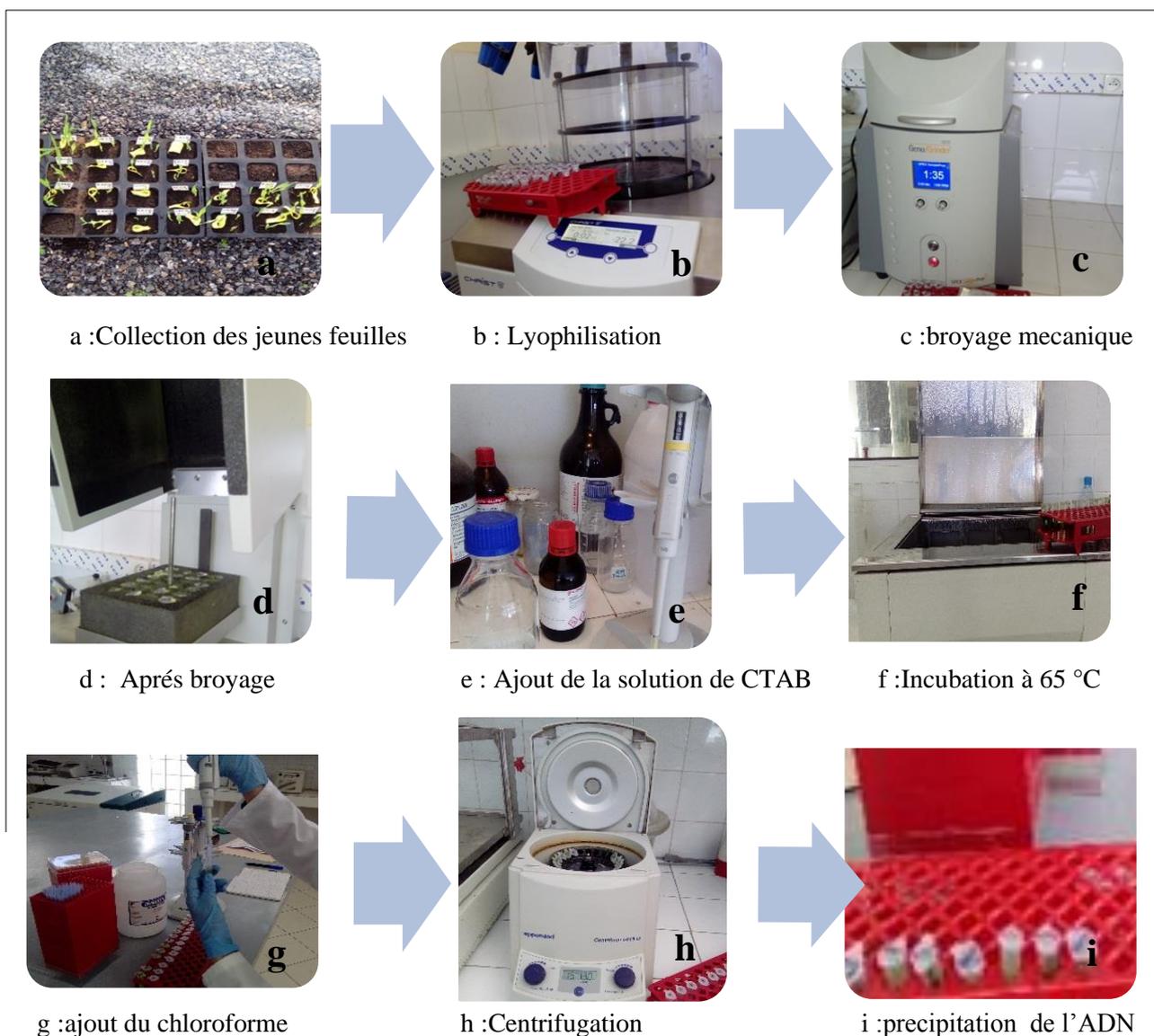


Figure 20 : Etapes d'extraction de l'ADN

3.3. Test de qualité de l'ADN

La qualité d'ADN isolé est déterminée par l'estimation de sa concentration en comparant l'intensité de la bande de l'ADN avec les bandes du marqueur de taille leader Lambda DNA/EcoRI + HindIII. Ce test est réalisé sur gel d'agarose 1.2% et les bandes sont visualisées par un système d'analyse de gel après coloration avec le bromure d'éthidium BET.

3.3.1. Etapes de test de qualité :

3.3.1.1. Préparation du gel :

On mélange dans le 1X TBE à raison de 1.2 g de poudre d'agarose pour 100 mL. Ce mélange est fondu au four à micro-ondes, en surveillant pour éviter le bouillage et en l'agitant de temps en temps pour homogénéiser. Le mélange est refroidi dans un bassin rempli d'eau froide et sous agitation jusqu'à l'atteinte d'environ 60°C.

Les joints et les peignes sont fixés dans la cuve (du type Scie-Plas). Les peignes ont pour fonction de former les puits. Il faut absolument régler le niveau support du gel pour qu'il soit parfaitement horizontal. Ensuite, le gel est coulé doucement en veillant à ce qu'il entoure toutes les dents des peignes. Après un temps suffisant pour la solidification du gel, les peignes et les joints sont enlevés et le gel est placé dans l'appareil, puis immergé dans le tampon de migration TBE 1X.

3.3.1.2. Electrophorese sur gel d'agarose

Les peignes construisent des puits, et dans chaque puit on dépose (10 μ l du mélange) (Figure 21, a) :

- 3 μ L d'ADN ;
- 4 μ L d'eau distillée stérile ;
- 3 μ L de bleu d'agarose.

Après le dépôt des échantillons, La cathode est placée vers le haut et l'anode en bas ce qui permet la migration de l'ADN du pôle négatif vers le positif. La migration se fait en présence du tampon TBE 1X (Annexe 03). Le générateur est réglé à 80 V. Après 15 mn, le voltage est augmenté à 100 V, la migration dure de 60 à 75 mn. Après migration, le gel est coloré dans la solution du bromure d'éthidium (Annexe 04), pendant 30 min ensuite, ce gel est rincé dans l'eau distillée, pendant 20 mn (Figure 21, c). Les bandes sont visualisées sous les rayons ultraviolets UV (Figure 21, d). Des photos sont prises à l'aide d'un système d'analyse d'images spécifique pour les gels (BIO RAD Molecular Imager Gel Doc XR+) (Figure 21, e, f).

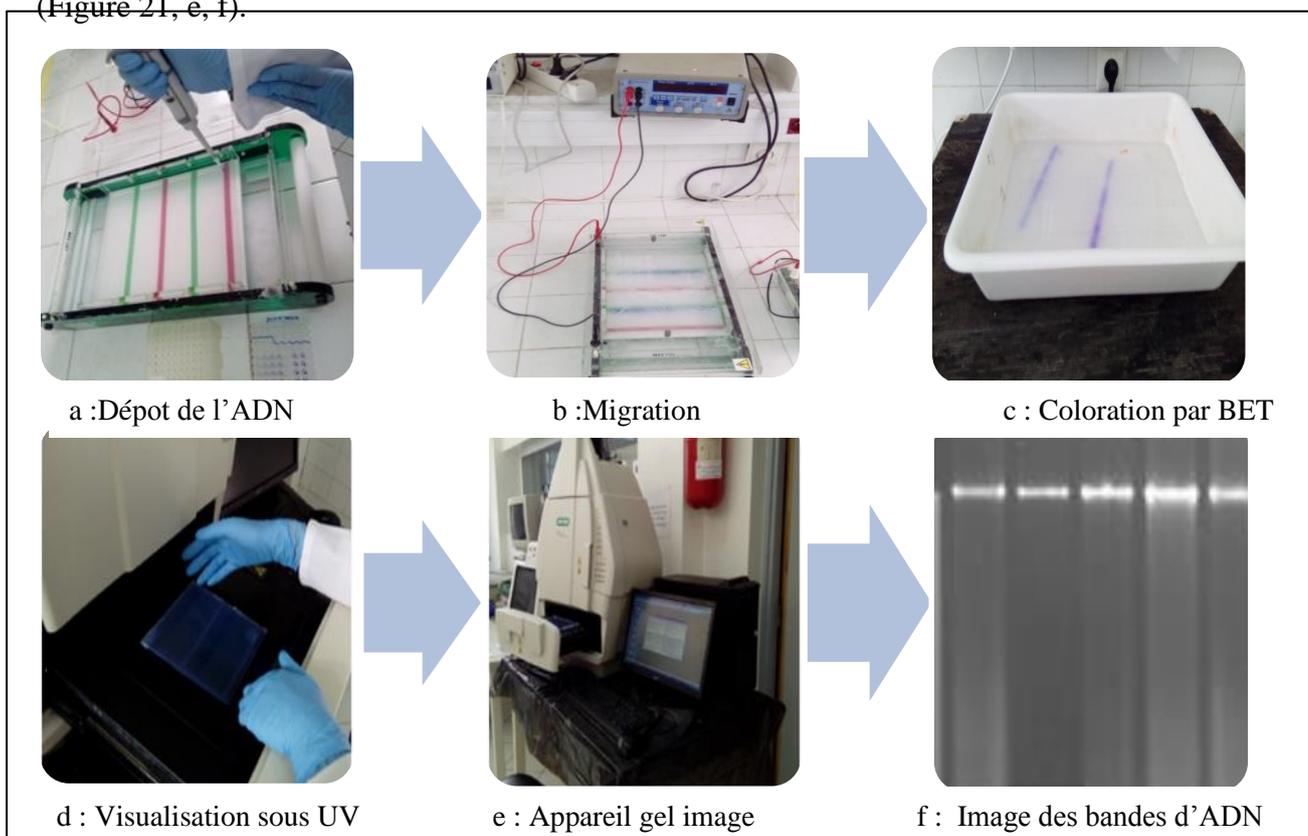


Figure 21 : Electrophorèse sur gel d'Agarose.

3.4. Microsatellite markers

3.4.1. Amplification de l'ADN extrait par PCR

La réaction d'amplification en chaîne de l'ADN extrait a été réalisée dans un volume final de 10 μ L contenant 50 ng d'ADN (concentration optimale de l'amplification), 10 pmol/ μ L de chaque amorce (Annexe 04), 0.2 mM de dNTPs (dATP, dCTP, dGTP et dTTP ; 1X tampon Taq et 0.025U Taq

polymérase (Figure 22, b). Les conditions standards de la réaction (10 μL dans chaque tube) incluent les éléments et les concentrations suivantes (Tableau 06) :

Tableau 06 : Réactifs utilisés dans la PCR et leurs concentrations.

Composantes (Master Mix)	Volumes pour 1 réaction	Volumes pour 33 réactions
Eau bidistillée stérile	4.375 μL	144.375 μL
5x Tampon Taq	2 μL	66 μL
25 mM MgCl_2	0.6 μL	19.8 μL
2 mM dNTPs	1 μL	33 μL
Amorce (100 pmole/ μL)	1 μL	33 μL
Taq polymérase (5 U/ μL)	0,025 μL	0.825 μL
ADN (50ng)	1 μL	33 μL
Volume total	10 μL	330 μL

L'amplification a été réalisée dans le thermocycleur Mastercycler (Figure 22, c). Le programme d'amplification était d'abord une phase de dénaturation initiale à 94°C pendant 5min, suivi de 35 cycles de :

- 95°C pendant 30 secs (Dénaturation de l'ADN) ;
- 50°C pendant 30 secs (Hybridation des amorces avec l'ADN) ;
- 72°C pendant 45 secs (Elongation d'ADN).

Une phase finale de l'élongation à 72°C pendant 5mn est réalisée. A la fin une phase additionnelle à 4°C à l'infini.



Figure 22 : Amplification de l'ADN extrait par PCR

La caractérisation moléculaire est faite au laboratoire de l'Unité de Recherche : INRA/ICARDA Rabat .

Vingt sept locus sont testés (27 SSR marqueurs) représentant les chromosomes 1H, 2H, 3H, 4H, 5H, 6H et 7H sélectionnés pour le génotypage des 33 accessions d'orge Algériennes qui sont :HVM14,HVM22,HVM65,Bmag0206(Varshney,RK etal2007),HVLEU(Becker,J and Heun,M 1 995),Bmac0093,Bmac0316,Bmac0067,Bmac0113,Bmac0040,Bmac0134,Bmac0096,Bmac0018,Bmac0209,Bmac0273,Bmac0032,Bmac0156,Ebmac0806,Ebmac0705,Bmag0013,Bmag0378,Bmag0009, Bmag0120, (Ramsay,L etal2000) ,Bmac0213, Bmac0181, HVM74(Hearnden PR et al (2007)).(Les séquences d'amorces et les informations sur ces 27 marqueurs SSR étaient disponibles dans la littérature. Et sont résumées dans le Tableau 07:

Tableau 07 : Nom du locus, la localisation chromosomique, la séquence d'amorces et le motif répétitif des 27 marqueurs SSR utilisés

<i>Name</i>	<i>Chr</i>	<i>Repeat</i>	<i>Size</i>	<i>Primer sequeuse</i>
Bmag0013	3H	(CT) ₂₁	151	F:AAGGGGAATCAAAATGGGAG R: TCGAATAGGTCTCCGAAGAAA
Bmac0067	3H	(AC) ₁₈	171	F:AACGTACGAGCTCTTTTTCTA R :ATGCCAACTGCTTGTTAG
Bmac0093	2H	(AC) ₂₄	151	F:CGTTTGGGACGTATCAAT R : GGGAGTCTTGAGCCTACTG
Bmac0213	1H	(AC) ₂₃	168	F : ATGGATGCAAGACCAAC R : CTATGAGAGGTAGAGCAGCC
Bmac0040	6H	(AC) ₂₀	236	F :AGCCCCATCAGATTTACG R : TTCTCCCTTTGGTCCTG
Bmac0181	4H	(AC) ₂₀	177	F:ATAGATCACCAAGTGAACCAC R: GGTTATCACTGAGGCAAATAC
Bmac0113	5H	(AT) ₇ (AC) ₁₈	187	F:TCAAAAGCCGGTCTAATGCT R:GTGCAAAGAAAATGCACAGATAG
Bmac0134	2H	(AC) ₂₈	148	F:CCAACTGAGTCGATCTCG R :CTTCGTTGCTTCTCTACCTT
Bmac0096	5H	(AT) ₆ (AC) ₁₆	173	F:GCTATGGCGTACTATGTATGGTTG R :TCACGATGAGGTATGATCAAAGA
Bmac0316	6H	(AC) ₁₉	135	F:ATGGTAGAGGTCCCAACTG R :ATCACTGCTGTGCCTAGC
Bmac0018	6H	(AC) ₁₁	138	F:GTCCTTTACGCATGAACCGT R : ACATACGCCAGACTCGTGTG
Bmac0209	3H	(AC) ₁₃	176	F:CTAGCAACTTCCCAACCGAC R :ATGCCTGTGTGTGGACCAT
Bmac0273	7H	(AC) ₂ (AG) ₂₀	186	F:ACAAAGCTCGTGGTACGT R: AGGGAGTATTTACCCTTG
Bmac0032	1H	(AC) ₇ T(CA) ₁₅ (AT) ₉	215	F:CCATCAAAGTCCGGCTAG R GTCGGGCCTCATACTGAC
Bmac0156	6H	(GA) ₁₃	0.162	F:AGGAAGTCATTGCGTGAG R:TGATCAAGAATGATAACATGG
Bmag0378	2H	(AG) ₁₄	147	F : CTTTTGTTTCCGTAGCATCTA R ATCCAACCTATAGTAGCAAAGCC
Bmag0009	6H	(AG) ₁₃	172	F:AAGTGAAGCAAGCAAACAACA R :ATCCTTCCATATTTGATTAGGCA
Bmag0120	7H	(AG) ₁₅	230	F:ATTCATCCCAAAGGAGAC R GTCACATAGACAGTTGTCTTCC

Bmag0206	7H	(GT) ₅ (AG) ₁₄	239	F:TTTTCCCCTATTATAGTGACG R:TAGAACTGGGTATTCCTTGA
Ebmac0705	3H	(AC) ₁₆	150	F:GTGAAAACTGAGTGAAACTC R TTGAGGAGAAGTAATGACGAT
Ebmac0806	6H	(CA) ₄ (GA)(CA) ₈ (CA) ₅	168	F:ACTAAGTCCTTTCACGAGGA R :GTGTGTAGTAGGTGGGTA CTG
HVM22	6H	(AC) ₁₃	0.167	F:TTTTGGGGGATGCCTACATA R TTTCAAATGGTTGGATTGGA
HVM65	6H	(GA) ₁₀	0.129	F:AGACATCCAAAAAATGAACCA R:TGGTAACTTGTCCCCAAAG
HVM14	6H	(CA) ₁₁	0.158	F:CGATCAAGGACATTGGGTAAT R :AACTCTTCGGGTTCAACCAATA
HVM74	6H	(GA) ₁₃	0.162	F:AGGAAGTCATTGCGTGAG R:TGATCAAGAATGATAACATGG
Hvleu	5H	(ATTT) ₄	0.166	F:TTGGAAGTGTACAGCAATGGAG R TGAAAGGCCCCACAAGATAG
Ryd2	3H			

3.5. Electrophorèse sur gel d'acrylamide

3.5.1. Préparation de gel d'acrylamide

La solution de gel d'acrylamide constituée d'acrylamide qui est l'unité de base, de bis-acrylamide (N, N méthylène-bisacrylamide) et tampon TBE 1x. Les gels de polyacrylamide peuvent varier en composition. La réaction de polymérisation se fait grâce à l'ajout de deux substances réactives : le TEMED (Tétra-méthylène-diamine) et le persulfate d'ammonium (Figure 23, a).

25 .

3.5.2. Traitement des plaques et écoulement du gel

Les plaques en verre sont préparées par rinçage à la solution de NaOH, qui élimine les traces du gel précédent, puis à l'eau distillée et essuyées avec du papier absorbant imbibé d'eau distillée. Les plaques sont ensuite, fixées entre elles par les crochets (Figure 23, b).

Les peines sont insérées entre les plaques. La solution d'acrylamide 8% (100 mL ou 150 mL selon l'épaisseur des espaceurs entre les plaques) est coulée doucement en évitant la formation des bulles d'air sur le gel.

3.5.3. Montage de la cuve

Les deux plaques sont installées sur la cuve remplie de TBE 0.5X. Les peines sont délicatement retirées afin de ne pas casser ou déformer les puits (Figure23, c).

3.5.4. Dépôt des échantillons et migration

5 μ L du bleu d'acrylamide sont ajoutés (Annexe 04) aux différents échantillons, 7 μ L du produit PCR sont déposés dans les puits. Le marqueur de taille utilisé est celui de 100 bp. La migration s'effectue pendant 2 heures à 300 V.

3.5.5. Révélation

Après migration, le gel est coloré pendant 3mn dans la solution du bromure d'éthidium (Annexe 04), ensuite, ce gel est rincé dans l'eau distillée, pendant 1 mn. Les bandes sont visualisées sous les rayons ultraviolets UV (Figure23, d). Des photos sont prises à l'aide d'un système d'analyse d'images spécifique pour les gels (BIO RAD Molecular Imager Gel Doc XR+).

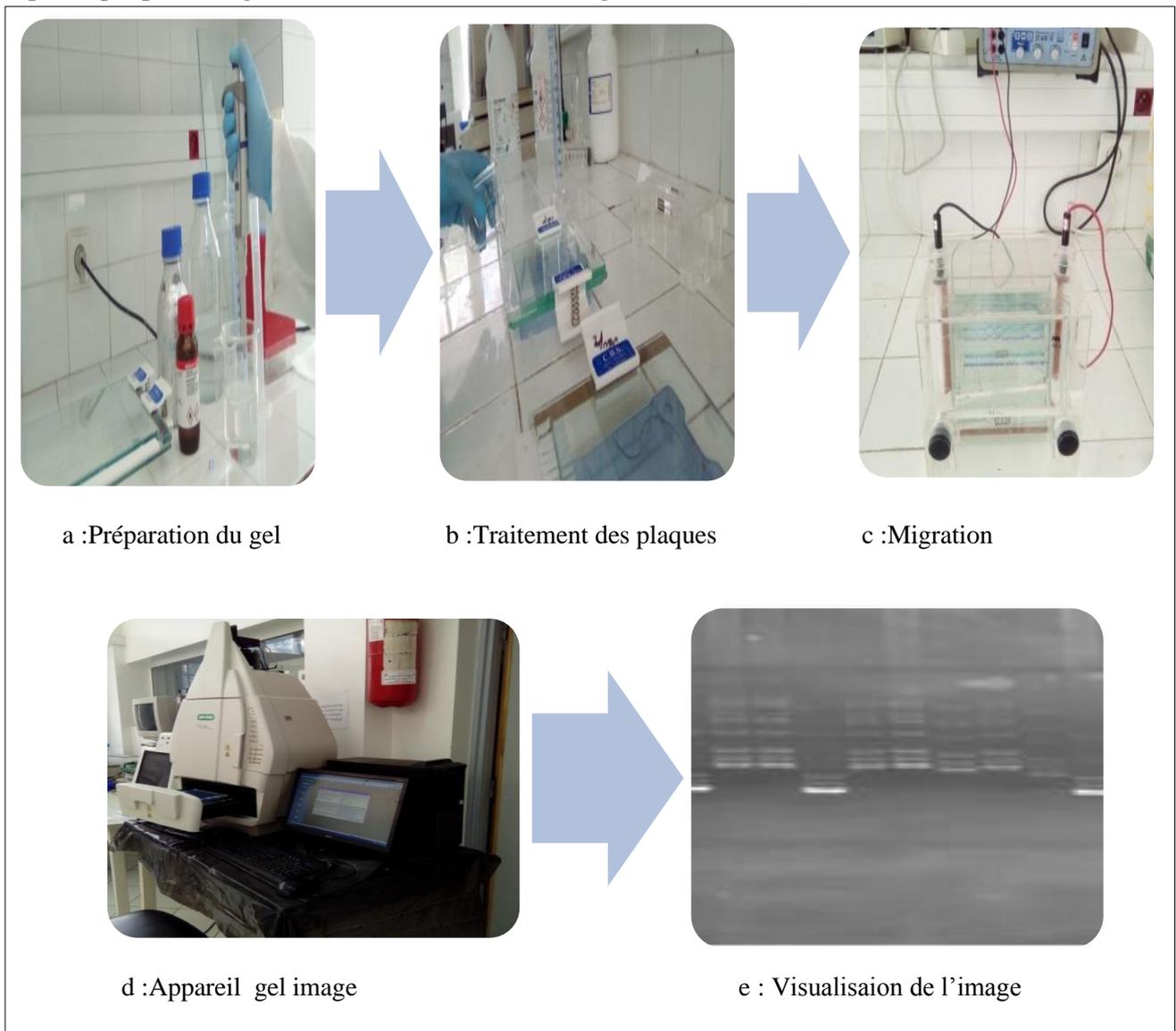


Figure 23 : Electrophorèse sur gel d'acrylamide.

2.2.6. Analyses des données :

Les allèles amplifiés par amorces SSR ont été notés par présence (1) et absence (0) et la diversité génétique a été calculé utilisant l'indice de diversité de Nei, (1987):

$$n/(n-1)(1-\sum p^2)$$

Dont :

- n est le nombre des échantillons et p est la fréquence de l'allèle.

Le logiciel PowerMarker version 3.25 (Liu et Muse, 2005) a été utilisé pour calculer le nombre d'allèles, l'indice de la diversité génétique, et la valeur informative sur le polymorphisme du marqueur PIC (Botstein, 1980), et cela a été fait pour chaque locus.

2.2.6.1. Calcul des fréquences alléliques

La fréquence allélique est calculée comme suit

$$P_i = \frac{\text{Nombre d'allèle pour chaque locus}}{\text{Nombre total d'allèle de tous les locus}}$$

2.2.6.2. Calcul du Polymorphic information content (PIC)

Le PIC ou H estimé est la somme totale du polymorphisme de tous les marqueurs produits par une amorce particulier, il est déterminé en utilisant la formule suivante :

$$PIC = 1 - \sum P_i$$

Où pi est la fréquence allélique à un locus

2.2.6.3. Calcul de l'indice de la diversité génétique (H)

L'indice de la diversité génétique (H) obtenue pour chacune des six amorces SSR a été déterminé en utilisant la formule de Nei

$$H = \frac{n}{n-1} X (1 - \sum p_i^2)$$

n = nombre d'individus analysés ;

pi = Fréquence allélique.

Cette distance s'établie sur un ensemble de locus (>10) afin d'obtenir une meilleure estimation. Si la distance génétique D est par exemple égale à 0,57, cela signifie que 0,57 substitutions alléliques par locus (ou 57 substitutions pour 100 locus) sont survenues au cours de l'évolution séparées des deux populations. La variance de D dépend du nombre de loci analysés et de la taille de l'échantillon (Lazrek Benfriha ,2008).

2.2.6.4. Calcul des distances génétiques

Les distances génétiques entre chaque paire de variété sont calculées à partir de la matrice des individus en réponses aux marqueurs, grâce à l'indice de similitude de Jaccard en utilisant le logiciel (Power marker v 3.25).

Ce type de distance permet d'évaluer la relation entre les populations locales étudiées et le niveau de rapprochement génétique entre elles.

2.2.6.5. Le dendrogramme Neighbor-joining a été construit par la méthode (Saitou et Nei, 1987) utilisant PowerMarker et visualisé employant soit le logiciel MEGA5 (Tamura et al., 2011). Le dendrogramme a été généré sur la base des distances génétiques ou des bandes des profils électrophorétiques en utilisant les 27 marqueurs microsatellites. Il est construit pour exprimer la distance génétique entre 33 accessions d'orge étudiés.

2.2.6.6. L'analyse AMOVA (Analyse de la variance moléculaire) et PCoA (Analyse de la coordination principale) ont été performés par le logiciel GenAlEx 6.5 (Peakall et Smouse, 2012).

Partie III

Résultats et discussion

1. Caractérisation morphologique

1.1. Zones d'études des accessions et variétés d'orge

Dans notre cas on a pris pour zones d'étude la wilaya de Tlemcen, la wilaya de Sidi Bel Abbas, la wilaya de Medea, la wilaya d'Ain Defla, la wilaya d'Adrar et la wilaya de Bechar, on a pris des échantillons, mesuré et analysé leur production et rendement durant les deux campagnes agricoles 2015-2016 (enquête sur terrain) et 2016-2017 (expérimentation).

1.2. Etude variétale d'orge

Les évaluations qui ont pour objectif de décrire la diversité génétique font appel entre autres à des caractères morphométriques. Ces caractères fournissent des informations différentes et complémentaires qui nous renseignent sur les caractéristiques quantitatives et qualitatives. Ils constituent donc le point de départ de l'amélioration génétique dans le domaine des orges.

Dans ce travail on s'est intéressé à des caractères de quantitatives et qualitatives des variétés et accessions d'orge (selon les directives de l'UPOV) cultivé au niveau de la Wilaya de Tlemcen, Sidi Bel Abbas, Adrar, Bechar, Medea et Ain Defla.

Notre étude a été réalisée sur 34 accessions d'orge répartie sur une superficie de 621 542 km². Cette superficie est équivalente à la superficie de la France, le nombre d'accessions étudiées et comparable à celui étudié par Fetien et al. (2009) et Gegnaw et Hadado (2014) d'une population d'orge au Nord et sud d'Ethiopie.

1.3. Diversité des échantillons collectés (enquête sur terrain)

L'indice de Shannon-Weaver, calculé sur la base des fréquences des différentes classes de traits quantitatives et qualitatives, a permis de faire ressortir les niveaux de diversité de nos échantillons (à l'exception de la variété Faouara 2 de la région de Sidi Bel Abbas) (tableau 8 et 9).

Tableau 08 : Indice relatif de diversité des différents caractères quantitatifs des variétés d'orge issues des 6 régions étudiées (enquête sur terrain).

Variety	PL	SL	EL	EL/ex cA	AL	EW	DE	NGE	DG/E	GW	LG	R/ls	H' mean
<i>Sidi Belabbes</i>													
Ascad Sba	0.86	0.93	0.87	0.95	0.85	0.86	0.87	0.91	0.99	0.38	0.91	0.85	0.85
Tichedrett Sba	0.76	0.79	0.80	0.82	0.81	0.96	0.94	0.96	0.96	0.89	0.91	0.95	0.88
2 Rangs Sba	0.42	0.44	0.48	0.77	0.44	0.78	0.76	0.62	0.72	0.31	0.89	0.98	0.63
Saida Sba1	0.67	0.61	0.77	0.93	0.71	0.96	0.67	0.73	0.65	0.91	0.75	0.58	0.75
Saida Sba2	0.74	0.67	0.97	0.82	0.88	0.64	0.88	0.98	0.90	0.71	0.76	0.89	0.82
Rihane Sba	0.68	0.76	0.71	0.53	0.90	0.90	0.93	0.97	0.92	0.70	0.98	0.52	0.79
Fawara Sba	0.84	0.76	0.98	0.81	0.91	0.91	0.98	0.78	0.99	0.84	0.79	0.91	0.88
<i>Mean Sidi Belabbes</i>	0.71	0.71	0.80	0.80	0.78	0.86	0.85	0.85	0.87	0.68	0.86	0.81	0.80
<i>Region Tlemcen</i>													
Saida G3	0.50	0.71	0.32	0.49	0.66	0.68	0.28	0.70	0.28	0.28	0.68	0.91	0.54
Saida G4	0.58	0.00	0.94	0.98	0.87	0.42	0.38	0.61	0.49	0.92	0.34	0.38	0.58
Saida S. Abdli	0.39	0.58	0.48	0.77	0.44	0.80	0.49	0.60	0.72	0.44	0.18	0.18	0.51
<i>Mean Tlemcen</i>	0.49	0.43	0.58	0.75	0.66	0.63	0.38	0.64	0.50	0.55	0.40	0.49	0.54
<i>Region Adrar</i>													
Azrir Ad	0.63	0.63	0.78	0.90	0.91	0.85	0.55	0.61	0.65	0.97	0.93	0.91	0.78
Ras Elmouch Ad	0.11	0.11	0.89	0.95	0.93	0.84	0.92	0.95	0.90	0.91	0.80	0.93	0.77
Ras Elmouch O.Ali	0.28	0.00	0.87	0.93	0.80	0.85	0.78	0.57	0.70	0.91	0.95	0.78	0.70
Saltt Ad	0.71	0.70	0.64	0.74	0.77	0.91	0.89	0.90	0.82	0.72	0.82	0.91	0.79
Safra O.Ali	0.78	0.78	1.00	0.59	0.91	1.00	0.87	0.99	0.85	0.92	0.94	0.92	0.88
Bourabaa Ad	0.98	0.98	0.93	0.93	0.79	0.93	0.82	0.99	0.80	0.90	0.49	0.90	0.87
Bourabaa Ker	0.98	0.95	0.97	0.82	0.97	0.91	0.97	0.92	0.93	0.94	0.88	0.98	0.94
Zraa Beldi Ad	0.58	0.54	0.98	0.97	0.76	0.32	0.71	0.72	0.58	0.78	0.77	0.96	0.72
Chater Ad	0.76	0.68	0.78	0.68	0.45	0.99	0.89	0.95	0.94	0.96	0.77	0.86	0.81
Chater Ker	0.66	0.63	0.77	0.88	0.67	0.82	0.98	0.97	0.95	0.88	0.87	0.88	0.83
<i>Mean Adrar</i>	0.65	0.60	0.86	0.84	0.80	0.84	0.84	0.86	0.81	0.89	0.82	0.90	0.81
<i>Region Bechar</i>													
ZraaByad Bechar	0.11	0.00	0.76	0.99	0.60	0.91	0.95	0.89	0.86	0.92	0.67	0.58	0.69
Zraabyad B.Abbes	0.18	0.18	0.48	0.54	0.59	0.97	0.60	0.70	0.69	0.81	0.97	0.68	0.62
Saida Bechar	0.36	0.42	0.81	0.84	0.82	0.86	0.77	0.85	0.84	0.80	0.83	0.94	0.76
Saida B.Abbes	0.11	0.52	0.93	0.83	0.94	0.75	0.16	0.85	0.78	0.94	0.78	0.00	0.63
Ghir Bechar	0.97	0.95	0.89	0.84	0.72	0.86	0.98	0.98	0.99	0.89	0.80	0.91	0.90
Safra Bechar	0.11	0.11	0.68	0.58	0.66	0.87	0.83	0.71	0.91	0.88	0.87	0.65	0.66
Safra B.Abbes	0.49	0.46	0.98	0.74	0.75	0.84	0.82	0.61	0.79	0.82	0.63	0.94	0.74
<i>Mean Bechar</i>	0.33	0.38	0.79	0.77	0.73	0.86	0.73	0.80	0.84	0.87	0.79	0.67	0.71
<i>Region Ain Defla</i>													
Rihane Ain.D	0.68	0.71	0.74	0.58	0.80	0.94	0.91	0.66	0.94	0.97	0.86	0.11	0.74
Fawara Ain.D	0.11	0.00	0.76	0.59	0.68	0.97	0.85	0.98	0.96	0.97	0.97	0.56	0.70
Saida Ain.D	0.49	0.65	0.76	0.75	0.84	0.89	0.93	0.78	0.96	0.92	0.91	0.77	0.81
<i>Mean Ain Defla</i>	0.43	0.46	0.75	0.64	0.77	0.93	0.90	0.81	0.96	0.95	0.91	0.48	0.75
<i>Region Media</i>													
Saida M	0.91	0.82	0.98	0.93	0.97	0.91	0.90	0.95	0.93	0.98	0.86	0.89	0.92
Rihane M	0.42	0.42	0.58	0.64	0.79	0.95	0.84	0.44	0.82	0.77	0.71	0.54	0.66
Tichedrett M	0.18	0.00	0.84	0.78	0.67	0.98	0.57	0.36	0.68	0.95	0.28	0.52	0.57
<i>Mean Ain Defla Region</i>	0.50	0.41	0.80	0.78	0.81	0.95	0.77	0.58	0.81	0.90	0.61	0.65	0.71
Mean	0.54	0.52	0.79	0.78	0.76	0.85	0.77	0.79	0.81	0.81	0.77	0.72	0.74

Tableau 09 : Indice relatif de diversité des différents caractères qualitatifs et régions étudiés (enquête sur terrain).

Variété	EA	ES	HVF	CFS	ATE	MS/G	SL	D L	RH	SB	zig	BA	Pig	AC	KC	AIE	ESE	N R	H' Mean
Sidi Belabbes																			
Ascad sba	0.54	0.22	0.35	0.80	0.56	0.61	0.20	0.57	0.21	0.35	0.53	0.21	0.35	0.22	0.30	0.58	0.69	0	0.39
tichedrett sba	0.40	0.87	0.35	0.88	0.73	0.72	0.66	0.21	0.79	0.84	0.45	0.98	0.51	0.61	0.86	0.82	0.49	0	0.62
2 rang sba	0.65	0.30	0.21	0.36	0.41	0.45	0.09	0.65	0.21	0.35	0.78	0.97	0.31	0.03	0.00	0.80	0.41	0	0.39
saida sba1	0.82	0.58	0.73	0.89	0.36	0.62	0.46	0.65	0.00	0.00	0.56	0.21	0.58	0.61	0.57	1.00	0.36	0	0.50
saida sba2	0.42	0.61	0.35	0.80	0.81	0.80	0.51	0.92	0.95	0.92	0.51	0.98	0.92	0.80	0.13	0.58	0.61	0	0.65
Rihane sba	0.42	0.58	0.47	0.45	0.78	0.53	0.15	0.57	0.79	0.79	0.13	0.35	0.51	0.22	0.22	0.73	0.73	0	0.47
Faouara sba	0.56	0.41	0.73	0.32	0.45	0.85	0.20	0.35	0.73	0.73	0.00	0.73	0.00	0.58	0.51	0.61	0.73	0	0.47
Avr sidi-b	0.56	0.51	0.46	0.64	0.59	0.65	0.32	0.56	0.52	0.57	0.42	0.63	0.45	0.44	0.37	0.73	0.57	0	0.49
RegionTlemcen																			
saida G3	0.54	0.60	0.00	0.68	0.73	0.61	0.33	0.73	0.73	0.65	0.58	0.35	0.31	0.22	0.74	0.81	0.30	0	0.49
saida G4	0.69	0.36	0.00	0.62	0.88	0.62	0.24	0.35	0.65	0.35	0.63	0.35	0.40	0.81	0.22	0.73	0.60	0	0.47
saida s. abdli	0.62	0.45	0.95	0.79	0.74	0.70	0.24	0.84	0.98	0.65	0.68	0.00	0.97	0.62	0.74	0.80	0.30	0	0.62
MeanTlemcen	0.62	0.47	0.32	0.70	0.78	0.64	0.27	0.64	0.78	0.55	0.63	0.24	0.56	0.55	0.57	0.78	0.40	0	0.53
regionAdrar																			
Azrir ad	0.36	0.62	0.35	0.60	0.63	0.45	0.52	0.35	0.79	0.73	0.63	0.00	0.91	0.00	0.63	0.92	0.73	0	0.51
rassel mouch ad	0.55	0.41	0.00	0.30	0.96	0.74	0.51	0.78	0.78	0.57	0.43	0.97	0.56	0.13	0.61	0.94	0.56	0	0.54
Rass el moucho.ali	0.40	0.56	0.65	0.30	0.74	0.61	0.33	0.47	0.35	0.21	0.70	0.00	0.57	0.70	0.74	0.85	0.73	0	0.50
Sallt ad	0.42	0.60	0.33	0.85	0.22	0.22	0.29	0.65	0.21	0.35	0.72	0.95	0.85	0.30	0.36	0.73	0.73	0	0.49
Safra o.ali	0.43	0.62	0.00	0.62	0.73	0.62	0.33	0.57	0.73	0.21	0.45	0.98	0.45	0.00	0.62	0.60	0.45	0	0.47
bourabaa ad	0.43	0.61	0.00	0.81	0.74	0.61	0.44	0.79	0.47	0.35	0.68	0.21	0.58	0.61	0.30	0.85	0.76	0	0.51
Bourabaa ker	0.40	0.36	0.39	0.57	0.92	0.60	0.54	0.57	0.47	0.57	0.81	0.73	0.00	0.45	0.51	0.81	0.36	0	0.50
zraa beldi ad	0.52	0.85	0.99	0.56	0.92	0.94	0.24	0.72	0.47	0.35	0.86	0.97	0.38	0.36	0.35	0.63	0.73	0	0.60
Chater ad	0.43	0.49	0.09	0.81	0.80	0.96	0.15	0.36	0.21	0.21	0.58	0.21	0.85	0.30	0.22	0.60	0.41	0	0.43
Chater ker	0.43	0.88	0.57	0.81	0.92	0.74	0.09	0.88	0.21	0.47	0.43	0.97	0.98	0.63	0.63	0.87	0.70	0	0.62
Mean Adrar	0.44	0.60	0.34	0.62	0.76	0.65	0.34	0.61	0.47	0.40	0.63	0.60	0.61	0.35	0.50	0.78	0.62	0	0.52
regionBechar																			
zraa byad bechar	0.40	0.63	0.33	0.30	0.63	0.84	0.20	0.98	0.65	0.57	0.86	0.73	0.00	0.41	0.51	0.83	0.76	0	0.54
Zraa byadb.abbess	0.50	0.58	0.57	0.90	0.81	0.73	0.61	0.35	0.73	0.73	0.70	0.79	0.98	0.30	0.81	0.58	0.68	0	0.63
saida bechar	0.40	0.60	0.21	0.30	0.53	0.62	0.66	0.65	0.98	0.79	0.00	0.73	0.00	0.41	0.54	0.85	0.73	0	0.50
saida b.abbes	0.44	0.58	0.22	0.73	0.90	0.66	0.46	0.47	0.92	0.89	0.44	0.47	0.90	0.81	0.57	0.56	0.68	0	0.59
Ghir bechar	0.43	0.62	0.65	0.90	0.72	0.80	0.56	0.92	0.35	0.35	0.57	0.21	0.65	0.41	0.22	0.61	0.36	0	0.52
safra bechar	0.42	0.60	0.14	0.63	0.74	0.63	0.63	0.73	0.79	0.79	0.49	0.92	0.89	0.36	0.57	0.84	0.41	0	0.59
safra b.abbes	0.15	0.53	0.00	0.30	0.73	0.49	0.20	0.47	0.35	0.47	0.30	0.53	0.59	0.45	0.81	0.72	0.70	0	0.43
MeanBechar	0.39	0.59	0.30	0.58	0.72	0.68	0.47	0.65	0.68	0.65	0.48	0.63	0.57	0.45	0.58	0.71	0.62	0	0.54
regionAin defla																			
rihane ain.D	0.41	0.63	0.92	0.79	0.73	0.62	0.33	0.73	0.47	0.35	0.41	0.95	0.57	0.45	0.73	0.70	0.76	0	0.59
faouara ain.D	0.63	0.53	0.57	0.66	0.95	0.96	0.13	0.65	0.79	0.57	0.67	0.21	0.00	0.58	0.30	0.61	0.53	0	0.52
saida ain.D	0.43	0.41	0.84	0.30	0.62	0.61	0.15	0.84	0.65	0.65	0.36	0.47	0.71	0.62	0.26	0.72	0.76	0	0.52
Mean Ain defla	0.49	0.52	0.78	0.58	0.77	0.73	0.20	0.74	0.64	0.53	0.48	0.55	0.43	0.55	0.43	0.68	0.68	0	0.54
regionMedia																			
saida M	0.42	0.60	0.35	0.90	0.93	0.62	0.15	0.95	0.35	0.21	0.57	0.79	0.51	0.61	0.22	0.92	0.22	0	0.52
rihane M	0.41	0.70	0.44	0.88	0.90	0.81	0.46	0.65	0.92	0.47	0.62	0.65	0.71	0.30	0.51	0.56	0.58	0	0.59
tichedrett M	0.42	0.56	0.21	0.92	0.96	0.63	0.21	0.92	0.72	0.84	0.30	0.97	0.54	0.81	0.51	0.97	0.60	0	0.62
Mean of Media	0.42	0.62	0.34	0.90	0.93	0.69	0.27	0.84	0.67	0.51	0.49	0.80	0.59	0.57	0.42	0.82	0.47	0	0.57
Mean	0.47	0.56	0.41	0.64	0.73	0.67	0.35	0.63	0.59	0.53	0.53	0.58	0.53	0.44	0.48	0.74	0.58	0	0.53

1.3.1. L'indice de diversité Shannon et Weaver (Indice relatif de diversité des différents caractères)

1.3.1.1. Les caractères quantitatifs

L'indice relatif de diversité (H' moyen) de l'ensemble des accessions étudiées est de l'ordre de 0,74 (Tableau 08) reflétant la grande diversité morphologique de cette collection. Cette diversité est proche de celle obtenue par Fetien et al. (2009) d'une population d'orge au Nord d'Ethiopie avec un indice de 0,79 pour les caractères quantitatifs.

Cet indice varie entre 0,54 pour la région de Tlemcen et 0,81 pour la région d'Adrar plusieurs facteurs pourraient expliquer la différence des valeurs d'indice de S. W selon les localités, notamment, les facteurs naturels tel que l'adaptation aux conditions locales et les facteurs humains essentiellement la préférence des agriculteurs (Belhadj et al. 2015). Les caractéristiques agro-climatiques du site (altitude, précipitations, température) ont eu un impact significatif et positif sur la diversité et la répartition des surfaces d'orge (Fetien et al. 2009).

Au niveau « population », cet indice varie de 0,51 à 0,94 respectivement pour les accessions Saïda et Bourabaa. Cet indice varie de 0,52 pour la longueur de la tige et de 0,85 pour la largeur de l'épi. Ce qui indique une variabilité très importante. Le degré de diversité des caractères différait selon les régions et les altitudes d'où provenaient les populations de accessions (Gegnaw et Hadado, 2014). Papaa et al. (1998) ont également constaté que la distribution des habitats de croissance des orges locales dans la région méditerranéenne (Sardaigne) dépendait de la géographie.

Les indices de diversité moyens les plus élevés ($H' \geq 0,80$) sont obtenus pour la largeur d'épis le poids de graines par épis et la largeur des graines. Les indices de densité des grains par épi et de largeur des grains sont égaux à ($H'=0,81$).

Concernant la densité d'épi, nous avons trouvé ($H'=0,77$) qui est proche de celle rapportée par Cross.1994 ($H' = 0,78$), avec 20 entrées du Maroc, du Portugal, de l'Espagne et de la Nouvelle-Zélande ; mais inférieure à celle obtenue par Tolbert et al. (1979) ($H'=0,92$), avec 63 accessions espagnoles. Pour la longueur de la plante, nous avons trouvé un indice ($H' = 0,54$) qui était inférieur à celui trouvé par Fetien et al (2009) d'une population d'orge dans le nord de l'Ethiopie avec un indice de 0,63. Pour la longueur des épis (sans barbe), la longueur des épis et la densité des grains par épi, nous avons trouvé ($H'=0,78$), ($H'=0,79$) et ($H'=0,81$) respectivement qui sont supérieurs à ceux trouvés par Bellatreche et al. (2017) avec ($H'=0,59$), ($H'=0,46$) et ($H'= 0,58$) respectivement, pour des accessions algériennes de blé dur.

Selon tous les caractères de l'ensemble des accessions : l'indice de diversité le plus élevé ($H' = 0,99$) a été obtenu pour le caractère de densité de grain par épi de la variété Ascad (région Sidi Belabbes) et de la variété Ghir (Bechar).

Pour les quatre caractères : la hauteur de tige ($H'=0.52$), longueur de premier article ($H' = 0.72$), largeur du grain ($H' = 0.81$) et la longueur du grain ($H' = 0.77$) (Tableau 08). Après avoir consulté plusieurs bases de données nous n'avons pas trouvé des travaux similaires pour comparer nos résultats.

1.3.1.2. Les caractères qualitatifs

L'indice de diversité Shannon et Weaver (H' moyen) pour les caractères qualitatifs étudiés au niveau de toutes les régions est de 0.53 (Tableau 09). Cet indice varie de 0,39 à 0,65 pour les accessions (Ascad, 2 Rang) et Saida respectivement.

Quel que soit le caractère ou la région : l'indice de diversité le plus élevé ($H' = 0,99$) a été trouvé pour le caractère Grain : pilosité du sillon ventral de l'accession de Zraa Beldi de la région de l'Adrar. Au niveau de Media, l'indice de diversité le plus élevé a été de 0,57, suivi de la région de Bechar avec 0,54. La valeur de diversité la plus faible a été observée dans la région de Sidi Belabbes (0,50) (Tableau 09).

Les indices de diversité les plus élevés ($H \geq 0,60$) sont obtenus pour six accessions, les valeurs intermédiaires ($0,40 \leq H < 0,60$) ont été obtenues pour vingt-six accessions, et les valeurs plus basses ($0,10 \leq H < 0,40$) ont été observées pour une accession.

Le nombre de rangs que nous avons trouvé ($H'=0,00$) est différent de celui rapporté par Cross (1994) avec ($H' = 0,36$) et par Derbew et al. (2013) avec ($H' = 0,75$). Concernant la couleur du grain, nous avons trouvé une valeur ($H' = 0,48$) qui était inférieure à celle trouvée par Derbew et al. (2013) avec ($H' = 0,64$), Fetien et al. (2009) avec ($H' = 0,85$), et par Tolbert et al. (1979) avec 40 entrées d'Algérie, de Tunisie, du Maroc, et d'Égypte avec ($H' = 0,71$), une association apparente existe entre le phénotype et l'utilité, en particulier la couleur du grain et la consommation humaine (Asfaw 1988). La sélection homme/conscient pour le blanc contre les souches pigmentées peut être l'un des facteurs responsables de la prépondérance frappante de la classe phénotypique blanche (Demissie et Bjørnstad, 1996). Pour le caractère du grain : type de pilosité de la baguette ($H' = 0,59$), des valeurs inférieures à celles trouvées par Tolbert et al. 1979 ($H' = 0,88$) et par Negassa et al. 1985 ($H' = 0,92$), et par Cross 1994. ($H' = 1.00$).

Le caractère Grain : denticulation des nervures latérales internes de la face dorsale de la glumelle inférieure (SL) a enregistré la valeur la plus basse avec ($H'=0.35$).

Concernant les caractères : Grain : pilosité du sillon (HVF), couleur des barbes (AC), Grain nu : couleur de la couche d'aleurone (Ck), La forme d'épi (ES), Epillet médian : longueur de la glume et de sa barbe par rapport au grain MS/G), les indices ($H' = 0,41$), ($H' = 0,44$), ($H' = 0,48$) ($H' = 0,56$) et ($H' = 0,67$) ont été trouvés respectivement.

Des indices similaires ont été enregistrés pour les caractères : Alignement des articles au niveau intermédiaire de l'épi (zig zag), Glumelles : forme de la base (SB) et Barbes : pigmentation

anthocyanique des pointes avec ($H' = 0,53$), et Épi : forme de l'extrémité (ESE) avec ($H' = 0,58$). Des indices proches ont été trouvés pour la disposition des lodicules (DL), et Rachis : incurvation du premier article (CFS) avec ($H' = 0,63$) et ($H' = 0,64$) respectivement.

1.3.2. L'analyse en composantes principales (ACP)

L'analyse en composantes principales a été mise au point par Karl Pearson en 1901 en tant qu'une technique de réduction de dimensionnalité. Cette méthode d'analyse de données permet la réduction du nombre de variables et considère les axes qui représentent le mieux les corrélations entre les variables aléatoires. L'ACP est considérée comme un outil de compression linéaire (Sbabou, 2009).

Pour analyser la structure de la diversité génétique entre l'ensemble des accessions qui constituent cette collection, une analyse en composantes principales a été effectuée sur la matrice des accessions par caractères, séparément pour les caractères quantitatifs et qualitatifs. La première APC des 12 caractères quantitatifs explique 65,5 % de la variation totale entre les 34 variétés d'orge (Figure 24).

Nous remarquons au niveau de l'ACP de la figure 24 que les caractères étudiés chez les génotypes des orges se rapproche dans leurs majorités du cercle se qui traduit un niveau de significativité important sur le plan statistique.

On distingue la formation de deux groupes de caractères. Ceci montre une corrélation positive entre ces paramètres au niveau de chaque groupe.

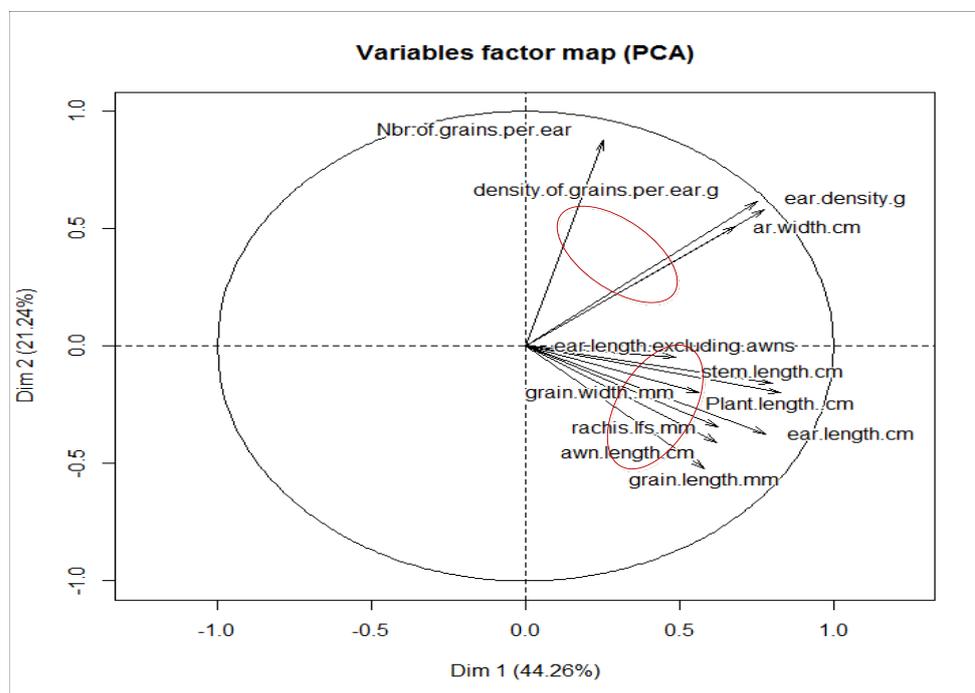


Figure 24 : Analyse en composantes principales (ACP) des accessions d'orge selon les moyennes des 12 caractères quantitatifs pour tous les individus et toutes les régions étudiées. (enquête sur terrain).

Le premier groupe comprend les caractères liés au rendement (nombre de grains par épi, densité des grains par épi, densité de l'épi, largeur de l'épi) et le deuxième groupe contient les caractères liés à la morphologie, comme la longueur de la plante, la longueur de la tige, la longueur de l'auvent, la longueur de l'épi. La corrélation de ces caractères peut s'expliquer par l'influence des gènes. Ces caractères sont contrôlés par un certain nombre de gènes en commun, et en général, ils réagissent de la même manière en fonction des conditions environnementales (Bellatreche et al.2017). Pour exclure l'une ou l'autre probabilité, il nous faut avoir la situation où la même population évolue dans des biotopes différents et voir si les corrélations changent.

1.3.3. Classification hiérarchique ascendante (CAH) des génotypes

La classification hiérarchique permet le regroupement ou le clustering d'un ensemble d'échantillons en se basant sur la notion de distance. En effet, le clustering consiste en le regroupement des échantillons en groupes/sous-groupes ou clusters partageant des caractéristiques communes. Les méthodes de classification sont des méthodes non paramétriques ne considérant qu'une seule hypothèse qui stipule que plus deux entités sont similaires plus elles ont de chance à faire partie du même groupe (Sbabou,2009).

Le dendrogramme montre la relation entre les différentes régions étudiées basées sur les caractéristiques quantitatives (Figure 25), divise ses dernières en deux grands groupes dont : le premier comprend un premier sous-groupe représenté par un mélange des accessions d'orge d'Adrar et de Bechar. Le deuxième sous-groupe ne contient que des accessions de la région d'Adrar à l'exception de l'accession de 2 Rang qui est de Sidi Belabbes. Le second groupe pourrait être subdivisé en 2 sous-groupes où le premier est formé par l'accession Saïda des régions de Tlemcen, Sidi Belabbes, Media, Ain Defla et Bechar. Alors que le deuxième sous-groupe comprend un mélange des accessions d'orge de Sidi Belabbes, de Médias et Ain Defla.

Dans cette étude, le dendrogramme construit pour les caractères quantitatifs montre une relation entre les différentes accessions. On remarque également, des accessions différentes dans la même région ou la même variété dans des régions différentes, ce qui permet de conclure qu'il y a deux effets : 1) L'effet environnemental car nous avons la même variété dans différentes régions : Saida Tlemcen, Saida Sidi Belabbes, Saida Media, Saida Ain Defla et Saida Bechar. 2) L'effet génétique car il y a différentes accessions dans la même région : les accessions Salt, Chater, Safra, Bourabaa, Zraa Beldi dans la région d'Adrar. La classification ascendante hiérarchique (CAH) et l'analyse des composantes principales des 12 caractères quantitatifs enregistrés ont révélé des relations cohérentes au sein des accessions. Des résultats similaires de CAH des accessions d'orge, ont été trouvés par Molina et La Cruz del Campo (1977).

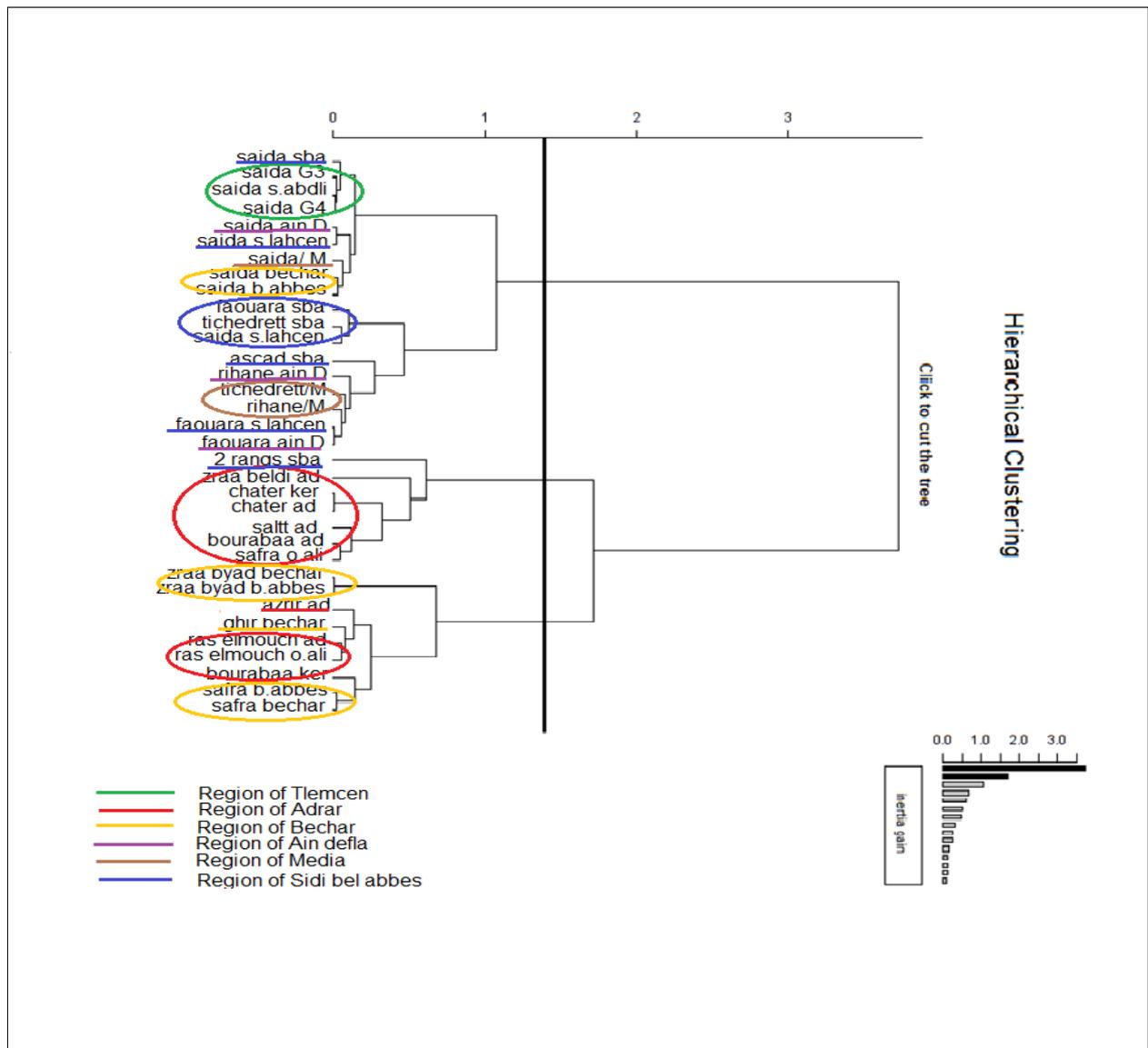


Figure 25 : Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions d’orge pour les caractères quantitatifs.

1.4. Diversité des accessions semées dans les carrée expérimental

La partie expérimentale consiste a semer les échantillons dans des carrés expérimentaux. Au total nous avons semé 34 variétés et accessions. Après la récolte des échantillons avec le même protocole les échantillons sont récoltés (mesures morphométriques et analyses statistiques).

L’indice de Shannon-Weaver, calculé sur la base des fréquences des différentes classes de traits quantitatifs et qualitatifs, a permis de faire ressortir les niveaux de diversité (Tableau 10 et 11).

Tableau 10 : Indice relatif de diversité des différents caractères quantitatifs et accessions d'orge étudiés (Carrés expérimentaux).

Variety	PL	SL	EL	EL/excA	AL	EW	DE	NGE	DG/E	GW	LG	R/ls	H' mean
sidi belabes													
Ascad Sba	0.89	0.91	0.91	0.95	0.89	0.85	0.79	0.96	0.96	0.48	0.96	0.85	0.87
Tichedrett Sba	0.87	0.90	0.82	0.75	0.80	0.87	0.96	0.58	0.99	0.91	0.91	0.72	0.84
2 Rangs Sba	0.68	0.57	0.91	0.98	0.83	0.49	0.75	0.82	0.51	0.77	0.86	0.77	0.74
Saida Sba1	0.58	0.75	0.64	0.73	0.84	0.83	0.85	0.99	0.89	0.65	0.56	0.72	0.75
Saida Sba2	0.76	0.64	0.80	0.66	0.52	0.86	0.72	0.96	0.78	0.94	0.18	0.90	0.73
Rihane Sba	0.18	0.00	0.73	0.50	0.84	0.77	0.77	0.94	0.72	0.97	0.93	0.49	0.65
Fawara Sba	0.64	0.71	0.78	0.59	0.82	0.73	0.72	0.74	0.50	0.70	0.89	0.18	0.67
Mean Sidi Belabbes	0.66	0.64	0.80	0.74	0.79	0.77	0.80	0.86	0.76	0.78	0.75	0.66	0.75
Region Tlemcen													
Saida G3	0.79	0.75	0.98	0.90	0.96	0.82	0.90	0.68	0.73	0.75	0.18	0.84	0.77
Saida G4	0.28	0.18	0.87	0.78	0.73	0.91	0.48	0.49	0.64	0.98	0.31	0.56	0.60
Saida S. Abdli	0.63	0.61	0.74	0.93	0.75	0.96	0.67	0.73	0.65	0.37	0.77	0.58	0.70
Mean Tlemcen	0.57	0.51	0.87	0.87	0.82	0.90	0.68	0.63	0.67	0.70	0.42	0.66	0.67
Region Adrar													
Azrir Ad	0.59	0.69	0.73	0.58	0.81	0.90	0.95	0.97	0.83	0.23	0.89	0.37	0.71
Ras Elmouch Ad	0.84	0.64	0.96	0.85	0.83	0.67	0.85	0.84	0.99	0.68	0.58	0.70	0.78
Ras Elmouch O.Ali	0.42	0.18	0.93	0.78	0.95	0.78	0.70	0.50	0.81	0.51	0.10	0.78	0.62
Saltt Ad	0.50	0.59	0.36	0.60	0.72	0.68	0.28	0.81	0.00	0.42	0.52	0.77	0.52
Safra O.Ali	0.32	0.00	0.73	0.96	0.54	0.89	0.37	0.70	0.71	0.70	0.68	0.56	0.60
Bourabaa Ad	0.42	0.11	0.76	0.94	0.82	0.40	0.78	0.69	0.78	0.94	0.92	0.71	0.69
Bourabaa Ker	0.54	0.18	0.42	0.68	0.36	0.89	0.60	0.86	0.69	0.93	0.91	0.73	0.65
Zraa Beldi Ad	0.67	0.68	0.99	0.62	0.89	0.88	0.61	0.80	0.85	0.89	0.88	0.67	0.79
Chater Ad	0.67	0.73	0.40	0.85	0.94	0.85	0.55	0.67	0.65	0.93	0.89	0.89	0.75
Chater Ker	0.47	0.42	0.47	0.78	0.47	0.45	0.61	0.64	0.69	0.18	0.81	0.70	0.56
Mean Adrar	0.54	0.42	0.67	0.76	0.73	0.74	0.63	0.75	0.70	0.64	0.72	0.69	0.69
Region Bechar													
ZraaByad Bechar	0.18	0.18	0.91	0.90	0.70	0.84	0.92	0.88	0.86	0.87	0.65	0.30	0.68
Zraabyad B.Abbes	0.71	0.58	0.77	0.84	0.50	0.82	0.97	0.95	0.72	0.83	0.92	0.67	0.77
Saida Bechar	0.71	0.67	0.93	0.85	0.83	0.64	0.80	0.90	0.60	0.46	0.73	0.77	0.74
Saida B.Abbes	0.51	0.50	0.96	0.79	0.78	0.84	0.48	0.58	0.79	0.91	0.67	0.86	0.72
Ghir Bechar	0.18	0.23	0.75	0.59	0.63	0.87	0.83	0.88	0.85	0.80	0.77	0.68	0.67
Safra Bechar	0.20	0.49	0.80	0.71	0.50	0.86	0.77	0.87	0.84	0.40	0.89	0.17	0.62
Safra B.Abbes	0.68	0.46	0.68	0.58	0.72	0.95	0.84	0.44	0.64	0.61	0.74	0.62	0.66
Mean Bechar	0.45	0.44	0.83	0.75	0.66	0.83	0.80	0.79	0.76	0.70	0.77	0.58	0.70
Region Ain Defla													
Rihane Ain.D	0.65	0.63	0.77	0.76	0.50	0.89	0.93	0.76	0.88	0.88	0.77	0.68	0.76
Fawara Ain.D	0.83	0.87	0.91	0.82	0.85	0.86	0.98	0.67	0.99	0.91	0.80	0.18	0.81
Saida Ain.D	0.88	0.86	0.70	0.86	0.48	0.91	0.76	0.87	0.60	0.37	0.37	0.50	0.68
Mean Ain Defla	0.79	0.79	0.79	0.81	0.61	0.88	0.89	0.77	0.82	0.72	0.65	0.45	0.74
Region Media													
Saida M	0.85	0.85	0.91	0.86	0.86	0.93	0.82	0.91	0.83	0.49	0.50	0.18	0.75
Rihane M	0.46	0.39	0.44	0.72	0.46	0.80	0.49	0.60	0.75	0.34	0.42	0.32	0.52
Tichedrett M	0.48	0.18	0.90	0.98	0.80	0.42	0.36	0.58	0.42	0.78	0.11	0.48	0.54
MeanAin Defla Region	0.60	0.47	0.75	0.85	0.71	0.72	0.56	0.70	0.67	0.54	0.34	0.33	0.60
Mean	0.58	0.52	0.77	0.78	0.72	0.79	0.72	0.76	0.73	0.68	0.66	0.60	0.69

Tableau 11 : Indice relatif de diversité des différents caractères qualitatifs et accessions d'orge étudiés (Carrée expérimentale).

variétés	EA	ES	HVF	CFS	ATE	MS/G	SL	D L	RH	SB	zig	BA	Pig	AC	KC	AIE	ESE	NR	Moy H
ascad	0.54	0.41	0.40	0.84	0.59	0.45	0.42	0.91	0.35	0.45	0.41	0.23	0.51	0.31	0.81	0.31	0.32	0.00	0.46
tichedrett sba	0.45	0.29	0.36	0.70	0.77	0.75	0.80	0.10	0.71	0.88	0.12	0.85	0.31	0.56	0.56	0.92	0.62	0.00	0.55
2 rang	0.55	0.35	0.25	0.32	0.29	0.49	0.17	0.81	0.52	0.25	0.74	0.61	0.56	0.10	0.00	0.58	0.10	0.00	0.37
saida sba1	0.80	0.50	0.71	0.91	0.45	0.60	0.51	0.70	0.00	0.12	0.50	0.32	0.17	0.95	0.52	0.61	0.33	0.00	0.48
saidaSba2	0.17	0.69	0.44	0.92	0.66	0.89	0.61	0.59	0.91	0.96	0.51	0.81	0.88	0.82	0.42	0.56	0.69	0.00	0.64
Rihane	0.40	0.51	0.50	0.40	0.85	0.52	0.10	0.52	0.88	0.80	0.20	0.62	0.62	0.31	0.62	0.74	0.78	0.00	0.52
faouara	0.65	0.50	0.80	0.51	0.84	0.89	0.17	0.41	0.81	0.74	0.12	0.92	0.34	0.62	0.51	0.62	0.80	0.00	0.57
moy sidi belabes	0.51	0.46	0.49	0.66	0.64	0.66	0.40	0.58	0.60	0.60	0.44	0.62	0.48	0.52	0.49	0.62	0.52	0.00	0.52
Tlemcen																			
saida G3	0.58	0.58	0.21	0.62	0.82	0.63	0.20	0.78	0.76	0.41	0.56	0.39	0.40	0.26	0.21	0.89	0.34	0.00	0.48
saida G4	0.62	0.17	0.10	0.71	0.79	0.68	0.33	0.42	0.71	0.12	0.49	0.32	0.31	0.49	0.25	0.71	0.51	0.00	0.43
saida sid abdli	0.60	0.41	0.35	0.61	0.71	0.61	0.25	0.43	0.70	0.45	0.62	0.12	0.54	0.52	0.26	0.53	0.35	0.00	0.45
moy tlemcen	0.60	0.39	0.40	0.68	0.81	0.70	0.34	0.69	0.77	0.46	0.60	0.31	0.53	0.55	0.60	0.74	0.44	0.00	0.45
Adrar																			
azrir	0.36	0.52	0.17	0.52	0.69	0.25	0.27	0.21	0.74	0.77	0.70	0.35	0.92	0.19	0.51	0.88	0.81	0.00	0.49
rass el mouch	0.54	0.65	0.17	0.38	0.98	0.75	0.52	0.63	0.52	0.19	0.82	0.82	0.85	0.42	0.63	0.98	0.60	0.00	0.58
Rass el mouch2	0.39	0.51	0.80	0.21	0.80	0.66	0.31	0.38	0.80	0.85	0.81	0.00	0.45	0.54	0.78	0.46	0.74	0.00	0.53
sallt	0.56	0.40	0.58	0.88	0.10	0.31	0.27	0.59	0.25	0.35	0.62	0.55	0.62	0.36	0.34	0.62	0.70	0.00	0.45
safra	0.40	0.54	0.17	0.63	0.69	0.62	0.34	0.50	0.75	0.26	0.39	0.85	0.68	0.44	0.30	0.70	0.68	0.00	0.50
safra2 ker	0.36	0.66	0.40	0.51	0.71	0.69	0.60	0.82	0.48	0.36	0.52	0.35	0.49	0.16	0.59	0.81	0.36	0.00	0.49
bourabaa	0.52	0.40	0.10	0.23	0.96	0.71	0.20	0.60	0.44	0.51	0.88	0.34	0.12	0.65	0.52	0.85	0.41	0.00	0.47
orge beldi	0.43	0.80	0.80	0.60	0.90	0.89	0.50	0.84	0.49	0.48	0.85	0.81	0.36	0.42	0.39	0.69	0.45	0.00	0.59
chater	0.44	0.65	0.17	0.88	0.82	0.56	0.23	0.12	0.35	0.10	0.81	0.34	0.92	0.60	0.25	0.69	0.71	0.00	0.48
chater1	0.39	0.80	0.60	0.90	0.15	0.59	0.15	0.91	0.17	0.50	0.48	0.69	0.96	0.40	0.72	0.69	0.77	0.00	0.55
moy adrar	0.44	0.59	0.40	0.57	0.68	0.60	0.34	0.56	0.50	0.44	0.69	0.51	0.64	0.43	0.50	0.74	0.62	0.00	0.51
Bechar																			
orge byad	0.35	0.62	0.31	0.17	0.69	0.15	0.35	0.95	0.59	0.59	0.92	0.71	0.17	0.34	0.59	0.42	0.73	0.00	0.48
Orge BA2	0.58	0.58	0.60	0.82	0.81	0.65	0.70	0.47	0.78	0.68	0.71	0.61	0.96	0.32	0.71	0.61	0.70	0.00	0.63
saida bechar1	0.42	0.35	0.26	0.54	0.52	0.60	0.32	0.58	0.61	0.51	0.41	0.43	0.20	0.53	0.60	0.85	0.46	0.00	0.46
saida bechar2	0.39	0.41	0.25	0.43	0.62	0.59	0.18	0.57	0.57	0.42	0.34	0.39	0.31	0.41	0.49	0.91	0.42	0.00	0.43
ghir	0.43	0.49	0.60	0.92	0.80	0.88	0.54	0.81	0.42	0.56	0.57	0.25	0.61	0.42	0.17	0.85	0.41	0.00	0.54
safra 2	0.45	0.61	0.51	0.63	0.72	0.66	0.80	0.59	0.82	0.41	0.52	0.96	0.69	0.39	0.52	0.15	0.52	0.00	0.55
safra 3	0.20	0.58	0.10	0.52	0.62	0.23	0.10	0.53	0.45	0.45	0.45	0.54	0.92	0.51	0.79	0.10	0.61	0.00	0.43
moy Bechar	0.44	0.59	0.38	0.60	0.70	0.57	0.51	0.62	0.71	0.62	0.54	0.64	0.65	0.43	0.50	0.56	0.59	0.00	0.54
Medea																			
rihane media	0.40	0.50	0.91	0.85	0.70	0.66	0.65	0.71	0.52	0.45	0.56	0.61	0.52	0.51	0.73	0.77	0.52	0.00	0.53
faouara media	0.69	0.58	0.51	0.69	0.91	0.25	0.15	0.70	0.81	0.51	0.60	0.25	0.12	0.52	0.39	0.65	0.45	0.00	0.49
saida media	0.38	0.39	0.36	0.45	0.65	0.61	0.26	0.62	0.57	0.51	0.39	0.43	0.15	0.51	0.59	0.59	0.53	0.00	0.44
Moy medea	0.51	0.52	0.63	0.66	0.75	0.53	0.35	0.68	0.63	0.55	0.54	0.55	0.26	0.55	0.66	0.71	0.58	0.00	0.54
Ain defla																			
saida fdps	0.42	0.47	0.35	0.42	0.61	0.69	0.25	0.65	0.53	0.59	0.42	0.37	0.12	0.49	0.62	0.69	0.59	0.00	0.46
rihane fdps	0.31	0.39	0.41	0.90	0.73	0.53	0.52	0.70	0.45	0.43	0.39	0.69	0.40	0.48	0.65	0.54	0.47	0.00	0.50
tic ain defla	0.42	0.55	0.25	0.96	0.80	0.69	0.29	0.23	0.80	0.91	0.00	0.92	0.56	0.65	0.56	0.90	0.31	0.00	0.54
Moy ain defla	0.38	0.47	0.34	0.76	0.71	0.64	0.35	0.53	0.59	0.64	0.27	0.66	0.36	0.54	0.61	0.71	0.46	0.00	0.50
MOY H	0.46	0.51	0.39	0.63	0.69	0.60	0.36	0.59	0.59	0.50	0.52	0.53	0.50	0.46	0.50	0.66	0.53	0.00	0.50

1.4.1. L'indice de diversité Shannon et Weaver (Indice relatif de diversité des différents caractères)

1.4.1.1. Les caractères quantitatifs

L'indice relatif de diversité (H' moyen) de l'ensemble des accessions étudiées est de l'ordre de 0,69 (Tableau 10) reflétant la grande diversité morphologique de cette collection. Cette diversité est proche de celle obtenue par Fetien et al. (2009) d'une population d'orge au nord d'Ethiopie avec un indice de 0,79 pour les caractères quantitatifs.

Cet indice varie entre 0,60 pour la région de Medea et 0,75 pour la région de sidi belabbes plusieurs facteurs pourraient expliquer la différence des valeurs d'indice de S. W selon les localités, notamment, les facteurs naturels tel que l'adaptation aux conditions locales et les facteurs humains essentiellement la préférence des agriculteurs (Belhadj et al. 2015). Les caractéristiques agro-climatiques du site (altitude, précipitations, température) ont eu un impact significatif et positif sur la diversité et la répartition des surfaces d'orge (Fetien et al. 2009).

Au niveau « population », cet indice varie de 0,52 à 0,87 respectivement pour les accessions Rihane et Ascad. Cet indice varie de 0,52 pour la longueur de la tige et de 0,79 pour la largeur de l'épi. Ce qui indique une variabilité très importante. Le degré de diversité des caractères différait selon les régions et les altitudes d'où provenaient les populations de accessions (Gegnaw et Hadado, 2014). Papaa et al. (1998) ont également constaté que la distribution des habitats de croissance des orges locales dans la région méditerranéenne (Sardaigne) dépendait de la géographie.

Concernant la densité des épis, nous avons trouvé ($H'=0,79$) qui est proche de celle rapportée par Cross.1994 ($H' = 0,78$), avec 20 entrées du Maroc, du Portugal, de l'Espagne et de la Nouvelle-Zélande ; mais inférieure à celle obtenue par Tolbert et al. (1979) ($H'=0,92$), avec 63 accessions espagnoles. Pour la longueur de la plante, nous avons trouvé un indice ($H' = 0,58$) qui était inférieur à celui trouvé par Fetien et al (2009) d'une population d'orge dans le nord de l'Ethiopie avec un indice de 0,63. Pour la densité des grains par épi, la longueur des épis et la longueur des épis(sans barbe), nous avons trouvé ($H'=0,73$), ($H'=0,77$) et ($H'=0,78$) respectivement qui sont supérieurs à ceux trouvés par Bellatreche et al. (2017) avec ($H'=0,58$), ($H'=0,46$) et ($H'= 0,59$) respectivement, pour des accessions algériennes de blé dur.

Selon tous les caractères et toutes les accessions : l'indice de diversité le plus élevé ($H' = 0,99$) a été obtenu pour le caractère de densité de grain par épi de la variété Tichedrett (région Sidi Belabbes) et de la variété Ras elmouch (Adrar).

Les quatre caractères : la hauteur de tige ($H'=0,52$), longueur de premier article ($H' = 0,60$), largeur du grain ($H' = 0,68$) et la longueur du grain ($H' = 0,66$) (Tableau 11). Après avoir consulté plusieurs bases de données nous n'avons pas trouvé des travaux similaires pour comparer nos résultats.

1.4.1.2. Les caractères qualitatifs

L'indice de diversité Shannon et Weaver (H' moyen) pour les caractères qualitatifs étudiés au niveau de toutes les régions est de 0.50 (Tableau 11). Cet indice varie de 0,37 à 0,64 pour les accessions à 2 Rang et Saida respectivement.

Au niveau tous les caractères et toutes les régions : l'indice de diversité le plus élevé ($H' = 0,98$) a été trouvé pour le caractère nombre des nœuds de l'accession de Rass El mouch de la région d'Adrar. Au niveau des régions de Media et de Bechar ont enregistré l'indice de diversité le plus élevé avec 0,54. La valeur de diversité la plus faible a été observée dans la région de Tlemcen (0,45) (Tableau 09).

Le nombre de rangs que nous avons trouvé ($H'=0,00$) est différent de celui rapporté par Cross (1994) avec ($H' = 0,36$) et par Derbew et al. (2013) avec ($H' = 0,75$). Concernant la couleur du grain, nous avons trouvé une valeur ($H' = 0,51$) qui était inférieure à celle trouvée par Derbew et al. (2013) avec ($H' = 0,64$), Fetien et al. (2009) avec ($H' = 0,85$), et par Tolbert et al. (1979) avec 40 entrées d'Algérie, de Tunisie, du Maroc, et d'Egypte avec ($H' = 0,71$), une association apparente existe entre le phénotype et l'utilité, en particulier la couleur du grain et la consommation humaine (Asfaw 1988). La sélection homme/conscient pour le blanc contre les souches pigmentées peut être l'un des facteurs responsables de la prépondérance frappante de la classe phénotypique blanche (Demissie et Bjqrnstad,1996). Pour le caractère du grain : type de pilosité de la baguette ($H' = 0,50$), des valeurs inférieures à celles trouvées par Tolbert et al. 1979 ($H' = 0,88$) et par Negassa et al.1985($H' =0,92$), et par Cross 1994. ($H' = 1.00$).

Concernant les caractères : Grain : pilosité du sillon (HVF), couleur des barbes (AC), Grain nu : couleur de la couche d'aleurone (Ck), La forme d'épi (ES), Epillet médian : longueur de la glume et de sa barbe par rapport au grain MS/G), les indices ($H' =0,39$), ($H' = 0,46$), ($H' = 0,50$) ($H' = 0,51$) et ($H' = 0,60$) ont été trouvés respectivement.

1.4.1.3. Les valeurs moyennes et les déviations standard (DS) de l'ensemble des caractères quantitatifs mesurés

D'après les valeurs moyennes ainsi que les déviations standard (DS) de l'ensemble des variables mesurés sont assignées dans le (Tableau 12), nous remarquons que chaque caractère analysé peut être considéré comme un critère distinctif de l'autre. En conséquence, chacun de ces caractères pourrait, sur le plan agro-morphologique, différencier nos accessions d'orge.

Du tableau 12, il ressort ce qui suit :

- o Que la moyenne du caractère de la longueur de la plante varie de 59.97 cm pour l'accession 2 rqng (Sidi Belabbes) à 117.32 cm pour l'accession Saida (Bechar).

- o La moyenne du caractère hauteur de la tige varie entre 40.51 cm pour l'accession 2 rang (Sidi Belabbes) à 98.8 cm pour l'accession Saida (Bechar).
- o Que la moyenne du caractère longueur des barbes varie de 10.12 cm pour l'accession 2 rang (Sidi Belabbes) à 14.64 cm pour l'accession Orge Byad (Adrar).
- o La moyenne du caractère longueur de l'épi sans barbes varie entre 4.66 cm pour l'accession Orge beldi (Adrar) et 7.26 cm pour l'accession Orge Byad (Adrar).
- o Que la moyenne du caractère nombre de grain par épi chez les différentes accessions étudiées varie de 21.43 grains/épi pour l'accession 2 rang (Sidi Belabbes) à 45.43 grains/épi pour l'accession Rass elmoch (Adrar).
- o La moyenne du caractère poids de graine par épi varie entre 0.71 g pour l'accession Orge beldi (Adrar) et 2.26 g pour l'accession Saida G4(Tlemcen).
- o Que la moyenne du caractère poids de l'épi varie entre 0.85 g pour Orge beldi (Adrar) et 2.57 g pour l'accession Saida G4(Tlemcen).
- o La moyenne du caractère de la largeur d'épis elle varie entre 0.85 cm pour l'accession Chater (Adrar) et 1.14 cm pour l'accession Saida G4(Tlemcen).

A partir de ces différentes analyses, nous avons pu déceler les principaux caractères de la production (Longueur de l'épi, Nombre des grains par épi, Poids des grains par épi, Poids d'épi, poids de mille graines) qui ont d'énormes valeurs morphologiques et agronomiques, puis les regrouper en fonction de chaque accession. Ce regroupement des caractères nous a offert une opportunité d'établir une fiche descriptive agro-morphologique de nos différentes accessions d'orge.

Ces résultats montrent que parmi les accessions, nous en distinguons (Saida G3, Orge byad bec, Orge BA, Saida Sba1, Rihane M, Tichedrett sba, Saida R, Saida adf, saida G4, Bourabaa adr, rihane sba) pouvant être considérées pour une culture à double fin (grains et paille). En outre, les accessions : Fawara sba, Ascad sba, Chater ker, Saltt adr, Saida M, Saida sba 2, Ghir bec, Fawara adf, Rihane adf, Tichedrett M, Rass elmoch adr, Bourabaa kar devraient être considérées pour la production de grains uniquement ; alors que les accessions : Saida sba 1 ,2 rangs sba, Azrir adr Orge beldi adr, Chater adr, Safra ouled ali adr, seraient orientées plus pour la production de paille.

Tableau 12 : Les valeurs moyennes et les déviations standard (DS) de la totalité des caractères quantitatifs mesurés.

variete	LP	HT	LE .	LES B	LB	LAR E	PE	NGE	PGE	LAR G	LG	L inc	PMG
Ascad sba	74.44±0.29	56.45±0.25	17.74±0.14	5.96±0.08	11.78±0.11	1±0.03	1.64±0.04	41±0.21	1.46±0.04	0.33±0.02	1.07±0.03	0.21±0.02	43.8
Rihane sba	82.22±0.30	61.93±0.26	16.76±0.14	4.71±0.07	12.05±0.12	1.03±0.03	1.75±0.04	36.14±0.20	1.6±0.04	0.35±0.02	0.99±0.03	0.22±0.02	48
Saida sba 1	78.44±0.30	58.39±0.25	17.41±0.14	6.31±0.08	11.1±0.11	1±0.03	1.3±0.04	27.7±0.18	1.13±0.04	0.36±0.02	1.04±0.03	0.3±0.02	33.9
2 rang sba	59.97±0.26	40.51±0.21	17.27±0.14	7.15±0.09	10.12±0.11	1.03±0.03	1.37±0.04	21.43±0.15	1.3±0.04	0.4±0.02	1.05±0.03	0.16±0.01	39
Fawara sba	90.54±0.32	69.05±0.28	18.45±0.14	5.36±0.08	13.1±0.12	1±0.03	1.82±0.04	43.5±0.22	1.65±0.04	0.32±0.02	1.01±0.03	0.23±0.02	49.5
Saida G3	115.38±0.36	74.01±0.29	19.2±0.15	5.47±0.08	13.73±0.12	1.11±0.04	2±0.05	31.83±0.19	1.8±0.04	0.37±0.02	1.08±0.03	0.29±0.02	54
Saida sid ab	61.73±0.26	41.34±0.21	18.92±0.14	5.41±0.08	13.51±0.12	0.99±0.03	1.45±0.04	25±0.17	1.24±0.04	0.34±0.02	1.08±0.03	0.27±0.02	37.2
Chater ker	75.76±0.29	55.44±0.25	18.63±0.14	7.23±0.09	11.22±0.11	1.07±0.03	2.38±0.05	36.97±0.20	2.11±0.05	0.36±0.02	1.12±0.04	0.27±0.02	63.3
Saltt adr	87.58±0.31	65.53±0.27	20.03±0.15	6.8±0.09	13.23±0.12	1.07±0.03	2.38±0.05	37.23±0.20	2.12±0.05	0.37±0.02	1.16±0.04	0.23±0.02	63.6
Azrir adr	77±0.29	58.26±0.25	17.33±0.14	5.36±0.08	11.97±0.12	1.01±0.03	1.29±0.04	25.5±0.17	1.16±0.04	0.36±0.02	1.03±0.03	0.25±0.02	34.8
Orge beldi adr	69.09±0.28	54.26±0.25	14.82±0.13	4.66±0.07	10.16±0.11	0.86±0.03	0.85±0.03	26.23±0.17	0.71±0.03	0.31±0.02	0.9±0.03	0.21±0.02	21.3
Orge byad bec	110.74±0.35	90.37±0.32	20.39±0.15	6.01±0.08	14.38±0.13	1.08±0.03	2.21±0.05	33.5±0.19	1.99±0.05	0.36±0.02	1.1±0.03	0.34±0.02	59.7
Orge BA	105.33±0.34	82.03±0.30	21.91±0.16	7.26±0.09	14.64±0.13	1.06±0.03	2.64±0.05	42.83±0.22	2.24±0.05	0.35±0.02	1.11±0.04	0.29±0.02	67.2
Saida bec	117.32±0.36	98.8±0.33	18.8±0.14	6.04±0.08	12.77±0.12	1.13±0.04	2.24±0.05	33.03±0.19	1.92±0.05	0.38±0.02	1.07±0.03	0.3±0.02	57.6
Rihane M	67.43±0.27	49.61±0.23	16.56±0.14	5.32±0.08	11.3±0.11	1.02±0.03	1.99±0.05	46±0.23	1.74±0.04	0.33±0.02	1.01±0.03	0.17±0.01	52.2
Saida M	80.11±0.30	60.31±0.26	18.76±0.14	6.57±0.09	12.19±0.12	1.05±0.03	2.32±0.05	37.37±0.20	1.99±0.05	0.36±0.02	1.07±0.03	0.22±0.02	59.8
Chater adr	65.8±0.27	46.16±0.23	18.11±0.14	6.15±0.08	11.95±0.12	0.85±0.03	1.26±0.04	25.17±0.17	1±0.03	0.31±0.02	1.11±0.04	0.23±0.02	30
Saida sba 2	77.62±0.29	55.93±0.25	18.8±0.14	6.89±0.09	11.91±0.12	0.98±0.03	2.13±0.05	34.66±0.20	1.9±0.05	0.36±0.02	1.1±0.03	0.25±0.02	57
Ghir bec	80.34±0.30	62.18±0.26	16.97±0.14	6.57±0.09	10.41±0.11	1.11±0.04	2±0.05	34.07±0.19	1.71±0.04	0.34±0.02	1.1±0.03	0.26±0.02	51.3
Tichedrett sba	84.59±0.31	64.02±0.27	19.57±0.15	6.74±0.09	12.83±0.12	1.08±0.03	2.19±0.05	37.37±0.20	1.92±0.05	0.36±0.02	1.08±0.03	0.22±0.02	57.6
Saida R	84.72±0.31	64.13±0.27	19.4±0.15	6.82±0.09	12.58±0.12	1.12±0.04	2.24±0.05	43.5±0.22	1.87±0.05	0.34±0.02	1.1±0.03	0.29±0.02	56.1
Saida adf	87.13±0.31	67.16±0.27	19.81±0.15	6.76±0.09	13.04±0.12	1.1±0.03	2.08±0.05	39.97±0.21	1.8±0.04	0.33±0.02	1.11±0.04	0.21±0.02	54
Fawara adf	55.96±0.25	36.91±0.20	17.43±0.14	5.12±0.08	12.31±0.12	1.04±0.03	1.52±0.04	33.4±0.19	1.4±0.04	0.35±0.02	1.06±0.03	0.17±0.01	42
Rihane adf	70.65±0.28	52.2±0.24	16.94±0.14	5.02±0.07	11.92±0.12	1.1±0.03	2.04±0.05	45.3±0.22	1.8±0.04	0.33±0.02	1.03±0.03	0.15±0.01	54.5
Tichedrett M	71.82±0.28	50.44±0.24	19.95±0.15	5.21±0.08	14.75±0.13	1.06±0.03	2.02±0.05	35.77±0.20	1.73±0.04	0.35±0.02	1.04±0.03	0.26±0.02	51.9
Saida Sba2	100.49±0.33	79.69±0.30	20.76±0.15	6.59±0.09	14.17±0.13	1.08±0.03	2.27±0.05	38.7±0.21	1.98±0.05	0.36±0.02	1.08±0.03	0.26±0.02	59.4
saida G4	113.79±0.36	91.73±0.32	18.96±0.15	6.39±0.08	12.57±0.12	1.14±0.04	2.57±0.05	38.52±0.21	2.26±0.05	0.35±0.02	1.07±0.03	0.25±0.02	67.8
Bourabaa adr	81.81±0.30	62.24±0.26	18.55±0.14	6.7±0.09	11.85±0.11	1.01±0.03	1.93±0.05	30.86±0.19	1.6±0.04	0.34±0.02	1.08±0.03	0.24±0.02	48
Safra ouled ali adr	98.93±0.33	79.7±0.30	18.91±0.14	4.86±0.07	14.06±0.12	1.09±0.03	1.56±0.04	23.97±0.16	1.36±0.04	0.38±0.02	1.12±0.04	0.27±0.02	40.8
Rass elmoch adr	63.21±0.27	45.89±0.23	15.73±0.13	5.47±0.08	10.25±0.11	1.14±0.04	2.48±0.05	50.43±0.24	2.21±0.05	0.33±0.02	0.93±0.03	0.23±0.02	36.3
Bourabaa kar	82.23±0.30	63.42±0.27	17.48±0.14	6.2±0.08	11.29±0.11	1.05±0.03	2.46±0.05	38.37±0.21	2.25±0.05	0.37±0.02	1.07±0.03	0.27±0.02	67.5

*M+/-DS (valeur moyenne de différents caractères mesurés (n=30) +/- déviation standard).

1.4.2. L'analyse en composants principales (ACP)

Nous remarquons au niveau de l'ACP de la figure 26 que les caractères étudiés chez les accessions d'orge se rapproche dans leurs majorités du cercle ce qui traduit un niveau de significativité important sur le plan statistique.

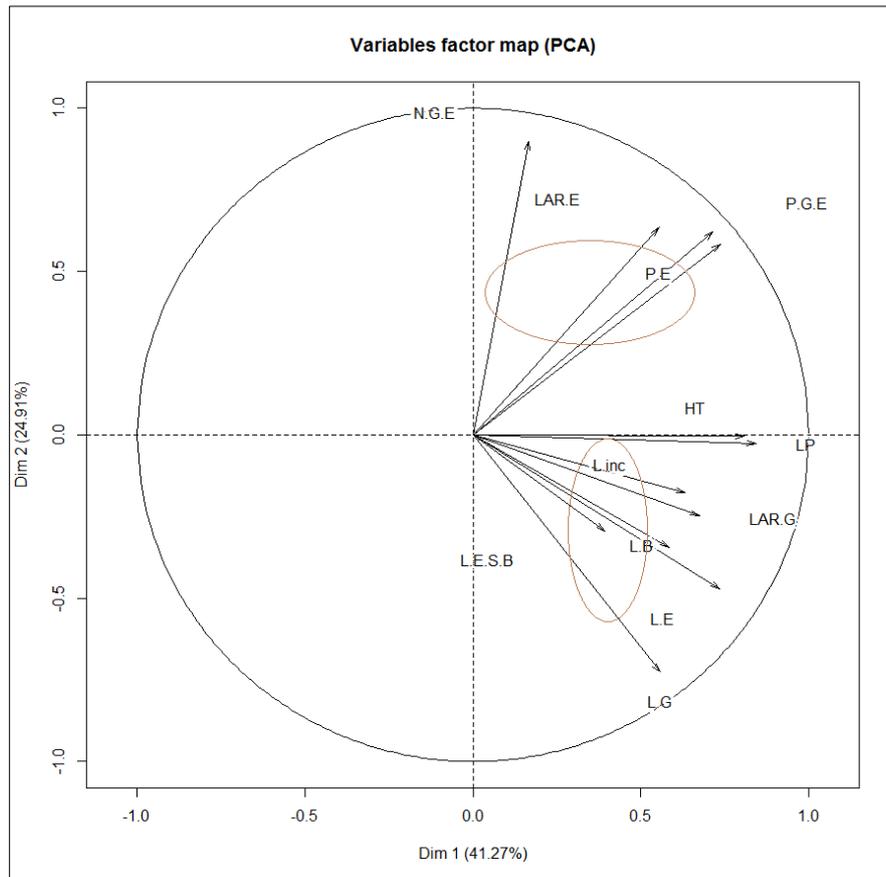


Figure 26 : ACP des accessions d'orge (carrés expérimentaux) selon les moyennes des différents caractères étudiés pour tous les individus et toutes les régions étudiées.

Nous avons noté aussi que l'ACP en question représente 66.18 % de l'information utilisé pour le traitement statistique qui est très significatif.

Nous avons observé la formation de deux groupes de caractères. Ceci traduit une corrélation positive entre ces paramètres au niveau de chaque groupe. Le premier groupe comprend la largeur de l'épi, le nombre de grains par épi, poids de l'épi et en fin le poids de grains par épi (caractères de production). Le second groupe contient la longueur de la plante, la longueur de tige, la longueur de l'épi avec et sans barbes et la longueur des barbes (caractères d'adaptation).

1.4. 3. Classification hiérarchique ascendante (CAH) des génotypes

La classification hiérarchique permet le regroupement ou le clustering d'un ensemble d'échantillons en se basant sur la notion de distance. En effet, le clustering consiste en le regroupement des échantillons en groupes/sous-groupes ou clusters partageant des caractéristiques communes. Les méthodes de classification sont des méthodes non paramétriques ne considérant qu'une seule hypothèse qui stipule que plus deux entités sont similaires plus elles ont des chances à faire partie du même groupe (Sbabou,2009).

Le dendrogramme montre la relation entre les différentes régions étudiées basées sur les caractéristiques quantitatives (Figure 27), divise ses dernières en deux grands groupes.

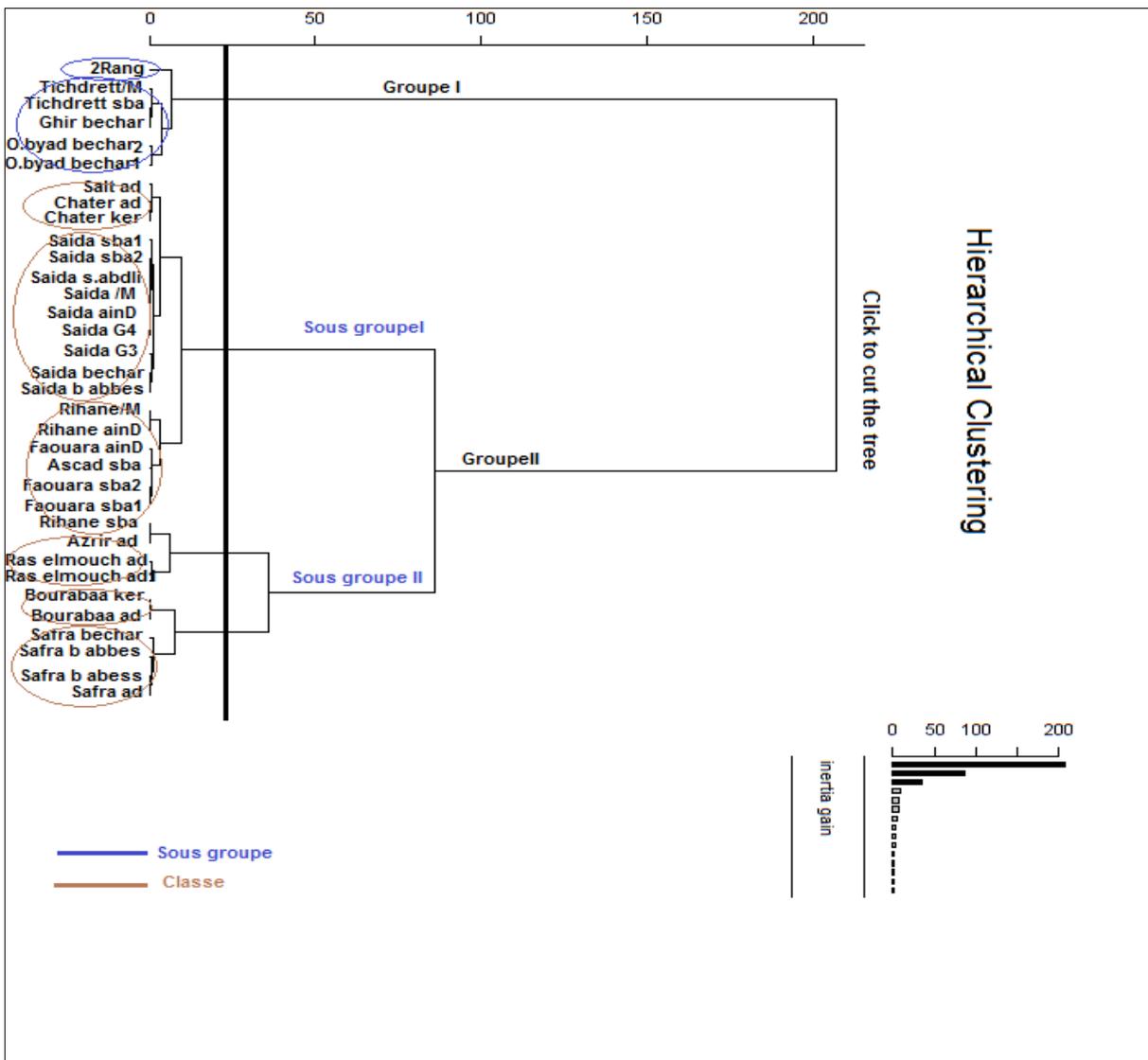


Figure 27 : Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions d'orge pour les caractères quantitatifs (Carrés expérimentaux).

Le premier groupe est divisé en deux sous groupes : le premier sous groupe représente deux s/sous groupes dont le premier renferme les accessions d’Adrar et le deuxième représente seulement l’accession de Saida , le deuxième groupe et a son tour composé de deux s/sous groupes : le premier représente une seul accession Tarouzi d’Ablessa (Tamanrasset), le deuxième et a son tour composé de deux s/sous groupes : le premier contient les accessions d’Adrar a l’exception de l’accession Rihane de sidi bel abbes et le deuxième s/sous groupe renferme l’accession de Safra d’Adrar et Bechar et Bourabaa d’Adrar.

1.5. Etude comparative entre les accessions d’orge échantillonnées sur terrain et semés dans les carrés expérimentaux :

Après avoir étudié la variabilité nos accessions et variétés échantillonnées et semés on vas établir une étude comparative entre ces accessions par des ACP et des CAH.

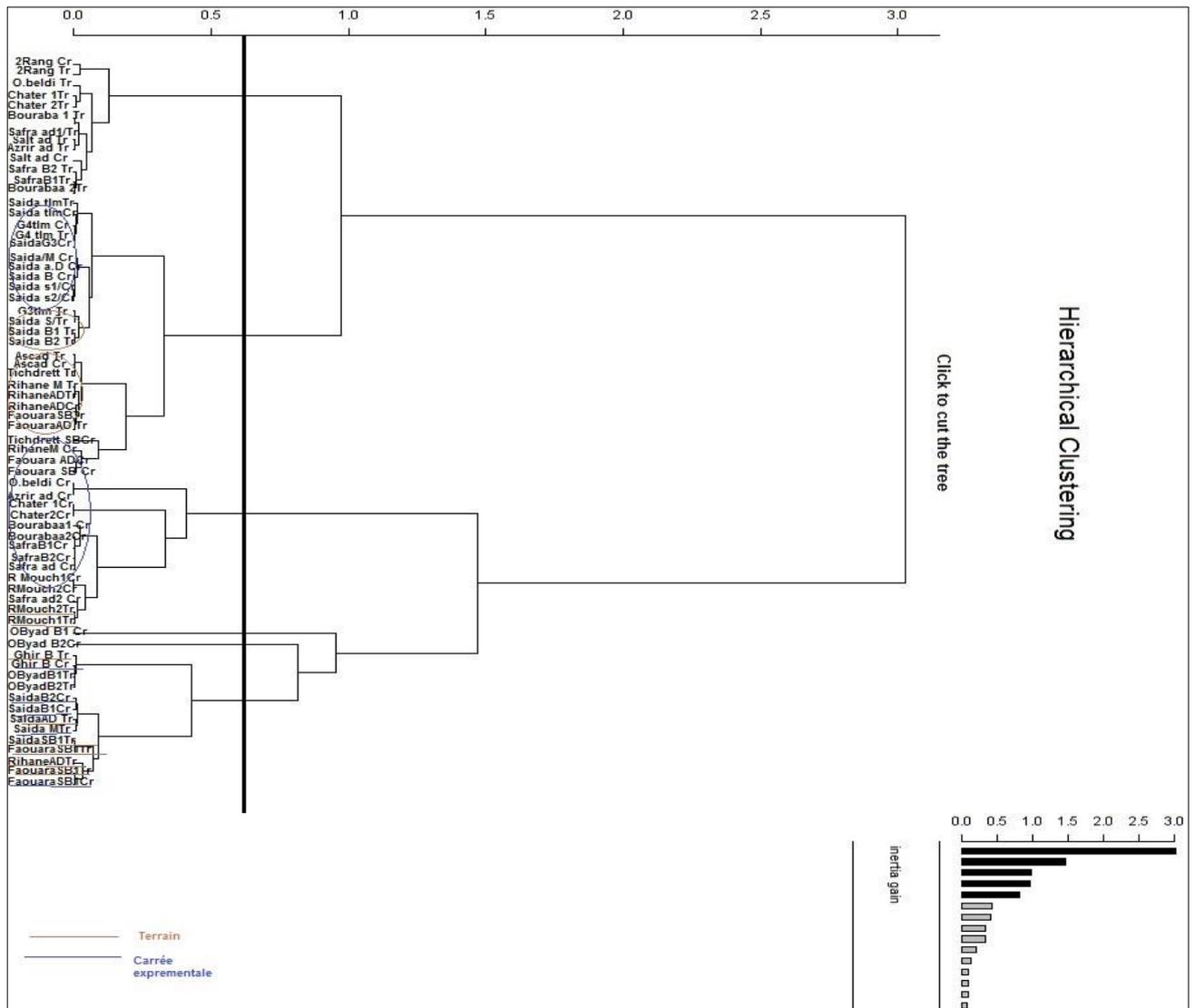


Figure 28 : Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions d’Orge étudié (Comparaison entre terrain et carrés expérimentaux).

2. Caractérisation génétique :

Cette étude est le premier rapport sur la caractérisation génétique des accessions d'orges en Algérie par l'utilisation des marqueurs SSR. Une étude comparative entre quatre types de marqueurs a montré que les marqueurs SSR montrent le polymorphisme le plus élevé (100%), suivi des RFLP (83,2%), des RAPD (63,3%) et des AFLP (46,6%) si l'indice de bandes polymorphes est pris comme mesure (Russell et coll. 1997). Toutes les accessions ont été testées à l'aide de 27 marqueurs SSR attribués à sept chromosomes de l'orge. Shi et ses collaborateurs (2004) ont suggéré que plus de deux marqueurs SSR de chacun des sept groupes de liaison soient sélectionnés pour assurer l'efficacité et la représentation de l'information génétique parmi les accessions.

2.1. Test de qualité de l'ADN :

Les tests sur gel d'agarose (Figure 30) ont permis de s'assurer de la qualité d'ADN extrait.

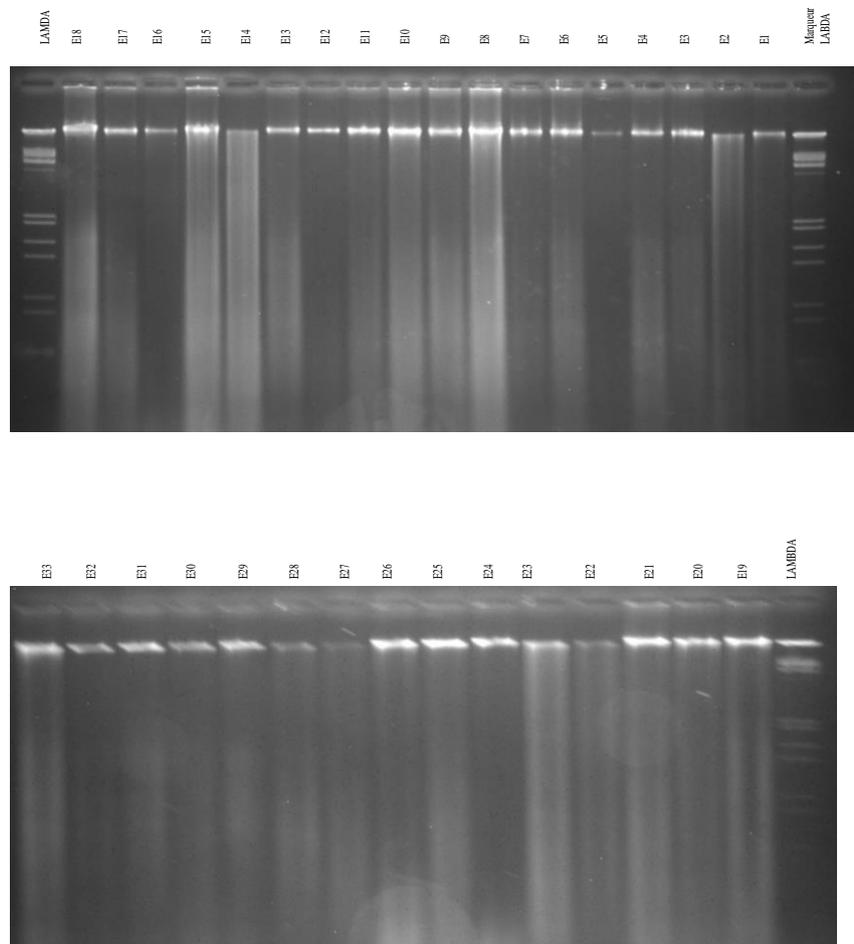


Figure 30 : Profils électrophorétiques de l'ADN génomique des échantillons étudiés sur gel d'agarose .

E1-Salt AD.E2-Raselmouch1oa.E3-Azrir AD.E4-Safra ad.E5-Chir B.E6-safra AD.E7-obyad ba1.E8-bourabaa Ba.E9-chater ad.E10-chater ker.E11-saida G4.12faouara SBA.E13- oBeldiAd.E14-SaidaSBA2.E15- SaidaAdf.E16- saida SBA1.E17-rihane Md.E18-saida r1.E19-FaouaraSBA.E20-Saida BA.E21-AscadsBA.E22-bourabaaAD.E23-Faouara SBA1.E24-RaselmouchAD.E25-obyadBA2.E26-RihaneAdf.E27-SafraAd.E28-. Rihane SBA . E29- SaidaB .E30-TichedrettMd.E31- saidaG3.E32-TichedrettSBA.E33- Saida Md.

A partir des résultats d'électrophorèse effectuée sur les extraits d'ADN des différents (Figure 31), toutes les amorces montrent la présence d'une seule bande de taille commune et d'intensité variable pour l'ensemble des individus, selon les quantités obtenues. L'ADN n'est donc pas dégradé et l'extraction est réussie. Ceci est confirmé aussi par la lecture de la DO, avec un spectromètre, les dilutions de l'ADN. Les valeurs révèlent une bonne qualité de l'ADN.

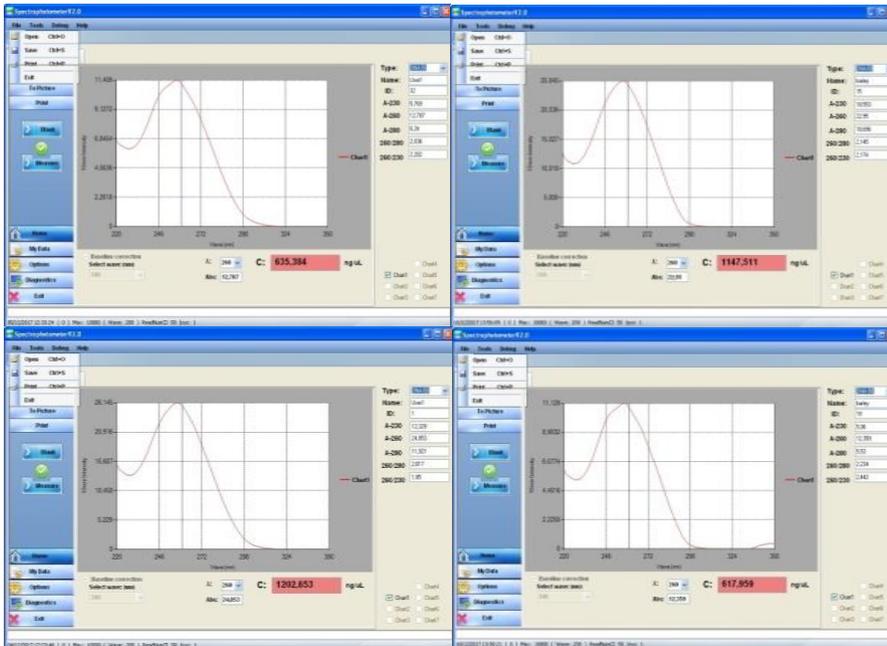
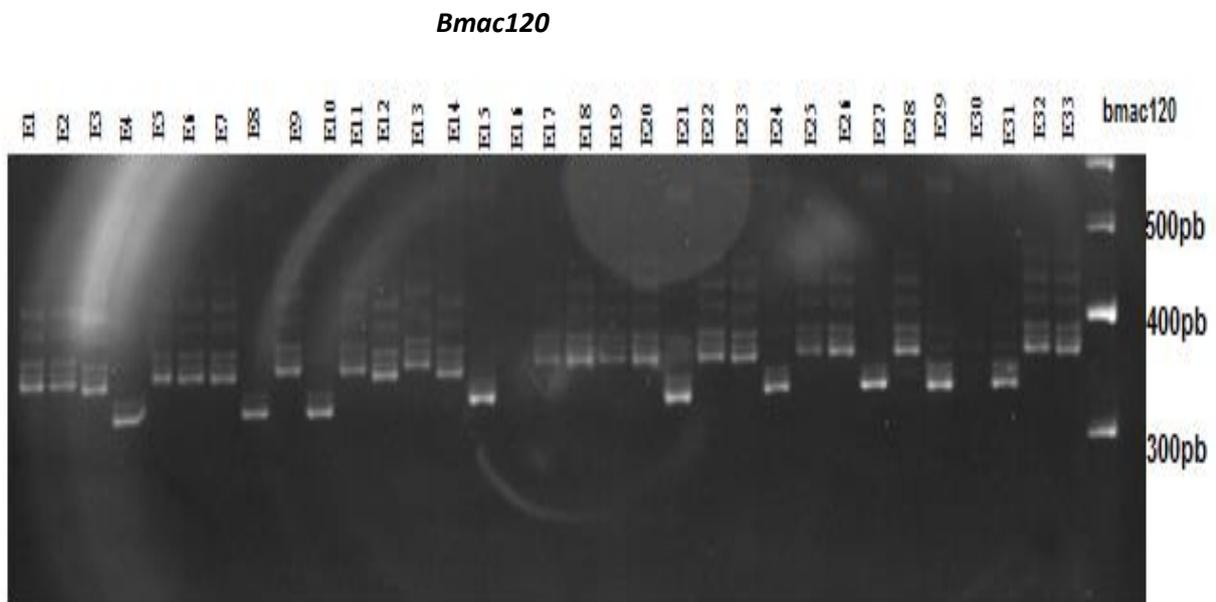
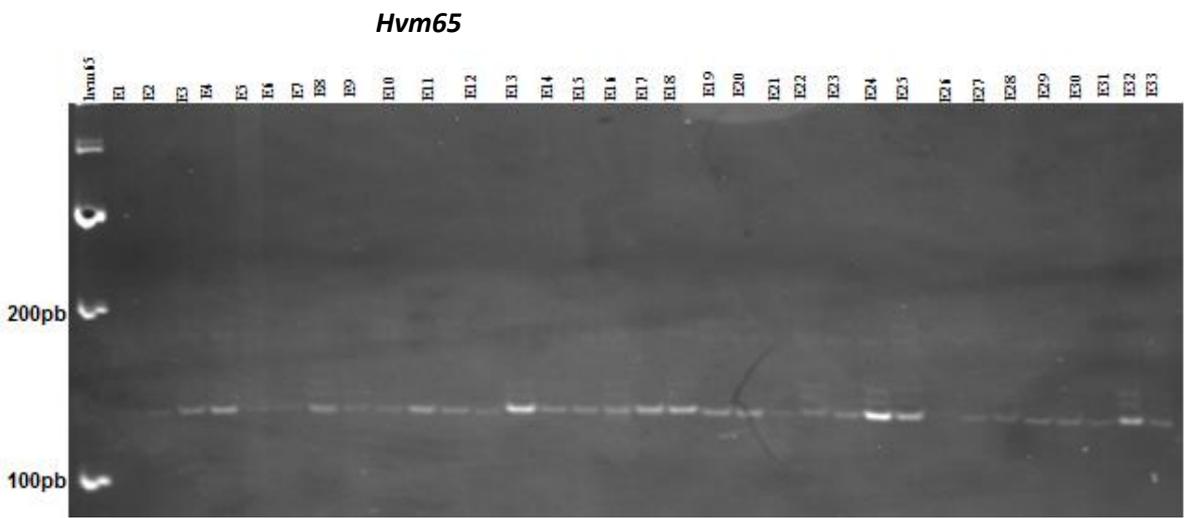
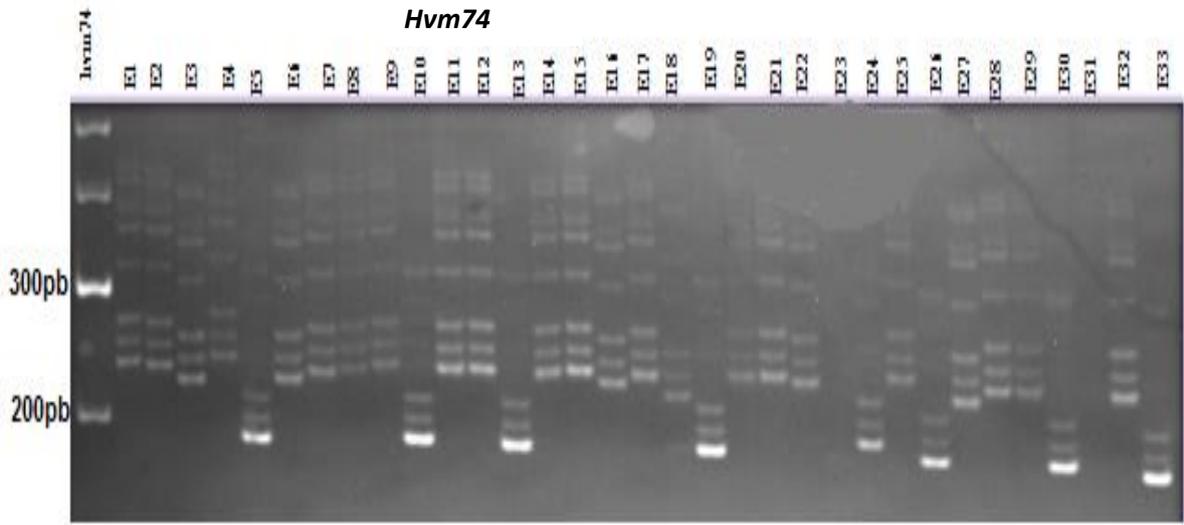


Figure 31 : Quantité de l'ADN génomique des échantillons étudiés (1,15,19,32) avec Nanodrop.

2.2. Polymorphisme des marqueurs microsatellites

Pour la caractérisation des 33 génotypes étudiés, nous avons utilisé 27 loci SSR, ayant montré la présence de plusieurs allèles, visualisés et mesurés sur les gels d'acrylamide.

Les 27 marqueurs microsatellites ont donné un nombre total de 110 allèles chez 33 accessions d'orge algériennes. Le nombre d'allèles par locus est compris entre 1 pour les marqueurs Bmac 0032, Hvm65 et Hvm14 (loci monomorphes) à huit pour le marqueur Bmag0009 et Ebmac0.806 (Figure 32). Les marqueurs SSR dans cette étude ont montré différents niveaux de diversité génétique. L'indice de diversité génétique varie de 0,00 (Bmac 0032, Hvm65 et Hvm14) à 0,84 (Bmag0009 et Ebmac0.806). Ces résultats révèlent que les marqueurs choisis ont été suffisants pour détecter la diversité des accessions algériennes d'orge.



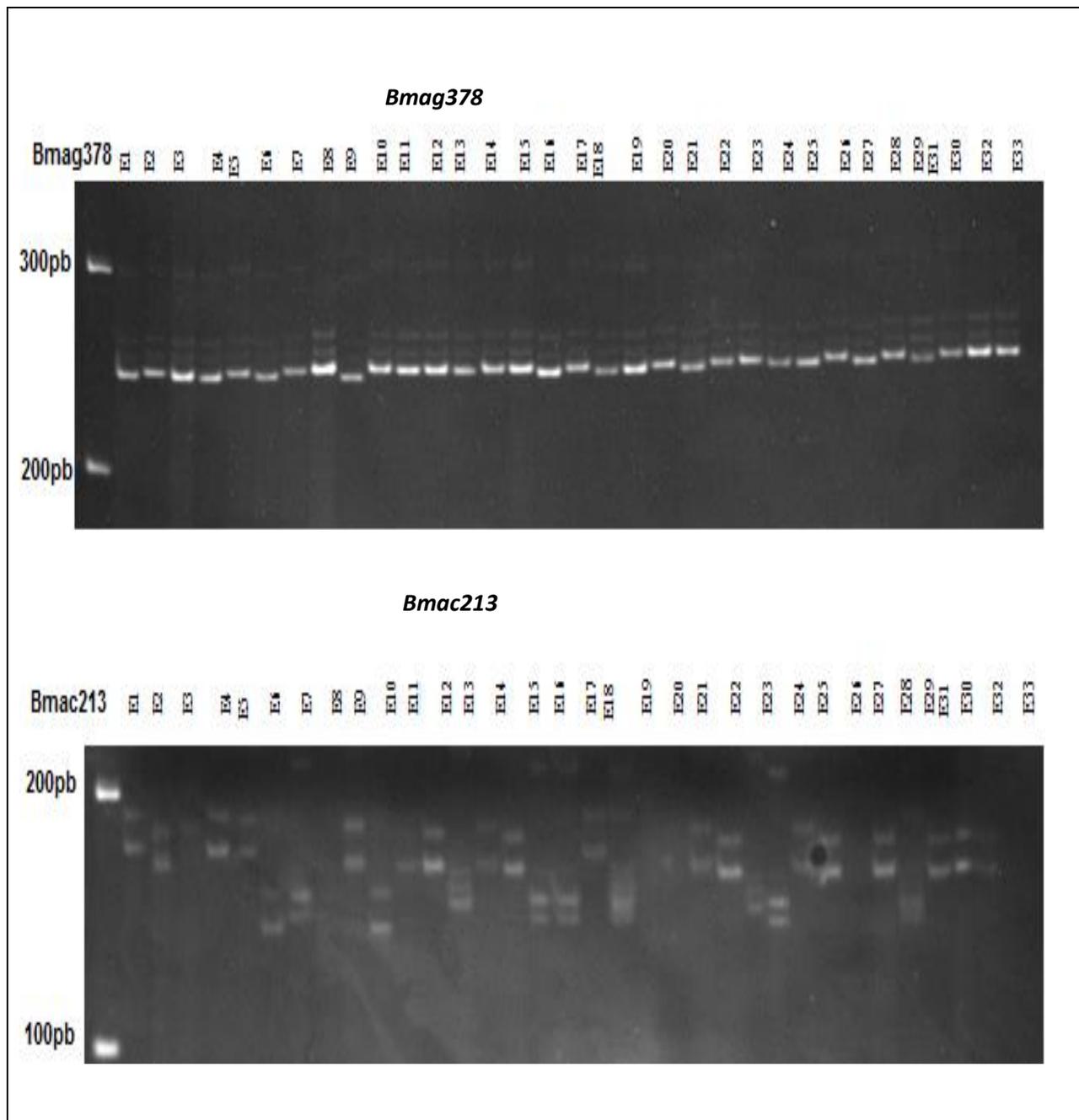


Figure 32 : Profils électrophorétiques sur gel d'acrylamide dénaturé de certains marqueurs microsatellites parmi les 27 marqueurs utilisés chez l'orge.

La diversité génétique de ces génotypes algériens est estimée sur la base du nombre d'allèles, de la fréquence des allèles et des valeurs du PIC (Tableau 11). Il est possible de comparer le polymorphisme obtenu avec les différentes techniques en utilisant des paramètres usuels de génétique des populations tels que le pourcentage de locus polymorphes, le nombre moyen d'allèles par loci et l'indice de diversité de Nie (Lamara ,2010).

Il a été détecté 110 allèles dans les accessions algériennes, Pejic et ses collaborateurs (1998) ont signalé que l'information sur le polymorphisme serait suffisante si plus de 70 allèles étaient détectés.

Ce nombre élevé d'allèles pourrait s'expliquer, d'une part, par l'origine des accessions (différents régions) et, d'autre part, par le fait que seules les amorces microsatellites qui correspondent aux séquences de *H. vulgaris* ont été amplifiées (microsatellites spécifiques). Or, les accessions d'orge sont génétiquement très éloignées.

Le nombre moyen d'allèles détectés dans cette étude (4,2) était supérieur aux accessions d'orge tunisienne signalées par Hamza et al (2004) (3,6), et aux variétés indiennes signalées par Jaiswal S. K. et al (2010) pour les accessions d'orge érythréenne (7,6). Le nombre d'allèles par locus variant de un pour les marqueurs Bmac 0032, Hvm65 et Hvm14 (loci monomorphes) à huit pour le marqueur Bmag0009 et Ebmac0.806 avec une moyenne de 4,1 allèles par locus (Tableau 13). Le nombre effectif d'allèles (N_e) variait de 1,00 (bmac0032, hvm65 et hvm22) à 6,43 (ebmac0806) avec une moyenne de 2,69, qui se rapproche de celle rapportée par Bellucci E, et al.2013 pour les populations de accessions d'orge italiennes, avec une valeur moyenne ($N_e=2,75$). La différence entre le nombre moyen d'allèles observés et le nombre effectif d'allèles est due à la fréquence inégale de chaque allèle (Liao M, et al.2011).

La diversité génétique pour 27 loci microsatellites de 33 accessions d'orge algérienne variait de 0,00 (Bmac 0032, Hvm65 et Hvm14) à 0,84 (Bmag0009 et Ebmac0.806) avec une moyenne de 0,50 (Tableau 13). Ces résultats révèlent que les marqueurs choisis étaient suffisamment efficaces pour détecter la diversité dans les accessions algériennes étudiées. La diversité génétique des accessions d'orge de diverses régions géographiques du monde diffère en ce qui concerne la richesse allélique, la fréquence des allèles uniques et le degré d'hétérogénéité (Malysheva-Otto et al. 2006).

Par ailleurs, des indicateurs de diversité des locus (contenu d'information sur le polymorphisme - PIC) ont été calculés (Tableau 13), les valeurs de PIC des marqueurs peuvent fournir une estimation du pouvoir discriminant dans un ensemble d'accessions en prenant non seulement le nombre d'allèles, mais aussi les fréquences relatives de chaque allèle (Smith et al., 2000). Une grande variation a été observée parmi les loci polymorphes ; les valeurs de PIC allaient de 0,06 (Bmag0378) à 0,83 (Ebma0806) avec une moyenne de 0,46. Cette valeur était inférieure à celles rapportées par Kadri et al. (2009) pour l'orge tunisienne où la valeur moyenne du PIC était de 0,53 et Varshney et al. (2008) sur des lignées d'orge de six pays différents utilisant un ensemble de 28 PSR où la valeur moyenne du PIC était de 0,58. La valeur de PIC la plus élevée (0,83) a été affichée par le marqueur SSR (Ebma0806) ayant le plus grand nombre d'allèles. Ainsi, six des loci étaient modérément polymorphes ($0.25 \leq \text{PIC} \leq 0,5$), quinze loci étaient fortement polymorphes ($0.5 > \text{PIC}$), tandis que les autres six loci présentaient un faible polymorphisme ($0.25 < \text{PIC}$).

Tableau 13 : Paramètres de diversité Génétique des accessions d'orge de 27 loci testés

Locus	Ss	NA	MAF	G.div	PIC	Ne	He	Ho	Fst	Nm	HWE
bmac0213	33	5	0.48	0.68	0.64	3,39	0,70	0.00	0,88	0,034	***
bma0181	33	3	0.61	0.55	0.49	2,24	0,55	0.00	0,91	0,026	***
bmac0040	33	3	0.84	0.28	0.26	1,38	0,27	0.00	0,95	0,012	***
bmac0093	33	5	0.60	0.59	0.55	2,43	0,59	0.00	0,90	0,028	***
bmac0018	33	6	0.48	0.64	0.59	2,81	0,64	0.00	0,89	0,030	***
bmac0156	33	3	0.90	0.19	0.18	1,23	0,19	0.00	0,97	0,008	***
bmac0032	33	1	1.00	0.00	0.00	1,00	0,00	0,00	1,00	0,000	-
bmac0067	33	6	0.35	0.76	0.73	4,2	0,76	0.00	0,87	0,037	***
bmac0113	33	5	0.36	0.70	0.64	3,33	0,70	0.00	0,88	0,033	***
bmac0273	33	3	0.90	0.18	0.17	1,22	0,18	0.00	0,96	0,008	***
bmac0134	33	7	0.37	0.75	0.71	3,98	0,75	0.00	0,87	0,036	***
bmac0096	33	4	0.63	0.56	0.52	2,29	0,56	0.00	0,90	0,026	***
bmac0209	33	4	0.53	0.57	0.49	2,39	0,57	0.00	0,90	0,027	***
bmac0316	33	4	0.47	0.60	0.52	2,51	0,60	0.00	0,89	0,028	***
ebmac0806	33	8	0.21	0.84	0.83	6,43	0,84	0.00	0,85	0,041	***
ebmac0705	33	3	0.50	0.57	0.48	2,35	0,57	0.00	0,90	0,027	***
bmag0378	33	2	0.97	0.06	0.06	1,06	0,06	0.00	0,99	0,003	***
bmag0206	33	4	0.48	0.64	0.57	2,79	0,64	0.00	0,89	0,030	***
bmag0013	33	3	0.54	0.57	0.49	2,24	0,55	0.00	0,91	0,026	***
bmag0009	33	8	0.24	0.84	0.82	5,95	0,83	0.00	0,86	0,040	***
bmag0120	33	3	0.42	0.66	0.58	2,90	0,66	0.00	0,89	0,031	***
hvm65	33	1	1.00	0.00	0.00	1,00	0,00	0.00	1,00	0,000	-
hvm22	33	1	1.00	0.00	0.00	1,00	0,00	0.00	1,00	0,000	-
hvm74	33	4	0.58	0.58	0.52	2,37	0,58	0.00	0,90	0,027	***
hvm14	33	6	0.31	0.78	0.75	4,5	0,79	0.00	0,87	0,037	***
hvleu	33	6	0.33	0.78	0.74	4,45	0,78	0.00	0,87	0,037	***
ryd2	33	2	0.90	0.17	0.16	1,21	0,17	0.00	0,97	0,008	***
Mean		4	0.59	0.50	0.46	2,69	0,50		0,92	0,024	
SE		.2			0,38	0,28	0,05		0,009	0,003	
					1						

2.3. Structure génétique des accessions

Par analyse de structure sur l'ensemble des données de 33 accessions, et en utilisant les 27 loci SSR, nous avons effectué le nombre d'allèles (Na), le nombre effectif d'allèles (Ne), l'hétérozygotie moyenne attendue (He), l'hétérozygote observé (Ho) et le nombre d'allèles privés (NPA) (Tableau 14).

Nous avons identifié que les accessions (Chater ad, SaidaSL, BourabaaAD, SaidaAdf) contenaient le plus grand nombre d'allèles par locus. Le nombre effectif d'allèles et l'hétérozygotie attendue sont (Ne=3.69) et (He=0.72) respectivement, ces valeurs étaient supérieures à celles rapportées par Bellucci E, et al.2013 avec (Ne=2.09) et (He=0.42) respectivement. Concernant le paramètre d'hétérozygotie observé, tous les loci ont montré des valeurs (Ho) proches de zéro, alors que l'hétérozygotie (He)

attendue variait de 0,00 (bmac0032, hvm65 et hvm22) à 0,84 (Ebma0806) avec une moyenne de 0,50 (Tableau 14). L'hétérozygote observé ($H_o=0,00$) était plus faible que l'hétérozygotie exsudée ($H_e=0,5$) ; le même résultat a été rapporté par Bellucci E, et al.2013 avec ($H_o=0,01$) et ($H_e=0,51$). La plus petite valeur de l'hétérozygotie observée par rapport à celle de l'hétérozygotie attendue, que nous avons obtenue dans toutes les accessions analysées d'orge, est aussi rapportée chez le sorgho sur la base des marqueurs microsatellites. Les écotypes de *Sorghum bicolor* originaires du Maroc et collectés in situ possède une hétérozygotie observée de $0,272 \pm 0,097$ et une hétérozygotie attendue de $0,719 \pm 0,049$ (Djè et al.,1999). Les valeurs de ces indices sont plus faibles chez les accessions de *Sorghum bicolor* conservées ex situ dans les banques de gènes : $H_o = 0,134 \pm 0,092$ et $H_e = 0,291 \pm 0,142$ (Djè et al., 2000).

Pour le flux de gènes estimé (Nm) a varié de 0,00 (bmac0032, hvm65 et hvm22) à 0,04 (bmag0009), avec une moyenne de 0,02. Pour le paramètre F_{st} , tous les loci ont montré des valeurs plus élevées avec une moyenne de 0,81.

Les résultats ont indiqué que tous les loci s'écartaient de façon très significative de l'équilibre Hardy-Weinberg (HWE), à l'exception de trois loci (bmac0032, hvm65 et hvm22) parce qu'ils étaient monomorphes (Tableau 14). Les explications possibles des déviations des loci par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg sont la carence en hétérozygotes dans les loci, la taille de la population et le mode de reproduction. (Liao M, et al.2011 et Babaei, 2012).

Tableau 14 : Structure génétique des accessions.

Accessions	Na	Ne	He	Fst	NPA		
					Freq.<5	Freq.≥5	Total
saltad	6	3,09	0,68	0,83	4	17	21
Raselmouch1oa	5	3,74	0,73	0,81	5	12	17
azrirad	6	3,74	0,73	0,81	10	11	21
safraBA	5	3,25	0,69	0,82	12	6	18
Chir B	6	4,51	0,78	0,80	8	15	23
safra AD	5	3,25	0,69	0,82	6	11	17
obyad ba1	6	2,75	0,64	0,84	0	17	17
bourabaa Ba	6	3,79	0,74	0,81	14	8	22
chater ad	7	4,09	0,76	0,81	10	8	18
chaterker	6	3,70	0,73	0,81	17	11	28
saida SBA	4	3,20	0,69	0,83	7	15	22
faouara Adf	6	3,31	0,70	0,82	0	10	10
saidaG3	6	3,70	0,73	0,81	19	6	25
SaidaSBA2	7	2,51	0,60	0,85	12	10	22
rihane SBA	6	3,89	0,74	0,81	22	6	28
saida G4	6	3,27	0,69	0,82	12	10	22
rihane Md.	6	4,43	0,77	0,80	17	6	23
saida r1	7	3,84	0,74	0,81	0	21	21
FaouaraSBA	5	3,57	0,72	0,82	12	16	28
Saida BA	6	4,30	0,77	0,81	6	10	16
AscadSBA	5	3,63	0,73	0,82	12	10	22
bourabaaAD.	7	4,30	0,77	0,81	4	15	19
Faouara SBA1	6	4,30	0,77	0,81	8	21	29
RaselmouchAD	6	4,04	0,75	0,81	5	19	24
obyadBA2	6	4,45	0,78	0,80	5	17	22
RihaneAdf	7	4,12	0,76	0,81	5	16	21
SafraAd.	5	3,76	0,73	0,81	14	15	29
SaidaMd	6	4,30	0,77	0,81	6	11	17
SaidaAdf	7	3,21	0,69	0,83	5	16	21
TichedrettMd	4	3,79	0,74	0,81	19	9	28
oBeldiAd	5	3,41	0,71	0,82	0	10	10
TichedrettSBA	5	3,89	0,74	0,81	11	6	17
SaidaB	5	2,77	0,64	0,84	5	10	15
Mean		3.69	0.72	0.82			

2.4. Dendrogramme

Le Dendrogramme construit (Figure33) a classé les accessions évaluées en trois groupes principaux (Groupe-1, Groupe-2 et Groupe-3). Dans chaque groupe, les accessions ont été principalement séparées en cinq groupes mineurs ; le premier groupe se compose de Safra BA, O. beldi Ad, Bourabaa Ad, Safra Ad , Bourabaa Ker ,Safra BA,O,Byad BA2 et Obyad BA, le deuxième groupe se compose de Chater Ad ,Chater Ker Salt Ad Tichderett M d et Tichederett SBA et le troisième groupe se compose de Ras elmouch1oa ,Raselmouch Ad , A zrir Ad et Ghir B. Le quatrième groupe est formé par les accessions Saida sl, Saida Md, Saida Ad, Saida G3 et Saida G4. Le 5^{ème} groupe est formé par Rihane Adf,

RihaneMd, Rihane SBA, Saida R1, Saida BA, Siada B, Faouara SBA2, Faouara SBA1, Siada SBA, Faouara Adf et Askad SAB.

L'analyse dendrogramme pour 27 marqueurs de SSR utilisés dans l'étude a montré un niveau élevé de diversité parmi toutes les accessions d'orge.

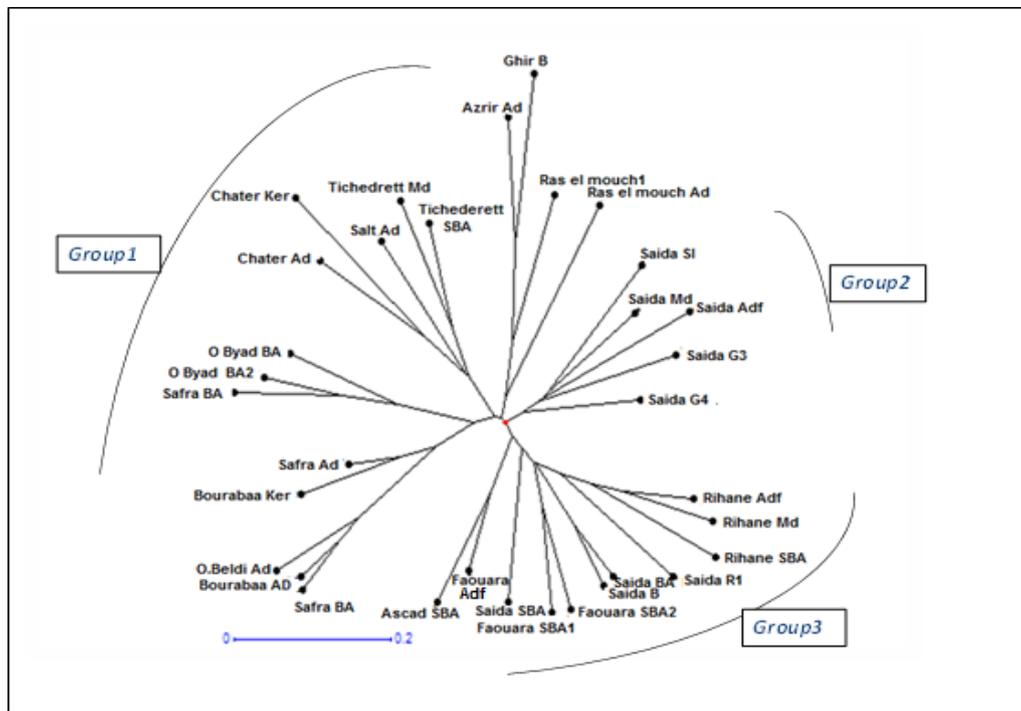


Figure 33. Dendrogramme obtenu par la méthode NJ basée sur la distance génétique des allèles partagés entre 33 accessions d'orge.

2.5. Distance génétique

La distance génétique la plus faible (0,02) a été observée entre les deux accessions Saida SBA et Saida (Medea), Saida G3 (Tlemcen) et Saida (Ain Defla) et entre L'accession Safra (Adrar) et Bourabaa (Adrar), Ceci indique que ces populations sont deux à deux génétiquement identiques. La distance génétique la plus élevée de 0,85 est enregistrée entre la population Ras elmouch (Oueld ali) et SaidaG3(Tlemcen) (Annexe 05) Ces populations sont les plus éloignées génétiquement. Les relations génétiques entre les variétés d'orge révélées par la similarité génétique aux niveaux de la SSR étaient en accord avec leurs rôles dans la production agricole et la sélection (Qian et al., 2011). Les relations génétiques étroites observées entre certaines variétés sont expliquées par la présence de parents communs dans leur pedigree (Nsarellah et al., 2005).

2.6. Analyse des coordonnées principales (PCoA)

La structure génétique a été établie en effectuant une analyse des coordonnées principales (PCoA) à l'aide des données de la RSS. La PCoA de la distance génétique entre les génotypes, basée sur les fréquences des gènes, a révélé une différenciation entre les accessions. Les trois axes expliquent 15, 8,48 et 7,29 % de la variance totale, et séparent les accessions en deux groupes, les accessions du nord

dans un groupe et celles du sud dans un autre (Figure 34). Le PCoA a montré que 33 accessions étaient bien dispersées. L'analyse des données, c'est-à-dire le NJ dendrogramme et l'analyse des coordonnées principales, a également révélé une différenciation entre les accessions en général.

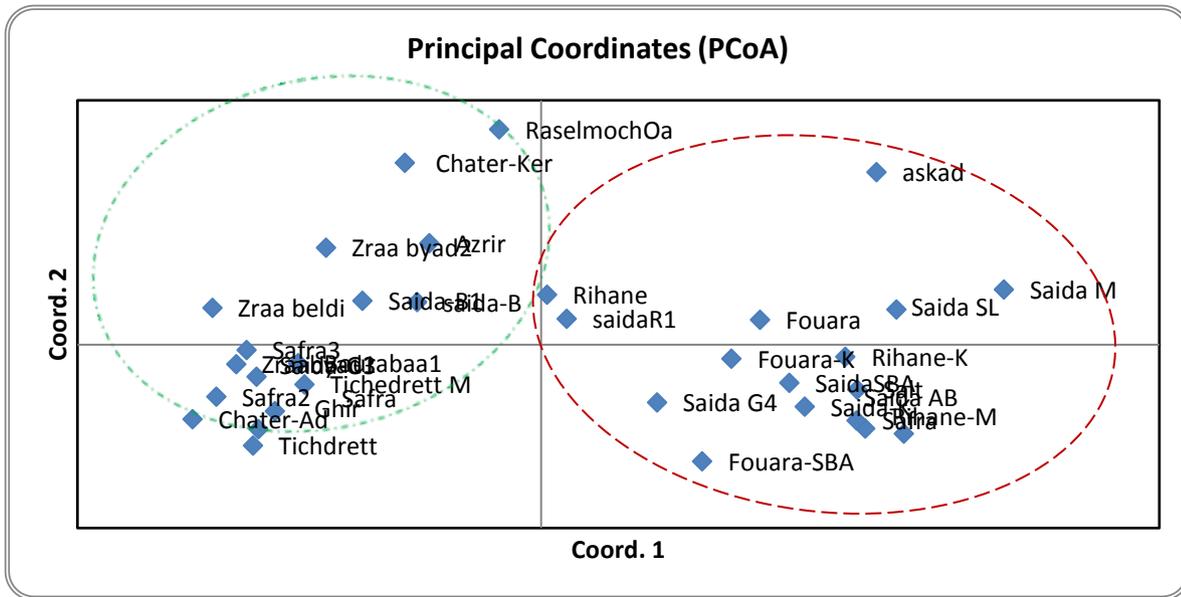


Figure 34 : Analyse de la coordination principale (PCoA) générée à partir des calculs des distances génétiques utilisant GenAlEx pour les 33 accessions (rouge : accessions du nord et vert : accessions du sud)

2.7. Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

L'analyse AMOVA (Tableau 15) a révélé que la proportion de la variance entre les accessions dans les régions était très élevée, représentant 97 % de la variation totale alors que la différence entre les régions n'a enregistré que 3 %. Ces résultats suggèrent que le flux génétique entre les régions est très faible

Tableau 15 : Résultats de l'Analyse de Variance Moléculaire (AMOVA)

Source	Degrees of freedom(Df)	Sum of squares (SS)	Means of squares (MS)	Est. Var.	%	value	prob
Entre population	5	87,737	17,547	0,206	3%		
Intérieur de la population	27	415,657	15,395	7,697	97%	0,026	0,138
Total	65	503,394		7,903	100%		

L'analyse AMOVA a montré que la proportion de variance entre les accessions dans les régions était très élevée (97 %) alors que la différence entre les régions n'a enregistré que 3 %. Des résultats similaires

ont été enregistrés pour l'orge en Erythrée, Backes, et al (2009) ont analysé 39 SSR dans 24 champs d'orge et ont observé une proportion de variance élevée au sein des races de pays (97,5 %). Alemayehu et Parleviet (1997) ont également analysé six caractéristiques agronomiques dans 18 variétés d'orge d'Éthiopie et ont constaté une grande variation au sein de ces variétés (97,3 %). Une structure génétique similaire a été obtenue pour le blé, en étudiant 39 variétés marocaines avec 14 marqueurs SSR, Henkrar et al (2017) ont trouvé 96 % de la variation génétique à l'intérieur de ces populations de blé.

3. Diversité génétique des accessions d'orge originaires des régions du Nord, du Nord-Ouest et du Sud Ouest de l'Algérie :

La distance génétique la plus faible (0,26) a été observée entre les accessions adrales et les variétés de béchar, tandis que la distance génétique la plus élevée (0,5) a été trouvée entre la région de Sidi Bel Abbes et la région de Medea (Tableau 16) .

Tableau 16 : Diversité génétique entre les régions

Régions	Adrar	Aindefla	Bechar	Media	Sidi BelAbess	Tlemcen
Adrar	0	0,34	0,26	0,37	0,40	0,45
Aindefla		0	0,35	0,40	0,45	0,42
Bechar			0	0,37	0,35	0,41
Media				0	0,5	0,47
Sidi Bel Abess					0	0,42
Tlemcen						0

Le dendrogramme (Figure 35) construit pour décrire la relation entre les régions de collecte a divisé les accessions en trois groupes principaux, dont le premier ne comprend que les accessions de Tlemcen et de Sidi Bel Abbes (Nord-Ouest de l'Algérie). Le deuxième groupe ne comprend que les accessions d'Adrar et Bechar (Sud-ouest de l'Algérie), tandis que le troisième groupe regroupe les accessions de Media et Aindefla (Nord de l'Algérie).

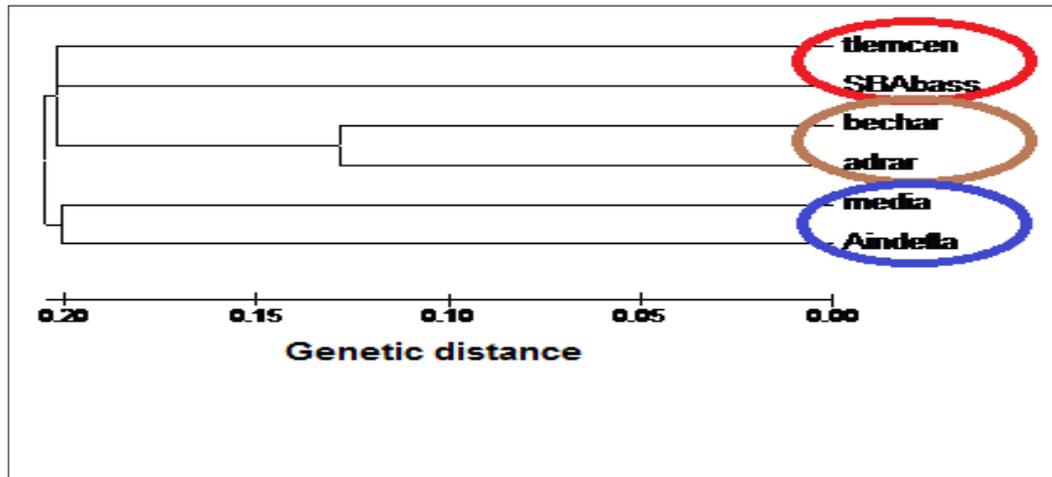


Figure 35 : Dendrogramme obtenu par la méthode NJ basée sur la distance génétique des allèles partagés entre les populations (régions)

Conclusion

L'objectif de cette étude est l'estimation de la diversité génétique dans 34 variétés et accessions d'orge (*Hordeum vulgare L.*), récoltées à travers l'Ouest algérien, en se basant sur une caractérisation agro-morphologiques et génétique. Et ce, dans le but d'avoir une idée sur l'importance et la distribution de la diversité génétique dans les régions prospectées.

Au cours de ces travaux de recherche, nous avons pu, en premier lieu, caractériser les différentes Variétés et accessions collectés, en se basant sur l'analyse des traits morpho-agronomiques (quantitatifs et qualitatifs), ensuite étudier la diversité variétale des semences semées dans des carrés expérimentaux afin de fixer le facteur environnemental et voir son impact sur ses derniers. En second lieu, nous avons caractérisé les différentes accessions génétiquement et établir leur phylogénie.

Les prospections effectuées sur plusieurs champs d'orge dans l'Ouest Algérien durant deux campagnes agricoles consécutives ont montré qu'il existe une importante diversité due à la présence de caractères hautement polymorphes (hauteur de la plante, longueur de la tige, longueur de l'épi avec barbe, longueur de l'épi sans barbe, largeur de l'épi, poids de l'épi, longueur des barbes, nombre de grains par épi, poids de grains par épi, pilosité des barbes, pilosité du sillon, denticulation des nervures dorsales internes de la glumelle inférieure, couleur des barbes). Cette diversité élevée est due aussi à la nature typologique traditionnelle avec laquelle sont cultivées ces différentes accessions caractérisées par une faible pression sélective.

L'analyse moléculaire des accessions a été précédée par la mise au point d'un protocole d'extraction de l'ADN génomique et des méthodes d'amplification en PCR par les marqueurs moléculaire Microsatellites (SSR).

L'analyse de ces 33 accessions par les marqueurs SSR a permis significativement leur différenciation. Le test de 27 amorces a généré des niveaux de diversité et de polymorphisme très satisfaisants. Au total, 110 allèles ont été identifiés sur les 27 loci génétiques étudiés, avec une moyenne de 4,1 allèles par marqueur. Trois amorces ayant généré des marqueurs monomorphes ont été identifiées et pourraient être proposées comme étant des amorces spécifiques à l'espèce de *Hordeum vulgare L.*

Le dendrogramme construit, à l'issue de l'analyse statistique de ces marqueurs par la méthode NJ basée sur la distance génétique des allèles partagés entre 33 accessions d'orge a montré un réarrangement significatif des accessions avec un pourcentage de similarité de 85 %. L'analyse de cet arbre phylogénétique met en question deux notions principales ;

* Deux accessions provenant de la même localité géographique, n'implique pas forcément une similarité génétique entre elles (Tichedrett Médéa et Saida médéa (D=0.52)).

* Deux accessions différentes peuvent être très proches génétiquement avec une étroite distance (Exemple : Safra et Bourabaa (D=0.02) se montrent génétiquement identiques).

Les relations génétiques étroites observées entre certaines variétés sont expliquées par la présence de parents communs dans leur pedigree (Nsarellah et al., 2005). A titre d'exemple, le rapprochement génétique de la variété Saida et les deux variétés Rihane et Faouara.

Pour conclure, nous pensons que l'identification de nouveaux marqueurs génétiques conçus spécifiquement pour *Hordeum vulgare* L, va permettre d'enrichir les connaissances au niveau moléculaire pour cette espèce. De plus, elle facilitera la tâche aux sélectionneurs et aux améliorateurs pour rendre plus pratique les analyses de diversité génétique.

Au terme de ce travail, nous proposons en perspectives :

- *Utiliser des marqueurs microsatellites liés aux traits agro-morphologiques (utilisant les marqueurs associés aux caractères agronomiques, gènes clés de résistance et les QTLs) ;
- * Tester de nouveaux marqueurs microsatellites et augmenter leur nombre ;
- * Augmenter le nombre d'échantillons afin d'étudier les variations intra-populations.

*Références
bibliographiques*

Références Bibliographiques :

A.

Aci M., 2012. Utilisation des marqueurs SSRs pour l'étude de la diversité génétique de quelques populations algériennes de maïs (*Zea mays* L.). Mémoire de Magister en Biotechnologies Végétales. Ecole Nationale Supérieure Agronomique El-Harrach, Alger.p25-39.

Alaoui S.B., 2003. Conduite technique de l'orge. Production de fourrage à partir de céréales cultivées seules ou mélangées avec les légumineuses. Technique de production des principales cultures fourragères en bour et en irrigué. pp.40-42.

Andersson M.S., Schultze-Kraft R., Peters M., Hincapie B., Lascano C.E., 2006. Morphological, agronomic and forage quality diversity of the *Flemingia macrophylla* world collection. *Field Crops Research* 96 : 387-406.

Aouali S. et Douici K., 2009 : Recueil des principales maladies fongiques des céréales en Algérie. Institut Technique de Grandes Cultures (ITGC), El Harrach, Alger.57p.

Arbouche H.S., Arbouche Y., et Arbouche F., 2008. Valeur nutritive de quelques variétés d'orge algériennes pour l'alimentation des ruminants. *Recherche agronomique*, **22** : 67-72.

Arnaud J.F., 2006. Passé, présent et avenir, Une brève histoire des marqueurs moléculaires utilisés en génétique des populations.UMR CNRS ed. France. 69p.

Avila Ospina Liliana Astrid., 2014.Autophagie, sénescence et remobilisation de l'azote chez l'orge. Thèse de doctorat en biologie. Université Paris-sud. p18

B.

Babaei N., Abdullah N.A.P., Saleh G., Abdullah T.L., 2012. Isolation and characterization of microsatellite markers and analysis of genetic variability in *Curculigo latifolia* Dryand. *Mol Biol Rep* .**39**:9869–9877.DOI 10.1007/s11033-012-1853.

Badr A., Muller K., Schafer-Pregl R., El Rabey H., Effgen S., Ibrahi H.H., PozziC.,

Rohde W and Salamini F., 2000. The origin, domestication and history of barley (*Hordeum vulgare*). *Molecular Biology and Evolution*, 17: 499-510.

Bagga A.K., Ruwali K.N. ,and Asana R.D., 1970. Comparison of responses of some Indian and semi dwarf Mexican wheat to irrigated cultivation. *Indien J, Agri, Sci*, 40: 421-427.

Baldy C., 1993. Effets du climat sur la croissance et le stress hydrique des blés en méditerranée occidentale. In tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne (diversité génétique et amélioration variétale). Ed. INRA, France, les colloques n° 64. 84-99p.

Bammoun A., 1997.Contribution à l'étude de quelques caractères morphophysologiques, biochimiques et moléculaires chez des variétés de blé dur (*Triticum turgidum* ssp *durum*.) pour l'étude de la tolérance à la sécheresse dans la région des hauts plateaux de

l'Ouest Algérien. Thèse de Magistère, 1-33p.

Becker J., Heun, M., 1995. Barley microsatellites: allele variation and mapping *Plant Molecular Biology* **27**:835-845.

Belaid A., 2000. Durum wheat in WANA (West Asia and North Africa): production, trade, and gains from technological change. In: Durum wheat improvement in the Mediterranean region: new challenges, vol 40. Options Méditerranéennes. CIHEAM-IAMZ, Zaragoza, Spain.

Belay G et Brink M., 2006. Ressources végétales de l'Afrique tropicale 1-Céréales et légumes secs- Fondation PROTA/Backuys Publishers/CTA-p200.

Bellatreche A., Mahdad M Y., Kahouadji K., Gaouar SBS., 2017. Agro-morphological diversity of some accessions of bread wheat (*Triticum aestivum*) in Western Algeria. *Biodiversity* **18**: 409-415. DOI: 10.13057/biodiv/d180153

Bellatreche A., Gaouar SBS., 2012. Preliminary genetic study of some varieties of durum wheat and bread wheat in the wilaya of Tlemcen and the influence of the environment on their yields. *Science and Nature*, 37-42.

Bellucci E., Bitocchi E., Rau D., Nanni L., Ferradini N., et al., 2013. Population Structure of Barley Landrace Populations and Gene-Flow with Modern Varieties. *PLoS ONE* **8(12)** : e83891. doi: 10.1371/journal.pone.0083891

Benabdallah N and Bensalem M., 1993. Paramètres morphophysologiques de sélection pour la résistance à la sécheresse des céréales. In Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Les colloques. n° 64. INRA. Paris. 275-298p.

Benhamza M., 2013. Aperçu hydrogéologique et hydrochimique sur les systèmes de captage traditionnel des eaux souterraines (FOGGARA) dans la région d' Adrar. Mémoire de Magister Qualité des eaux et impact sur l'homme et l'environnement. Université Badji Mokhtar-Annaba. 130p.

Benmohammed A., 2004. La production de l'orge et possibilités de développement en Algérie. *Céréaliculture*. **41**, 34-38. ITGC, Alger.

Bensejad A., 2011. Aptitude des eaux de la plaine de Sidi Bel Abbes aux fins d'irrigation, Université Abou Bekr Belkaid- Telemcen, 43p.

Berrached A., 1996. Etude comparative de la dynamique des sols dans les régions sahariennes (Adrar). Mem. ing. Agro., Inst. Nat. Agro., El Harrach, 62p.

Bettaieb B.L., and Attias J., 1992. Electrophoretic heterogeneity of the hordeins of five barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars from Tunisia. *C. R. Acad. Sci. Paris. t. 314, Série III* : 141-146.

Boufenar-Zaghouane F. and Zaghouane O., 2006. Guide des principales variétés de céréales à paille en Algérie (blé dur, blé tendre, orge et avoine). 1ère édition. Institut technique des grandes cultures ITGC-ICARDA, EL-Harrach –Algérie. 154 p.

Bouhadjera K., 2005. Contribution à l'étude chimique et biologique de deux plantes médicinales sahariennes *Oudneya africana* R.Br. et *Aristida pungens* L. Thèse de doctorat d'état, univ. Tlemcenp-97-98

Boukecha D., 2001. Etude agronomique et génétique de la tolérance à la sécheresse de quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.). Thèse de magister, INA, El- Harrach. 131 p.

Boukhari R et Gaouar S.S.B., 2018. Caractérisation de quelques variétés d'olivier algériennes (TiziOuzou). Editions universitaires europeennes. Riga. lettonie

www.editionsue.com/catalog/details//store/fr/book/978-3-639-54678-1/

Boulal H., Zaghouane O., El Mourid M ., et Rezgui L., 2007. Guide pratique de la conduite des céréales d'automne (blés et orges) dans le Maghreb (Algérie, Maroc, Tunisie). Ed. TIGC, INRA, ICARDA, Algérie, 176 p.

Boutadara Y., 2009. Étude hydrogéologique des systèmes de captage traditionnels dans les Oasis Sahariennes Cas des Foggaras de la région du Touat (Adrar) Mémoire magister, université d'Oran, 118 p.

Bouziane R H., 2006. Caractérisation agro morphologique des orges (*Hordeum vulgare* L.) cultivées dans les oasis de la région d'ADRAR (Algérie) (Doctoral dissertation, INA).page !!!!!

Buckman., 1990. Agriculture et fertilization. Ed. Norsk hydro a.s.258p

Budak H., Pedraza F., Baenziger P.S., Cregan PB, Dweikat I .,2003. Development and utilization of SSR to estimate genetic diversity in a collection of pearl millet germplasm. *Crop Sciences* 43: 2284-2290.

C.

Ceccarelli S, Grando S., 1996. Drought as a challenge for the plant breeders. *Plant growth Regulation*, 20: 149-155.

Ceccarelli S, Grando S., 1996. Importance of specific adaptation in breeding for marginal conditions. In Proc. of the first barley research review workshop, 16-19 October 1993, Addis Abeba: IAR/ ICARDA. Addis Abeba, Ethiopia.

Chaabane R., El Felah M., Ben Salah H., Ben Naceur M., Chedly Abdelly., Ramla D., Nada A., Saker M.,2009. Molecular Characterization of Tunisian Barley (*Hordeum Vulgare* L.) Genotypes using Microsatellites (SSRs) Markers. *European Journal of Scientific Research* Cross RJ, 1994. Geographical trends within a diverse spring barley collection as identified by agro/morphological and electrophoretic data. *Theor. Appl. Genet.* 88: 597-603. ISSN 1450-216X Vol.36 No.1: pp.6-15

Chouaki S., Bessedik F, Chebouti A., Maamri F., Oumata S, Kheldoun S., Hamana M.F., Douzene M., Bellah F., Kheldoun A., 2006. Deuxième rapport national sur l'état des ressources phylogénétiques-INRAA / Juin. P11-13

D.

- Dawson I.K., Russel J., Powell W., Steffenson B., Thomas W.T.B., Waugh R., 2015.** Barley: a translational model for adaptation to climate change. *New Phytologist*, 206: 913-931.
- Dejene T., Andrea M.B., Jens L.,2010.** Morphological diversity of Ethiopian barleys in relation to geographic regions and altitudes. *Hereditas* 147: 154-164.
- Demissie A., Bjørnstad A.,1996.** Phenotypic diversity of Ethiopian barleys in relation to geographical regions, altitudinal range, and agro-ecological zones: as an aid to germplasm collection and conservation strategy. Lund, Sweden - *Hereditas* 124: 17-29.
- De Vicente C.F.A., Guzmán J., Engels V., Ramanatha R.,2005.** Genetic characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. the role of biotechnology -Villa Gualino, Turin, Italy – 5-7
- De Vienne M., Chausse A., Maurice and S. Santoni.,1998.** Les marqueurs moléculaires et leurs utilisations. 95ème Edition, 1-5.
- Djekoun A ., Ykhlef N ., Bouzerzour H ., Hafsi., Hamada Yand Kahalil., 2002.** Production du blé dur en zones semi- arides : identification des paramètres d'amélioration du rendement. III journées scientifiques sur le blé dur 11, 12, 13 février 202. Univ. Mentouri. Constantine.
- Djè Y., Heuertz M., Lefèbvre C., Vekemans X.,2000.** Assessment of genetic diversity within and among germplasm accessions in cultivated sorghum using microsatellites markers. *Theor. Appl. Genet.* 100, p. 918–925.
- Dubost D., 2002., Ecologie.** aménagement et développement agricole des oasis algériennes. Ed. CRSTRA, Biskra, 423p.
- Duchafour P.H., 1977.** Pédologie. Tome I, pédogénèse et classification. Masson et Cie Edit. Paris. 477 p.
- E.**
- Edwards S.,Tuveesson M.,Morgante A.,Massari E.,Maestri N.,Marmioli T.,Sjakste M.,Ganal W. ,P.owell .,Waugh R.,2000.**A simple sequence repeat-based linkage map of barley .*Genetics* **156**:1997-2005.
- Erroux J., 1956 :** Les céréales de l'Ouadi El Ajal. *Bul. Soc. Hist. Nat. Afric. Nord*, 43:172-183.
- Excoffier L., Smouse P.E., Quattro J.,1992.** Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131 :479-491
- F.**
- Faraoun F., 2002.** Cartographie des sols de la plaine de Sidi Bel Abbes et évaluation des potentialités édaphiques. Mémoire de magister en écologie Appliquée. Université de SBA.
- Ferreira M.Y et Grattapaglia D., 1998.** Introducción al uso de Marcadores Moleculares en el Análisis Genético. *Embrapa-cenargen*. Brasilia, DF, Brasil. 221 p.

Fortas A., 2016.Initiation d'Utilisation du SIG pour cartographie Hydrologique du Bassin Versant d'Oued Saoura (wilaya de Béchar). Master en Géologie. Université Kasdi Merbah Ouargla.8-16p.

G.

Gabillard D., 1983. Amélioration du rendement protéique de l'orge : génétique quantitative et agro - physiologie. Thèse de docteur de 3ème cycle. Sciences agronomiques. Institut National polytechnique de Toulouse, 134 p.

Gaouar A.,1980. Dégradation des forêts et conception d'un développement -in cahier géographique- (spéciale séminaire : Développement et aménagement du territoire en Algérie.oran) pp151-163.

Gate P., Bouthier A., Woznica K. et Manzo M6E., 1992. La tolérance des variétés de blé tendre d'hiver à la sécheresse : Premiers résultats ITCF, Perspectives agricoles 145, 17-27.

Gauthier M., 2010 : Le déséquilibre de liaison chez l'orge (*HORDEUM VULGARE L.*) : Une fenêtre d'observation sur les effets de la sélection. Mémoire présenté à la Faculté des études supérieures de l'Université Laval dans le cadre du programme de maîtrise en biologie végétale pour l'obtention du grade de maître en sciences. Univ LAVAL QUÉBEC.p1-6

Grando S., Von Bothmer R., Ceccarelli S., 2001.- Genetic diversity of barley: use of locally adapted germplasm to enhance yield and yield stability of barley in dry areas. In: Cooper HD, Spillance C., Hodgkin T., Ed. Broadening.

Grando, Stefania et Helena Gormez Macpherson., 2005.- Food Barley: Importance, Uses and Local Knowledge. Proceedings of the International Workshop on Food Barley Improvement, ICARDA, Hammamet, Tunisia, 156 pp.

Gegnaw S.T ., Hadado, T.T., 2014. Genetic diversity of qualitative traits of barley (*Hordeum vulgare L.*) landrace populations collected from Gamo Highlands of Ethiopia. *International Journal of Biodiversity and Conservation*, Vol. 6 (9),663-673.

<http://www.academicjournals.org/journal/IJBC/article-abstract/BB1228D47873>

Gomez-Macpherson H., 2001. *Hordeumvulgare*.<http://ecoport.org/ep?plant=1232>.

Graciela M., 1990 : Facteur de stress agissant sur la production du blé en Argentine, Evaluation de mécanismes d'adaptation à la sécheresse .Thèse doc. Ecole supérieure agronomique de Montpellier.80p.

Gupta, P.K., Varshney, R.K., 2000. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. *Euphytica*. 113,163-185.

H.

Hadjichristodoulou A.,1995. Evaluation of barley landraces and selections from natural outcross of *Hordeum vulgare* ssp. Spontaneum with ssp. vulgare for breeding in semi-arid areas. *Genet. Resour. Crop Evol.* 42:83-89.

Hadria R., 2006. Adaptation et spatialisation des modèles stricts pour la gestion d'un périmètre céréalier irriguée en milieu semi aride. Thèse de doctorat. univ Cadi AYYAD

Samlalia- Marrakech.

Hakimi M., 1993.L'évolution de la culture de l'orge: le calendrier climatique traditionnel et les données agro météorologiques modernes. The agrometeorology of rainfed barley-based farming systems, Proceeding of an International symposium, Tunis: 157-166.

Hamza S., Ben Hamida W., Rebai A, Harrabi M., 2004.SSR-based genetic diversity assessment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. Euphytica.**135**:107-118.

Harlan JR., 1975. Crops and Man, In: American Society of Agronomy and Crop Science Society of America, Madison, Wisconsin, 188: 21-617.

Harlan J.R.,1975. Crops and Man, In: American Society of Agronomy and Crop Science Society of America, Madison, Wisconsin, 188: 21-617.

Harlan J.R., 1975.Our Vanishing Genetic Resources. Science 188 :618-621.

Harry M .,2001. Génétique moléculaire et évolutive. Editions Maloine, Paris.

Hearnden PR et al., 2007.A genetic map of 1,000 SSR and DArT markers in a wide barley cross. Theoretical and Applied Genetics 115 :383-391.

Henri G., Georges C., Philippe J et Roger G.,1968. Cours d'Agriculture moderne. Ed:8^{ème}. Maison Rustique. Paris. pp157-176.

Huybens n., Mainil j., et Marlier d., 2009. Les techniques de biologie moléculaire d'analyse des populations bactériennes complexes-*Ann. Méd. Vét., 2009, 153, 112-128*

I.

Idrotecneco., 1979. Etude hydrogéologique de la région de Bechar. Rapport interne, DHWB. 170 p.

J.

Jaiswal SK., shree P., pandey S., Sharma R., Prasad I c., Prasad R P S., Verma., arun k., joshi.,2010. Diversity in Indian barley (*Hordeum vulgare*) cultivars and identification of genotype-specific fingerprints using microsatellite markers. Indian Academy of Sciences89: 46–54.

Jaradat AA., Shahid M., et Al Maskri AY.,2004. Genetic Diversity in the Batini Barley Landrace from Oman: I. Spike and Seed Quantitative and Qualitative Traits. Crop Sci. 44:304–315

Jin L., Chakraborty R., 1993.Estimation of genetic distance and coefficient of gene diversity from single probe multilocus DNA fingerprinting Data. Mol Biol Evol 11:120–127

K.

Kaplan J K.,1998. Conserving the world's plants. Agr Res 46 :4-9.

Khadari B, Hochu I, Santoni S , Kjellberg F .,1994. Identification variétale et ressources génétiques chez le figuier (*Ficus carica* L.) : Utilisation des marqueursRAPD. Quel avenir pour l'amélioration génétique. Ed. AUPELFUREF.

John Libbey Euro text. Pans O 1994, pp. 399-412.

- Khodayari H., Saeidi H., Roofgar A. A., Rahiminejad M.R., Pourkheirandish M., Komatsuda T., 2012.** Genetic diversity of cultivated barley landraces in Iran measured using microsatellites. *Int J Biosci Biochem Bioinform* **2**:278-290.
- Kasi Tani C., 1995.** Possibilité d'enrichissement par introduction d'essences feuillus dans les monts de Tlemcen ; Thèse d'ingénieur d'état en foresterie, Fac sci uni Tlemcen .95 p.
- Takao K., Pourkheirandish M., Congfen He., Azhaguvel P., Kanamori K., Perovic D., Stein N., Graner A., 2007.** Six-rowed barley originated from a mutation in a homeodomain-leucine zipper I-class homeobox gene. research article PNAS .104 (4) 1424-1429.
- Kouidri S.L., 1999.** Etude de la tolérance à la sécheresse de quelques lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.). Thèses d'ingénieur. INA, El-Harrach. 73p.
- L.**
- Lacroix M d., 2002.** Maladies des céréales et de la luzerne. Ministère de l'agriculture des pêcheries et de l'alimentation. Québec.26 p.
- Lamara M ., Zhang Li Yi., Marchand S. , Nicholas A., Tinker F.,Belzile., 2013.** Comparative analysis of genetic diversity in Canadian barley assessed by SSR, DarT, and pedigree data. *Genome*. Vol.56, N°6 :351-358-<https://doi.org/10.1139/gen-2013-0048>
- Lasa, JM, Igartua, E., Ciudad, FJ., Codesal, P., Garcia, E. V., Gracia, M. P., Medina, B., Romagosa, I., Molina-Cano, J. L. and Montoya, J. L. 2001.** Morphological and agronomical diversity patterns in the Spanish barley core collection. -*Hereditas* **135**: 217-225.
- Lazrek - ben friha F. , 2008.** Analyse de la diversité génétique et symbiotique des populations naturelles tunisiennes de *Medicago truncatula* et recherche de QTL liés au stress salin. Doctorat de l'université detoulouse. Université toulouse iii-paul sabatier.biologie.pp :51-61
- Ledovskoy Y., Abugalieva S., Turuspekoy Y., 2010.** Comparative assessment of the genetic variation in wild and cultivated barley based on SSR markers. *Asian Australas J Plant Sci Biotechnol* **4**:21-26.
- Liao M., Wang Y., Rong X, Zhang Z., Li B., Wang L., Chen G., 2011.** Development of new microsatellite DNA markers from *Apostichopus japonicus* and their cross-species application in *Parastichopus parvimensis* and *Pathallus mollis*. *Int J Mol Sci* **12**:5862–5870
- M.**
- Mahdad Y and S.S.B Gaouar., 2016.** Le caroubier (*Ceratonia Siliqua* L.) dans le Nord-Ouest de l'Algérie, situation et perspective d'amélioration. Editions universitaires européennes. www.editionsue.com/catalog/details//store/fr/book/978-3-639-54203-5/
- Malysheva-Ott L. V., Ganal M W., Roder M S., 2006.** Analysis of molecular diversity, population structure and linkage disequilibrium in a worldwide survey of cultivated barley germplasm (*Hordeum vulgare* L). *BMC Genet.* **7**- 6.

- Masse J et Gate P., 1990** . La maturation. ITCF services Plantes - climats. 10 p.
- Matus I A, Hayes PM.2002**.Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats. *Genome* **45**:1095-1106.
- McIntosh G.H., Whyte J., McAnther R. andNestel P.G., 1991**. Barley and Wheat foods: Influence on plasma cholesterol concentrations in hypercholesterolemic men. *American Journal of Clinical Nutrition*, **53**: 1205-1209.
- Mediouni K.,2000**. Stratégie algérienne et plan d'action national d'utilisation durable de la diversité biologique. Tome VIII, M.A.T.E., Alger.
- Mekliche H.L., 1983**. Etude agronomique, analyses diallèles et cytogénétique de quatre variétés de blé tendre cultivées en Algérie. Thèse de Magister. I.N.A. El-Harrach, 150 p.
- Mekonnon B., Berhane Lakew and Tadesse Dessaegn., 2015**.Morphological diversity and association of traits in ethiopian food barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces in relation to regions of origin and altitudes Vol. 7(2), pp. 44-54.DOI: 10.5897/JPBCS2014.0480
- Melake B., 2000**. Molecular marker techniques, In: *International Institute of Tropical Agriculture (IITA)*, Ibadan, Nigeria, 13-15.
- Meterfi.B., 2001 in Belhoucine H., et Bahi F. Z., 2007**. Contribution à l'étude des méthodes d'exploitation en agriculture et leur impact sur la fertilité des sols au niveau de la plaine de Sidi Bel Abbes.Université de SBA.
- Molina C., La Cruz del Campo JL.,1977**. Numerical taxonomy as an aid to barley germplasm collection. *Barley Genet News*l 7:45–50
- Munoz-Amatrian M., Alfonso C.M., Patrick M., Haye S., Gary J., Muehlbauer., 2014a**.Barley genetic variation: implications for crop improvement. *Briefings in functional genomics*. Vol 13. NO 4. 341^350 doi:10.1093/bfgp/elu006
- Muñoz-Amatriain M., Cuesta-Marcos A., Endelman J.B., Comadran J., Bonman J.M., Bockelman H.E., Chao S., Russel J., Waugh R., Hayes P.M., Muehlbauer G.J., 2014b**.The USDA Barley Core Collection: Genetic Diversity, Population Structure, and Potential for Genome-Wide Association Studies. *PLoS ONE* 9(4): e94688. doi: 10.1371/journal.pone.0094688.
- N.**
- Nagl N., Taski-Ajdukovic K., Popovic A., Curcic A., Danojevic D., Kovacev, L.,2011**. Estimation of genetic variation among related sugar beet genotypes by using RAPD. *Genetika* **43**:575–582
- Negassa M.,1985**. Patterns of phenotypic diversity in an Ethiopian barley collection, and the Arussi-Bale Highland as a center of origin of barley. - *Herediras* **102**: 139-150.
- Najimi B., El Jaafari S., Jlibène M., Jacquemin J.,2003**. Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 7 (1), 17–35.

Nsarellah N., Amri A., Nachit M., 2005. Durum wheat genetic improvement = Amélioration génétique du blé dur. p. 9-55. In: Abbad Andaloussi, F.; Chahbar, A., eds. La création variétale à l'INRA, méthodologie, acquis et perspectives. INRA-Rabat, Morocco (in French).

Nei M.,1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 70:3321–3323.

O.

ONFAA .,2019 : Observatoire National des filières Agricoles et Agroalimentaires. Bilan du commerce extérieur algérien des céréales. Note élaborée par Madame Allilouche Asma.p5

Ozouf M., Pinchemel Ph., 1961. Géographie Fernend Nathan.France. 319 p.

P.

Painting K. A., Perry M. C., Denning R. A. et Ayad W. G., 1993. Guide de documentation des ressources génétiques : méthode d'autoformation pour la compréhension, l'analyse et l'utilisation de la documentation des ressources génétiques. [http://pdf.dec.org/pdf_docs/Pnach898 .pdf](http://pdf.dec.org/pdf_docs/Pnach898.pdf) .

Papa R., Attene G., Barcaccia G., Ohgata A and Konishi T.,1998. Genetic diversity in landrace populations of *Hordeum vulgare* L. from Sardinia, Italy, as revealed by RAPDs, isozymes and morphophenological traits. *Plant Breed.* 117: 523-530.

Papa R., Gepts P.,2003symmetry of gene flow and differential geographical structure of molecular diversity in wild and domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mesoamerica. *Theor. Appl.Genet.*, 106:239–250.

Peakall R., Smouse P.E., 2012.GenAIEx 6.5. Genetic analysis in Excel.Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28:2537–2539. doi:10.1093/bioinformatics/bts460

Prat J., Clément- Grand court M., 1971. Les céréales. Collection d'enseignement agricole. J.B. Baillières et fils. Pp 240-279.

R.

Rachel S., Meyer., Ashley E., DuVal and Helen R., Jensen.,2012. Patterns and processes in crop domestication: an historical review and quantitative analysis of 203 global food crops. *New Phytologist.* 196: 29–48.DOI: 10.1111/j.1469-8137.2012. 04253.x

Rahal-Bouziane H., 2006.- Caractérisation agro morphologique des orges (*Hordeum vulgare* L.) cultivées dans les oasis de la région d'Adrar (Algérie). Thèse de magister, INA (EL Harrach), 90p.

Rahal-Bouziane H., Berkani S., Merdas S., Nait-Merzoug S., Abdelguerfi A., 2015a.- Genetic diversity of traditional genotypes of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Algeria by pheno-morphological and agronomic traits. *African Journal of Agricultural Research*, vol. 10 (31): 3041-3048.

Rahal-Bouziane H., Alane F.,Abdelguerfi A. ,2015b. Forage quality, forage dry matter yield, grain protein and agronomic traits of traditional barley genotypes (*Hordeum vulgare* L.) from rural areas in

Algeria. *Livestock Research for rural development*, vol. 27, article 182, <http://www.lrrd.org/lrrd27/9/raha27182.html>

Rahal-Bouziane H., 2016. Quelques cultures stratégiques pour l'Algérie face aux changements climatiques: l'orge (*hordeum vulgare* L.) et le mil, *Algerian journal of arid environment*, ISSN 2170-1318 vol. 6, n°1, p: 15-31

Ramsay L.M., Macaulay S., degli Ivanissevich K., MacLean Ln Cardle J., Fuller J., Edwards K.J., Tuveson S., Morgante M., Massari A., Maestri E., Marmiroli N., Sjakste T., Ganal M., Powell W., Waugh R., 2000. A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics*. ;156(4):1997-2005.

Rasmusson D.C., 1992: Barley breeding at present and in the future. In Munck L (ed.): *Barley Genetics VI*, vol. II, Munksgaard Int. Publ. Ltd., Copenhagen. 865-877.

Rasmusson D.C., 1987 : Barley crop. An SSA/ASA Monograph series number 56. Madison, Eds ASA. 250p.

Reid D.A., 1985. Morphology and anatomy of the barley plant. ASA Mono 26(D. C. Rasmusson, ed). pp73-111

Ribaut J.M., William H. M., Khairallah M., Worland A. J., Hoisington D., 2001. Genetic basis of physiological traits. Chapter 3, In: Reynolds M. P., Ortiz Monasterio J. I., McNab A. (Ed.). *Application of physiology in wheat breeding*, CIMMYT, Mexico, p. 29-47.

Ritala A., Nuutila M., Aikasalo R., Kauppinen, V and Tammissola J., 2002. Measuring Gene Flow in the Cultivation of Transgenic Barley. *Crop Sci.* 42:278–285.

Romagosa I. et Araus J.L., 1990. Acciones mitigantes de la sequía en la agricultura: la mejora genética vegetal. *Jornadas sobre las sequias en España. Causas, efectos, remedios, y acciones mitigantes*, Madrid, España (unpublished).

Russell J.R., Fuller J, Young G., Thomas B., Taramino G., Macaulay M., Waugh R and Powell W., 1997. Discriminating between barley genotypes using microsatellite markers, *Genome* 40 (4) 442-450

S.

Saisho D., Takeda K., 2011. Barley: emergence as a new research material of crop science. *Plant Cell Physiol* 52:724-727

Saghai Maroof M., Biyashev R.M., Yang G.P., Zhang Q., Allard R.W., 1994. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations, and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci USA* 91:5466-5470.

Saitou N., Nei M., 1987. *The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees.* *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-425.

Shannon C.E., Weaver W., 1948. The Mathematical Theory of Communication. University of Illinois Press, Urbana.

Sato K., Von Bothmer R., Van Hintum T., Knüpfner H., 2003. Barley Diversity – an outlook. In: ‘Diversity in barley (*Hordeum vulgare*). Elsevier, Science. B.V.: 269- 278.

Sayoud R et Benbelkacem K., 1996. Situation des maladies des céréales en Algérie. In : Proceeding du Symposium Régional sur les maladies des céréales et des légumineuses alimentaires, 11-14 Nov 1996, Rabat (Maroc), pp. 69-70

Sayoud R., Ezzahiri B. Et Bouznad Z., 1999. Les maladies des céréales et des légumineuses alimentaires au Maghreb. ITGC, Alger, pp. 30-32.

Sidhoum M et Gaouar S.B.S., 2017. Diversité oléicole au niveau de la wilaya de Tlemcen. Editions universitaires européennes. <https://www.morebooks.shop/store/fr/book/diversit%C3%A9-ol%C3%A9icole-au-niveau-de-la-wilaya-de-tlemcen/isbn/978-3-639-60770-3>.

Singh N., Debjani , R.C., Gunjan T ., Amit Kumar S. , Sundeep K ., Kalyani S .R .K., Tyagi A .D., Sharma , Singh N, Singh R ., 2016. Genetic diversity trend in Indian rice varieties: an analysis using SSR markers-BMC Genetics-17:127-1 :13- DOI 10.1186/s12863-016-0437-7

Shi Y.T., Bian H.W., Han N, Pan, J.W., Tong W.X, Zhu MY. ,2004. Genetic Variation Analysis by RAPD of Some Barley Cultivars in China. Acta Agron Sin. 30(3):258–265. (in Chinese)

Simon M., Codaccioni P., et Coeurx L., 1989. Identification et classification des variétés d’orge cultivées en France, éd. INRA. France. 16p.

Smith D. N, Devey M.E., 1994. Occurrence and inheritance of microsatellites in *Pinus radiata*. G enome 37 :977–983. doi: 10.1139/g94-138

Smith J.S.C, Kresovich S, Hopkins M. S, Mitchell S. E, Dean R. E, Woodman W. L, Lee M, Porter K., 2000. Genetic diversity among elite sorghum inbred lines assessed with simple sequence repeats. Aust. J. Crop Sci. 40 :226-232.

Soleimani V.D, Baum B.R, Johnson D.A., 2006. Quantification of the retrotransposon BARE-1 reveals the dynamic nature of the barley genome. Genome 49 :389–396.

Soltner D., 2005. Les grandes productions végétales. Céréales. Collection sciences et techniques agricoles. 20^e édition. Paris. France, pp 21-55.

Soltner D., 2006. Les bases de la production végétale. Tome 2 : Le climat. Collection science et techniques agricoles. 9^e édition, pp 255-270.

Struss D., Plieske J., 1998. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. Theor. Appl. Genet. 97 :308-315.

T.

Taibi W., 2014. Contribution à l'analyse génétique et caractérisation de quelques variétés d'orge et l'influence de l'environnement sur leurs rendements au niveau de la wilaya de Tlemcen. Diplôme de Magister. Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen.pp54-58

Tautz D., Renz M., 1984. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes. *Nucleic Acids Research* 12: 4127-4138.

U.

Udupa S.M., Robertson L.D., Weigand F., Baum M., Kahl, G., 1999. Allelic variation at (TAA)_n microsatellite loci in a world collection of chickpeas (*Cicer arietinum* L.) Germplasm. *Mol Genet Genom* 261 :354–363. Doi :10.1007/s004380050976

upov [union internationale pour la protection des obtentions végétales],1988. Principes directeurs pour la conduite de l'examen des caractères distinctifs, del'homogénéité et de la stabilité, orge :3-32. www.researchgate.net/publication/269695261

V.

Van de Ven M., Powell W., Ramsay G., Waugh R., 1990. Restriction fragment length polymorphisms as genetic markers in *Vicia*. *Heredity*. 65 :329–342.

Varshney R.K, al.2007. A high-density barley microsatellite consensus map with 775 SSR loci. *Theoretical and Applied Genetics* 114:1091.

Vieira E. A., Carvalho F. I. F., Bertran I., Kopp M. M., Zimmer P. D., Benin G., Silva J. A., Hartwig I., Malone G., Oliveira A. C.,2007. Association between genetic distance in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. *Genetic and Molecular Biology* 30: 392-399.

W.

Von Bothmer R. et Jacobsen N., 1985. Origin, taxonomy and related species. In: D.Rasmusson (éds). *Barley, Agronomy Monograph*. 26: 19-26

Wang W., Vinocur B. et Altman A., 2003. Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta* 218 : pp1-14

X.

Xie W, Nevo E.,2008. Wild emmer: genetic resources, gene mapping and transfer for wheat improvement. *Euphytica* 164: 603–614.

Y.

Yahiaoui S., Igartua E., Moralejo M., Ramsay L., Molina-Cano J. L., Lasa J.M, Gracia M.P, Casas A M.,2008. Patterns of genetic and eco-geographical diversity in Spanish barleys. *Theor Appl Genet* 116:271-282.

Yakoube K., Delloumi F., Bellatreche A., 2018. Morphometric characterization of the bread wheat variety "iskandaria" in the region of aougrou (adrar). *Genetics and Biodiversity Journal*.vol 2(1): 12-18

Z.

Zaghtou, A. ,2011. Etude hydrogéologique et hydrochimique des eaux de la nappe du continental intercalaire dans la région d'Adrar (Touat). Mém, Magister, Univ. USTHB Alger.page

Zeng, X.Q.,2015.Genetic variability in agronomic traits of a germplasm collection of hulless barley. *Genetics and Molecular Research*, 14 (4), 18356-18369.

Zeven A.C. ,1998. Landraces: A review of definitions and classifications. *Euphytica 104*, Academic Publishers. Printed in: the Netherlands,139p.

Zhu Y.H., Chen J., Fan Y, Wang Y., Li. J. B., Chen J.X, Fan S.S., Yang L.P., Hu hLeungT. W., Mew P.S., Teng Z. H., Wang C., Mundt C.,2000. Genetic diversity and disease control in rice. *Nature*, 406 (2000), pp. 718-722.

[1] Données démographique et climatiques, Service d'APC de la commune de Médéa, Wilaya de Médéa.

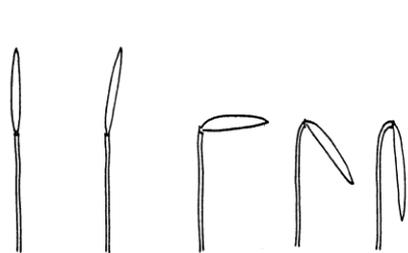
[2] Données pluviométriques, Service d'APC wilaya de Médéa.

[3] In : <http://www.andi.dz/index.php/fr/monographie-des-wilayas?id=129> (03/11/2019).

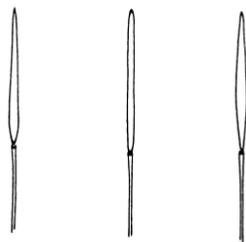
[4] In : tifalgerie.blogspot.com (Décopage administratif de l'Algerie. Monographie) (23/01/2020).

Annexes

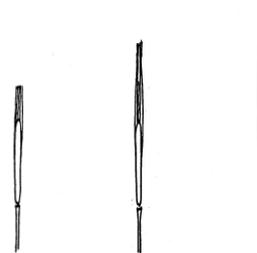
Annex 01



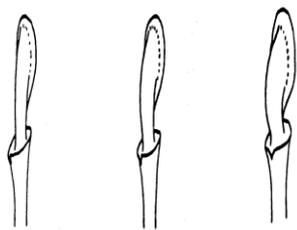
Epi: port



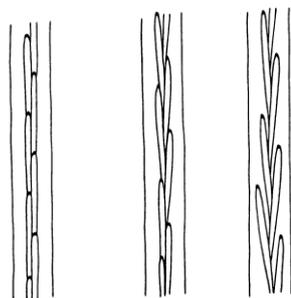
Epi: forme



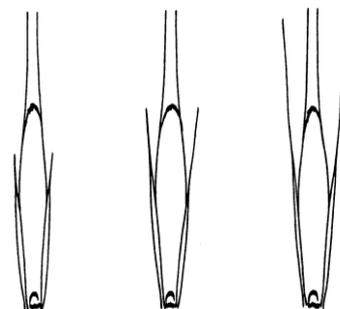
Barbes: longueur par rapport à l'épi



Rachis: incurvation du premier article



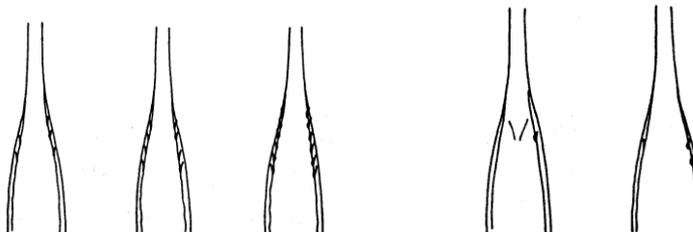
Epillet stérile: disposition (au tiers moyen de l'épi)



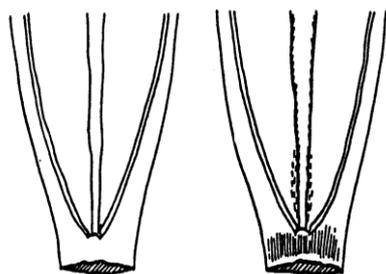
Epillet médian: longueur de la glume et de sa barbe par rapport au grain



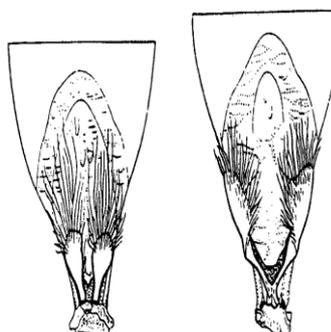
Grain: type de pilosité de la baguette



Grain: denticulation des nervures latérales internes de la face dorsale de la glumelle



Grain: pilosité du sillon



Grain: disposition des lodicules

Annexe 02

Solutions nécessaires pour l'extraction

Solution stock de Tris-HCl:

1 M Tris-HCl (pH 8)	Pour 100 mL
Tris base (Amresco)	12.114 g
Eau distillée	Compléter jusqu'à 100 mL

Solution stock de NaCl:

5 M NaCl	Pour 250 mL
NaCl (Merck)	73.05 g
Eau distillée	Compléter jusqu'à 250 mL

Solution stock d'EDTA :

0.5 M EDTA (pH 8)	Pour 100 mL
EDTA (Amresco)	18.6 g
Eau distillée	Compléter jusqu'à 100 mL

Solution stock du tampon d'extraction 2x CTAB :

2 x CTAB	Volume final de 50 mL	Volume final de 250 mL
1 M Tris-HCl (pH 8)	5 mL	25 mL
5 M NaCl	14 mL	70 mL
0.5 M EDTA (pH 8)	2 mL	10 mL
CTAB (Amresco)	1 g	5 g
Eau distillée	Compléter jusqu'à 50 mL	Compléter jusqu'à 250 mL

Solution de Chloroforme :

Chloroforme / isoamyl alcool (24 : 1)	Pour 25 mL	100 mL
Chloroforme (Scharlau)	24 mL	96 mL
Isoamyl alcool ou 3- Methylbutanol (Sigma)	1 mL	4 mL

Solution de 70% Ethanol :

70% Ethanol	Pour 100 mL
Ethanol absolu ou Ethanol Anhydrous denatured (Amresco)	70 mL
Eau distillée	30 mL

Annexe 03

Solutions stock pour les gels

Tampon de migration 5 X TBE :

5 X TBE Pour 1 L	Pour 1 L
Acide borique (Amresco)	27.5 g
Tris base (Sigma)	54 g
0.5 M EDTA (pH 8)	20 mL

Gel d'agarose :

Solution d'agarose	Gel 1.2%	Gel 1.5%
Agarose (Promega)	3.6 g	4.5 g
5 X TBE	30 mL	30 mL
Eau distillée	Compléter jusqu'à 300 mL	Compléter jusqu'à 300 mL

Solution de 40% acrylamide :

Acrylamide	Pour 250 mL
Acrylamide (Promega)	96.65 g
Bis acrylamide ou N, N'-Methylenebiacrylamide (Sigma)	3.35 g
Eau distillée	250 mL

Solution de 20% acrylamide :

Acrylamide	Pour 250 mL
Acrylamide (Promega)	47.5 g
Bis acrylamide ou N, N'-Methylenebiacrylamide (Sigma)	2.5 g
Eau distillée	250 mL

Préparation d'ammonium persulfate :

Solution d'ammonium persulfate (10 mL)	10%	25%
Ammonium persulfate (Pharmacia Biotech)	1 g	2.5 g
Eau distillée	10 mL	25 mL

Annexe 04

1. Produits nécessaires pour PCR

Préparation de 2 mM dNTPs:

2 mM dNTPs	Pour 1000 μ L
100 mM dATP (Promega)	20 μ L
100 mM dTTP (Promega)	20 μ L
100 mM dCTP (Promega)	20 μ L
100 mM dGTP (Promega)	20 μ L
Eau bi-distillée stérile	920 μ L

Préparation de l'amorce 10 pmol/ μ L:

Amorce F / R	Pour 500 μ L
100 μ M Amorce Forward (Sigma)	50 μ L
100 μ M Amorce Reverse (Sigma)	50 μ L
Eau bi-distillée stérile	400 μ L

2. Solutions pour la coloration des gels

Préparation du bleu d'agarose :

Bleu d'agarose	Pour 10 ml
1 M Tris-HCl (pH 8)	0.5 mL
0.5 M EDTA (pH 8)	0.1 mL
50% Glycérol (Acro Organics)	5 mL
Bleu de bromophénol	20 mg

Solution de bromure d'éthidium (BET) :

Solution dilué de Bromure d'éthidium	Pour 1 L
Bromure d'éthidium (10 mg/mL)	100 μ L
Eau distillée	1 L

Préparation du bleu d'acrylamide :

bleu d'acrylamide	Pour 25 mL
Formamide (Roche)	24.75 mL
Bleu de bromophénol	12.5 mg
Xylène cyanole (Sigma)	12.5 mg
Eau distillée	1.25 mL

Annexe 05 Dissimilarity matrix.

OTU	1	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	2	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	3	30	31	32	33	4	5	6	7	8	9	
1	0,00	0,38	0,58	0,57	0,7	0,55	0,5	0,45	0,4	0,5	0,52	0,5	0,55	0,52	0,48	0,6	0,47	0,63	0,45	0,32	0,45	0,6	0,48	0,6	0,5	0,45	0,39	0,5	0,57	0,44	0,56	0,35	0,48	
10		0,00	0,43	0,73	0,5	0,68	0,52	0,52	0,43	0,54	0,64	0,43	0,52	0,48	0,68	0,62	0,67	0,67	0,46	0,5	0,36	0,65	0,48	0,64	0,6	0,43	0,5	0,6	0,52	0,60	0,53	0,5	0,48	
11			0,00	0,65	0,35	0,75	0,47	0,68	0,55	0,68	0,65	0,55	0,55	0,67	0,65	0,74	0,76	0,7	0,64	0,68	0,52	0,78	0,52	0,5	0,5	0,58	0,56	0,61	0,57	0,65	0,56	0,67	0,62	
12				0,00	0,70	0,52	0,48	0,48	0,67	0,70	0,54	0,52	0,62	0,75	0,64	0,67	0,7	0,67	0,61	0,57	0,62	0,55	0,64	0,48	0,24	0,52	0,52	0,48	0,5	0,63	0,52	0,52	0,55	
13					0,00	0,61	0,57	0,59	0,62	0,78	0,70	0,62	0,64	0,58	0,64	0,71	0,85	0,71	0,65	0,79	0,57	0,57	0,70	0,63	0,62	0,73	0,55	0,81	0,62	0,75	0,4	0,76	0,74	
14						0,00	0,55	0,32	0,52	0,70	0,48	0,7	0,67	0,67	0,57	0,52	0,45	0,57	0,57	0,52	0,67	0,14	0,68	0,57	0,52	0,55	0,36	0,57	0,54	0,63	0,25	0,57	0,5	
15							0,00	0,55	0,55	0,64	0,48	0,5	0,55	0,57	0,62	0,55	0,53	0,6	0,55	0,45	0,55	0,62	0,59	0,59	0,02	0,41	0,55	0,55	0,57	0,53	0,5	0,5	0,48	
16								0,00	0,6	0,68	0,35	0,5	0,55	0,52	0,57	0,57	0,53	0,6	0,5	0,55	0,6	0,43	0,48	0,5	0,45	0,43	0,02	0,52	0,48	0,56	0,45	0,55	0,48	
17									0,00	0,39	0,62	0,55	0,55	0,59	0,43	0,55	0,5	0,5	0,61	0,48	0,52	0,53	0,68	0,59	0,68	0,45	0,5	0,47	0,41	0,53	0,5	0,33	0,55	
18										0,00	0,65	0,5	0,64	0,54	0,48	0,45	0,45	0,5	0,64	0,52	0,65	0,67	0,5	0,70	0,76	0,59	0,67	0,48	0,67	0,57	0,75	0,43	0,5	
19											0,00	0,38	0,48	0,5	0,5	0,43	0,45	0,38	0,39	0,48	0,43	0,5	0,32	0,35	0,43	0,35	0,33	0,33	0,46	0,42	0,57	0,52	0,36	
2												0,00	0,3	0,48	0,45	0,38	0,47	0,45	0,41	0,43	0,24	0,63	0,38	0,48	0,5	0,30	0,47	0,37	0,48	0,47	0,58	0,43	0,41	
20													0,00	0,45	0,59	0,55	0,52	0,6	0,5	0,52	0,48	0,53	0,43	0,41	0,6	0,35	0,45	0,32	0,41	0,5	0,5	0,48	0,61	
21														0,00	0,45	0,52	0,57	0,59	0,5	0,5	0,5	0,64	0,52	0,54	0,73	0,43	0,5	0,59	0,6	0,65	0,71	0,55	0,52	
22															0,00	0,27	0,38	0,43	0,52	0,54	0,62	0,65	0,5	0,55	0,7	0,57	0,45	0,63	0,68	0,6	0,74	0,5	0,5	
23																0,00	0,21	0,21	0,36	0,35	0,45	0,58	0,33	0,57	0,61	0,57	0,45	0,58	0,67	0,5	0,67	0,5	0,27	
24																	0,00	0,5	0,55	0,41	0,67	0,5	0,43	0,55	0,63	0,53	0,44	0,44	0,62	0,45	0,67	0,43	0,45	
25																		0,00	0,32	0,41	0,4	0,58	0,38	0,57	0,6	0,55	0,42	0,53	0,64	0,35	0,67	0,41	0,27	
26																			0,00	0,32	0,30	0,52	0,25	0,57	0,62	0,5	0,33	0,57	0,63	0,43	0,6	0,52	0,29	
27																				0,00	0,35	0,52	0,42	0,5	0,52	0,41	0,50	0,38	0,63	0,38	0,65	0,30	0,16	
28																					0,00	0,63	0,45	0,57	0,58	0,4	0,53	0,55	0,5	0,55	0,53	0,57	0,32	
29																						0,00	0,6	0,48	0,58	0,57	0,32	0,5	0,5	0,59	0,21	0,47	0,55	
3																							0,00	0,50	0,55	0,52	0,4	0,45	0,70	0,38	0,68	0,5	0,35	
30																								0,00	0,52	0,45	0,39	0,33	0,42	0,53	0,55	0,43	0,52	
31																									0,00	0,45	0,47	0,53	0,5	0,61	0,42	0,6	0,52	
32																										0,00	0,45	0,38	0,35	0,5	0,5	0,45	0,43	
33																											0,00	0,47	0,36	0,47	0,39	0,47	0,43	
4																												0,00	0,36	0,41	0,68	0,32	0,45	
5																													0,00	0,6	0,43	0,55	0,61	
6																														0,00	0,62	0,02	0,48	
7																															0,00	0,61	0,68	
8																																0,00	0,43	
9																																		0,00

1-Salt AD.2-Raselmouch1oa.3-Azrir AD.4-Safra ad.5-Chir B.6-safra AD.7-obyad ba1.8-bourabaa Ba.9-chater ad.10-chater ker.11-saida G4.12faouara SBA.13-oBeldiAd.14-SaidaSBA2.15- SaidaAdf.16- saida SBA117-rihane Md.18-saida r1.19-FaouaraSBA.20-Saida BA.21-AscadSBA.22-bourabaaAD.23-Faouara SBA1.24-RaselmouchAD.25-obyadBA2.26-RihaneAdf.27-SafraAd.28- Rihane SBA .29- SaidaB 30-TichedrettMd.31- saidaG3.32-TichedrettSBA.33- Saida Md.

Résumé

La présente étude est considérée comme le premier rapport sur la diversité génétique des accessions d'orge Algériennes. Dans ce contexte, un inventaire a été réalisé dans l'ouest de l'Algérie (Nord et Sud) pour recueillir les accessions locales d'orge (*Hordeum vulgare* L.) pour leur caractérisation morphologique et génétique. La caractérisation a porté sur plusieurs accessions à savoir 34 accessions au niveau morphologique (utilisation de 30 caractères quantitatifs et qualitatifs) et au niveau moléculaire (utilisation de 27 marqueurs microsatellites).

La diversité phénotypique a été déterminée par l'indice de diversité Shannon-Weaver (H') à différents niveaux (Totalité de l'échantillon, par type d'orge et par nom de variété). Les estimations H' ont montré une grande variabilité phénotypique pour différents caractères avec un H' moyen de 0,74 pour les caractères quantitatifs et 0,53 pour les caractères qualitatifs (enquête sur terrain), et un H' de 0.69 pour les caractères quantitatifs et de 0,53 pour les caractères qualitatifs (carré expérimentales). Les résultats de l'analyse des correspondances multiples et du regroupement hiérarchique ont montré une nette distinction entre les différentes accessions. Les résultats de ce travail ont révélé une grande diversité phénotypique des accessions de l'orge qui ne correspond que partiellement aux noms des variétés en raison de l'existence d'homonymes et de synonymes dans les noms des accessions. Les informations recueillies dans le cadre de cette étude pourraient être utilisées dans des programmes de sélection conventionnels et de conservation in situ de cette diversité.

Au total, 27 marqueurs microsatellites, répartis sur l'ensemble du génome de l'orge, ont été utilisés pour la caractérisation et l'analyse de la diversité des 33 accessions d'orge. 110 allèles ont été identifiés sur les 27 loci génétiques étudiés, avec une moyenne de 4,1 allèles par locus et un contenu moyen d'information sur le polymorphisme (PIC) de 0,46, le marqueur Ebma0806 présentant la plus grande valeur de PIC avec 0,83. La diversité génétique pour 27 loci microsatellites variait de 0 (Bmac 0032, Hvm65 et Hvm14) à 0,84 (Bmag0009 et Ebmac0,806) avec une moyenne de 0,50. La distance génétique entre les accessions variait de 0,02 à 0,85. Le dendrogramme utilisé dans l'étude a montré un niveau élevé de diversité parmi toutes les accessions d'orge. Ces résultats révèlent que les marqueurs choisis étaient suffisamment efficaces pour détecter la diversité des accessions algériennes étudiées. Cette étude nous donne un réel potentiel génétique sur l'orge en Algérie, ce résultat peut être très utile dans la gestion de la biodiversité et l'amélioration génétique.

Mots clés : orge, accessions, diversité morphologique, ACP, polymorphisme, marqueurs microsatellites (SSR), Algérie

Abstract: Genetic characterization of local varieties of barley in Western of Algeria, using molecular markers.

This study is considered as the first report on the genetic diversity of Algerian barley accessions. In this context, an inventory was carried out in western Algeria (North and South) to collect local accessions of barley (*Hordeum vulgare* L.) for their morphological and genetic characterization. The characterization covered several accessions, including 34 accessions at the morphological level (use of 30 quantitative and qualitative characters) and at the molecular level (use of 27 microsatellite markers).

Phenotypic diversity was determined by the Shannon-Weaver diversity index (H') at different levels (total sample, by barley type and variety name). H' estimates showed a high phenotypic variability for different characteristics with an H' mean of 0.74 for quantitative characteristics and 0.53 for qualitative characteristics (field investigation) and 0.69 for quantitative characteristics and 0.50 for qualitative characteristics (bloc experimental). The results of multiple correspondence analysis and hierarchical clustering showed a clear distinction between the different accessions. The results of this work revealed a great phenotypic diversity of barley accessions which only corresponded to a limited extent to the variety names due to the existence of homonyms and synonyms in the names of the accessions. The information gathered in this study could be used in conventional breeding programmers and in situ conservation of this diversity.

A total of 27 microsatellite markers, distributed throughout the barley genome, were used for the characterization and analysis of the diversity of the 33 barley accessions. 110 alleles were identified out of the 27 genetic loci studied, with an average of 4.1 alleles per locus and an average polymorphism information content (PIC) of 0.46, with the marker Ebma0806 having the highest PIC value of 0.83. The Ebma0806 marker had the highest PIC value of 0.83. Genetic diversity for 27 microsatellite loci ranged from 0 (Bmac 0032, Hvm65 and Hvm14) to 0.84 (Bmag0009 and Ebmac0.806) with a mean of 0.50. The genetic distance between accessions ranged from 0.02 to 0.85. The dendrogram used in the study showed a high level of diversity among all barley accessions. These results indicate that the selected markers were sufficiently effective in detecting the diversity of the Algerian accessions studied. This study gives us a real genetic potential on barley in Algeria, this result can be very useful in biodiversity management and genetic improvement.

Keywords: barley, accessions, morphological diversity, PCR, polymorphism, microsatellite markers (SSR), Algeria

تلخيص التشخيص الجيني لأصناف الشعير المحلية في الغرب الجزائري باستعمال التوصيفات الجزيئية

وتعتبر هذه الدراسة أول تقرير عن التنوع الوراثي لأصناف الشعير المحلية. وفي هذا السياق، أُجري جرد في غرب الجزائر (الشمال والجنوب) لجمع هاته الأصناف المحلية للشعير لتوصيفهم المورفولوجي والجيني. وشمل هذا الوصف عدة أصناف، منها 34 صنف على المستوى المورفولوجي (استخدام 30 من الصفات الكمية والنوعية) وعلى المستوى الجيني (استخدام 27 صفة وراثية). تم تحديد التنوع الظاهري بواسطة مؤشر التنوع على مستويات مختلفة (عينة إجمالية، حسب نوع ال شعير واسم التنوع).

أظهرت تقديرات مؤشر التنوع تباينا ظاهريا عاليا بمتوسط 0.74 للصفات الكمية و 0.53 للصفات النوعية بالنسبة لعملا الاستقصائي على مستوى الاراضي المزروعة) وبمتوسط 0.69 للصفات الكمية و 0.50 للصفات النوعية بالنسبة لنتائج العمل التجريبي. وأظهرت نتائج تحليل المراسلات المتعددة والتكثيل الهرمي تميزا واضحا بين الاصناف المختلفة. وقد كشفت نتائج هذا العمل عن تنوع كبير في التنوع الظاهري من اصناف الشعير التي لا تتطابق إلا بقدر محدود مع الأسماء المتنوعة بسبب وجود مرادفات في مسميات الاصناف. ويمكن استخدام المعلومات التي تم جمعها في هذه الدراسة في برامج الزراعة التقليدية وفي الحفاظ على هذا التنوع البيولوجي.

وقد استخدم مجموعه 27 صفة وراثية موزعة على جميع أنحاء جينوم الشعير لوصف وتحليل تنوع اصناف الشعير البالغ 33 صنفا. تم التعرف على 110 أليلات 27 الذي موقعا جينيا الذي تمت دراسته، مع متوسط من الأليلات لكل موقع (4.1). ومتوسط محتوى التعدد الجيني (0.46). يتراوح مؤشر التنوع الجيني ما بين القيمتين 0 و 0.84.

وتراوحت المسافة الجينية بين الاصناف من 0.02 الى 0.85 وقد اظهر توزيع الاصناف المستخدم في الدراسة مستوى عاليا من التنوع بين جميع اصناف الشعير. وتكشف النتائج ان المؤشرات المختارة كانت فعالة بما يكفي لكشف تنوع اصناف الشعير التي تمت دراستها. وهذه الدراسة توفر لنا امكانية توصيف جينية على نبتة الشعير في الجزائر، ويمكن ان تكون هذه النتيجة مفيدة جدا في معرفة التنوع البيولوجي وتحسين الجينات.

الكلمات المفتاحية: الجزائر، (SSR)، الشعير، الأصناف المحلية، التنوع المورفولوجي.