République Algérienne Démocratique et Populaire

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Université Abou Bekr Belkaid – Tlemcen

Faculté de Science de la Nature et de la Vie et Sciences de la Terre et de l'Univers



جامعة أبو بكر بلقايد – تلمسان

كلية علوم الطبيعة والحياة وعلوم الأرض والكون

Département d'Agronomie

Thèse

Présenté par :

BERREZOUG Mohamed Adel

Pour l'obtention du diplôme de

Doctorat 3ème cycle

Filière : Sciences Agronomiques

Spécialité : Production Végétale

Thème

Étude de la tolérance des cultures céréalières au stress hydrique

Soutenue publiquement le : **14/07/2026**

Devant le Jury

Président	**TEFIANI Choukri**	**Pr. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Directrice	**BELLATRECHE Amina**	**M.C.A. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Co-Directeur	**MAHDAD Moustafa Yassine**	**M.C.A. Univ. SALHI Ahmed – Namaa**
Examinateur	**GAOUAR Semir Bechir Suheil**	**Pr. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Examinateur	**BENMAHIOUL Benamar**	**Pr. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Examinateur	**SIDHOUM Mohammed**	**M.C.A. Univ. Djillali LIABES – Sidi Bel Abbes**

Laboratoire des Agrosystèmes Fonctionnels et Technologie de la Chaîne Agronomique (AFTAGRO)

République Algérienne Démocratique et Populaire

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Université Abou Bekr Belkaid – Tlemcen

Faculté de Science de la Nature et de la Vie et Sciences de la Terre et de l'Univers



جامعة أبو بكر بلقايد – تلمسان

كلية علوم الطبيعة والحياة وعلوم الأرض والكون

Département d'Agronomie

Thèse

Présenté par :

BERREZOUG Mohamed Adel

Pour l'obtention du diplôme de

Doctorat 3ème cycle

Filière : Sciences Agronomiques

Spécialité : Production Végétale

Thème

Étude de la tolérance des cultures céréalières au stress hydrique

Soutenue publiquement le : **14/07/2026**

Devant le Jury

Président	**TEFIANI Choukri**	**Pr. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Directrice	**BELLATRECHE Amina**	**M.C.A. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Co-Directeur	**MAHDAD Moustafa Yassine**	**M.C.A. Univ. SALHI Ahmed – Namaa**
Examinateur	**GAOUAR Semir Bechir Suheil**	**Pr. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Examinateur	**BENMAHIOUL Benamar**	**Pr. Univ. Abou Bekr Belkaid – Tlemcen**
Examinateur	**SIDHOUM Mohammed**	**M.C.A. Univ. Djillali LIABES – Sidi Bel Abbes**

Laboratoire des Agrosystèmes Fonctionnels et Technologie de la Chaîne Agronomique (AFTAGRO)

Remerciements

Avant toute chose, je remercie Dieu, le Très-Haut, le Tout-Puissant, pour m'avoir insufflé la force et la persévérance menant à l'aboutissement de cette thèse. Ce travail couronne un long cheminement scientifique et humain, fait de défis, d'apprentissages et de précieuses opportunités. Chaque étape a été le moteur de mon évolution personnelle et scientifique. J'exprime ma profonde reconnaissance pour l'enrichissement intellectuel et les expériences uniques qui ont jalonné ces années de recherche.

Je tiens à adresser mes plus vifs remerciements à ma directrice de thèse, **Mme. BELLATRECHE Amina,** Enseignante Maître de Conférence « A » au niveau du Département d'Agronomie à l'Université Abou Bekr Belkaid – Tlemcen. Je lui suis profondément reconnaissant pour son encadrement rigoureux, sa bienveillance et son soutien indéfectible. Tout au long de ce parcours, son exigence scientifique et sa vision éclairée ont été des atouts majeurs. Enfin, ses conseils avisés et son engagement ont été déterminants dans l'aboutissement de ce travail.

Mes remerciements s'adressent à mon co-encadrant, M. **MAHDAD Moustafa Yassine**, Enseignant Maître de Conférence « A » à l'Université SALHI Ahmed Namaa. Son accompagnement de proximité, son aide lors des expérimentations et sa disponibilité ont grandement facilité la progression de mes travaux. Je lui suis reconnaissant pour le temps qu'il m'a accordé et pour le partage de son expertise technique et scientifique, qui ont été indispensables à la concrétisation de cette thèse.

J'adresse mes chaleureux remerciements à **M. TEFIANI Choukri**, Enseignant Professeur au niveau du Département d'Agronomie à l'Université Abou Bekr Belkaid – Tlemcen. Je lui suis très reconnaissant pour l'honneur qu'il me fait en acceptant d'évaluer ce travail de recherche et d'en présider le jury de soutenance.

Mes remerciements s'adressent également aux honorables membres du jury qui ont accepté d'évaluer ce travail de recherche : **M. GAOUAR Semir Bechir Suheil**, Professeur Enseignant à l'Université Abou Bekr Belkaid de Tlemcen, **M. BENMAHIOUL Benamar**, Enseignant Professeur à l'Université Abou Bekr Belkaid de Tlemcen, ainsi que **M. SIDHOUM Mohammed**, Enseignant Maître de Conférence « A » à l'Université Djillali LIABES – Sidi Bel Abbes. C'est pour moi un immense privilège de les compter parmi ce jury et de bénéficier de leur regard scientifique.

J'exprime ma sincère gratitude à **Mme YOUCEFI Fatima**, Directrice du Laboratoire des Agrosystèmes Fonctionnels et Technologie de la Chaîne Agronomique (AFTAGRO), pour m'avoir ouvert les portes de sa structure de recherche et pour les moyens mis à ma disposition.

Je tiens par ailleurs à remercier chaleureusement l'ensemble des enseignants du Département d'Agronomie pour leurs précieux enseignements, ainsi que tout le personnel administratif pour leur disponibilité, leur sympathie et pour avoir facilité mes démarches tout au long de mon cursus.

Enfin, je réserve mes mots les plus tendres à mon épouse. Son aide inestimable, sa patience infinie et son soutien moral de tous les instants m'ont donné la force et l'équilibre nécessaires pour mener à bien cette thèse. Qu'elle trouve ici l'expression de ma plus profonde affection et de ma gratitude infinie.

Dédicaces

Je dédie ce modeste travail :

À la mémoire de mon regretté père, J'aurais tant souhaité que tu sois présent aujourd'hui pour partager l'aboutissement de ce travail. Que cette thèse soit un hommage à tes sacrifices, à ton éducation et aux valeurs que tu m'as transmises. Que Dieu t'accorde Sa sainte miséricorde et t'accueille en Son vaste paradis.

À ma très chère mère, Source de tendresse et de bénédictions. Aucune dédicace ne saurait exprimer la profondeur de mon amour et de ma gratitude pour tes prières, tes sacrifices et ton soutien inconditionnel. Que Dieu te prête longue vie et santé.

À mon épouse, Pour ta patience infinie, ta compréhension et ton précieux soutien moral tout au long de ces années de recherche. Merci d'avoir été mon équilibre et ma force dans les moments d'effort et de doute.

À mes deux fils, Vous êtes ma plus grande fierté et ma source de motivation au quotidien. Que ce travail soit pour vous un exemple de persévérance. Je vous souhaite un avenir brillant et plein de succès.

À mes frères et sœurs, En témoignage de mon affection profonde, pour vos encouragements constants et les liens fraternels forts qui nous unissent.

À mes neveux et nièces, Pour la joie et la fraîcheur que vous apportez à notre famille. Je vous souhaite une vie épanouie, un avenir radieux et beaucoup de réussite dans tout ce que vous entreprendrez.

À toute ma grande famille et à toutes les personnes qui m'ont soutenu moralement, de près ou de loin, et qui ont contribué, par un mot ou une pensée, à l'achèvement de ce long parcours.

Mohamed Adel

Productions Scientifiques

- **Publication :**

- **BERREZOUG M.A.,** BELLATRECHE A., RAHMANI MNASRI S., AMROUCHE A. and MAHDAD Y.M. (2026). Genetic diversity and population structure of Saharan bread wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces from Algeria revealed by SSR markers. *IJCESEN*. 12(1), 694-704, DOI : 10.22399/ijcesen.4896.
- Bemmoussat A., Bellatreche A., **Berrezoug M.A.,** Mahdad Y.M., Coskun Y., Tas I and Tutenocakli T. (2025). Effects of salinity on germination and growth of turkish wheat cultivars : environmental and genetic interactions. *Brazilian Journal of Animal and Environmental Research*. 8(1). 1-18. DOI : 10.34188/bjaerv8n1-018.

- **Communications Internationales :**

- **BERREZOUG M.A.,** BEMMOUSSAT A., BELLATRECHE A. et MAHDAD Y.M. (2023). Rôle de la matière organique dans le pouvoir de rétention d'eau de deux sols à texture sableuse. *Séminaire international : eau, changement climatique, agriculture et développement territorial*. Université Setif 1 – Ferhat Abbes. Algérie. Du 01 au 04 Octobre 2023.
- **BERREZOUG M.A.,** BEMMOUSSAT A., BELLATRECHE A. et MAHDAD Y.M. (2023). Rôle de la matière organique dans l'économie d'eau de deux sols à texture sableuse. *Séminaire international sur la gestion durable des ressources naturelles en zones arides et semi-arides*. Centre Universitaire Ahmed Salhi – Naama. Algérie. 24 et 25 Octobre 2023.

- **Communications Nationales :**

- **BERREZOUG M.A.,** BELLATRECHE A. (2024). Gestion durable de l'eau pour le blé dur : Impact sur la biodiversité en sol sablo-organique et sous stress climatique. *Séminaire National sur Forêts, Biodiversité et développement Durable face aux changements climatiques*. Université Abou Bekr Belkaid – Tlemcen. 18 et 19 Décembre 2024.
- **BERREZOUG M.A.,** BELLATRECHE A. (2025). Vers une irrigation intelligente du blé dur : influence sur la biodiversité des sols sablo-organiques face au stress climatique. *Le 6ème Séminaire National MGBIR entre l'étudiant et l'investisseur*. Université Abou Bekr Belkaid – Tlemcen. 06 Mai 2025.

Résumé

Face au défi de l'adaptation de l'agriculture au changement climatique, cette étude évalue la diversité, la structure génétique et le potentiel d'adaptation au stress hydrique de 16 accessions sahariennes (variétés locales) de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) issues des oasis du Touat et du Hoggar (Algérie) via un génotypage par 13 marqueurs microsatellites (SSR).

L'analyse révèle un total de 72 allèles et une diversité génétique particulièrement élevée (H_e = 0,573). L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) montre que 88 % de cette diversité est conservée à l'échelle intra-populationnelle (56 % entre individus, 32 % intra-individuelle), soulignant le rôle crucial des pratiques paysannes dans le maintien de l'hétérogénéité des semences. L'analyse bayésienne (K=2) met en évidence une structuration géographique nette entre les blés du Touat et du Hoggar, bien que la détection d'individus mixtes (à l'image des accessions *Belmebrouk* et *Bahamoud*) indique le maintien d'une connectivité historique entre ces oasis.

L'originalité majeure de ce travail réside dans la mise en évidence d'un polymorphisme important du locus *Gwm174* par rapport aux études antérieures, révélant une adaptation architecturale spécifique à l'aridité extrême chez certaines accessions. Parallèlement, l'identification de profils alléliques originaux suggère des mécanismes d'adaptation spécifiques au stress hydrique, notamment chez l'accession *Bemmebrouk*. Celle-ci se distingue par un potentiel élevé d'efficience photosynthétique lié au locus *Barc101* (caractère « Stay-Green »). L'originalité génétique de cette collection saharienne réside également dans la fixation de l'allèle d'intérêt au locus *Wmc179* au sein de l'ensemble des génotypes étudiés, témoignant d'une forte convergence adaptative face aux contraintes du milieu.

Ces résultats soulignent le potentiel des blés sahariens en tant que matériel de pré-amélioration à haute valeur adaptative. La conservation intégrée de ces accessions (Banque Nationale de Semences et *in situ*) et leur future validation phénotypique sous différents régimes hydriques posent les bases d'une Sélection Assistée par Marqueurs (SAM), offrant un levier socio-économique concret pour sécuriser la production céréalière algérienne.

Mots-clés : *Triticum aestivum L.* – Accessions locales sahariennes – Diversité génétique – Marqueurs SSR – Tolérance au stress hydrique.

Abstract

Addressing the challenge of agricultural adaptation to climate change, this study evaluates the genetic diversity, population structure, and adaptive potential to water stress of 16 Saharan accessions (landraces) of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) from the Touat and Hoggar oases (Algeria) using genotyping with 13 microsatellite (SSR) markers.

The analysis reveals a total of 72 alleles and a particularly high genetic diversity (H_e = 0.573). Analysis of molecular variance (AMOVA) shows that 88% of this diversity is maintained at the intra-population level (56% among individuals, 32% within individuals), highlighting the crucial role of traditional farming practices in maintaining seed heterogeneity. Bayesian analysis (K=2) highlights a clear geographical structuring between the wheats of Touat and Hoggar, although the detection of admixed individuals (such as the *Belmebrouk* and *Bahamoud* accessions) indicates the maintenance of historical connectivity between these oases.

The major originality of this work lies in highlighting a significant polymorphism at the *Gwm174* locus compared to previous studies, revealing a specific architectural adaptation to extreme aridity in certain accessions. Meanwhile, the identification of original allelic profiles suggests specific adaptation mechanisms to water stress, particularly in the *Bemmebrouk* accession. This accession stands out due to a high potential for photosynthetic efficiency linked to the *Barc101* locus ("Stay-Green" trait). Furthermore, the genetic originality of this Saharan collection lies in the fixation of the allele of interest at the *Wmc179* locus across all studied genotypes, evidencing a strong adaptive convergence in response to environmental constraints.

These results underscore the potential of Saharan wheats as pre-breeding material with high adaptive value. The integrated conservation of these accessions (National Seed Bank and *in situ*) and their future phenotypic validation under different water regimes lay the groundwork for Marker-Assisted Selection (MAS), offering a concrete socio-economic lever to secure Algerian cereal production.

Keywords : *Triticum aestivum* L. – Saharan landraces – Genetic diversity – SSR markers – Water stress tolerance.

ملخص

لمواجهة تحدي تكيف قطاع الزراعة مع التغير المناخي، تُقَيِّمُ هذه الدراسة التنوع الجيني، والبنية الوراثية، وإمكانات التكيف مع الإجهاد المائي لـ 16 مدخلاً صحراوياً (أصناف محلية) من القمح اللين (*Triticum aestivum* L.) المنحدرة من واحات توات والأهقار (الجزائر)، وذلك من خلال التنميط الجيني باستخدام 13 واسمة جزيئية من نوع ميكروساتيليت الدقيقة (*SSR*) .

كَشَفَ التحليل عن إجمالي 72 أليلاً وتنوع جيني عالٍ بشكل ملحوظ .(H_e = 0.573) أظهر تحليل التباين الجزيئي (AMOVA) أن 88٪ من هذا التنوع محفوظ على مستوى داخل التجمعات (56٪ بين الأفراد، و32٪ داخل الفرد نفسه)، مما يبرز الدور الحاسم للممارسات الزراعية التقليدية في الحفاظ على عدم تجانس البذور. من جهة أخرى، أوضح التحليل البايزي (K=2) وجود هيكلة جغرافية واضحة بين قمح توات وقمح الأهقار، على الرغم من أن اكتشاف أفراد هجينة مثل مدخل *بلمبروك* و *باحمود* (*Belmebrouk* و *Bahamoud*) يشير إلى استمرار الترابط التاريخي بين هذه الواحات.

تكمن الأصالة الرئيسية لهذا العمل في إبراز تعدد أشكال كبير ومهم في الموضع الجيني *Gwm174* مقارنة بالدراسات السابقة، مما يكشف عن تكيف هيكلي خاص بالجفاف الشديد لدى بعض المداخل. وبالموازاة مع ذلك، يشير تحديد التشكيلات الأليلية الأصلية إلى آليات تكيف خاصة مع الإجهاد المائي، لا سيما لدى مدخل *بمبروك* (*Bemmebrouk*) . يتميز هذا الأخير بإمكانات عالية لنجاعة عملية التركيب الضوئي المرتبطة بالموضع الجيني *Barc101* صفة البقاء أخضر أو « Stay-Green » . علاوة على ذلك، تكمن الأصالة الوراثية لهذه المجموعة الصحراوية في تثبيت الأليل ذي الأهمية في الموضع الجيني *Wmc179* لدى جميع التراكيب الوراثية المدروسة، مما يشير إلى تقارب تكيفي قوي في مواجهة القيود البيئية.

تؤكد هذه النتائج على إمكانات القمح الصحراوي كمادة تحسين مسبق (Pre-breeding) ذات قيمة تَكَيُّفِيَّة عالية. إن الحفظ المتكامل لهذه المدخلات (في البنك الوطني للبذور وفي الموقع الأصلي) وتقييم أنماطها الظاهرية مستقبلا تحت أنظمة مائية مختلفة، يضع الأسس لبرنامج انتقاء بمساعدة الواسمات الجزيئية (MAS/SAM)، مما يوفر أداة اجتماعية-اقتصادية ملموسة لتأمين إنتاج الحبوب في الجزائر.

الكلمات المفتاحية :

القمح اللين (*Triticum aestivum* L.)– الأصناف المحلية الصحراوية – التنوع الجيني – واسمات SSR – تَحَمُّل الإجهاد المائي.

Liste des abréviations

°C : Degré Celsius

µL : Micro Litre

µM : Micro Mole

ADN : Adénosine DésoxyriboNucléique

AMOVA : Analysis of Molecular Variance (Analyse de la Variance Moléculaire)

BARC : Beltsville Agricultural Research Center (Centre de Recherche Agricole de Beltsville)

BET : Bromure d'Ethidium

CCNUCC : Convention-Cadre des Nations Unies sur les Changements Climatiques.

dATP : désoxyAdénosine TriPhosphate

dCTP : désoxyCytidine TriPhosphate

dGTP : désoxyGuanosine TriPhosphate

dNTPs : désoxyriboNucléotides TriPhosphates

dTTP : désoxyThymidine TriPhosphate

EUE : Efficience de l'Utilisation de l'Eau

F : Indice de fixation

FAO : Food and Agriculture Organization (of the United Nations).

GIEC : Groupe d'experts intergouvernemental sur l'évolution du climat

GWM : Gatersleben Wheat Microsatellites (Microsatellites de blé de Gatersleben)

HCl : HydroChloric acid (acide chlorhydrique)

He : Expected Heterozygosity (Hétérozygotie attendue)

Ho : Hétérozygotie observée

I : Indice d'information de Shannon

ITGC : Institut Technique de Grandes Cultures

KCl : Chlorure de potassium

M.T : Marqueur de Taille

MAS : Sélection Assistée par Marqueurs

MCMC : Monte Carlo par Chaînes de Markov

MENA : Middle East and North Africa

Na : Nombre d'allèles par locus

Ne : Nombre effectif d'allèles

ng : Nano Gramme.

NJ : Neighbor-Joining

pb : paire de base

PCoA : Principal Coordinates Analysis (Analyse de Coordonnées Principales)

PCR : Polymearse Chaine Reaction

PIC : Polymorphism Information Content (Contenu en Information de Polymorphisme)

QTL : Quantitative Trait Loci (Loci de Caractères Quantitatifs)

ROS : Reactive Oxygen Species (Espèces Réactives de l'Oxygène)

SSR : Simple Sequence Repeats

TAE : Tris – Acétate – EDTA (acide Ethylène Diamine Tétra-Acétique)

Taq : Thermus aquaticus

U : Unité

UV : UltraViolet

WMC : Wheat Microsatellite Consortium (Consortium International des Microsatellites du Blé)

Liste des figures

N°	Titre de la figure	Page
01	Stades phénologiques et cycle biologique chez le blé.....	08
02	Les étapes de polyploïdisation à l'origine de la spéciation du blé, depuis les progéniteurs sauvages jusqu'aux taxons domestiqués d'après (Feldman, 2001) ……	10
03	Évolution de la production mondiale de blé sur la période 2016-2025……...	11
04	Évolution de la production de blé en Algérie sur la période 2016-2025…….	12
05	Évolution des fréquences génotypiques et progression de l'homozygotie au cours de générations successives d'autofécondation…….....	21
06	Schéma chronologique du développement phénologique des accessions de blé tendre (Serre de Tlemcen, campagne 2022-2023) …….	34-40
07	Suivi chronologique de la germination *in vitro* des accessions de blé tendre (Banque Nationale de Gènes, Tunis) ……	42
08	Principales étapes de l'extraction de l'ADN génomique total (protocole au CTAB) à partir de tissus foliaires de blé tendre (BNG, Tunis) …….....	44
09	Profil électrophorétique sur gel d'agarose (0,8 %) de l'ADN génomique total extrait des accessions de blé tendre étudiées…….....	45
10	Visualisation des produits d'amplification PCR sur gel d'agarose (3 %) pour différents loci microsatellites…….	48
11	Analyse en Coordonnées Principales (*PCoA*) de 16 accessions de blé saharien basée sur les marqueurs SSR et la distance de Nei. Les trois premiers axes expliquent 46,86 % de la variation totale……	55
12	Dendrogramme de type Neighbor-joining (NJ) illustrant les relations phylogénétiques entre les 16 accessions de blé saharien, basé sur les distances génétiques de Jaccard……	56
13	Détermination du nombre optimal de clusters génétiques (*K*) selon la méthode d'Evanno ΔK. Le pic maximal observé à $K = 2$ indique le regroupement le plus probable pour les 16 accessions étudiées……	57
14	Structure génétique des 16 accessions de blé saharien pour K=2. Chaque barre verticale représente un individu, et les couleurs indiquent la proportion d'appartenance aux deux pools génétiques identifiés (Groupe1: rouge ; Groupe2: vert) ……	58

Liste des tableaux

N°	Titre du tableau	Page
01	Position systématique de l'espèce (*Triticum aestivum* L) ……	06
02	Comparaison des caractéristiques techniques des principaux marqueurs moléculaires utilisés en amélioration des plantes……	26
03	Origine géographique, coordonnées GPS et altitudes des 16 accessions de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) étudiées……	32
04	Caractéristiques des 13 amorces SSR utilisées pour l'analyse de la diversité génétique des 16 accessions locales sahariennes de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) ……	46
05	Paramètres de diversité génétique et indices de polymorphisme révélés par 13 marqueurs SSR chez 16 accessions de blé tendre saharien……	52
06	Analyse de la variance moléculaire (AMOVA) au sein de 16 accessions de blé tendre saharien à l'aide de 13 marqueurs SSR……	53

Table des matières

Résumé ..... **I**

Abstract ..... **II**

ملخص ..... **III**

Liste des abréviations ..... **IV**

Liste des figures ..... **VI**

Liste des tableaux ..... **VII**

Table des matières ..... **VIII**

Introduction **1**

Partie I : SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE **5**

1- Présentation de l'espèce (*Triticum aestivum* L.) 6

1-1- Taxonomie et description botanique 6

1-2- Origine, domestication et distribution géographique 8

1-3- Importance économique du blé 10

1-3-1- Dans le Monde 10

1-3-2- En Algérie 10

1-4- Production du blé 11

1-4-1- Dans le Monde 11

1-4-2- En Algérie : 12

1-5- Cycle de développement et stades phénologiques 12

1-5-1- De la germination au tallage (Phase végétative) 13

1-5-2- Montaison et formation des organes reproducteurs 13

1-5-3- Fructification et maturation 14

1-6- Itinéraire technique 14

1-6-1- Préparation du sol 14

1-6-2- Le semis (Date et densité) 14

1-6-3- Fertilisation raisonnée 15

1-6-4- Besoins hydriques et gestion de l'irrigation 16

1-6-5- Protection phytosanitaire 16

1-6-6- Récolte 17

2- Adaptation du blé au stress hydrique et stratégies d'amélioration 17

2-1- Le Changement Climatique 17
2-1-1- Définition et contexte global 17
2-1-2- Situation en Afrique du Nord et impact sur l'agriculture 18
2-1-3- Le cas de l'Algérie « vulnérabilité et enjeux pour la céréaliculture » 18
2-1-4- Impacts spécifiques sur la physiologie du blé 19
2-2- Le stress hydrique 19
2-2-1- Effets morphologiques 19
2-2-2- Effets physiologiques 19
2-3- Mécanismes de tolérance à la sécheresse 20
2-3-1- L'échappement (Escape) 20
2-3-2- L'évitement (Avoidance) 20
2-3-3- La tolérance (Tolerance) 20
3- Diversité génétique et outils d'analyse 20
3-1- Ressources génétiques et amélioration de l'espèce 20
3-1-1- La sélection et l'érosion génétique 20
3-1-2- Les espèces sauvages et les variétés locales (Landraces) 22
3-1-3- Stratégies de conservation et d'élargissement 22
3-2- Principaux marqueurs moléculaires utilisés dans les études génétiques du blé 22
3-2-1- RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) 23
3-2-2- RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) 23
3-2-3- AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) 23
3-2-4- STS (Sequence Tagged Sites) 23
3-2-5- SSR (Simple Sequence Repeats) ou Microsatellites 23
3-2-6- SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) 23
3-2-7- L'évolution stratégique vers la co-dominance 24
3-2-8- Application et avantages de la Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) 24
3-3- Principe et intérêt spécifique des marqueurs microsatellites (SSR) 27
3-3-1- Mécanisme de polymorphisme : Le glissement réplicatif 27
3-3-2- Pouvoir discriminant (PIC) pour les accessions sahariennes 27
Partie II : MATÉRIEL ET MÉTHODES 29
1- Présentation de la zone d'étude : Une approche comparative 30
1-1- La région du Touat-Gourara (Secteur Ouest) 30
1-2- La région du Hoggar (Secteur Est) 31

2. Matériel végétal et conditions de préparation 32
2-1- Répartition géographique des accessions prospectées 32
2-2- Régénération ex situ et germination in vitro 33
2-2-1 Phase de régénération sous serre (Tlemcen, Algérie) 33
2-2-2 Phase de germination en laboratoire (Banque Nationale de Gènes, Tunis) 41
3- Extraction de l'ADN génomique et contrôle qualité 43
3-1- Échantillonnage en mélange (Bulk) 43
3-2- Protocole d'extraction (Méthode au CTAB) 43
3-3- Évaluation de la qualité et de la quantité d'ADN 45
4- Choix et caractérisation des marqueurs moléculaires (SSR) 45
4-1- Couverture génomique 45
4-2- Critères de choix des marqueurs SSR 46
5- Amplification PCR et Électrophorèse des produits SSR 47
5-1- Conditions de la réaction PCR 47
5-2- Programme d'amplification thermique 47
5-3- Séparation et visualisation des fragments (Électrophorèse) 48
6-Analyse des données moléculaires et traitements statistiques 49
6-1- Paramètres de diversité génétique et pouvoir informatif des marqueurs 49
6-2- Structuration et relations phylogénétiques 49
6-3- Analyse de la structure de population (Approche Bayésienne) 49
Partie III : RÉSULTATS ET DISCUSSION 51
1-Résultats 52
1-1- Diversité allélique et indices de polymorphisme 52
1-2- Analyse de la variance moléculaire (AMOVA) 53
1-3- Analyse en Coordonnées Principales (*PCoA*) 54
1-4- Relations phylogénétiques et structure génétique des populations 55
1-4-1- Analyse du dendrogramme (Neighbor-Joining) 55
1-4-2- Structure génétique bayésienne (STRUCTURE) 56
2- Discussions 58
2-1- Profils de diversité génétique et utilité des marqueurs 58
2-2- Structure de la population et adaptation locale 60
2-3- Valorisation des ressources génétiques 61
2-4- Limites de l'étude et perspectives techniques 63

CONCLUSION ET PERSPECTIVES 64

Bibliographie..... 69

ANNEXES..... 85

Introduction

Depuis sa domestication il y a plus de dix millénaires au Proche-Orient (Lev-Yadun et al., 2000) ; (Zohary et al., 2012), le blé (*Triticum* spp.) s'est imposé comme une culture stratégique au cœur des systèmes agricoles et alimentaires mondiaux. Fournissant à lui seul 20 à 25 % des calories consommées quotidiennement (Shiferaw et al., 2013), il constitue la base absolue de la nutrition à l'échelle globale (Cordain, 1999). Le blé tendre (*Triticum aestivum* L.), occupe spécifiquement une place prépondérante dans les volumes de récoltes planétaires, portée par une demande incontournable dans les secteurs de la boulangerie et de l'industrie pâtissière (Shewry, 2009) ; (Enghiad et al., 2017). Par ailleurs, sous l'effet d'une pression démographique continue, les prévisions récentes estiment que la masse globale des récoltes céréalières culminera à un pic historique avoisinant les 3 milliards de tonnes pour la campagne 2025/2026, consolidant de ce fait son statut de première denrée agricole internationale (FAO, 2025).

L'Algérie entretient un lien historique profond avec cette céréale. Dès l'Antiquité, sous l'impulsion de souverains numides tels que *Massinissa*, une véritable révolution agricole a inséré dynamiquement ces territoires dans l'économie méditerranéenne (Thébert, 2005). Cette vocation s'est confirmée à l'époque romaine, où la Numidie septentrionale assurait une part essentielle du ravitaillement frumentaire de Rome, devenant l'un des piliers de l'équilibre de l'Empire (Christol, 1994).

Aujourd'hui, bien que le blé demeure le pilier incontesté de l'alimentation nationale pour toutes les catégories sociales, un paradoxe s'est installé. La production locale ne parvient plus à couvrir les besoins, obligeant l'Algérie à recourir massivement aux importations, estimées à plus de 9 millions de tonnes pour la campagne 2025 (USDA, 2025). Cette vulnérabilité s'explique par des rendements limités, particulièrement dans les zones semi-arides et sahariennes, en raison d'une pluviométrie faible et erratique, de sols peu fertiles et de l'accentuation du changement climatique (Nedjraoui et Bédrani, 2008) ; (Bakhtache et Hadjene, 2023). Le stress hydrique s'y affirme comme le principal facteur limitant, perturbant la croissance, le développement des grains et altérant les rendements globaux (Daryanto et al., 2016) ; (Duan et al., 2025).

Pour pallier ce déficit, les vastes territoires sahariens ont été érigés en un nouvel « Eldorado agricole », s'inspirant de modèles d'agriculture intensive. Toutefois, la production de blé à grande échelle dans ces régions hyper-arides représente une équation complexe, marquée par des coûts d'aménagement colossaux et un risque de substitution de la dépendance alimentaire par une dépendance technologique et énergétique (Dubost., 1992).

En marge de ces grands projets industriels, une résilience plus silencieuse et durable s'observe au sein des agroécosystèmes oasiens traditionnels du Sud algérien. Des régions méridionales comme le Touat et le Hoggar conservent des populations locales de blé (*landraces*), à l'image de la variété *Bel Mabrouk*, qui assurent des rendements stables grâce à une adaptation centenaire aux conditions extrêmes (Chadjaa., 1989) ; (Oumata et al., 2020) ; (Oumata et al., 2023). Ces écotypes constituent un réservoir génétique inestimable, potentiellement porteur de traits d'adaptation à la sécheresse (Bellatreche et al., 2017).

Pourtant, ce patrimoine national est aujourd'hui gravement menacé d'érosion génétique face à l'introduction de variétés modernes à haut rendement, uniformes mais moins résilientes (Chadjaa., 1989). Malgré leur potentiel agronomique face à l'aggravation des déficits hydriques, la base génétique de ces ressources oasiennes demeure insuffisamment explorée au regard des standards de la sélection moderne.

Pour pallier ce manque d'informations, les marqueurs moléculaires microsatellites (SSR - *Simple Sequence Repeats*) s'imposent comme des outils de choix. Leur fort pouvoir discriminant et leur polymorphisme élevé permettent une évaluation fine de la variabilité allélique et la structuration des populations, facilitant ainsi l'identification de génotypes d'intérêt (Powell et al., 1996) ; (Gupta et al., 1999). Si des travaux pionniers ont initié la caractérisation moléculaire du blé saharien via les SSR (Bellatreche et al., 2019), il est aujourd'hui impératif d'approfondir ces recherches en croisant deux dimensions : l'impact de l'isolement géographique sur la structuration de ces populations oasiennes et l'identification de signatures moléculaires potentiellement liées à leur tolérance extrême au stress hydrique.

Dans la continuité de ces efforts, la présente recherche se concentre sur l'analyse de 16 accessions sahariennes de blé tendre représentatives des oasis du Touat et du Hoggar, à l'aide de 13 marqueurs SSR. S'inscrivant dans la zone saharienne hyperaride, ces territoires sont structurellement exposés à des conditions de stress hydrique et thermique très importants, marqués par une pluviométrie moyenne extrêmement faible et une forte évapotranspiration (Zaharieva et al., 2014) ; (Oumata S, 2021). Face à ces contraintes environnementales sévères, notre étude vise ainsi à répondre à la question centrale suivante : **Dans quelle mesure ces accessions sahariennes de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) constituent-elles un réservoir de diversité génétique structurée et de signatures moléculaires distinctes, détectables via des marqueurs microsatellites ?**

Cette problématique repose sur deux hypothèses principales :

- **H1 :** Les accessions sahariennes de blé tendre issues des oasis du Touat et du Hoggar conservent une diversité génétique intra-populationnelle élevée. Ce réservoir adaptatif face au stress hydrique est activement maintenu et façonné par les pratiques agricoles oasiennes traditionnelles.
- **H2 :** L'isolement géographique et les contraintes environnementales extrêmes de ces deux agroécosystèmes ont généré une structuration génétique significative, favorisant l'émergence d'allèles privés (rares) qui témoignent d'une évolution adaptative locale à l'aridité.

Pour vérifier ces deux hypothèses, cette thèse s'est fixée pour objectifs : (i) d'évaluer la diversité génétique globale et intra-populationnelle de ce panel oasien, (ii) de déterminer la structuration fine des populations et leurs relations génétiques par des analyses multivariées (AMOVA, PCoA, STRUCTURE), et enfin, (iii) d'identifier, au sein de cette structure, les signatures moléculaires et les génotypes d'intérêt (tels que porteurs d'allèles privés) pouvant servir de base à l'amélioration variétale pour les environnements arides.

Partie I

SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

1- Présentation de l'espèce (*Triticum aestivum* L.)

1-1- Taxonomie et description botanique

Le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) est une céréale autogame, ce qui signifie qu'il a la capacité de se féconder lui-même. Sur le plan de la classification botanique, le blé est une angiosperme (plante à fleurs) monocotylédone, appartenant à l'ordre des Poales. Il fait partie de la famille des Poacées, également connue sous le nom de graminées, une famille qui regroupe un grand nombre de genres (600) et d'espèces (5000). (Zegrary., 2014).

La position systématique du blé tendre (*Triticum aestivum* L.), telle qu'établie par la base de données de l'USDA (2025), est résumée dans le tableau ci-dessous :

Tableau 01 : Position systématique de l'espèce (*Triticum aestivum* L) *Source : Classification établie d'après la base de données USDA (2025)*

Rang Taxonomique	Désignation (Taxon)
Règne	Plantae
Sous-règne	Tracheobionta
Division	Magnoliophyta (Angiospermes)
Classe	Liliopsida (Monocotylédones)
Sous-classe	Commelinidae
Ordre	Poales
Famille	Poaceae (syn. Gramineae)
Sous- famille	Pooideae
Tribu	Triticeae
Genre	*Triticum*
Espèce	*Triticum aestivum*

C'est une plante herbacée annuelle. Son appareil végétatif se caractérise par un système racinaire fasciculé puissant, composé de deux types de racines : les racines séminales (primaires) issues de l'embryon, qui assurent l'alimentation de la plantule, et les racines coronaires (adventives) qui se développent ultérieurement à partir des nœuds du plateau de tallage et assurent l'ancrage principal ainsi que l'absorption hydrominérale (Gate., 1995).

La tige, appelée chaume, est cylindrique, dressée et généralement creuse (fistuleuse), excepté au niveau des nœuds qui sont pleins. Elle est constituée d'une succession de nœuds et d'entrenœuds dont l'élongation détermine la hauteur de la plante (Kirby, 2002). L'une des spécificités agronomiques de cette graminée réside dans son aptitude au tallage, un processus se traduisant par l'émergence de ramifications secondaires issues des bourgeons latéraux positionnés à la base de l'axe caulinaire principal (Soltner., 2005).

Les feuilles sont insérées alternativement sur la tige, une à chaque nœud. Chaque feuille est constituée d'une gaine qui enveloppe la tige et d'un limbe linéaire à nervures parallèles. La zone de jonction entre la gaine et le limbe présente deux structures caractéristiques permettant l'identification de l'espèce : une ligule membraneuse et dentée, et des oreillettes (auricules) ciliées qui embrassent la tige (Soltner., 2005).

L'inflorescence est un épi terminal distique (à deux rangs). Il est formé d'un axe central en zigzag, le rachis, sur lequel sont insérés des épillets sessiles et alternes. Chaque épillet est protégé à sa base par deux glumes et contient 2 à 5 fleurs fertiles, chacune enfermée entre une glumelle inférieure (lemme) et une glumelle supérieure (paléole), qui donneront après fécondation les grains ou caryopses (Feldman., 2001).

La figure 01 ci-dessous illustre la succession des stades phénologiques du blé tendre tels que décrits par (Soltner., 2005), allant de la germination à la maturation.

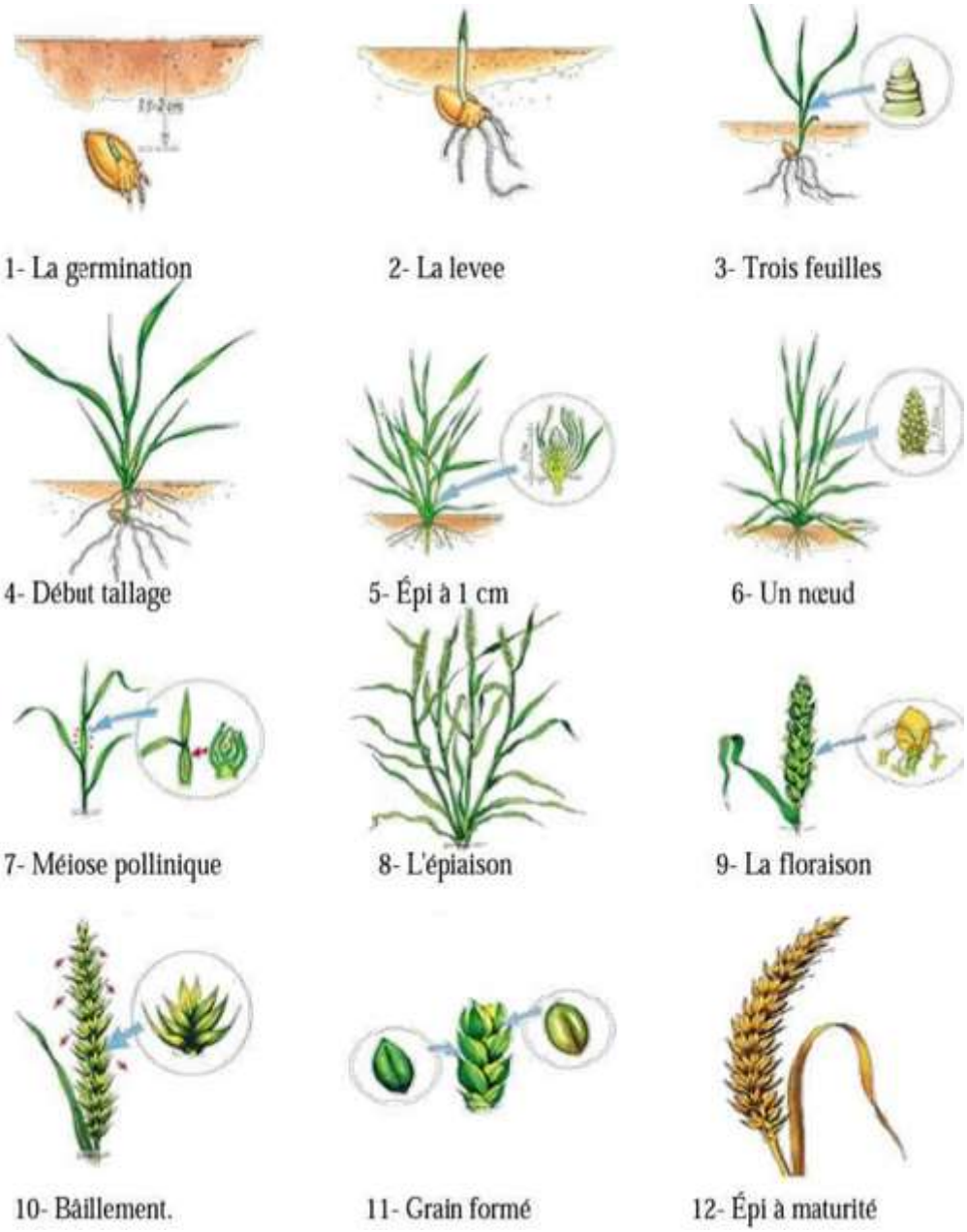


Figure 01 : Stades phénologiques et cycle biologique chez le blé (Soltner., 2005)

1-2- Origine, domestication et distribution géographique

Cette graminée se définit comme une espèce herbacée à cycle annuel, dont la fructification aboutit à la formation d'un caryopse (un fruit sec ne s'ouvrant pas spontanément). Sur le plan historique, elle figure parmi les tout premiers végétaux assujettis par les sociétés humaines, avec un processus de domestication qui s'est initié sur une fourchette chronologique s'étalant de 7 000 à 10 000 ans avant l'ère commune. Par ailleurs, des restes archéobotaniques attestant de la présence de formes diploïdes et tétraploïdes, remontant au septième millénaire avant notre ère, ont été exhumés lors de fouilles localisées dans la région du Croissant fertile (Harlan., 1975).

Historiquement, l'aire d'origine est identifiée au Croissant fertile, une vaste région englobant la Palestine, la Syrie, l'Irak et une grande partie de l'Iran (Croston. & Williams., 1981). Si l'on a longtemps considéré que la domestication avait eu lieu dans l'ensemble de cette zone (vallée du Jourdain et bordure ouest de l'Iran), des travaux plus récents ont affiné cette localisation. (Lev-Yadun et al., 2000), s'appuyant sur des preuves botaniques, génétiques et archéologiques, suggèrent que le véritable berceau « core area » de la céréaliculture se situerait dans une zone plus restreinte au nord du Croissant fertile, autour du cours supérieur du Tigre et de l'Euphrate, correspondant aux territoires actuels du sud-est de la Turquie et du nord de la Syrie.

Depuis ce centre primaire, la culture du blé s'est diffusée mondialement. Elle atteint l'ouest de l'Europe vers 5 000 avant J.-C., tout en progressant parallèlement vers l'Asie et l'Afrique. Son introduction sur le continent américain est beaucoup plus tardive, débutant en 1529 avec l'arrivée des Espagnols au Mexique. En Australie, le blé a été introduit par les Britanniques en 1788, à partir de pools génétiques européens (Doussinault et al., 2001).

Sur le plan génétique, le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) est une espèce hexaploïde (2n = 6x = 42), dont le génome géant de 17 milliards de paires de bases (Holušová K. et al., 2017) résulte de deux événements d'hybridation successifs impliquant trois génomes ancestraux distincts (A, B et D) :

a) **Le premier événement** a consisté en un croisement entre l'espèce diploïde sauvage *Triticum urartu* (2n = 14, génome AA) et une espèce proche d'*Aegilops speltoides* ou *Aegilops searsii* (génome BB). Cette hybridation a donné naissance à l'ancêtre tétraploïde sauvage (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*, AABB). Bien que l'origine exacte du génome B reste sujette à controverse, *Aegilops searsii* (section Sitopsis) est souvent citée comme candidate probable (Kerby et Kuspira., 1987).

b) **Le second événement** est survenu par l'hybridation entre ce tétraploïde cultivé (*T. turgidum*, AABB) et une graminée sauvage diploïde, *Aegilops tauschii* (syn. *Ae. squarrosa*, génome DD) (Mac Fadden et Sears., 1946). Ce croisement, suivi d'un doublement chromosomique spontané, a abouti à la formation du blé hexaploïde (AABBDD), incluant le blé tendre (*Triticum aestivum*) et l'épeautre (*Triticum spelta*) (Bednarek., 2012).

Ce processus évolutif complexe est illustré dans la Figure 02. Enfin, la domestication a permis de fixer des caractères agronomiques essentiels, tels que l'augmentation du rendement et de la taille du grain (Chantret et al., 2005), conférant au blé tendre sa place prépondérante dans l'agriculture mondiale.

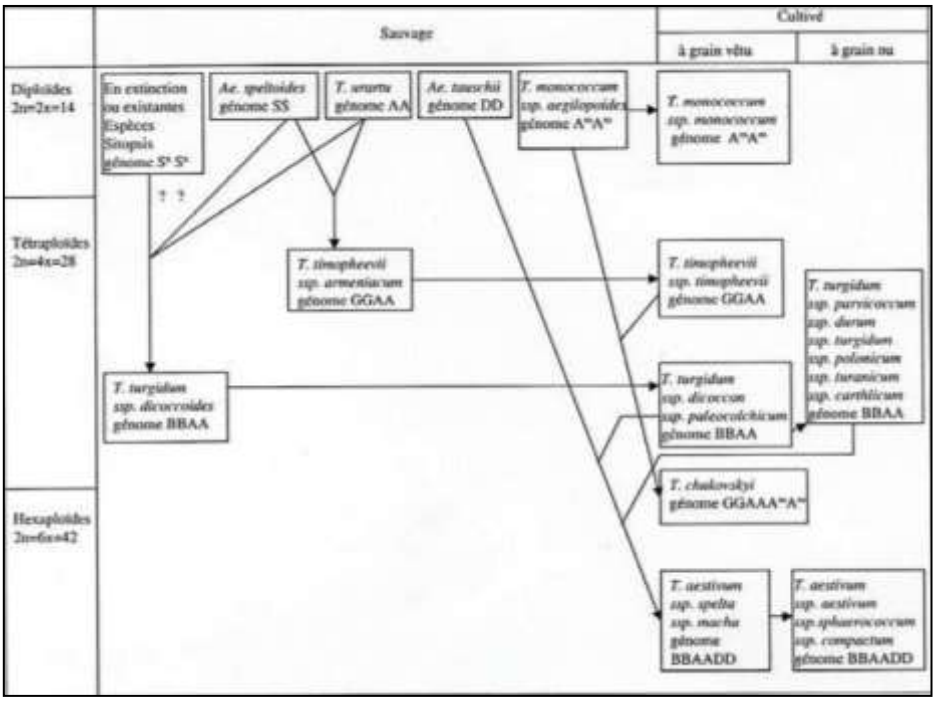


Figure 02 : Les étapes de polyploïdisation à l'origine de la spéciation du blé, depuis les progéniteurs sauvages jusqu'aux taxons domestiqués d'après (Feldman., 2001)

1-3- Importance économique du blé

Depuis la découverte de la domestication des céréales et notamment du blé par les premières sociétés agricoles, cette céréale a joué un rôle central et multifacette au sein des enjeux politiques, économiques et sociaux (Crostan et Williams., 1981).

1-3-1- Dans le Monde

Le blé tendre est une composante fondamentale de l'alimentation pour un pourcentage significatif de la population mondiale (35%) et qui apporte un pourcentage supérieur de 20% en termes de calories consommées dans le monde (Braun et al., 2010).

Actuellement, près de 95% des surfaces cultivées en blé dans le monde sont dédiées au blé tendre (Shewry, 2009). Malgré son origine relativement récente, le blé tendre présente une diversité génétique considérable, ce qui a permis le développement de plus de 25 000 cultivars adaptés à une vaste gamme de climats (Feldman et Sears., 1981). Cette espèce est principalement employée dans la fabrication de pain, de biscuits et de gâteaux (Xinyao et al., 2013).

1-3-2- En Algérie

L'Algérie figure parmi les principaux pays consommateurs de blé, cette culture fournissant plus de 60 % de l'apport calorique national (Benarba., 2024).

Le recours à des cultivars élites, spécifiquement développés pour présenter des aptitudes agronomiques supérieures telles qu'une meilleure défense contre les agents pathogènes, une adaptation accrue face aux contraintes environnementales et un potentiel de récolte maximisé, constitue un levier majeur pour l'optimisation de la production agricole (Sebbane., 2021).

1-4- Production du blé

La production du blé reste influencée par divers facteurs, dont le climat, les pratiques agricoles, la disponibilité en eau et les politiques publiques (Bessaoud et al., 2019). Dans ce cadre, analyser son évolution, notamment en Algérie, s'avère pertinent au regard des enjeux agricoles actuels (FAO, 2023).

1-4-1- Dans le Monde

Comme l'illustre la Figure 03, l'analyse de la production mondiale de blé sur la période 2016–2025 (données issues de (FAOSTAT, 2026)) met en évidence une tendance générale à la hausse, caractérisée par des fluctuations interannuelles. Le volume global est passé d'environ 756 millions de tonnes en 2016 à un niveau record estimé à plus de 805 millions de tonnes en 2025. Cependant, cette progression a été ponctuée par une baisse significative en 2018 (732 Mt), coïncidant avec des conditions climatiques défavorables dans plusieurs bassins de production notamment de graves sécheresses dans les grands bassins de production tels que l'Union Européenne, la région de la Mer Noire et l'Australie (FAO, 2018). Par la suite, la courbe reprend une trajectoire ascendante régulière pour atteindre son maximum en fin de période.

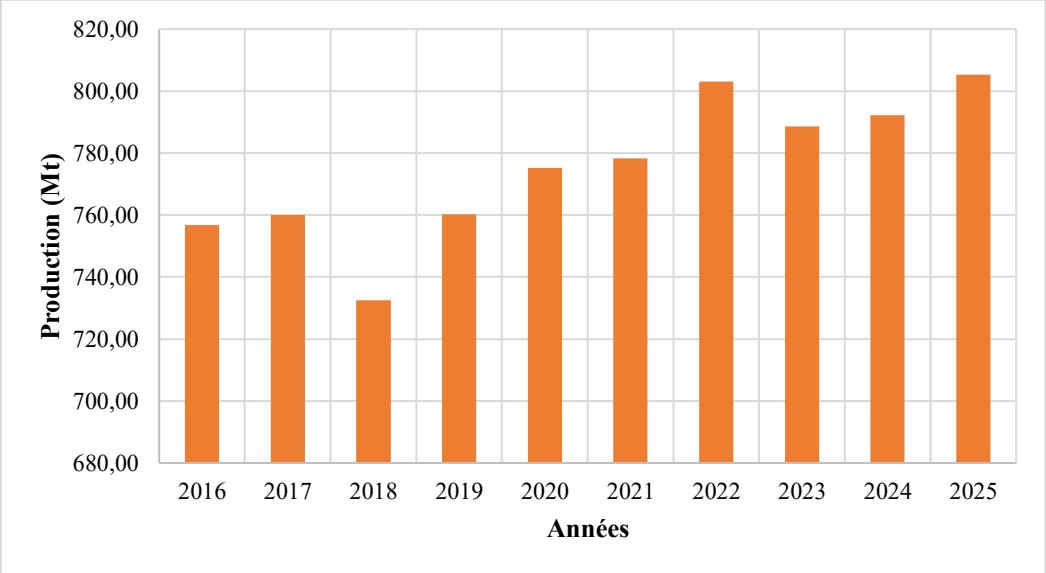


Figure 03 : Évolution de la production mondiale de blé sur la période 2016-2025 (*Figure élaborée par l'auteur à partir des données de FAOSTAT, 2026*)

1-4-2- En Algérie :

Comme l'illustre la Figure 04, l'examen de la production algérienne de blé sur la période 2016–2025 (FAOSTAT, 2026) met en évidence une forte instabilité interannuelle. Partant d'un niveau d'environ 2,2 millions de tonnes en 2016, la production a d'abord connu une phase de croissance, atteignant son optimum historique durant la période 2018-2019 avec un pic avoisinant les 4 millions de tonnes. Cependant, cette dynamique ne s'est pas maintenue. Une baisse sensible a été enregistrée dès 2020, suivie d'une chute marquée en 2021 (autour de 2,5 Mt), conséquence directe d'un déficit pluviométrique sévère ayant affecté les principales zones céréalières du pays (FAO., 2021). Sur la fin de la période, la production oscille autour d'un palier moyen de 3 millions de tonnes. Ce volume, structurellement bas au regard de la démographie, illustre le fossé persistant entre l'offre locale et les besoins nationaux, corroborant ainsi la nécessité du recours massif aux importations évoquée en introduction (Bessaoud et al., 2019).

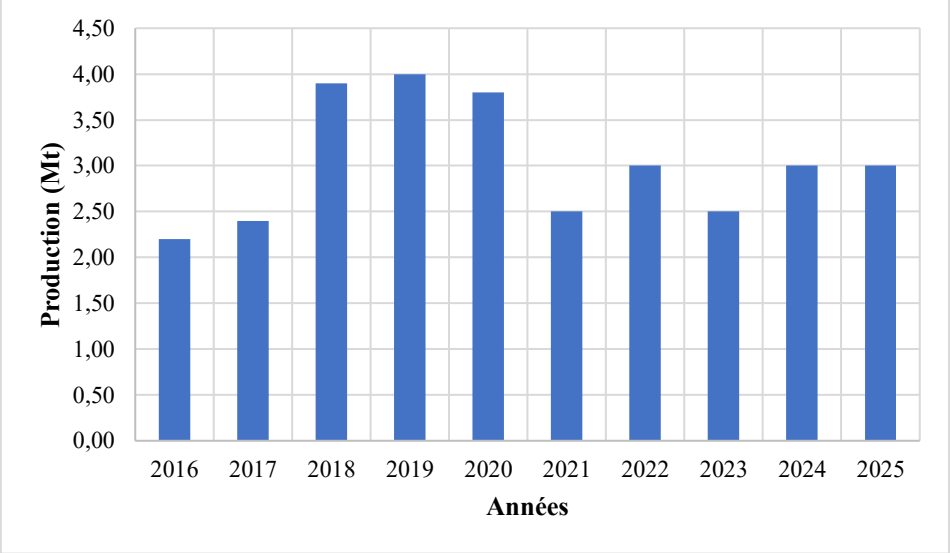


Figure 04 : Évolution de la production de blé en Algérie sur la période 2016-2025 (*Figure élaborée par l'auteur à partir des données de FAOSTAT, 2026*)

1-5- Cycle de développement et stades phénologiques

Le cycle biologique du blé comprend deux phases majeures : une phase végétative, consacrée à l'édification de l'appareil racinaire et foliaire, et une phase reproductrice, aboutissant à la formation et au remplissage du grain. Ce développement est codifié selon l'échelle internationale de Zadoks *et al.* (1974), qui segmente le cycle en 10 étapes principales, allant de la graine sèche au tout début de la germination (code 00) jusqu'à la maturation complète où le grain est dur et prêt pour la récolte (code 90).

1-5-1- De la germination au tallage (Phase végétative)

Le cycle débute par la germination, processus physiologique par lequel la graine passe d'une vie latente à une vie active (Boulal et al., 2007). Ce réveil métabolique requiert une semence viable et des conditions environnementales précises, notamment une humidité suffisante (absorption d'au moins 35 % du poids du grain en eau), la présence d'oxygène pour l'oxydation des réserves, et une température adéquate pour activer la division cellulaire (Soltner., 2005) ; (Boulal et al., 2007).

La germination se manifeste par l'émergence de la radicule suivie du coléoptile, qui perce le sol pour permettre à la première feuille d'atteindre la surface : c'est le stade de levée (Boulal et al., 2007). La croissance se poursuit par l'allongement de la première feuille fonctionnelle, suivie de l'apparition successive des feuilles suivantes. À l'aisselle de la première feuille, se développe la tige principale (maître-brin), marquant le début du tallage (Boulal et al., 2007).

Selon (Soltner., 2005), le tallage est caractérisé par la formation du plateau de tallage. Des bourgeons axillaires entrent en activité pour produire des tiges secondaires (talles), tandis que des racines adventices émergent simultanément à la base de la plante. L'émission des talles est physiologiquement coordonnée avec le rythme d'apparition des feuilles sur la tige principale (Gate., 1995). Cette phase est influencée par le génotype et les ressources du milieu (Ben-Hammouda et Boubaker., 2000).

1-5-2- Montaison et formation des organes reproducteurs

La phase végétative s'achève lorsque l'apex (jeune inflorescence) se situe à environ 1 cm au-dessus du plateau de tallage. C'est le début de la montaison, marquée par la différenciation et l'élongation des nœuds et entre-nœuds (Boulal et al., 2007).

Durant cette période, la différenciation des pièces florales s'opère : l'ébauche d'épillets se différencie à l'apex, suivie de la formation des glumes et des organes sexuels (Boulal et al., 2007). La méiose pollinique, étape essentielle pour la fertilité, se produit alors que l'inflorescence s'élève à l'intérieur de la tige. L'épi grossit à l'intérieur de la gaine de la dernière feuille (stade "gonflement"), puis émerge : c'est l'épiaison (Boulal et al., 2007). Ce stade est suivi de la fécondation (anthèse), dont la durée varie de 4 à 12 jours selon la température (Moule C., 1980).

1-5-3- Fructification et maturation

La fécondation induit la formation de l'embryon et le stockage des réserves dans l'albumen. Le processus de remplissage du grain débute par une intense multiplication cellulaire, suivie d'une augmentation du volume et du poids du grain (Boulal et al., 2007).

Le développement du grain passe par plusieurs stades physiologiques :

- **Stade laiteux :** Le grain est vert, a acquis sa forme définitive et contient un liquide laiteux riche en assimilats.
- **Stade pâteux :** La migration des réserves se poursuit, la teneur en eau diminue et l'amidon se solidifie.
- **Maturité physiologique :** Le grain perd rapidement son eau (dessiccation), durcit et jaunit, marquant la fin du cycle biologique (Simon et al., 1989).

1-6- Itinéraire technique

La conduite technique du blé vise à optimiser les conditions de croissance pour permettre à la culture d'exprimer son potentiel génétique. Elle repose sur une succession d'opérations culturales raisonnées en fonction du milieu et des objectifs de production (ITGC, 2007).

1-6-1- Préparation du sol

Traditionnellement, la mise en place de la culture est précédée par une opération de travail du sol. Le lit de semis est préparé grâce à un labour suivi de pratiques de préparation de surface (cover-crop, herse). Ce processus vise à améliorer la structure du sol, éliminer les plantes adventices et enfouir les résidus (Simon et al., 1989). Cependant, pour remédier à la dégradation des sols, des techniques simplifiées comme le semis direct se développent. Bien qu'efficaces pour conserver l'humidité, elles peuvent favoriser certaines pathologies si les résidus sont mal gérés (Abdellaoui et al., 2006).

1-6-2- Le semis (Date et densité)

Le semis constitue une étape déterminante pour le rendement final.

- **La date de semis :** Elle doit être ajustée pour caler le cycle de la plante sur le climat. Une étude récente de Hunt et al. (2019) confirme que cet ajustement est le levier d'adaptation le plus efficace face au réchauffement climatique. En effet, semer plus tôt (dès que les pluies le permettent) offre un avantage décisif en permettant à la plante d'allonger sa phase végétative et d'échapper aux températures échaudantes de fin de cycle.

- **La densité de semis :** Elle vise à assurer un peuplement optimal. Si les références classiques préconisent des densités élevées (Boulal et al., 2007), les travaux actuels en zone semi-aride tendent à réviser ces normes à la baisse. Fischer et Connor (2018) démontrent qu'une densité modérée réduit la compétition intra-spécifique pour l'eau au stade tallage, préservant ainsi des ressources hydriques capitales pour le remplissage du grain.

1-6-3- Fertilisation raisonnée

La fertilisation vise à couvrir les besoins nutritionnels de la culture pour lui permettre d'atteindre son rendement cible. Elle doit être ajustée selon la fertilité initiale du sol et se décompose chronologiquement en deux interventions majeures :

a. La fertilisation de fond (Phospho-potassique) : Réalisée avant ou au moment du semis, elle est essentielle pour l'installation de la culture et sa résistance aux stress.

- **Le Phosphore (P) :** Acteur central du métabolisme énergétique (Lambert et al., 1979), une bonne nutrition phosphatée stimule précocement le développement du système racinaire, permettant au blé d'explorer un plus grand volume de sol pour capter l'eau (Soltner., 2005).

- **Le Potassium (K) :** Au-delà de son rôle nutritif classique et de son renforcement de la résistance au froid et aux infections fongiques (Clement-Grandcourt et Prats., 1971), la littérature récente souligne son rôle « protecteur » face au stress hydrique et thermique (Aissa et Mhiri., 2002). Hasanuzzaman et al. (2018) précisent qu'il est vital pour la régulation osmotique, maintenant la turgescence cellulaire et limitant les pertes en eau par les stomates.

- **Pratique agronomique :** Pour produire un quintal de grains, les besoins d'exportation sont estimés entre 1,2 et 1,5 kg de P, et 1,5 à 2 kg de K (Boulal et al., 2007).

b. La fertilisation azotée (de couverture) : L'Azote (N) élément clé de la synthèse des protéines, il conditionne la biomasse foliaire, le tallage et les composantes du rendement (Soltner., 2005).

- **Pratique agronomique :** Pour le blé, un apport de 2,2 à 3,5 kg d'azote par quintal produit est généralement recommandé pour assurer un taux de protéines satisfaisant (> 12-14 %). En raison de sa forte lessivabilité, cet apport ne se fait pas en une seule fois :

il doit être fractionné (généralement entre le stade tallage et la montaison/floraison) pour coïncider avec la courbe d'absorption maximale de la plante (Gate., 1995).

1-6-4- Besoins hydriques et gestion de l'irrigation

L'eau constitue le principal facteur limitant la productivité céréalière en Algérie. En conditions méditerranéennes et semi-arides, le rendement est souvent lourdement impacté par les stress hydrique et thermique, particulièrement lors de la phase critique du remplissage du grain (Garcia del Moral et al., 2003).

Pour accomplir son cycle complet dans des conditions optimales, le blé nécessite globalement entre 450 et 600 mm d'eau. Ces apports doivent être répartis stratégiquement pour suivre la courbe d'absorption de la plante :

- **Phase végétative :** Des besoins modérés de 45 à 90 mm/mois.
- **Phase reproductive :** Des pics de consommation cruciaux atteignant 60 à 90 mm/mois lors de la montaison et de la floraison.

La stratégie d'irrigation diffère toutefois selon les zones agro-climatiques :

- **Dans le Nord (irrigation de complément) :** L'irrigation d'appoint permet de combler les déficits pluviométriques printaniers, de stabiliser les rendements et d'apporter un gain substantiel de 12 à 35 q/ha selon les années (Merabet et Boutiba., 2004).
- **Dans le Sud (irrigation totale) :** Dans le contexte hyper-aride des territoires sahariens, la culture du blé repose intégralement sur l'irrigation, qu'elle soit issue des systèmes oasiens traditionnels de foggaras ou des grands périmètres de mise en valeur par forages profonds (Côte., 2002) ; (Remini et al., 2010). La maîtrise de l'itinéraire hydrique y est donc une condition absolue de survie pour la culture. Dans ces conditions extrêmes, l'efficience de l'utilisation de l'eau (EUE) devient le paramètre central du rendement, exigeant un pilotage rigoureux des apports pour limiter les pertes par évaporation (Steduto et al., 2012) tout en évitant le risque de salinisation des sols souvent associé à ces environnements (Halitim., 1998).

1-6-5- Protection phytosanitaire

La protection phytosanitaire constitue une étape déterminante de l'itinéraire technique, visant à préserver l'intégrité physiologique de la culture face aux divers bioagresseurs (adventices, ravageurs et pathogènes). Dans un premier temps, un désherbage rigoureux s'avère indispensable pour limiter la compétition interspécifique vis-à-vis des ressources hydriques et

minérales (Ben Mbarek., 2017). Parallèlement, la surveillance et le contrôle des maladies fongiques sont vitaux pour maintenir le potentiel photosynthétique du blé, particulièrement dans les environnements soumis au stress hydrique. À ce titre, Lanouari (2024) souligne qu'une attaque de rouille, même circonscrite à 1 % de la surface foliaire, peut accroître la transpiration de la plante de 38 %, exacerbant ainsi dramatiquement son déficit hydrique. Pour pallier ces menaces, l'approche agronomique moderne repose sur la gestion intégrée. Celle-ci privilégie les méthodes prophylactiques afin de maintenir les populations d'ennemis des cultures sous leur seuil de nuisibilité économique. Le recours à la lutte chimique curative ne doit intervenir qu'en dernier ressort, de manière strictement raisonnée en fonction du parasite ciblé et des conditions climatiques d'application (Sebbane., 2021).

1-6-6- Récolte

L'itinéraire s'achève par la récolte, idéale lorsque le taux d'humidité du grain descend entre 13 et 14 % pour assurer une bonne conservation (Simon et al., 1989).

L'analyse de la littérature met en évidence que l'optimisation isolée de l'itinéraire technique ne suffit plus. Les revues actuelles s'accordent pour dire que la tolérance au stress hydrique résulte d'une synergie dynamique entre le potentiel génétique et la conduite culturale, concept désigné par l'interaction G × E × M (*Genotype* × *Environment* × *Management*) (Mwadzingeni et al., 2016) ; (Sallam et al., 2019).

2- Adaptation du blé au stress hydrique et stratégies d'amélioration

2-1- Le Changement Climatique

2-1-1- Définition et contexte global

Pendant des millénaires, le climat de la Terre a connu des variations naturelles en termes d'époques et de localisations. Toutefois, alors que ces changements se déroulaient historiquement sur des échelles de temps géologiques étendues, les observations scientifiques démontrent qu'au cours des dernières décennies, ce phénomène de réchauffement s'est drastiquement accéléré, atteignant un rythme sans précédent (IPCC, 2022). Les changements climatiques se réfèrent à des altérations du climat attribuées, directement ou indirectement, à une activité humaine modifiant la composition de l'atmosphère mondiale (notamment via les gaz à effet de serre) (CCNUCC, 1992) ; (GIEC, 2014). Ces changements s'ajoutent à la variabilité naturelle du climat. Ils englobent les modifications de tous les éléments constitutifs du temps tels que la température, les précipitations et les vents (Grami et Ben Rejeb., 2015). Le consensus scientifique actuel met en avant un réchauffement caractérisé par une élévation des températures moyennes, qui entraînera d'importantes modifications avec des répercussions

écologiques, économiques et sociales graves sur les générations actuelles et futures (GIEC, 2014) ; (Grami et Ben Rejeb., 2015).

2-1-2- Situation en Afrique du Nord et impact sur l'agriculture

Les données météorologiques relatives à l'Afrique du Nord sont particulièrement alarmantes, révélant un réchauffement climatique plus prononcé dans cette région par rapport à la moyenne mondiale (Grami et Ben Rejeb., 2015). Dans cette zone, l'agriculture constitue la principale source de revenus et d'emplois en milieu rural. Elle monopolise l'essentiel des disponibilités en eau, un facteur déjà fortement limitant sous les climats arides et semi-arides. La compétition pour l'accès à l'eau s'accroît avec l'augmentation de la population et l'urbanisation (FAO, 2022) ; (Banque Mondiale, 2018). Le changement climatique modifie de manière significative la répartition des précipitations et des températures, impactant négativement la production agricole (Cramer W et al., 2018) ; (IPCC, 2022). Bien que les céréales jouent un rôle central dans la sécurité alimentaire, leur culture demeure tributaire des conditions climatiques et est confrontée à des épisodes de plus en plus fréquents de sécheresse (Grami et Ben Rejeb., 2015).

2-1-3- Le cas de l'Algérie « vulnérabilité et enjeux pour la céréaliculture »

L'Algérie, de par sa position géographique et l'immensité de son territoire saharien, est considérée comme l'un des pays les plus exposés au stress hydrique dans le bassin méditerranéen. Le pays est classé parmi les zones les plus vulnérables au réchauffement global, nécessitant des stratégies d'adaptation urgentes (Sahnoune et al., 2013). Cette tendance climatique menace directement la sécurité alimentaire nationale, car la céréaliculture algérienne reste majoritairement pluviale (non irriguée) et donc totalement dépendante des aléas pluviométriques (Bessaoud et al., 2019). Les rendements du blé subissent ainsi de fortes fluctuations interannuelles, alternant entre années excédentaires et années de déficit sévère (Chennafi et al., 2006) ; (Mekhlouf et al., 2006).

Dans ce contexte d'aridification croissante, plusieurs études soulignent que les variétés modernes introduites montrent leurs limites en termes d'adaptation. Par conséquent, la préservation et la valorisation des ressources génétiques locales (accessions sahariennes) apparaissent comme une priorité stratégique. Ces populations anciennes sont reconnues pour avoir développé, au fil des siècles, des mécanismes de résilience et de tolérance aux stress abiotiques souvent absents chez les cultivars modernes (Benbelkacem., 2008).

2-1-4- Impacts spécifiques sur la physiologie du blé

Outre le stress hydrique, l'élévation des températures affecte directement la biologie de la plante et compromet les rendements par deux mécanismes principaux :

- **Raccourcissement du cycle :** La chaleur accélère les stades phénologiques, réduisant ainsi la durée de la photosynthèse et la phase de remplissage du grain. Ce raccourcissement pénalise directement le poids final du grain et donc le rendement (Porter et Semenov., 2005).
- **Stress thermique à l'anthèse :** Les hautes températures (>30°C) survenant durant la floraison (anthèse) sont critiques. Elles peuvent induire une stérilité pollinique et l'avortement des grains, réduisant drastiquement le nombre de grains par épi, composante majeure du rendement (Farooq et al., 2011).

2-2- Le stress hydrique

Le stress hydrique survient lorsque la demande évaporative excède l'absorption racinaire, entraînant une perte de turgescence cellulaire (Theodore., 1973).

2-2-1- Effets morphologiques

La plante réagit par une réduction de la croissance pour limiter ses besoins :

- **Réduction de la surface foliaire et enroulement des feuilles** : pour limiter la transpiration et l'interception lumineuse (Beltrano et Ronco., 2008).
- **Modification du système racinaire** : La plante alloue davantage de biomasse aux racines (augmentation du ratio Racines/Parties aériennes) pour explorer le sol en profondeur (Passioura., 2007).
- **Baisse du rendement** : Selon le stade d'occurrence, le stress réduit le nombre d'épis (tallage), la fertilité de l'épi (montaison/anthèse) ou le poids des grains par échaudage (Araus et al., 2002).

2-2-2- Effets physiologiques

- **Fermeture des stomates** : C'est la réponse immédiate pour freiner les pertes d'eau. Cependant, elle réduit l'entrée de CO_2, ce qui inhibe la carboxylation et bloque la photosynthèse nette (Chaves et al., 2009).
- **Stress oxydatif** : Le déséquilibre entre la capture de l'énergie lumineuse et son utilisation entraîne la production d'Espèces Réactives de l'Oxygène (ROS) comme le peroxyde d'hydrogène (H_2O_2), provoquant des dommages oxydatifs aux lipides membranaires, aux protéines et à l'ADN (Apel et Hirt., 2004).

2-3- Mécanismes de tolérance à la sécheresse

Pour survivre et produire dans ce contexte difficile, les plantes ont développé plusieurs stratégies (Levitt., 1981) :

2-3-1- L'échappement (Escape)

La plante complète son cycle de développement avant l'installation du stress hydrique sévère. C'est le cas des variétés précoces qui évitent le stress terminal (Araus et al., 2002).

2-3-2- L'évitement (Avoidance)

La plante maintient un potentiel hydrique tissulaire élevé malgré la sécheresse du sol, soit en maximisant l'absorption d'eau via un système racinaire profond (Blum., 2011), soit en limitant les pertes via la fermeture stomatique et la glaucescence (couche cireuse) (Ludlow et Muchow., 1990).

2-3-3- La tolérance (Tolerance)

La plante maintient ses fonctions métaboliques à faible potentiel hydrique grâce à :

- ✓ **L'ajustement osmotique :** L'accumulation active de solutés compatibles (proline, sucres solubles, glycine bétaïne) pour abaisser le potentiel osmotique et maintenir la turgescence cellulaire (Blum., 2017).
- ✓ **Le système antioxydant :** L'activation d'enzymes (SOD, CAT, APX) pour détoxifier les ROS et protéger les structures cellulaires (Mittler., 2002).

3- Diversité génétique et outils d'analyse

3-1- Ressources génétiques et amélioration de l'espèce

3-1-1- La sélection et l'érosion génétique

Historiquement, le processus d'amélioration végétale a véritablement démarré lorsque les premiers agriculteurs ont été en mesure de repérer et d'isoler les individus les plus productifs. Le tri empirique s'est ainsi imposé comme le levier fondamental de l'évolution dirigée des cultures. Dans cette optique, l'objectif ultime de tout programme de sélection consiste à cumuler, au sein d'un même génotype, la plus grande proportion possible de traits agronomiques d'intérêt (Allard., 1960) ; (Acquaah., 2012). Cette quête de performance repose aujourd'hui sur une compréhension fine des tendances mondiales de la sélection du blé (Giraldo et al., 2019) et sur l'identification des gènes contrôlant chaque caractère pour les transmettre par croisement aux variétés d'intérêt (Bachiri., 2019-2020) ; (Joukhadar et al., 2020).

Ces cultivars présentent de nouvelles combinaisons génétiques stabilisées par des autofécondations successives. Comme l'illustre la figure 05 ci-dessous, ce processus entraîne une réduction de moitié de la proportion d'hétérozygotes à chaque génération, conduisant inéluctablement à la fixation des caractères par l'atteinte de l'homozygotie (Gallais., 1990).

Cependant, ce processus de sélection intensive a conduit à un véritable goulot d'étranglement génétique (*bottleneck*). Des études phylogénomiques récentes confirment que l'histoire de la domestication, puis de la sélection moderne, a drastiquement réduit la base génétique des blés panifiables actuels (Pont et al., 2019). On observe ainsi une réduction de la variabilité globale, particulièrement pour les gènes qui n'ont pas fait l'objet d'une sélection directe (Goldringer et al., 2001).

Générations	**Evaluation des fréquences des génotypes**			Fréquences des	
	(1 gène avec 2 Allèles A et a)			Hétérozygotes	Homozygotes
Parents	AA x aa			0 %	100 %
Hybride F1	Aa			100 %	0 %
F2	¼ AA	½ Aa	¼ aa	50 %	50 %
F3	1/4AA+1/8AA	1/4Aa	1/8aa+1/4aa	25 %	75 %
	3/8 AA		3/8 aa		
F4	7/16 AA	1/8 Aa	7/16 aa	12,5 %	87,5 %

Figure 05 : Évolution des fréquences génotypiques et progression de l'homozygotie au cours de générations successives d'autofécondation (Benbelkacem et Kellou., 2001)

Pour réaliser l'amélioration génétique, plusieurs étapes doivent être suivies (Bachiri., 2019-2020) :

- ✓ La reconnaissance des traits morphologiques et des réponses physiologiques des plantes pour déterminer leur adaptation et leur rendement.
- ✓ L'identification des origines génétiques des traits souhaités.
- ✓ L'intégration du potentiel génétique de ces caractères au sein d'une variété améliorée ou d'un cultivar.

3-1-2- Les espèces sauvages et les variétés locales (Landraces)

Face à cette érosion, les espèces sauvages apparentées au blé, appartenant à la tribu des Triticeae, possèdent un vaste pool de gènes bénéfiques. Ce réservoir génétique, incluant notamment les genres *Triticum* et *Aegilops* a démontré une adaptation remarquable à une gamme étendue d'environnements (Pour-Aboughadareh et al., 2021).

Parallèlement, les variétés locales (Landraces) représentent un réservoir capital. Le concept de « landrace » a évolué vers une définition plus dynamique : il s'agit de populations cultivées localement, adaptées à leur environnement et possédant une identité historique propre (Casañas et al., 2017).

L'exploitation de cette diversité est désormais une stratégie centrale pour l'adaptation au changement climatique (Lopes et al., 2015). Ces ressources permettent d'identifier des sources de tolérance au stress hydrique, essentielles pour sécuriser les rendements futurs (Mondal et al., 2016). Dans le contexte du Maghreb, la caractérisation des variétés locales de blé dur et de blé tendre a révélé une structuration génétique riche et un potentiel d'adaptation unique aux conditions arides (Henkrar. et al., 2016) ; (El Haddad et al., 2020).

En Algérie, la caractérisation moléculaire des ressources génétiques a mis en évidence une biodiversité exceptionnelle, notamment chez les blés sahariens. Les travaux de (Bellatreche et al., 2019), utilisant des marqueurs SSR, ont démontré que ces génotypes constituent un réservoir génétique important pour l'adaptation au changement climatique. Plus récemment, (Kara et al., 2024) ont confirmé cette importante variabilité génétique parmi les lignées de blé tendre cultivées en Algérie, soulignant que cette diversité est la clé pour identifier des sources de tolérance aux stress abiotiques, particulièrement le stress hydrique et thermique, omniprésents dans les régions semi-arides et sahariennes du pays.

3-1-3- Stratégies de conservation et d'élargissement

Les sélectionneurs s'efforcent d'accroître la variabilité exploitable via des réservoirs de ressources génétiques et des échanges internationaux (Guzman et al., 2016). L'intégration de ces traits nécessite une méthodologie rigoureuse, incluant la reconnaissance phénologique et l'identification des origines génétiques des caractères souhaités (Bachiri., 2019-2020).

3-2- Principaux marqueurs moléculaires utilisés dans les études génétiques du blé

L'évolution des objectifs de la sélection moderne vise une précision accrue grâce aux marqueurs moléculaires. Ces outils sont devenus les piliers de la Sélection Assistée par Marqueurs (MAS) pour la tolérance à la sécheresse (El-Esawi., 2019).

3-2-1- RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*)

Pionniers du marquage moléculaire, les RFLP ont été largement utilisés pour la construction des premières cartes génétiques du blé en raison de leur haute fiabilité (Botstein et al., 1980). Toutefois, leur utilisation reste limitée par une exigence technique élevée et la nécessité de grandes quantités d'ADN (Gupta et al., 1999).

3-2-2- RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Introduits comme une méthode basée sur la PCR, plus simple et rapide, les RAPD ont permis une détection de polymorphismes sans connaissance préalable du génome (Williams et al., 1990). Néanmoins, leur faible reproductibilité inter-laboratoires a rapidement limité leur adoption à grande échelle pour l'amélioration des plantes (Penner et al., 1993).

3-2-3- AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*)

Cette technique, combinant digestion enzymatique et amplification sélective par PCR, a apporté une amélioration significative en termes de sensibilité et de reproductibilité (Vos et al., 1995). Bien qu'elle soit très performante, elle reste toutefois complexe et coûteuse à mettre en œuvre en routine comparativement à d'autres systèmes (Powell et al., 1996).

3-2-4- STS (*Sequence Tagged Sites*)

Les STS sont des séquences d'ADN uniques et amplifiables par PCR qui ont facilité la cartographie physique et la localisation de gènes d'intérêt (Olson et al., 1989). Bien que plus anciens, ces marqueurs analysés sur gel restent aujourd'hui utiles pour des applications spécifiques de diagnostic génétique et de sélection assistée.

3-2-5- SSR (*Simple Sequence Repeats*) ou Microsatellites

Les marqueurs microsatellites sont constitués de motifs d'ADN courts (1 à 6 paires de bases) répétés en tandem. Ils ont révolutionné la génétique du blé grâce à leur nature co-dominante (permettant de distinguer les homozygotes des hétérozygotes), leur haut niveau de polymorphisme et leur excellente reproductibilité (Röder et al., 1998). Contrairement aux RAPD, ils sont spécifiques au locus grâce à des amorces définies, et contrairement aux RFLP, ils sont analysables par PCR simple. Ils restent, à ce jour, l'outil de choix pour les études de diversité génétique dans les laboratoires disposant de ressources limitées, offrant un excellent rapport coût-efficacité (Gupta et al., 1999).

3-2-6- SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*)

Les SNP sont devenus la norme pour le génotypage à haut débit. Ils sont intégrés dans des plateformes de génotypage massives (puces à ADN) permettant d'analyser des milliers voire

des centaines de milliers de points du génome simultanément (Rasheed et al., 2017). Ils offrent une résolution fine pour la cartographie et l'étude des associations génotype-phénotype (Varshney et al., 2005) ; (Wang et al., 2014). Le développement de ces outils génomiques marque une étape clé dans la transition vers une sélection de précision (Nadeem et al., 2018).

3-2-7- L'évolution stratégique vers la co-dominance

Le choix du système de marquage moléculaire repose fondamentalement sur sa capacité à discriminer les différents états alléliques d'un locus. Historiquement, les premières générations de marqueurs basées sur des amplifications aléatoires ou des restrictions (RAPD, AFLP) présentaient un caractère dominant. Ne détectant que la présence ou l'absence d'un amplicon, ces outils se sont avérés limités par leur incapacité à distinguer les individus homozygotes dominants des hétérozygotes (de Vienne., 1998). L'avènement des marqueurs co-dominants (SSR, puis SNP) a constitué une véritable rupture technologique. En permettant l'identification spécifique de chaque allèle parent, la co-dominance offre un suivi parfait de la ségrégation génétique au sein des populations en disjonction. Cette capacité à repérer précisément les hétérozygotes dès les premières générations de croisement explique l'adoption universelle des SSR et des SNP comme outils de prédilection pour la Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) dans les programmes modernes d'amélioration du blé (Collard et al., 2005).

3-2-8- Application et avantages de la Sélection Assistée par Marqueurs (SAM)

La Sélection Assistée par Marqueurs (SAM) a représenté une évolution paradigmatique en utilisant des gènes majeurs pour la sélection des génotypes. Toutefois, comme le soulignent Yannam *et al.*(2025), cette stratégie classique s'avère inefficace pour l'amélioration de caractères complexes contrôlés par de multiples locus à effets mineurs, l'épistasie et les interactions génotype-environnement, typiques de la tolérance au déficit hydrique.

C'est pourquoi les programmes d'amélioration modernes s'orientent aujourd'hui vers la Sélection Génomique (GS). Contrairement à la sélection phénotypique traditionnelle, jugée laborieuse et coûteuse dans des environnements variés, la GS permet de prédire les performances des génotypes en exploitant des données de marqueurs à l'échelle du génome entier. En capturant simultanément les QTL à effet majeur et les locus à effet mineur, cette approche augmente l'exactitude de la prédiction et améliore drastiquement l'efficacité de la sélection pour la création de variétés de blé résilientes face aux contraintes climatiques actuelles (Yannam et al., 2025).

Cette approche fondamentale repose sur le principe du déséquilibre de liaison : l'identification d'un marqueur moléculaire physiquement lié à un gène ou un locus à effet quantitatif (QTL) d'intérêt. Dans le paysage génomique actuel, malgré l'avènement du séquençage à haut débit, les marqueurs microsatellites (SSR) conservent une pertinence stratégique de premier plan. Leur immense diversité allélique, leur co-dominance et leur haut niveau de polymorphisme en font des outils de choix, fiables et plébiscités pour l'évaluation de la diversité génétique, la cartographie des QTL et la sélection assistée par marqueurs (Dida, 2022).

L'intégration de la SAM offre des avantages stratégiques majeurs pour l'amélioration du blé tendre :

- **Le criblage précoce et la précision génétique :** L'utilisation de marqueurs co-dominants comme les *SSR* constitue un avantage décisif. En permettant d'identifier le profil allélique exact de chaque parent, la *SAM* permet de discriminer avec une fiabilité absolue les individus hétérozygotes des homozygotes dès les premières générations de ségrégation (Song et al., 2023). Cette détection précoce, réalisable dès le stade plantule, s'affranchit des essais phénotypiques longs et coûteux, accélérant ainsi drastiquement les cycles de sélection (Song et al., 2023) ; (Ceran et al., 2024).
- **Le pyramidage de gènes :** La *SAM* lève les verrous de la sélection classique en facilitant l'introgression simultanée (pyramidage) de plusieurs gènes ou *QTL* de tolérance au sein d'un même fond génétique (Dida, 2022) ; (Song et al., 2023). Cette stratégie est aujourd'hui vitale pour transférer le potentiel adaptatif (tolérance thermique, efficience racinaire) identifié chez les accessions oasiennes vers des cultivars modernes élites, garantissant la création de variétés hautement résilientes face aux changements climatiques (Zheng et al., 2025).

En définitive, la détection de signatures moléculaires chez les accessions sahariennes n'est pas une fin en soi. Comme le soulignent des travaux récents, cette diversité génétique exceptionnelle constitue le réservoir indispensable pour identifier des sources de tolérance aux stress abiotiques (Kara et al., 2024) et doit impérativement alimenter les futurs schémas de sélection pour sécuriser l'adaptation au changement climatique (Bellatreche et al., 2019).

Tableau 02 : Comparaison des caractéristiques techniques des principaux marqueurs moléculaires utilisés en amélioration des plantes *(Semagn K et al., 2006)*

Caractéristique	RFLP	RAPD	AFLP	STS	SSR	SNP
Principe	Hybridation (Sonde)	PCR (Amorces aléatoires)	Digestion + PCR	PCR (Amorces spécifiques)	PCR (Amorces spécifiques)	Séquençage / Puce
Type de marqueur	Co-dominant	Dominant	Dominant	Co-dominant	Co-dominant	Co-dominant
Niveau de polymorphisme	Moyen	Moyen	Très Élevé	Moyen	Très Élevé	Faible (mais très nombreux)
Reproductibilité	Haute	Faible	Haute	Haute	Haute	Très Haute
Quantité d'ADN requise	Grande	Faible	Moyenne	Faible	Faible	Faible
Difficulté technique	Difficile (Radioactivité)	Facile	Difficile (Complexe)	Facile	Facile	Automatisée (Plateforme)

3-3- Principe et intérêt spécifique des marqueurs microsatellites (SSR)

Bien que le séquençage haut débit (SNP) gagne du terrain, les microsatellites demeurent une référence incontournable pour l'analyse des ressources génétiques du blé. Leur robustesse et leur caractère informatif en font la classe de marqueurs idéale pour caractériser finement la diversité des accessions locales anciennes (Röder et al., 1998) et (Gupta et al., 1999).

3-3-1- Mécanisme de polymorphisme : Le glissement réplicatif

Le principe génétique qui confère aux SSR leur haut niveau de polymorphisme réside dans leur instabilité mutationnelle. Lors de la réplication de l'ADN, l'ADN polymérase peut effectuer un « glissement » (*replication slippage*) sur les motifs répétés, ajoutant ou supprimant accidentellement une ou plusieurs unités de répétition (Tautz., 1989). Ce mécanisme crée des allèles de longueurs différentes (polymorphisme de taille). Comme les séquences flanquantes (de part et d'autre de la répétition) sont strictement conservées au sein de l'espèce, il est possible d'amplifier ce locus précis par PCR, révélant ainsi les variations alléliques entre individus (Weber et May., 1989) ; (Powell et al., 1996).

3-3-2- Pouvoir discriminant (PIC) pour les accessions sahariennes

Pour l'étude de populations locales anciennes (*Landraces*), les SSR offrent un avantage décisif par rapport aux SNP : le multi-allélisme. Là où un marqueur SNP est intrinsèquement bi-allélique (ne présentant que deux états possibles pour un nucléotide donné), un seul locus SSR peut présenter un grand nombre d'allèles différents au sein d'une même population, allant parfois de 10 à 20 variants (Ganal et al., 2009). Cette richesse allélique se traduit mathématiquement par une valeur de Contenu en Information du Polymorphisme (PIC) très élevée (Anderson et al., 1993). Une telle puissance discriminatoire est indispensable pour différencier des génotypes sahariens souvent génétiquement très proches, et pour tracer finement leur structure de population (Gupta et al., 1999).

Au terme de cette revue bibliographique, nous avons pu mettre en évidence la vulnérabilité croissante de la céréaliculture algérienne face aux aléas climatiques. Le déficit hydrique s'affirmant comme le principal facteur limitant de la production nationale, l'amélioration génétique pour la tolérance à la sécheresse constitue une urgence pour notre sécurité alimentaire.

En conclusion de cette synthèse bibliographique, il apparaît clairement que face aux défis imposés par les changements climatiques et l'aridification croissante, la valorisation des ressources génétiques locales (populations anciennes ou *Landraces*) constitue une voie

d'adaptation majeure. Par ailleurs, la littérature confirme que les biotechnologies modernes, et plus particulièrement les marqueurs microsatellites (SSR) en raison de leur haut polymorphisme et de leur spécificité de locus, fournissent les outils les plus pertinents pour caractériser avec précision la diversité génétique de ces ressources. Le chapitre suivant sera consacré à la description du matériel végétal saharien étudié et à la présentation des méthodologies agronomiques et moléculaires employées.

Partie II

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Face au défi de l'aridification, notre démarche expérimentale se concentre sur la valorisation des populations anciennes de blé (*Landraces*) issues des oasis sahariennes, qui constituent un réservoir d'adaptation inestimable. Pour décrypter finement leur diversité et leur structure génétique, nous avons privilégié l'utilisation des marqueurs microsatellites (SSR). Ce deuxième chapitre présente ainsi le cadre biogéographique de nos deux régions d'étude (le Touat et le Hoggar), le matériel végétal collecté, ainsi que les protocoles agronomiques et moléculaires mis en œuvre.

1- Présentation de la zone d'étude : Une approche comparative

L'étude a porté sur du matériel génétique collecté dans deux grands écosystèmes sahariens distincts : la région du Touat-Gourara et la région du Hoggar. Ce découpage zonal s'appuie sur la caractérisation éco-géographique établie par Bellatreche (2017), qui a mis en évidence la dualité de l'adaptation du blé dans le Sahara algérien : un modèle d'adaptation aux dépressions sédimentaires (Touat) et un modèle d'adaptation aux massifs volcaniques d'altitude (Hoggar).

1-1- La région du Touat-Gourara (Secteur Ouest)

Située au sud-ouest de l'Algérie, cette zone s'étend sur un vaste territoire structuré géographiquement par une succession de dépressions et de plateaux. Elle se divise en quatre entités naturelles du Nord au Sud : le Gourara, le Touat, le Tidikelt et le Tanezrouft (Bellatreche., 2017).

Le climat y est de type saharien hyper-aride classique, marqué par des étés torrides. L'agriculture y est traditionnellement organisée autour des *Ksour* et repose sur un système hydraulique ingénieux : la *Foggara* (Remini et al., 2010) ; (Côte., 2002). Dans ce contexte, les contraintes majeures pour la végétation ne sont pas seulement le manque d'eau, mais la combinaison d'une aridité extrême et d'un stress thermique constant. C'est de cet environnement que provient la première partie de notre matériel végétal (écotypes locaux du Touat).

Les potentialités agro-écologiques de cette zone ont été récemment réévaluées par Abdelkarim et Azouz (2024). Leurs travaux confirment que la durabilité de l'agriculture dans le Touat repose sur la coexistence de deux modèles : le système traditionnel des Foggaras (patrimoine hydraulique résilient) et l'exploitation moderne des aquifères par forages. Ces chercheurs soulignent que le défi majeur actuel n'est plus seulement l'aridité, mais l'optimisation de l'efficience de l'eau face aux aléas climatiques croissants.

1-2- La région du Hoggar (Secteur Est)

Contrairement aux plaines du Sud-Ouest, le secteur Est de l'Algérie est dominé par le massif montagneux volcanique du Hoggar (Côte., 1996). L'altitude y joue un rôle tampon, modifiant le climat saharien par des influences tropicales et des hivers rigoureux (Ozenda., 1991).

Selon les données hydro-climatiques locales (Boulahbal., 2012) ; (Tarenga et al., 2015), ce milieu impose deux défis physiologiques majeurs aux cultures :

- Une demande évaporative extrême : L'évaporation potentielle atteint des records, évaluée à 4187 mm/an.
- La nature du substrat : L'agriculture se pratique sur les berges sableuses des oueds. D'après (Grenot., 1976), bien que la surface s'assèche vite, ces massifs sableux conservent en profondeur une « eau libre » (non liée matriciellement).

Cette spécificité pédologique favorise les génotypes capables de développer un système racinaire profond pour puiser cette ressource. C'est de ce milieu d'altitude et de substrat filtrant que sont issues les accessions sahariennes de notre second groupe d'étude.

La dynamique agricole spécifique du Hoggar a été analysée par (Sahali et Sahnoune., 2023). Leurs travaux confirment que cette région constitue un pôle singulier, où la production repose sur l'intensification au sein des lits d'oueds. Cette spécificité impose une contrainte hydrique particulière décrite par (Baba-Hamed et al., 2018) : la dépendance aux nappes inféro-flux. L'eau circule en profondeur sous les sédiments sableux, validant l'hypothèse d'une pression de sélection favorisant les génotypes à enracinement pivotant profond pour échapper à la sécheresse de surface.

La dichotomie environnementale entre ces deux foyers de diversité met en évidence des pressions de sélection divergentes liées au stress hydrique. Tandis que le secteur du Touat impose une adaptation à la chaleur extrême au sein des oasis à foggaras, le massif du Hoggar favorise des stratégies d'évitement de la sécheresse par le développement de systèmes racinaires profonds (Dib et Sardou., 2025). Ces environnements contrastés justifient le choix de notre matériel végétal : ces accessions locales, façonnées par des contraintes éco-géographiques spécifiques, constituent un réservoir génétique représentatif de la résilience des terroirs sahariens face aux enjeux climatiques actuels.

2. Matériel végétal et conditions de préparation

Notre expérimentation a porté sur un panel regroupant 16 populations traditionnelles de blé tendre (*Triticum aestivum* L.). Ces ressources génétiques proviennent d'expéditions de terrain menées par Bellatreche (2017) directement chez les exploitants agricoles des oasis sahariennes en Algérie. Dans le but d'appréhender la diversité adaptative liée au milieu, cette stratégie d'échantillonnage a été élaborée de manière à représenter l'hétérogénéité microclimatique de nos deux zones d'investigation.

2-1- Répartition géographique des accessions prospectées

Le matériel végétal mis à notre disposition se divise en deux sous-groupes en fonction de leur origine éco-géographique :

- Le sous-groupe du Touat (ID 1 à 8) : Génotypes collectés dans les palmeraies de basse altitude (170 m - 288 m) du secteur Ouest (Zaouiat Kounta, Deldoul, Tsabit).
- Le sous-groupe du Hoggar (ID 9 à 16) : Génotypes prospectés le long d'un gradient altitudinal allant de 600 m (Abalessa, Aïn Amguel) à plus de 1800 m (Tazrouk) dans le massif montagneux de l'Est.

L'inventaire complet des dénominations vernaculaires et des coordonnées géographiques (GPS) précises de chaque site de prélèvement est répertorié dans le Tableau 03.

Tableau 03 : Origine géographique, coordonnées GPS et altitudes des 16 accessions de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) étudiées.

Region	ID	Accession	Collection site	Longitudes (E)	Latitudes (N)	Altitude (m)
Touat	3	El Farh	Tilouline	0°08'24.00”	27°05'48.00”	170
	1	Omroukba	Zaouiat Kounta	0°12'00.52”	27°13'00.28”	189
	4	Bemmebrouk	Aguil	0°17'38.00”	27°52'27.40”	258
	7	El Menea	El Habla Tsabit	0°13'06.97”	28°21'01.45”	260
	2	Sabagha	Touat	0°14'12.69”	27°51'25.92”	269
	5	Amouch	Deldoul	0°15'34.77”	29°01'10.40”	282
	6	Belmebrouk	Zaouiat	0°14'18.29”	29°15'41.81”	288
	8	Bahamoud	Zaouiat	0°14'18.29”	29°15'41.81”	288
Hoggar	9	Bourabraa	Abalessa	4°04'10.36”	22°11'16.00”	601
	12	Tarouzi	Abalessa	4°04'10.36”	22°11'16.00”	601
	11	Manga3	Abalessa	4°04'10.36”	22°11'16.00”	601
	13	Hribcha	Aïn Amguel	3°25'19.93”	24°32'28.27”	633
	16	Manga	Idless	5°56'03.64”	23°49'03.80”	1398
	14	Manga El Beyda	Idless	5°56'03.64”	23°49'03.80”	1398
	15	Labyadh	Tazrouk	6°15'40.92”	23°25'17.12”	1814
	10	Bent M'barak1	Tazrouk	6°15'40.92”	23°25'17.12”	1814

2-2- Régénération ex situ et germination in vitro

Afin de mener à bien nos caractérisations moléculaires, le matériel séminifère a été soumis à un processus préparatoire strict, scindé en deux séquences majeures : un cycle d'amplification sous serre tunnel (en Algérie), préalablement à une étape de germination en conditions contrôlées (en Tunisie).

2-2-1 Phase de régénération sous serre (Tlemcen, Algérie)

Initialement, en raison du vieillissement du matériel végétal collecté à l'origine dans les régions sahariennes (stocké depuis l'année 2015), il a été impératif de procéder à un rajeunissement des lots. Dans le but de recouvrer une capacité de germination optimale et d'amplifier la quantité de semences disponibles, ce matériel a été acheminé vers le nord-ouest du pays. La mise en culture s'est déroulée en conditions semi-contrôlées (en pots) au sein de la Pépinière Azhar Mansourah (Tlemcen) durant la saison agricole 2022-2023. L'évolution phénologique de ces plantes, décrivant les phases clés de leur croissance en se référant au système de classification de Zadoks et al. (1974), se trouve résumée au niveau de la Figure 06. Au terme de cette culture de multiplication, le moissonnage des épis a été effectué au stade de maturation complète. Ces caryopses fraîchement récoltés, présentant une excellente vigueur, ont par la suite servi de substrat pour l'ensemble de nos expérimentations.

Période	Visuel (Photos *in situ*)	Stade Phénologique	Échelle Zadoks	Description physiologique
02 Nov. 2022		**Levée**	**Z 10**	Émergence du coléoptile et apparition de la première feuille hors du substrat.
12 Nov. 2022 à **25 Nov. 2022**		**Développement foliaire**	**Z 11 - Z 19**	Croissance active et déploiement successif des feuilles principales sur la tige primaire.

Période	Visuel (Photos *in situ*)	Stade Phénologique	Échelle Zadoks	Description physiologique
				
				

Période	Visuel (Photos *in situ*)	Stade Phénologique	Échelle Zadoks	Description physiologique
01 Déc. 2022 à **19 Déc. 2022**		**Début du Tallage**	**Z 20 - Z 25**	Épaississement de la base des plantules et émergence des premières talles secondaires.

Période	Visuel (Photos *in situ*)	Stade Phénologique	Échelle Zadoks	Description physiologique
27 Déc. 2022		**Plein Tallage**	**Z 26 - Z 29**	Formation de touffes denses. Le plateau de tallage a atteint son développement maximal.
18 Jan. 2023 à **24 Jan. 2023**	 	**Montaison**	**Z 30 - Z 32**	Redressement du port de la plante, élongation des premiers entre-nœuds (début de la croissance de la tige).

Période	Visuel (Photos *in situ*)	Stade Phénologique	Échelle Zadoks	Description physiologique
09 Fév. 2023		**L'épiaison (sortie de l'épi)**	**Z 50 - Z 59**	Dégagement progressif de l'épi hors de la gaine de la dernière feuille (appelée "feuille étendard")
23 Fév. 2023	 	**La floraison / fécondation (anthèse)**	**Z 60 - Z 69**	Épanouissement des fleurs (anthèse) caractérisé par l'ouverture des glumelles et l'extrusion (sortie) des anthères pour libérer le pollen, assurant ainsi la fécondation des ovaires

Période	Visuel (Photos *in situ*)	Stade Phénologique	Échelle Zadoks	Description physiologique
Fin de cycle		**Maturation et Récolte**	**Z 90 - Z 99**	Maturité physiologique complète. Obtention des épis et récolte des grains régénérés (matériel de base pour l'extraction d'ADN).

Touat-Gourara


El Farh


Omroukba


Bemmebrouk


El Menea

Hoggar


Bourabraa


Tarouzi


Manga3


Hribcha


Sabagha


Amouch


Manga


Manga El Beyda


Belmebrouk


Bahamoud


Labyadh


Bent M'barak1

Figure 06 : Schéma chronologique du développement phénologique des accessions de blé tendre (Serre de Tlemcen, campagne 2022-2023)

(Établie par l'auteur sur la base du suivi photographique in situ et de l'échelle décimale de Zadoks et al. (1974)).

2-2-2 Phase de germination en laboratoire (Banque Nationale de Gènes, Tunis)

Dans un second temps, le matériel végétal fraîchement régénéré a été transféré à la Banque Nationale de Gènes (BNG) située à Tunis (Tunisie). C'est au sein de cette structure que les grains ont fait l'objet d'un protocole de germination standardisé.

Ils ont d'abord été conservés au froid (réfrigérateur à 4°C) afin de préserver leur viabilité et de lever la dormance physiologique. Par la suite, les semences ont été mises à germer *in vitro* dans des boîtes de Petri (diamètre 90 mm) préalablement tapissées de papier filtre stérile et humidifiées à l'eau distillée. Afin d'obtenir un échantillon représentatif pour l'extraction d'ADN, une cinquantaine de semences par accession ont été réparties de manière homogène en couche unique dans une boîte de Petri dédiée, chaque boîte étant soigneusement étiquetée selon l'accession correspondante. Les boîtes ont été maintenues sous conditions contrôlées au laboratoire, à température ambiante, permettant un développement rapide et synchrone des plantules (Fig 07).

L'objectif de cette étape d'incubation était de récolter des tissus foliaires jeunes, frais et chlorophylliens, constituant le matériel biologique optimal pour garantir un rendement élevé et une haute intégrité lors de l'extraction de l'ADN génomique ultérieure.

29 Novembre 2023	04 Décembre 2023	07 Décembre 2023	11 Décembre 2023
			
Imbibition des grains de blé *in vitro* et émergence de la radicule (début de la germination stricte)	Développement végétatif initial avec élongation nette des coléoptiles (stade blanchâtre) et croissance des radicelles	Début du verdissement des plantules (synthèse chlorophyllienne) et déploiement de la première jeune feuille	Plantules vigoureuses et entièrement vertes, constituant le matériel foliaire optimal pour l'extraction de l'ADN génomique

Figure 07 : Suivi chronologique de la germination *in vitro* des accessions de blé tendre (Banque Nationale de Gènes, Tunis)
(Établie par l'auteur sur la base du suivi photographique réalisé au laboratoire)

3- Extraction de l'ADN génomique et contrôle qualité

L'étape d'isolement de l'ADN génomique à partir du matériel végétal germé a été exclusivement réalisée au sein du laboratoire de la Banque Nationale de Gènes (BNG) à Tunis (Tunisie).

3-1- Échantillonnage en mélange (Bulk)

Afin d'appréhender le plus fidèlement possible l'hétérogénéité génétique intra-populationnelle au sein de chaque accession, notre démarche s'est orientée vers un plan de collecte en mélange (approche *bulk*). Cette option technique s'avère hautement préconisée pour l'étude de taxons présentant un taux d'allogamie partielle (*partial outbreeders*), à l'instar des populations traditionnelles (*landraces*) chez le blé (Dreisigacker et al, 2005). Pour chaque accession, des tissus foliaires jeunes et frais ont été prélevés sur plusieurs individus différents au stade de la 3ème feuille (obtenu après 13 jours de germination *in vitro*), à l'aide de ciseaux et de pinces de précision. Afin d'éviter toute contamination croisée (mélange d'ADN), ce matériel de prélèvement a été systématiquement stérilisé à l'éthanol (70 %) entre chaque accession. Ces prélèvements ont ensuite été regroupés pour constituer un échantillon composite représentatif de la population d'origine.

3-2- Protocole d'extraction (Méthode au CTAB)

L'extraction de l'ADN génomique total a été réalisée selon la méthode classique au CTAB (Bromure de cétyltriméthylammonium) décrite par Saghai-Maroof *et al.* (1984), dont le protocole a été adapté pour les tissus végétaux (voir annexe 1). Ce choix méthodologique est particulièrement pertinent pour les espèces céréalières comme le blé, car le tampon CTAB permet de lyser efficacement les cellules tout en éliminant les polysaccharides et les composés polyphénoliques qui pourraient inhiber les réactions enzymatiques ultérieures (PCR). Le tissu foliaire a été finement broyé dans l'azote liquide à l'aide d'un mortier et d'un pilon préalablement refroidis, puis la poudre obtenue a été soumise aux différentes étapes de lyse cellulaire, de précipitation des protéines et de purification de l'acide nucléique (Fig. 08).



(a) Prélèvement aseptique de matériel végétal (bulk) sur plantules de blé oasien au stade 3ème feuille



(b) Constitution du mélange (*Bulk*)



(c) Fragmentation mécanique au mortier et pilon



(d) Broyage à l'azote liquide



(e) Lyse chimique : Ajout du tampon d'extraction CTAB (préchauffé à 65°C)



(f) Précipitation de l'ADN : Récupération des « méduses » d'ADN génomique

Figure 08 : Principales étapes de l'extraction de l'ADN génomique total (protocole au CTAB) à partir de tissus foliaires de blé tendre (BNG, Tunis) (*Etablie par l'auteur sur la base du suivi photographique réalisé au laboratoire*)

3-3- Évaluation de la qualité et de la quantité d'ADN

Après l'extraction, l'ADN génomique a fait l'objet d'un contrôle rigoureux par électrophorèse sur gel d'agarose à 0,8 % (coloré au bromure d'éthidium) avant de procéder aux amplifications. L'observation sous rayonnement ultraviolet a permis, d'une part, de s'assurer de son intégrité en vérifiant la présence de bandes d'ADN de haut poids moléculaire, compactes et sans traînées de dégradation (*smear*). D'autre part, cette étape a servi à estimer visuellement la concentration des échantillons par comparaison de l'intensité des bandes avec un marqueur de taille de 50 pb (Fig. 09).

Outre la validation de l'intégrité physique de l'ADN, cette étape d'électrophorèse a servi de méthode d'estimation quantitative visuelle. En comparant l'intensité de fluorescence des bandes entre les différents puits, il a été possible d'évaluer l'homogénéité des extraits et de procéder aux ajustements (dilutions empiriques) nécessaires pour uniformiser les matrices d'ADN en vue des réactions de PCR.

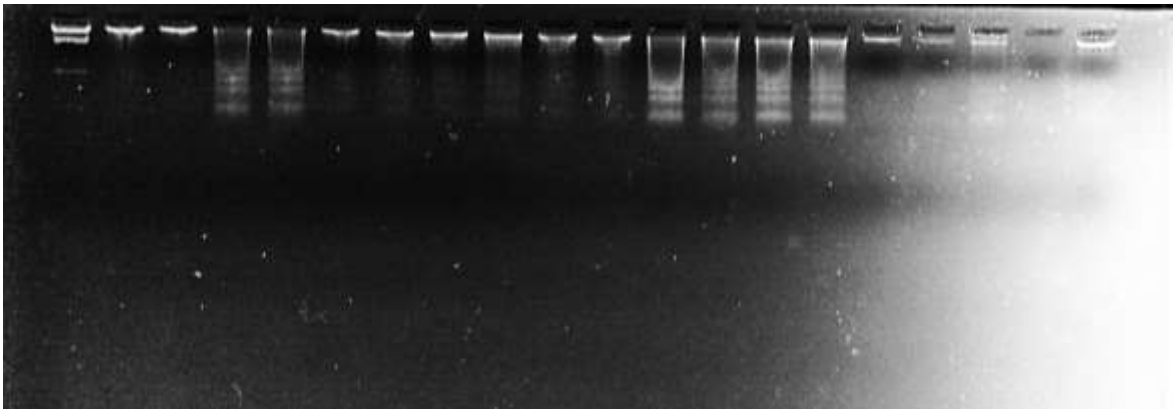


Figure 09 : Profil électrophorétique sur gel d'agarose (0,8 %) de l'ADN génomique total extrait des accessions de blé tendre étudiées

4- Choix et caractérisation des marqueurs moléculaires (SSR)

Pour évaluer la diversité et la structure génétique de nos accessions sahariennes, nous avons opté pour la technologie des microsatellites, ou SSR (*Simple Sequence Repeats*). Ces marqueurs ont été privilégiés pour leur nature co-dominante, leur haut niveau de polymorphisme, et leur excellente reproductibilité.

4-1- Couverture génomique

Le profilage génétique a été réalisé en utilisant un panel de treize (13) amorces SSR (Tableau 04). Ces marqueurs ont été rigoureusement sélectionnés à partir de la base de données du Consortium International des Microsatellites du Blé (*Wheat Microsatellite Consortium* - WMC). Afin de garantir une analyse représentative de l'ensemble du génome du blé tendre

(*Triticum aestivum*, 2n = 6x = 42), ces treize marqueurs ont été choisis pour leur vaste couverture génomique, ciblant spécifiquement des loci répartis sur les chromosomes 1A, 1B, 1D, 2A, 2D, 3B, 4B, 5A, 5D, 6D, 7A et 7D.

4-2- Critères de choix des marqueurs SSR

Les amorces SSR utilisées dans cette étude n'ont pas été sélectionnées de manière aléatoire parmi le pool disponible pour le blé tendre, mais ont été retenues sur la base de trois critères rigoureux issus de la littérature : (i) un niveau de polymorphisme élevé préalablement démontré, (ii) une répartition couvrant différents chromosomes des génomes A, B et D du blé, et (iii) leur liaison physique avec des régions génomiques d'intérêt. En effet, ces amorces spécifiques ciblent des régions flanquant des *QTLs* (*Quantitative Trait Loci*) formellement associés à la tolérance aux stress abiotiques, plus particulièrement le stress hydrique et thermique, tels que validés par les travaux d'Alhosein *et al.* (2012) et Ashraf *et al.* (2015).

Tableau 04 : Caractéristiques des 13 amorces SSR utilisées pour l'analyse de la diversité génétique des 16 accessions locales sahariennes de blé tendre (*Triticum aestivum* L.)

Amorce	Séquences	Chromosome	Température d'hybridation	Taille des allèles (pb)
Gwm131 F	AATCCCCACCGATTCTTCTC	1B	55	130 – 300
Gwm131 R	AGTTCGTGGGTCTCTGATGG			
Gwm325 F	TTTCTTCTGTCGTTCTCTTCCC	6D	52	138 – 152
Gwm325 R	TTTTTACGCGTCAACGACG			
Gwm165 F	TGCAGTGGTCAGATGTTTCC	4B	52	180 – 290
Gwm165 R	CTTTTCTTTCAGATTGCGCC			
Gwm129 F	TCAGTGGGCAAGCTACACAG	5A	52	130 – 400
Gwm129 R	AAAACTTAGTAGCCGCGT			
Gwm174 F	GGGTTCCTATCTGGTAAATCCC	5D	54	210
Gwm174 R	GACACACATGTTCCTGCCAC			
Gwm99 F	AAGATGGACGTATGCATCACA	1A	54	120 – 165
Gwm99 R	GCCATATTTGATGACGCATA			
Gwm111 F	TCTGTAGGCTCTCTCCGACTG	7D	54	130 – 250
Gwm111 R	ACCTGATCAGATCCCACTCG			
Barc11 F	GCGATGCGTGTAAAGTCTGAAGATGA	2D	55	80 – 300
Barc11 R	GCGTCCATGGAGCTCTGTTTTATCTGA			
Barc101 F	GCTCCTCTCACGATCACGCAAAG	3B	55	60 – 200
Barc101 R	GCGAGTCGATCACACTATGAGCCAATG			
Barc108 F	GCGGGTCGTTTCCTGGAAATTCATCTAA	7A	55	100 – 260
Barc108 R	GCGAAATGATTGGCGTTACACCTGTTG			
Barc126 F	CCATTGAAACCGGATTTGAGTCG	7D	56	200 – 250
Barc126 R	CGTTCCATCCGAAATCAGCAC			

Wmc177 F Wmc177R	AGGGCTCTCTTTAATTCTTGCT GGTCTATCGTAATCCACCTGTA	2A	57	115 – 295
Wmc179 F Wmc179R	CATGGTGGCCATGAGTGGAGGT CATGATCTTGCGTGTGCGTAGG	1D	56	110 – 300

5- Amplification PCR et Électrophorèse des produits SSR

Si l'isolement de l'ADN a été effectué à la Banque Nationale de Gènes de Tunis, l'ensemble des étapes d'amplification génique et de séparation des fragments a été mené en Algérie, au sein du laboratoire de recherche « Laboratoire de Gestion Durable des Ressources Naturelles en Zones Arides et Semi-Arides » du Centre Universitaire Salhi Ahmed (Wilaya de Naâma).

5-1- Conditions de la réaction PCR

L'amplification des 13 loci microsatellites répartis sur le génome, à l'aide de 13 paires d'amorces spécifiques, a été réalisée dans un volume réactionnel final de 20 µL. La composition du mix PCR a été optimisée comme suit :

- **ADN matrice :** 50 ng d'ADN génomique total (quantité estimée visuellement sur gel d'agarose).
- **Amorces (Primers) :** 0,25 µM de chaque amorce (sens et antisens).
- **dNTPs :** 200 µM de chaque désoxyribonucléotide triphosphate (dATP, dTTP, dCTP, dGTP).
- **Chlorure de Magnésium ($MgCl_2$) :** 4,0 mM.
- **Enzyme :** 0,4 U de Taq ADN polymérase de type « Hot-start ».
- **Tampon (Buffer) :** Tampon PCR standard concentré 1× (contenant du Tris-HCl et du KCl).

5-2- Programme d'amplification thermique

Les amplifications ont été effectuées à l'aide d'un thermocycleur PrimeG (Techne, Royaume-Uni) en suivant un programme thermique rigoureux, adapté à la spécificité des amorces :

1. **Dénaturation initiale :** 95°C pendant 3 minutes (activation de l'enzyme Hot-start).
2. **Cycles d'amplification (35 cycles) :**
   - Dénaturation : 95°C pendant 30 secondes.
   - Hybridation : Température spécifique à chaque amorce (Tableau 4) pendant 1 minute.
   - Extension : 72°C pendant 30 secondes.
3. **Extension finale :** 72°C pendant 10 minutes pour assurer la synthèse complète des brins.

5-3- Séparation et visualisation des fragments (Électrophorèse)

Le tri spatial des produits d'amplification s'est opéré à travers une matrice d'agarose fortement résolutive (3 %), préalablement coulée au sein d'une solution tampon TAE 1×. L'adoption de ce dosage particulièrement dense répondait à l'exigence de séparer avec netteté des fragments nucléiques de longueurs extrêmement voisines, une contrainte inhérente à l'analyse fine des polymorphismes SSR.

Le fractionnement électrophorétique a été opéré sous un champ électrique constant (120 V) durant une période de migration de 90 minutes. Afin d'assurer la révélation des bandes, une étape d'imprégnation par un agent intercalant (le bromure d'éthidium ou BET) a été appliquée, rendant possible l'observation luminescente des profils sous transillumination ultraviolette (UV). La détermination de la longueur des différents amplicons s'est effectuée par juxtaposition avec des marqueurs de taille homologués (échelles de 50 ou 100 pb, sélectionnées en fonction de la région génomique ciblée), aboutissant de ce fait au profilage génétique exhaustif de notre panel de seize lots. À titre illustratif, une série de documents photographiques rendant compte du comportement migratoire observé pour quelques locus de référence est compilée à travers la Figure 10.

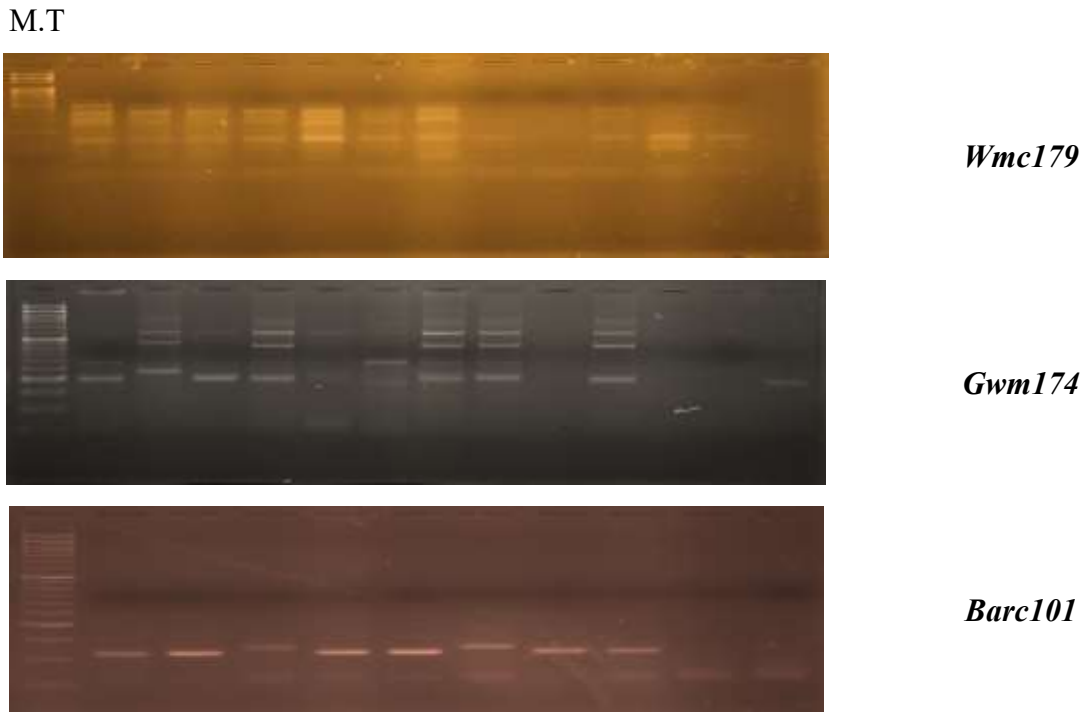


Figure 10 : Visualisation des produits d'amplification PCR sur gel d'agarose (3 %) pour différents loci microsatellites

6-Analyse des données moléculaires et traitements statistiques

Les profils alléliques des 16 génotypes de blé tendre, générés par les 13 marqueurs SSR, ont été compilés dans une matrice de données basée sur la taille des allèles (en paires de bases).

6-1- Paramètres de diversité génétique et pouvoir informatif des marqueurs

Le logiciel GenAlEx v6.5 (Peakall et Smouse., 2012) a été utilisé pour calculer les paramètres de diversité génétique suivants :

- Nombre d'allèles par locus (Na).
- Nombre effectif d'allèles (Ne).
- Indice d'information de Shannon (I) (Shannon C.E, 1948).
- Hétérozygotie observée (Ho) et attendue (He).
- Indice de fixation (F) (Wright, 1951).

Parallèlement, le logiciel Cervus 3.0 (Kalinowski et al., 2007) a permis d'évaluer le Contenu en Information de Polymorphisme (PIC) pour chaque amorce, selon la méthode de (Botstein et al., 1980), afin de déterminer leur capacité à discriminer les génotypes.

6-2- Structuration et relations phylogénétiques

La dissimilarité génétique a été estimée via le coefficient de Jaccard. Un test de Mantel (1000 permutations) a révélé une corrélation quasi parfaite ($r = 0,99$; $p < 0,001$) entre les matrices de distance de Jaccard et de Dice ; la matrice de Jaccard a donc été retenue pour la suite des analyses.

- **Analyse de Coordonnées Principales (PCoA) :** Réalisée sous GenAlEx pour visualiser les relations inter-individuelles à partir de la matrice de distance génétique non biaisée de Nei.
- **Analyse de la Variance Moléculaire (AMOVA) :** Utilisée pour évaluer la répartition de la variance génétique au sein des populations et entre elles.
- **Construction du dendrogramme :** Un arbre phylogénétique a été construit selon la méthode du Neighbor-Joining (NJ) avec 1000 répétitions de bootstrap, en utilisant le logiciel DARwin v6.0.010 (Felsenstein., 1985).

6-3- Analyse de la structure de population (Approche Bayésienne)

L'évaluation de l'organisation génétique au sein de notre panel s'est appuyée sur une approche de partitionnement bayésien, modélisée en exploitant le programme STRUCTURE v2.3.4 (Pritchard et al., 2000).

Nous avons appliqué un modèle d'admixture avec des fréquences alléliques non corrélées, configuration adaptée aux populations locales où des flux de gènes historiques sont probables.

Dix simulations indépendantes ont été effectuées pour chaque valeur de *K* (allant de 1 à 10), avec une période de pré-chauffage (burn-in) de 100000 itérations, suivie de 100000 itérations de Monte Carlo par Chaînes de Markov (MCMC). Le nombre optimal de clusters génétiques (*K*) a été déterminé selon la méthode *ΔK* d'Evanno et al. (2005).

En résumé, ce chapitre a détaillé le protocole rigoureux suivi, depuis la collecte du matériel végétal dans les oasis du Touat et du Hoggar jusqu'au génotypage moléculaire. L'optimisation des étapes d'extraction d'ADN et d'amplification par les 13 marqueurs SSR a permis d'obtenir des profils électrophorétiques de haute qualité.

L'ensemble de ces outils méthodologiques et statistiques constitue désormais une base solide pour l'exploitation des données. Le chapitre suivant sera consacré à la présentation et à la discussion des résultats afin de caractériser la diversité et la structure génétique de ces accessions sahariennes. Cette démarche vise notamment à mettre en évidence des génotypes présentant une singularité allélique marquée, suggérant ainsi un potentiel génétique d'intérêt pour l'adaptation au stress hydrique et thermique.

Partie III

RÉSULTATS ET DISCUSSION

Cette section est consacrée à l'exposition et à l'interprétation des résultats issus de la caractérisation moléculaire des 16 accessions de blé tendre saharien. À travers l'analyse du polymorphisme des 13 loci SSR et l'application de divers outils statistiques et bayésiens, nous visons à évaluer la diversité génétique, à comprendre la structuration de ce matériel biologique et à identifier et à identifier des signatures alléliques originales, indicatrices de traits génétiques d'intérêt potentiels face au stress oasien.

L'étude s'articule autour de trois axes principaux :

1. **L'évaluation de l'efficacité des marqueurs utilisés** et de la richesse allélique globale.
2. **L'analyse de la structure génétique** des populations afin d'identifier d'éventuels flux géniques ou des regroupements liés à l'origine géographique (Touat et Hoggar).
3. **La discussion des résultats** au regard des spécificités agro-écologiques des zones oasiennes algériennes.

1-Résultats

1-1- Diversité allélique et indices de polymorphisme

L'amplification de ces loci a permis d'identifier un total de 72 allèles au sein de notre collection. Le Tableau 05 détaille les paramètres de diversité génétique et les indices de polymorphisme calculés pour chaque locus :

Tableau 05 : Paramètres de diversité génétique et indices de polymorphisme révélés par 13 marqueurs SSR chez 16 accessions de blé tendre saharien

Locus	N_a	N_e	I	H_o	H_e	F	PIC
Gwm131	8	4,225	1,698	0,692	0,763	0,093	0,760
Gwm325	5	3,846	1,471	0,200	0,740	0,730	0,740
Gwm165	6	2,273	1,167	0,733	0,560	-0,310	0,560
Gwm129	3	1,744	0,765	0,000	0,427	1,000	0,420
Gwm174	11	5,844	2,044	0,667	0,829	0,196	0,820
Gwm99	6	3,449	1,484	0,154	0,710	0,783	0,710
Gwm111	11	8,182	2,231	1,000	0,878	-0,139	0,870
Barc11	4	2,048	0,939	0,077	0,512	0,850	0,510
Barc101	6	3,261	1,430	0,000	0,693	1,000	0,690
Barc108	4	2,390	1,055	0,000	0,582	1,000	0,580
Barc126	1	1,000	0,000	0,000	0,000	NaN	0,000
Wmc179	1	1,000	0,000	0,000	0,000	NaN	0,000
Wmc177	6	4,172	1,594	0,000	0,760	1,000	0,760
Total	72	43,435					
Moyenne	5,538	3,341	1,221	0,271	0,573	0,564	0,570

Note :
N_a = Nombre d'allèles différents
N_e = Nombre effectif d'allèles ($1 / \sum pi^2$)
I = Indice d'information de Shannon ($-\sum pi \times ln(pi)$)
H_o = Hétérozygotie observée (nombre d'hétérozygotes /N)

H_e = Hétérozygotie attendue ($1 - \sum pi^2$)
F = Indice de fixation
PIC = CIP = Contenu en Information de Polymorphisme
NaN = Non calculé (locus monomorphe)

- **Richesse allélique (N_a) :** Le nombre d'allèles par locus a varié de **1** (pour les marqueurs monomorphes *Barc126* et *Wmc179*) à **11** (*Gwm174* et *Gwm111*), avec une moyenne générale de **5,538** allèles par locus.
- **Nombre effectif d'allèles (N_e) :** Sa valeur a oscillé entre **1,000** (*Barc126* et *Wmc179*) et un maximum de **8,182** (locus *Gwm111*), pour une moyenne s'établissant à **3,341**.
- **Indice de Shannon (I) :** Les valeurs s'étendent de **0,000** (*Barc126* et *Wmc179*) à **2,231** (*Gwm111*), avec une moyenne s'élevant à **1,221**.
- **Hétérozygotie (H_o et H_e) :** L'hétérozygotie observée (H_o) a varié de **0,000** (*Barc101*, *Barc108, Barc126, Wmc179* et *Wmc177*) à **1,000** (*Gwm111*), avec une moyenne de **0,271**. Quant à l'hétérozygotie attendue (H_e), elle a oscillé entre **0,000** (*Barc126 et Wmc179*) et **0,878** (*Gwm111*), pour une moyenne de **0,573**. Une prédominance des valeurs de H_e par rapport à celles de H_o a été observée pour la majorité des loci étudiés.
- **Indice de fixation (F) :** Cet indice a présenté des variations allant de **-0,310** (*Gwm165*) à **1,000** (*Barc101*, *Barc108* et *Wmc177*), avec une valeur moyenne positive de **0,564**.
- **Contenu en Information de Polymorphisme (PIC)** : Les valeurs de PIC ont varié de **0,000** (*Barc126* et *Wmc179*) à **0,870** (*Gwm111*), avec une valeur moyenne de **0,570**.

1-2- Analyse de la variance moléculaire (AMOVA)

L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) a été effectuée pour quantifier la répartition de la variabilité génétique à différents niveaux hiérarchiques. Les résultats de cette décomposition sont consignés dans le Tableau 06.

L'examen de la structure de la variance indique que les différences entre les deux régions géographiques (Touat et Hoggar) représentent **12 %** de la variation totale. La part la plus importante de la variabilité, soit **56 %**, est enregistrée entre les individus au sein des populations. Enfin, la variation résiduelle, mesurée au niveau intra-individuel, s'élève à **32 %**.

Tableau 06 : Analyse de la variance moléculaire (AMOVA) au sein de 16 accessions de blé tendre saharien à l'aide de 13 marqueurs SSR

Source	*DDL*	*SC*	*CM*	*Var. Est.*	%
Entre populations	1	16,313	16,313	0,588	12
Entre individus	14	96,563	6,897	2,683	56
Au sein des individus	16	24,500	1,531	1,531	32
Total	31	137,375		4,803	100

Note :
DDL *: degrés de liberté*
SC *: somme des carrés*
CM *: carrés moyens*
Var. Est. *: variance estimée*

1-3- Analyse en Coordonnées Principales (*PCoA*)

L'Analyse en Coordonnées Principales (*PCoA*), basée sur la distance génétique de Nei, a été réalisée pour visualiser les relations entre les 16 accessions de blé tendre. Les trois premiers axes expliquent respectivement **19,19 %**, **16,21 %** et **11,46 %** de la variation génétique totale. Ensemble, les deux premiers axes représentent **35,40 %** de la variance, tandis que le cumul des trois axes atteint **46,86 %**.

La projection des génotypes sur le plan factoriel permet de distinguer deux groupes principaux (Figure 11) :

- Le premier groupe, situé sur la partie gauche du graphique, rassemble la majorité des accessions originaires de la région Touat. Au sein de cet ensemble, deux sous-groupes se dessinent : l'un comprenant les accessions *Amouch*, *El Menea* et *Bemmebrouk*, et l'autre regroupant *Sabagha* et *El Farh*.
- Le deuxième groupe, positionné sur la partie droite, est majoritairement constitué des accessions du Hoggar. Il s'organise également en deux sous-groupes : le premier inclut *Tarouzi*, *Bourabraa*, *Bahamoud* et *Belmebrouk* ; le second réunit *Manga 3*, *Bent M'barak 1*, *Manga*, *Labyadh* et *Manga El Beyda*.

Deux accessions présentent des positions atypiques : *Omroukba* (originaire du Touat) se projette au sein du cluster regroupant les accessions du Hoggar, tandis que l'accession *Hribcha* (du Hoggar) apparaît isolée de l'ensemble des clusters identifiés.



Figure 11. Analyse en Coordonnées Principales (*PCoA*) de 16 accessions de blé saharien basée sur les marqueurs SSR et la distance de Nei. Les trois premiers axes expliquent 46,86 % de la variation totale

1-4- Relations phylogénétiques et structure génétique des populations

1-4-1- Analyse du dendrogramme (Neighbor-Joining)

L'analyse de l'arbre phylogénétique de type « Neighbor-Joining » (NJ) a mis en évidence une différenciation nette entre l'ensemble des accessions. Les valeurs d'identité génétique oscillent entre 0,023 et 0,930. La similarité la plus élevée a été enregistrée entre les accessions *Manga* et *Labyadh*, tandis que la valeur la plus faible a été observée entre *Hribcha* et *El Farh*.

Le dendrogramme (Figure 12) s'organise en trois clusters principaux, soutenus par des valeurs de bootstrap allant de 20 % à 100 % :

- Le Cluster I est structuré en trois sous-groupes illustrant une forte affinité génétique entre certaines accessions : [*Manga3 – Bent M'barak1*], [*Tarouzi – Bourabraa*] et [*Bahamoud – Belmebrouk*].
- Le Cluster II rassemble les accessions *Manga* et *Labyadh*, formant un noyau central auquel viennent se greffer successivement *Manga El Beyda*, *Hribcha* et *Omroukba*.
- Le Cluster III est constitué d'un premier sous-groupe associant étroitement *El Menea* et *Amouch* (auquel se rattache *Bemmebrouk*), complété à sa base par la paire [*El Farh – Sabagha*].

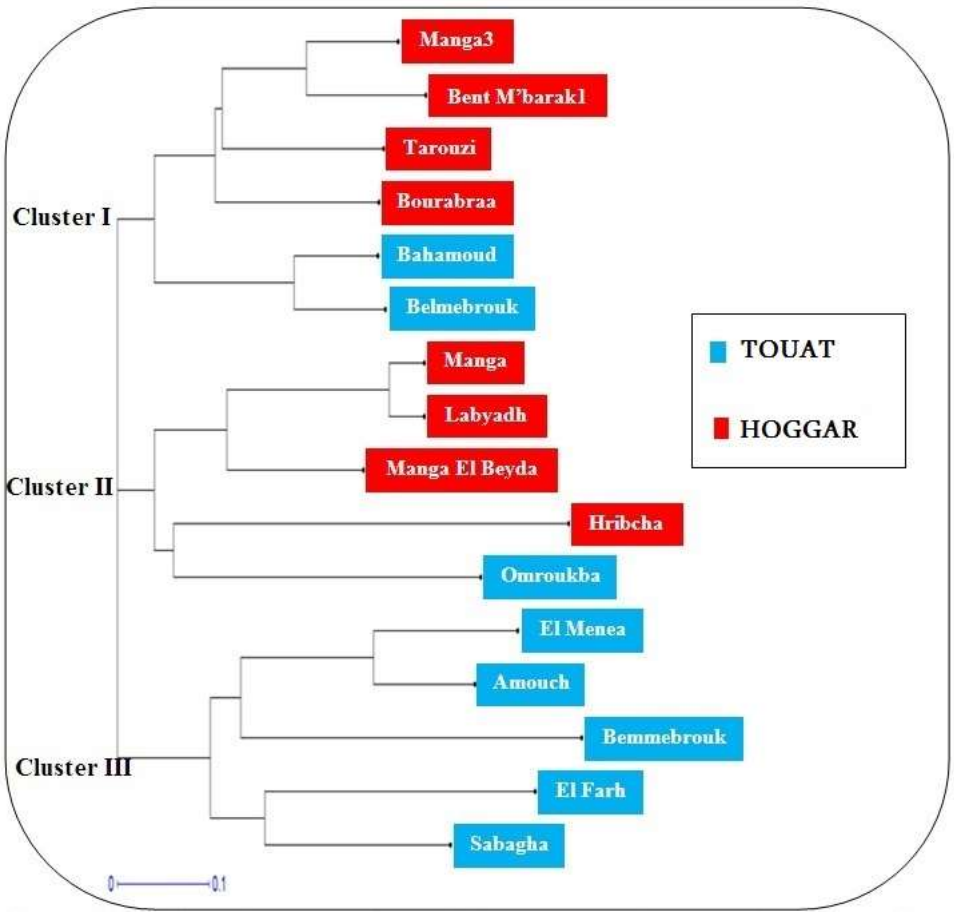


Figure 12. Dendrogramme de type Neighbor-joining (NJ) illustrant les relations phylogénétiques entre les 16 accessions de blé saharien, basé sur les distances génétiques de Jaccard

1-4-2- Structure génétique bayésienne (STRUCTURE)

L'analyse de structuration bayésienne réalisée avec le logiciel STRUCTURE a permis d'affiner ces résultats. Selon la méthode d'Evanno *et al*. (2005), un pic distinct de ΔK a été observé pour $K = 2$ (Figure 13), indiquant que le nombre optimal de clusters génétiques est de deux. Au-delà de cette valeur, le ΔK chute brutalement, suggérant l'absence de sous-structure significative supplémentaire.

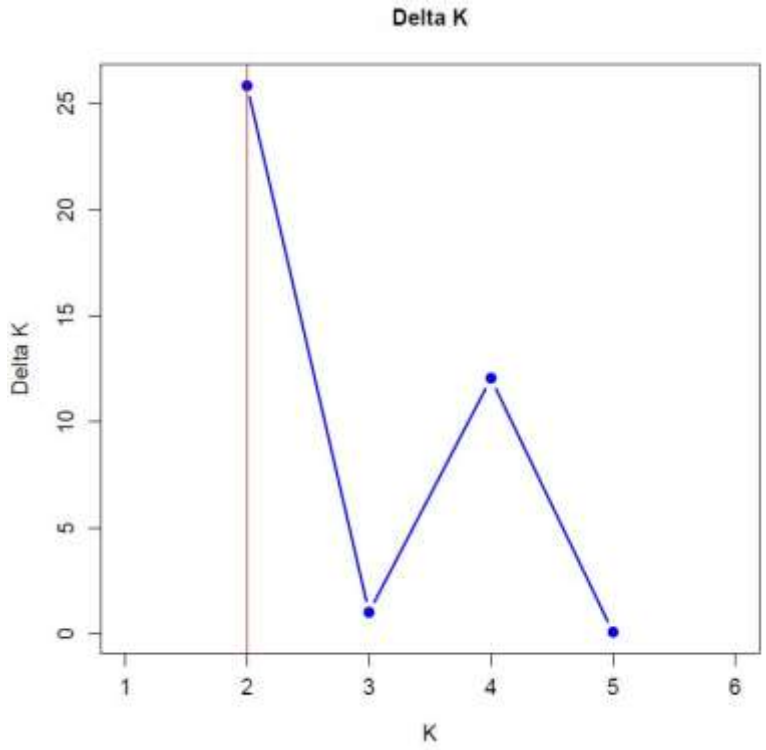


Figure 13. Détermination du nombre optimal de clusters génétiques (*K*) selon la méthode d'Evanno ΔK. Le pic maximal observé à *K* = 2 indique le regroupement le plus probable pour les 16 accessions étudiées

La représentation graphique sous forme de diagramme en bâtonnets (bar plot) confirme cette répartition en deux pools génétiques distincts (Figure 14) :

- **Le Groupe 1 (Rouge) :** regroupe l'ensemble des accessions de la région du Touat (*Omroukba*, *Sabagha*, *El Farh*, *Bemmebrouk*, *Amouch*, *El Menea*, *Belmebrouk* et *Bahamoud*), auxquelles s'associe une seule accession du Hoggar (*Hribcha*).
- **Le Groupe 2 (Vert) :** est exclusivement composé d'accessions du Hoggar (*Bourabraa*, *Bent M'barak 1*, *Manga 3*, *Tarouzi*, *Manga El Beyda*, *Labyadh* et *Manga*).
- Toutefois, l'observation du diagramme révèle que deux accessions du Touat, *Belmebrouk* et *Bahamoud*, présentent un profil d'appartenance mixte (barres bicolores), indiquant des coefficients d'assignation (Q) partagés entre les deux clusters.

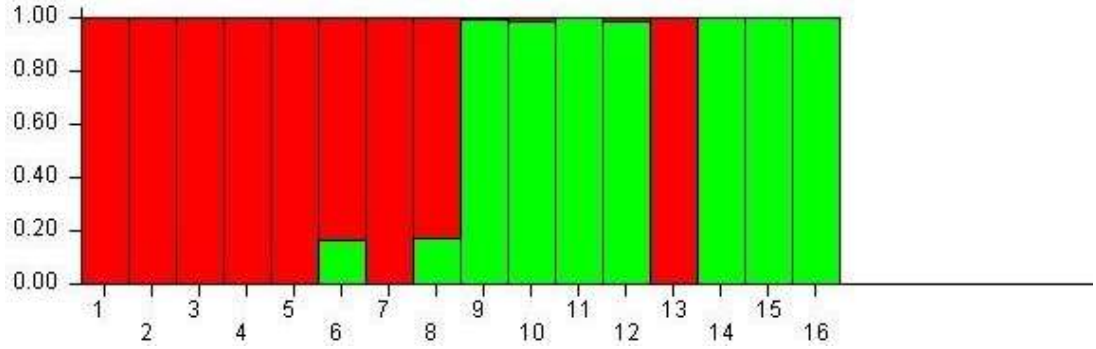


Figure 14. Structure génétique des 16 accessions de blé saharien pour *K*=2. Chaque barre verticale représente un individu, et les couleurs indiquent la proportion d'appartenance aux deux pools génétiques identifiés (Groupe 1 : rouge ; Groupe 2 : vert)

2- Discussions

2-1- Profils de diversité génétique et utilité des marqueurs

Comprendre la structure et la diversité génétique des variétés locales de blé tendre saharien est essentiel pour préserver la variation adaptative et soutenir les efforts de sélection visant à améliorer la résilience à la sécheresse (Lopes et Reynolds., 2012) ; (Ceccarelli., 2015). Les résultats de cette étude révèlent que, malgré les conditions environnementales hostiles du Sahara algérien, caractérisées par une sécheresse prolongée et des températures extrêmes, les populations locales de blé maintiennent un niveau de diversité génétique remarquablement élevé.

L'analyse a mis en évidence un niveau modéré de diversité génétique à l'échelle de la population, avec des valeurs moyennes de 5,54 pour le nombre d'allèles (N_a), 3,34 pour le nombre effectif d'allèles (N_e) et 0,573 pour l'hétérozygotie attendue (H_e). Toutefois, une variation considérable a été observée entre les marqueurs, certains loci comme *Gwm111* atteignant des valeurs élevées (H_e = 0,878). Ce dernier a déjà été identifié comme étant hautement informatif chez des génotypes de blé évalués dans des environnements propices à la sécheresse (Faheem et al., 2015), confirmant ainsi son fort pouvoir discriminant.

Ces niveaux de diversité sont supérieurs à ceux rapportés précédemment pour le matériel génétique saharien (Bellatreche et al., 2019) ; (Kara et al., 2024) et s'alignent sur des conclusions récentes dans des environnements marginaux similaires (Türkoğlu et al., 2023). Cela suggère que ces variétés locales ont conservé une richesse allélique substantielle, ce qui pourrait être attribué aux pratiques agricoles traditionnelles, telles que l'échange de semences entre agriculteurs, contrecarrant ainsi les effets de l'isolement régional et de la dérive génétique (Sork., 2014). Il est intéressant de noter que la diversité observée (H_e = 0,573) est comparable, voire supérieure, aux niveaux signalés dans certaines collections mondiales de blé tendre. Cela

implique que, si les cultivars d'élite modernes souffrent souvent d'érosion génétique due à une sélection intensive (Sall et al., 2019), les oasis sahariennes font office de réservoirs de variation allélique.

Concernant l'utilité des marqueurs, le Contenu en Information de Polymorphisme (*PIC*) indique que les SSR sélectionnés sont hautement informatifs, avec une valeur moyenne de 0,57. Ce *PIC* moyen est légèrement inférieur aux valeurs rapportées pour des panels multi-pays plus larges (Özlem et Begüm., 2018) ; (Mohi-Ud-Din et al., 2022), mais il reflète la forte différenciation génétique des populations locales. Par ailleurs, bien que le marqueur *Gwm174* soit généralement considéré comme faiblement polymorphe dans les collections de blé plus vastes, il a présenté une variabilité remarquable dans la présente étude. Cela suggère que certains loci peuvent être hyper-variables dans les populations sahariennes en raison d'une adaptation locale ou d'histoires évolutives distinctes (Sehgal et al., 2012).

L'indice de fixation moyen (*F*) obtenu pour l'ensemble des loci s'élève à **0,564**. Bien que cette moyenne globale confirme un déficit en hétérozygotes, elle reste inférieure aux valeurs théoriques attendues pour une espèce principalement autogame (où *F* tend vers 1). Cette valeur intermédiaire s'explique par le fait que l'indice de fixation a varié de manière significative selon les loci. En effet, comme attendu pour le blé, plusieurs marqueurs ont confirmé une forte tendance à l'homozygotie : certains ont révélé une homozygotie stricte ($F = 1$ pour *Gwm129*, *Barc101*, *Barc108* et *Wmc177*), tandis que d'autres s'en rapprochent fortement (*F* compris entre 0,73 et 0,85 pour *Gwm325*, *Gwm99* et *Barc11*). Cependant, les valeurs très faibles, voire négatives, de *F* observées pour le reste des loci (qui abaissent mécaniquement la moyenne globale) indiquent un excès apparent d'hétérozygotes. Si cette particularité s'explique en grande partie par notre stratégie d'échantillonnage en *bulk* (qui superpose les profils alléliques de plusieurs individus), elle peut également refléter de véritables processus biologiques liés aux conditions extrêmes. En effet, des études ont démontré que les stress thermiques et hydriques sévères peuvent induire une ouverture prolongée des glumes et une stérilité mâle partielle, favorisant ainsi des taux de pollinisation croisée (allogamie) inhabituels (Waines et Hegde., 2003) ; (Okada et al., 2018) ; (Yang et al., 2022). Par ailleurs, le maintien d'une hétérozygotie résiduelle au sein de ces parcelles pourrait résulter d'une sélection anthropique inconsciente : dans les systèmes agricoles oasiens traditionnels, les agriculteurs tendent à conserver les phénotypes les plus vigoureux pour la saison suivante, favorisant de ce fait des génotypes hétérozygotes dotés d'une meilleure résilience phénotypique face aux fluctuations climatiques (Ceccarelli., 2015).

2-2- Structure de la population et adaptation locale

La structuration génétique observée ne peut être dissociée des contraintes agro-écologiques uniques des zones oasiennes. L'isolement géographique du Hoggar et les conditions édaphiques du Touat ont façonné un polymorphisme qui témoigne d'une co-évolution entre le génome du blé et son environnement extrême. L'analyse de la variance moléculaire (AMOVA) et le regroupement bayésien ont révélé une structure génétique claire organisée en deux pools géniques principaux, correspondant largement aux régions géographiques du Touat et du Hoggar (Urquijo-Zamora et al., 2025). Cette organisation est illustrée par le diagramme de structuration (Figure 14), où la séparation nette en deux blocs de couleur confirme la robustesse du modèle pour $K=2$, ainsi que par le dendrogramme (Figure 12) dont les clusters reflètent fidèlement l'origine des accessions. L'AMOVA indique que seulement 12 % de la variation totale est expliquée par la différenciation entre ces deux régions. Bien que ce pourcentage paraisse modéré, cette séparation est consolidée par la présence d'allèles privés spécifiques à chaque zone, soulignant une identité génétique propre à chaque oasis. Ces résultats sont cohérents avec les observations de (Amina et al., 2020) sur les blés de Haute-Égypte, suggérant que les pratiques agricoles traditionnelles et les échanges de semences limitent la différenciation inter-régionale malgré l'isolement géographique.

La majeure partie de la diversité (56 %) se situe entre les individus au sein des populations, tandis que 32 % relèvent d'une variation intra-individuelle. Cette prédominance de la variation à l'échelle intra-population (cumulant 88 %) confirme que les oasis sahariennes fonctionnent comme des centres de diversité où l'hétérogénéité génétique est préservée au sein même des parcelles. Ce regroupement génétique, validé par la congruence entre les approches hiérarchiques et bayésiennes, reflète d'ailleurs la différenciation morphologique rapportée antérieurement entre les populations de Touat et du Hoggar concernant l'architecture de l'épi et la taille du grain (Oumata et al., 2023).

Une telle convergence suggère que la structure observée ne résulte pas uniquement d'un isolement par la distance, mais reflète également des pressions de sélection exercées par les micro-environnements locaux et les pratiques culturales. Enfin, l'identification d'individus présentant des profils mixtes (admixture) vient souligner l'impact direct de l'intervention humaine. C'est le cas remarquable des accessions *Belmebrouk* et *Bahamoud* qui, bien qu'originaires du Touat, proviennent exactement du même site de collecte (Zaouiat) et partagent des coordonnées géographiques identiques (Tableau 03). Cette mixité génétique très localisée, couplée au regroupement inattendu de l'accession *Hribcha* (Hoggar) au sein du pool génétique

opposé, pointe vers l'existence de routes d'échange de semences, historiques ou récentes, entre ces régions que l'on pensait isolées. Cette observation rejoint les conclusions d'Amina *et al.* (2020), qui attribuent la présence de génotypes mixtes dans les variétés locales égyptiennes à la dynamique des systèmes semenciers traditionnels. Un tel phénomène suggère que les réseaux sociaux et commerciaux entre les oasis du Touat et du Hoggar ont maintenu une connectivité génétique, empêchant une dérive totale malgré la fragmentation de l'habitat saharien.

2-3- Valorisation des ressources génétiques

L'originalité de notre approche méthodologique a résidé dans la sélection de marqueurs SSR en adéquation directe avec la problématique agro-écologique du Sahara algérien. Cette approche ciblée, s'appuyant sur des balises génétiques éprouvées, nous a permis non seulement d'évaluer la diversité globale de notre collection, mais surtout de mettre en évidence les allèles potentiellement impliqués dans l'adaptation locale des écotypes sahariens (Touat et Hoggar) à leurs environnements extrêmes respectifs.

Au-delà de la structuration globale de la population, nos analyses ont mis en évidence des accessions présentant une originalité allélique marquée au sein de notre matrice de données. Cette singularité génétique, identifiée au niveau de loci documentés pour leur rôle fonctionnel, suggère un potentiel adaptatif spécifique face aux contraintes abiotiques extrêmes du Sahara. Ces génotypes, caractérisés par l'accumulation d'allèles rares ou privés, pourraient constituer des ressources prioritaires pour de futures investigations visant à améliorer la résilience du blé.

L'accession *Belmebrouk*, par exemple, se distingue par une convergence de signatures moléculaires originales identifiées lors de notre génotypage aux loci *Gwm174* (allèle 240 pb) et *Barc101* (allèle 135 pb). Bien que ces loci affichent par ailleurs une très forte diversité allélique à l'échelle de la population globale (Na = 11 et Na = 6), reflétant la plasticité génétique de ces blés, ces allèles spécifiques isolent *Belmebrouk*. Le locus *Gwm174* (localisé sur le chromosome 5D) est reconnu dans la littérature comme un marqueur discriminant, systématiquement associé aux génotypes tolérants à la sécheresse (El-Rawy et al., 2021).

Parallèlement, le locus *Barc101* est étroitement lié au maintien de la teneur en chlorophylle et à l'efficience photosynthétique sous stress (Kumar et al., 2012). La détection de cette combinaison originale suggère que *Belmebrouk* cumule un potentiel génétique hautement favorable, couplant la tolérance au déficit hydrique au maintien de l'activité métabolique via le caractère « Stay-Green » (Li. et al., 2025).

De manière plus globale, la fixation de l'allèle 200 pb au locus *Wmc179* chez l'ensemble de la collection indique un profil d'intérêt global pour l'architecture racinaire et la vigueur de la biomasse (Mahjoob et al., 2021), mettant en évidence des traits génétiques d'intérêt potentiels face au déficit hydrique. Dans cette même dynamique d'adaptation locale, le comportement du locus *Barc126* constitue un résultat majeur. Tout comme *Wmc179*, ce marqueur présente une fixation absolue d'un seul allèle (de taille 130 pb) chez l'ensemble des accessions ayant amplifié. Cette absence totale de polymorphisme (Na=1) représente la signature moléculaire d'un balayage sélectif (*selective sweep*) induit par des pressions environnementales extrêmes. De récents travaux de cartographie QTL mettant en évidence des traits génétiques d'intérêt potentiels face au déficit hydrique. Dans cette même dynamique d'adaptation locale, le comportement du locus *Barc126* constitue un résultat majeur. Tout comme *Wmc179*, ce marqueur présente une fixation absolue d'un seul allèle (de taille 130 pb) chez l'ensemble des accessions ayant amplifié. Cette absence totale de polymorphisme (Na=1) représente la signature moléculaire d'un balayage sélectif (*selective sweep*) induit par des pressions environnementales extrêmes. De récents travaux de cartographie *QTL* (Eldemery et al., 2022) ont localisé *Barc126* sur le chromosome 7D et ont démontré son association significative avec la tolérance au stress thermique terminal. Plus précisément, ce locus est directement impliqué dans la modulation de la date d'épiaison et le maintien des composantes du rendement sous des températures élevées en fin de cycle. La fixation stricte de cet allèle 130 pb au sein de notre collection saharienne suggère fortement la présence d'un mécanisme d'esquive phénologique, vital pour la reproduction et la survie du blé face aux chaleurs extrêmes des oasis.

Ces accessions, identifiées ici par une approche de « génotypage ciblé », constituent ainsi des cibles privilégiées pour des validations phénotypiques ultérieures. Elles illustrent la valeur stratégique des oasis sahariennes comme réservoirs de gènes d'intérêt pour l'adaptation aux environnements extrêmes. Compte tenu de cette distribution de la diversité, une stratégie de conservation limitée à un seul site ne permettrait pas de capturer la richesse totale du blé saharien algérien. Nos résultats soutiennent donc une approche de conservation *in situ* au sein des oasis respectives, afin de préserver ce patrimoine génétique dans son milieu de sélection naturel et de maintenir sa dynamique évolutive face aux changements climatiques. D'un point de vue appliqué, l'intégration de marqueurs tels que *Gwm111* et *Gwm174* dans les programmes de sélection assistée pourrait accélérer la sélection de génotypes plus résilients (Zhang et al., 2017). À l'avenir, le passage à un génotypage à haute densité (*SNPs*) pour des études d'association à l'échelle du génome (*GWAS*), combiné aux évaluations agronomiques précises

(Oumata et *al*., 2023), sera primordial pour identifier avec précision les régions génomiques responsables de l'adaptation au stress thermique et hydrique, ouvrant ainsi la voie à une amélioration variétale durable.

2-4- Limites de l'étude et perspectives techniques

Bien que cette étude apporte des éclairages inédits sur la diversité des blés sahariens, certaines limites méthodologiques doivent être soulignées. En premier lieu, la taille de l'échantillon (16 accessions) et le nombre de marqueurs utilisés (13 SSR) restreignent la résolution de l'inférence fine de la structure des populations. De plus, le recours à l'électrophorèse sur gel d'agarose, dont le pouvoir de séparation est inférieur à celui de l'électrophorèse capillaire, a pu conduire à une sous-estimation du nombre total d'allèles (fusion visuelle de fragments de tailles proches).

Par conséquent, des études futures s'appuyant sur un échantillonnage plus exhaustif et sur des approches de séparation à plus haute résolution (polyacrylamide ou électrophorèse capillaire), **voire sur un génotypage à très haut débit utilisant les marqueurs SNP (Single Nucleotide Polymorphisms)**, permettront d'affiner ces résultats. Enfin, le couplage de ces données moléculaires avec une évaluation phénotypique rigoureuse **(via des essais agronomiques en serre ou au champ)** sera indispensable pour confirmer l'implication directe des signatures alléliques observées dans l'adaptation physiologique de la plante au stress hydrique.

CONCLUSION ET PERSPECTIVES

La présente recherche a été initiée pour répondre à une question centrale : déterminer dans quelle mesure les accessions sahariennes de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) constituent un réservoir de diversité génétique structurée et de signatures moléculaires distinctes. Au terme de nos investigations basées sur l'outil microsatellite (SSR), il ressort que ce patrimoine oasien, évoluant sous des contraintes climatiques extrêmes, représente une ressource adaptative d'une valeur inestimable.

Validation des hypothèses et réalisation des objectifs

L'évaluation de la diversité globale et la détermination de la structure fine des populations ont permis de valider pleinement les deux hypothèses fondatrices de ce travail :

- **Validation de l'Hypothèse 1 (Diversité élevée et singulière) :** L'analyse a confirmé que les agroécosystèmes sahariens maintiennent un niveau de diversité génétique remarquablement élevé (*He* = 0,573), supérieur à certains panels mondiaux. La prédominance de la diversité à l'échelle intra-populationnelle (cumulant 88 % selon l'AMOVA, répartis en 56 % entre les individus au sein des populations et 32 % de variation intra-individuelle) démontre l'efficacité des pratiques paysannes traditionnelles, telles que les échanges de semences. Ces pratiques ont non seulement permis de contrecarrer l'érosion génétique et la dérive liées à l'isolement, mais elles ont surtout contribué à façonner et préserver un véritable réservoir adaptatif, indispensable pour faire face au stress hydrique sévère de ces écosystèmes.
- **Validation de l'Hypothèse 2 (Structuration géographique et évolution adaptative) :** L'analyse bayésienne (*K*=2) et les analyses multivariées ont mis en évidence une structuration génétique claire entre les régions du Touat et du Hoggar, reflétant fortement l'impact de l'isolement géographique et des contraintes environnementales. Cette divergence a favorisé la détection de signatures moléculaires distinctes (allèles privés et rares), pouvant traduire une évolution adaptative locale à l'aridité. Toutefois, la détection de profils mixtes (admixture) chez des accessions comme *Belmebrouk* et *Bahamoud*, ou le regroupement inattendu de l'accession *Hribcha*, nuance cette ségrégation : elle prouve que cette structuration adaptative reste dynamique, maintenue en équilibre par une connectivité historique via les réseaux d'échange de semences.

Parallèlement, cet isolement géographique couplé à des pressions micro-environnementales divergentes semble avoir favorisé une évolution adaptative locale. Le génotypage ciblé a ainsi

révélé des signatures moléculaires d'adaptation particulièrement nettes, tant à l'échelle individuelle que globale.

D'une part, l'accession « phare » *Bemmebrouk* se distingue par une convergence allélique inédite aux *loci Gwm174* et *Barc101*, suggérant un cumul génétique couplant la tolérance au déficit hydrique au maintien de la photosynthèse sous stress (caractère « Stay-Green »). D'autre part, à l'échelle de la collection entière, la fixation absolue d'allèles uniques aux *loci Wmc179* et *Barc126* constitue la signature moléculaire de balayages sélectifs majeurs. Ces marqueurs suggèrent l'acquisition de mécanismes de survie essentiels face à l'aridité : une architecture racinaire optimisée pour l'exploration du sol (*Wmc179*) associée à une indispensable esquive phénologique face au stress thermique terminal (*Barc126*).

Ces résultats appuient l'hypothèse d'une forte pression sélective exercée par l'environnement oasien et soulignent la valeur stratégique globale de ces ressources génétiques sahariennes pour l'amélioration de la résilience du blé cultivé.

Perspectives et retombées stratégiques

En caractérisant des génotypes d'intérêt potentiel pour l'amélioration variétale, cette thèse dépasse le cadre du simple diagnostic de diversité. Elle ouvre des perspectives concrètes répondant à un impératif d'impact socio-économique et scientifique majeur :

1. **Sauvegarde institutionnelle et traçabilité (Conservation *ex situ*) :**

Face au danger de l'érosion génétique qui menace les cultivars traditionnels, la mise en place d'une sauvegarde de sécurité institutionnelle est une première mesure indispensable. Nous recommandons l'intégration de notre panel d'accessions au sein de la Banque Nationale de Semences. À cette fin, le fort polymorphisme global de certains marqueurs (comme *Gwm111* et *Gwm174*) fournira l'empreinte génétique requise pour la traçabilité stricte et l'authentification *ex situ*. De plus, la documentation des allèles d'adaptation spécifiques -tels que ceux associés dans la littérature à la tolérance au déficit hydrique (*Gwm174*, *Wmc179*, *Barc101*) et à l'esquive du stress thermique terminal (*Barc126*)- constituera un étiquetage fonctionnel d'une valeur inestimable. Ces signatures orienteront directement les futurs sélectionneurs vers ces ressources sahariennes pour l'exploitation de leurs traits de résilience.

2. **Conservation *in situ* et dynamique évolutive :**

Si la sauvegarde *ex situ* protège ce patrimoine, elle fige cependant son évolution. Compte tenu de la structuration géographique observée (12 % de la variation), cette approche centralisée

ne suffit pas à elle seule. Il est impératif de la coupler à une conservation *in situ* décentralisée, soutenue directement dans les oasis du Touat et du Hoggar. Cette approche complémentaire est vitale pour maintenir le processus de co-évolution naturel de ces blés dans leur agroécosystème, leur permettant de poursuivre leur adaptation face aux changements climatiques en cours.

3. Validation physiologique et épreuves de stress :

Pour parachever ce travail moléculaire, il est désormais indispensable de soumettre l'ensemble du panel des 16 accessions à une évaluation phénotypique approfondie (via des essais en serre ou au champ) en appliquant différents régimes hydriques et thermiques. L'imposition de protocoles de stress contrôlé permettra de confirmer agronomiquement l'avantage conféré par les allèles de tolérance ciblés lors de notre étude chez les génotypes les plus prometteurs, à l'image de l'accession *Bemmebrouk*. Par ailleurs, il sera pertinent d'étudier la réponse physiologique des accessions admixées (*Belmebrouk* et *Bahamoud*), afin de vérifier si leur métissage génétique se traduit par une plasticité adaptative supérieure (efficience photosynthétique, architecture racinaire).

4. Transition vers la génomique à haute densité :

Le génotypage par électrophorèse sur gel d'agarose présentant des limites de résolution pour l'inférence fine de la diversité allélique, l'utilisation de gels de polyacrylamide constituerait une première alternative pour optimiser la lecture des *loci* SSR. Toutefois, pour approfondir la compréhension des mécanismes de résilience observés, le passage à un génotypage à très haut débit de type *SNP* pour des études d'association (*GWAS*) sera la prochaine étape déterminante. Cela permettra de décrypter plus finement les interactions génotype-environnement et d'identifier les régions génomiques potentiellement associées à l'adaptation thermique et hydrique.

5. Recours aux biotechnologies végétales pour l'accélération de la sélection :

L'exploitation concrète de ce germoplasme doit s'appuyer sur un couplage entre la génétique et la culture *in vitro*. L'application de techniques d'haploïdisation permettrait de fixer rapidement (à l'état homozygote) les allèles de résilience ciblés chez nos accessions prometteuses. De plus, le criblage cellulaire précoce sous stress osmotique (PEG) constituerait une étape intermédiaire décisive pour accélérer le processus de pré-amélioration variétale (*pre-breeding*), créant une synergie directe entre le diagnostic moléculaire et la création de futurs cultivars adaptés.

6. Valorisation géostratégique, souveraineté et rayonnement international :

L'aboutissement de cette chaîne de recherche s'inscrit dans une vision stratégique qui transcende l'échelle nationale. Le potentiel adaptatif de ces accessions oasiennes constituent un matériel de « pré-amélioration » de premier plan pour les pays du Maghreb et la bande sahélienne, particulièrement vulnérables aux sécheresses. Leur intégration future dans des programmes de Sélection Assistée par Marqueurs (*SAM*) permettra de forger des variétés modernes hautement résilientes, garantissant la souveraineté agricole tout en positionnant l'Algérie comme un contributeur stratégique à la sécurité alimentaire face aux défis climatiques de demain.

Bibliographie

Abdelkarim S., et Azouz M. (2024). *Contribution de l'étude de la modélisation des potentialités agroécologiques des cultures sahariennes des wilayas : Adrar - Ghardaïa - El Oued.* Djelfa - Algérie: Mémoire universitaire, Université Ziane Achour.

Abdellaoui Z., Fettih S. and Zaghouane O. (2006). Etude comparative de l'effet du semis direct et du labour conventionnel sur le comportement d'une culture de blé dur en conditions pluviales. *Dans : 3ème Rencontres Méditerranéennes du Semis Direct*, (pp. 23-25). Saragosse (Espagne).

ACIA. (2014). *La biologie du Triticum turgidum ssp. durum (Blé dur)*. Récupéré sur Document de biologie BIO2006-07 : Cahier parallèle aux Critères d'évaluation du risque environnemental associé aux végétaux à caractères nouveaux: http://www.inspection.gc.ca/vegetaux/vegetaux-a-caracteres-nouveaux/demandeurs/directive-94-08/documents-sur-la-biologie/triticum-turgidum-ssp-durum/fra/1330983955477/1330984025320

Acquaah G. (2012). *Principles of plant genetics and breeding (2nd ed.).* John Wiley & Sons, Oxford.

Aissa A. et Mhiri A. (2002). Fertilisation phospho-potassique du blé dur en culture intensive en Tunisie. *Cahiers Agricultures, 11*(6), 391-397.

Allard R. W. (1960). *Principles of plant breeding.* John Wiley & Sons, New York.

Alhosein H., Miyuki Ni., Shuhei., Kenji., Masaya F., Hitoshi M & Yutaka O. (2012). Novel QTLs for growth angle of seminal roots in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Soil, 354*, 395–405. doi:10.1007/s11104-011-1075-5

Amina A. M., Arab. S.A., El Sha M.H. et Radwan K.H. (2020). Genetic diversity, population structure and association mapping of morphological traits in some Egyptian bread wheat landraces under heat stress. *Plant Archives, 20*(2), 4190-4201. doi:10.13140/RG.2.2.28813.46563.

Anderson J. A., Churchill G. A., Autrique J. E., Tanksley S. D. & Sorrells M. E. (1993). Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36(1), 181-186. doi: 10.1139/g93-024.

Apel. K., & Hirt. H. (2004). Reactive oxygen species: metabolism, oxidative stress, and signal transduction. *Annual Review of Plant Biology, 55*, 373-399. doi:10.1146/annurev.arplant.55.031903.141701

APGIII. (2009). An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants : APG III. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 105-121.

Araus. J. L., Slafer. G. A., Reynolds. M. P. & Royo. C. (2002). Plant breeding and drought in C3 cereals: what should we breed for? *Annals of Botany, 89*(7), 925–940. doi:10.1093/aob/mcf049

Ashraf S., Shahzad A., Karamat F., Iqbal M. & Ali G.M. (2015). Quantitative trait loci (QTLs) analysis of drought tolerance at germination stage in a wheat population derived synthetic hexaploid and opata. *J. Anim. Plant. Sci, 25*(2), 539–545.

Baba-Hamed K., Dribat A. & Bouanani, A. (2018). Hydrogeological caracterization and modeling of the aquifer of oued in amguel (Tamanrasset, Central Hoggar - South Algeria). *Journal of Fundamental and Applied Sciences, 10*(1), 1-19. doi:10.4314/jfas.v10i1.1

Bachiri H. (2019-2020). *Comportement de Quelques Génotypes de Blé Tendre (Triticum aestivum L.) Sous Différents Niveaux de Régime Hydrique et dans Deux Zones Agro-Climatiques Contrastées en Algérie (Subhumide et semi-aride).* Alger: ECOLE NATIONALE SUPERIEURE AGRONOMIQUE EL-HARRACH –ALGER.

Bakhtache R. et Hadjene O. (2023). Les retombées du changement climatique sur les secteurs agricole et hydraulique en Algérie (2010/2022). *Cahiers Économiques, 14*(1), 80-95.

Banque Mondiale. (2018). *Au-delà de la pénurie : La sécurité de l'eau au Moyen-Orient et en Afrique du Nord.* Washington, DC: Banque Mondiale.

Beck E., & Ziegler P. (1989). Biosynthesis and degradation of starch in higher plants. *Annual review of plant biology, 40*(1), 95-117.

Bednarek J. (2012). *Analyse fonctionnelle de TaGW2, une E3 ligase de type RING, dans le développement du grain de blé tendre (Triticum aestivum) Sciences agricoles.* Clermont Ferrand II: Université Blaise Pascal.

Bellatreche A. (2017). *Etat de la biodiversité de blé dur et blé tendre au niveau de l'ouest algérien et contribution à sa caractérisation génétique.* Tlemcen - Algérie: Thèse de Doctorat, Département d'Agronomie, Faculté SNV-STU, Université Abou Bekr Belkaid.

Bellatreche A., Mahdad M.Y., Kaouadji Z., Gaouar S.B.S. (2017). Agro-morphological diversity of some accessions of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) in western Algeria. (https://www.researchgate.net/publication/315767228, Éd.) *Biodiversitas, 18*, 409–415.

Bellatreche A., S.R. Mnasri, M. Ben Naceur and S.S.B. Gaouar. (2019). Study of the Molecular Biodiversity of the Saharan Bread Wheat in Algeria. *Cereal Research Communications*, 1-16. doi:10.1556/0806.47.2019.39

Beltrano J. & Ronco. M. G. (2008). Improved tolerance of wheat plants (*Triticum aestivum* L.) to drought stress and rewatering by the arbuscular mycorrhizal fungus Glomus claroideum: effect on growth and cell membrane stability. *Brazilian Journal of Plant Physiology, 20*, 29-37. doi:10.1590/S1677-04202008000100004

Ben Mbarek K. (2017). *Manuel de Grandes Cultures "les céréales".* Toronto, Canada: La reine pour l'Ontarion.

Ben Naceur M, Gharbi MS, Paul R. (1999). L'amélioration variétale et les autres actions contribuant à la sécurité alimentaire en Tunisie en matière de céréales. *Sécheresse, 10*, 27-33.

Benarba B. (2024). Enhancing food security through scientific research in Algeria. A novel vision and unified national strategy. *Nor. Afr. J. Food Nutr. Res, 8*(18), 68 – 69. doi:10.51745/najfnr.8.18.68-69

Benbelkacem A. (2008). *Rapport national sur l'état des ressources phytogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture en Algérie.* Alger: Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie (INRAA)/ FAO.

Benbelkacem A. et Kellou K. (2001). Évaluation du progrès génétique chez quelques variétés de blé dur (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) cultivées en Algérie. *Options méditerranéennes, 6*, 105-106.

Ben-Hammouda M. et Boubaker M. (2000). Production du blé dur en fonction de la variété et du régime hydrique en Tunisie. *Cahiers Aqricultures, 9, 9*(6), 511-514.

Benkaddour M. (2014). *Modifications physiologiques chez des plantes de blé (Triticum durum Desf) exposées à un stress salin.* Annaba: Université Badji Mokhtar.

Bessaoud O., Pellissier J.-P., Rolland J.-P. et Khechimi W. (2019). *Rapport de synthèse sur l'agriculture en Algérie.* Centre International de Hautes Études Agronomiques Méditerranéennes (CIHEAM-IAMM), Montpellier.

Blum A. (2011). Plant breeding for water-limited environments. *Springer Science & Business Media*. doi:10.1007/978-1-4419-7491-4

Blum A. (2017). Osmotic adjustment is a prime drought stress adaptive engine in support of plant production. *Cell & Environment, 40*(1), 4-10. doi:10.1111/pce.12800

Botstein D., White R.L., Skolnick M. & Davis R.W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using re-striction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet, 32*, 314–331.

Boulahbal S. (2012). *Etude des écoulements souterrains dans les gneiss schisteux fissurés du Précambrien de la région de Tamanrasset.* Batna - Algérie: Université Hadj Lakhdar.

Boulal H., Zaghouane O., El Mourid M. and Rezgui S. (2007). *Guide pratique des céréales d'automne (blé et orge) dans le Maghreb (Algérie. Maroc. Tunisie).* ITGC/INRAA/ ICARDA.

Bousba R. (2003). *Effet d'une contrainte abiotique sur les composants biochimiques de la grainr de Vicia faba L.* Constantine-Algérie: Université Mantouri.

Brahimi H. (2017). *Variations phénotypiques pour la tolérance aux stress salin et hydrique chez le blé tendre (Triticum aestivum L.).* M'Sila: Université Mohamed Boudiaf.

Braun H.J., Atlin G. & Payne T. (2010). Multi-location testing as a tool to identify plant response to global climate change. *CABI climate change series*, 115-138. doi:10.1079/9781845936334.0115

Casañas F., Simó J., Casals J. & Prohens J. (2017). Toward an evolved concept of landrace. *Frontiers in Plant Science, 8*, 145. doi:10.3389/fpls.2017.00145

CCNUCC. (1992). Convention-cadre des Nations Unies sur les changements climatiques. Rio de Janeiro, Brésil.

Ceccarelli S.A. (2015). Efficiency of Plant Breeding. *Crop Science, 55*(1), 87-97. doi:10.2135/cropsci2014.02.0158

Ceran M., Miladinović D., Đorđević V., Trkulja D., Radanović A., Glogovac S. & Kondić-Špika A. (2024). Genomics-assisted speed breeding for crop improvement: present and future. *Frontiers in Sustainable Food Systems,* 8, 1383302. https://doi.org/10.3389/fsufs.2024.1383302

Chadjaa H. (1989). Les blés sahariens : Diversité, importance et perspective d'utilisation. *Annales de l'Institut National Agronomique El-Harrach, 13*(1), 241-251.

Chantret N., Salse J., Sabot F., Rahman S., Bellec A., Laubin B., Dubois I., Dossat C., Sourdille P., Joudrier P., Gautier M. F., Cattolico L., Beckert M., Aubourg S., Weissenbach J., Caboche M., Bernard M., Leroy P. & Chalhoub B. (2005). Molecular basis of evolutionary events that shaped the hardness locus in diploid and polyploid wheat species (*Triticum* and *aegilops*). *The plant cell 17(4)*, 1033-1045. doi:10.1105/tpc.104.029181

Chaves. M.M., Flexas. J. & Pinheiro. C. (2009). Photosynthesis under drought and salt stress: regulation mechanisms from whole plant to cell. *Annals of Botany, 103*(4), 551–560. doi:10.1093/aob/mcn125

Chennafi H., Aïdaoui A., Bouzerzour H. & Saci A. (2006). Yield response of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) cultivar Waha to deficit irrigation under semi-arid growth conditions. *Asian Journal of Plant Sciences, 5*(5), 854-860. doi:10.3923/ajps.2006.854.860

Christol M. (1994). Le blé africain et Rome. Remarques sur quelques documents. Dans C. J. Bérard (Éd.), *Le ravitaillement en blé de Rome et des centres urbains des début de la République jusqu'au Haut Empire* (pp. 295-304). Naples: Publications du Centre Jean Bérard.

Clement-Grandcourt M. et Prats J. (1971). *Les céréales* (éd. 2eme). Ballier, France: Collections d'enseignement agricole.

Collard B. C. Y., Jahufer M. Z. Z. Brouwer J. B. & Pang E. C. K. (2005). An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica*, 142(1-2), 169-196. doi: 10.1007/s10681-005-1681-5

Cordain L. (1999). Cereal grains: humanity's double-edged sword. *World Review of Nutrition and Dietetics, 84*, 19-73. doi:10.1159/000059677

Côte M. (1996). *L'Algérie : espace et société.* Masson, Paris, 253 p.

Côte M. (2002). Des oasis aux zones de mise en valeur : l'étonnant renouveau de l'agriculture saharienne. *Méditerranée, 99*(3-4), 5-14. doi:10.3406/medit.2002.3253

Cramer W., Guiot J., Fader M., Garrabou J., Gattuso J-P., Iglesias A., Lange M.A., Lionello P., Llasat M.C., Paz S., Peñuelas J., Snoussi M., Toreti A., Tsimplis M.N & Xoplaki E. (2018). Climate change and interconnected risks to sustainable development in the Mediterranean. *Nature Climate Change, 8, 972-980.*

Crostan R.P. & Williams J.T. (1981). *A world survey of wheat genetic resources. IBRGR Bulletin/80/59, 37 pages. In: Etude de la contribution des paramètres phéno-morphologiques dans adaptation du blé dur (Triticum durum Desf) dans l'étage bioclimatique semi-aride.*

Daryanto S., Wang L. & Jacinthe P.A. (2016). Global synthesis of drought effects on wheat yield of the last three decades. *Agricultural Water Management, 11*(5), 143-152. doi:10.1371/journal.pone.0156362

de Vienne, D. (1998). ***Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales*****. INRA Éditions, Paris.**

Dib S. & Sardou A. (2025). Climate-Resilient Agriculture in Algeria: A Territorial Analysis of Crop Diversification and Water Management Strategies. *International Journal of Sustainable Development and Planning, 20*(7), 2829-2842. doi:10.18280/ijsdp.200708

Djebbar, R. (2012). *Effet du stress hydrique sur le métabolisme cellulaire de plantes de tabac sauvage (Nicotiana sylvestris) et d'un mutant mitochondrial (CMSII).* Alger: Université Houari Boumediene.

Doussinault. G., Pavoine. M.T., Jaudean. B. et Jahier. J. (2001). Evolution de la variabilité génétique chez le blé. (I. N. Agronomique, Éd.) *In : Génétique et amélioration des plantes*(21), 29-37.

Dreisigacker S., Zhang P., Warburton M.L., Skovmand B., Hoisington D. & Melchinger A.E. (2005). Genetic Diversity among and within CIMMYT Wheat Landrace Accessions Investigated with SSRs and Implications for Plant Genetic Resources Management. *Crop Science*, 45(2), 653-661. doi: 10.2135/cropsci2005.0653

Duan S., AN P., Zhang X., Liu X., Zhang J., Wang X., Xing L. & Zhao J. (2025). Effects of drought stress on seed germination, growth and physiological traits of dwarf wheats at seedling and maturity stage. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 53*(2), 14338. doi:10.15835/nbha53214338

Dubost D. (1992). Le blé du Sahara peut-il contribuer à l'auto-suffisance de l'Algérie ? *Bulletin de l'Association de Géographes Français, 69*(2), 115-121.

Eldemery, S.M.M., B.A. Bakry, A.E.S.M. Younis, M.A. Sayed and K.F. Abdellatif, 2022. QTL Analysis of grain yield-related traits for terminal heat stress tolerance in wheat using SSR markers. *Pak. J. Biol. Sci.,* 25(6): 516-530. DOI: 10.3923/pjbs.2022.516.530

El Haddad N., Remmach M., El-Mansouri I. & Udupa S. M. (2020). Genetic diversity and population structure of durum wheat landraces from the Center of Morocco. *Biodiversitas, 21*(9), 4140. doi:10.13057/biodiv/d210926

El-Esawi M.A. (2019). *Wheat Production in Changing Environments.* (N. K. Hasanuzzaman M., Éd.) Singapore: Springer, Singapore.

El-Rawy M.A., M.A. Sayed and M.T. Said, 2021. Assessment of relationship for both seedling and maturity traits with SSR markers under drought conditions in bread wheat (*Triticum aestivum L.*). *Egypt. J. Agron.*, 43: 173-188.

Enghiad A., Ufer D., Countryman A.M. and Thilmany D.D. (2017). An Overview of Global Wheat Market Fundamentals in an Era of Climate Concerns. *International Journal of Agronomy, 2017*(1), 1-15. doi:10.1155/2017/3931897

Evanno G., Regnaut S. & Goudet J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: assimilation study. *Mol Ecol, 14*, 2611–2620. doi:10.1111/j.1365-294x.2005.02553.x

Faheem M., Talat M., Ghulam S., Naeem A., Alvina G.K. & Abdul Mujeeb K. (2015). Assessment of D-genome based genetic diversity in drought tolerant wheat germplasm. *Int J Agric Biol, 17*(4), 791–796. doi:10.17957/IJAB/14.0018

FAO. (2018). *Food Outlook - Biannual Report on Global Food Markets*. Novembre 2018. Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture, Rome, Italie. Récupéré sur : https://openknowledge.fao.org/handle/20.500.14283/ca2320en

FAO. (2021). *GIEWS Country Brief: Algeria*. Système mondial d'information et d'alerte rapide (SMIAR). Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture, Rome. Consulté sur : https://www.fao.org/giews/countrybrief/country/DZA/pdf_archive/DZA_Archive.pdf

FAO. (2022). *L'État des ressources en terres et en eau pour l'alimentation et l'agriculture (SOLAW 2021) : Des systèmes au bord de la rupture*. Rome: FAO.

FAO, FIDA, OMS, PAM et UNICEF. (2023). *L'État de la sécurité alimentaire et de la nutrition dans le monde*. Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO). Récupéré sur : https://www.fao.org/publications/fao-flagship-publications/the-state-of-food-security-and-nutrition-in-the-world/fr

FAO. (2025). *Perspectives de récoltes et situation alimentaire.* Rapport mondial trimestriel, N° 1, mars 2025. Rome: Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture. Récupéré sur https://www.fao.org/giews/reports/crop-prospects/fr/

FAOSTAT. (2026). *Base de données statistiques de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture*. Rome, Italie : FAO. Consulté sur : https://www.fao.org/faostat/

Farooq. M., Bramley. H., Palta. J. A., & Siddique. K. H. (2011). Heat stress in wheat during reproductive and grain-filling phases. *Critical Reviews in Plant Sciences, 30*(1-2), 1-17. doi:10.1080/07352689.2011.615687

Feldman. M. (2001). Origin of Cultivated Wheat. *In Bonjean A.P. et W.J. Angus. The World Wheat Book: a history of wheat breeding*, 3-56.

Feldman. M. and Sears. E.R. (1981). The wild gene ressources of wheat. *Scientific American, 244*, 102-112.

Feliachi K., Amroun R. & Khaldoun A. (2001). Impact de la sécheresse sur la production des céréales cultivées dans le nord de l'Algérie. *Céréaliculture-ITGC Algérie*(35), 28-34.

Felsenstein J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution, 39*(4), 783–791. doi:10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x

Fischer R.A. & Connor D.J. (2018). Issues for cropping and agricultural science in the next 20 years. *Field Crops Research, 222*, 121-142. doi:10.1016/j.fcr.2018.03.008

Gallais A. (1990). *Théorie de la sélection en amélioration des plantes*. Dunod, Éditions Masson, Paris.

Ganal M. W., Altmann T. & Röder M. S. (2009). SNP identification in crop plants. *Current Opinion in Plant Biology*, 12(2), 211-217. doi: 10.1016/j.pbi.2008.12.009.

Garcia del Moral LF., Rharrabti Y., Villegas and Royo C. (2003). Evaluation of grain yield and its components in durum wheat under Mediterranean conditions. *An ontogenic approach. Agron. J, 95*(2), 266-274. doi:10.2134/agronj2003.2660

Gate.P. (1995). *Ecophysiologie du blé.* Paris: Ed. Lavoisier.

GIEC. (2014). Changements climatiques 2014 : Rapport de synthèse. Genève, Suisse.

Giraldo P., Benavente E., Manzano-Agugliaro F. & Gimenez E. (2019). Worldwide Research Trends on Wheat and Barley: A Bibliometric Comparative Analysis. *Agronomy, 9*(7), 352. doi:10.3390/agronomy9070352

Goldringer I., Rousset M. et Gallais A. (2001). Évolution de la variabilité génétique du blé tendre au cours du XXe siècle. *Le Sélectionneur Français*(21), 69-79.

Grami. D. et Ben Rejeb. J. (2015). L'impact des changements climatiques sur le rendement de la céréaliculture dans la Région du Nord-Ouest de la Tunisie (Béja). *NEW MEDIT, 14*(4), 36-41.

Grenot, C. (1976). Ecophysiologie du lézard saharien *Uromastix acanthinurus* Bell, 1825 (Agamidae herbivore). Publications du Laboratoire de Zoologie de l'École Normale Supérieure, Paris, n° 7, 323 p.

Gupta P. K., Varshney R. K., Sharma P. C. & Ramesh B. (1999). Molecular markers and their applications in wheat breeding. *Plant Breeding, 118*(5), 369-390. doi:10.1046/j.1439-0523.1999.00401.x

Guzman C., Peña R. J., Singh R., Autrique E., Dreisigacker S., Crossa J., Rutkoski J., Poland J. & Battenfield S. (2016). Wheat quality improvement at CIMMYT and the use of genomic selection on it. *Applied & Translational Genomics, 11*, 3-8. doi:10.1016/j.atg.2016.10.004

Halitim, A. (1988). *Sols des régions arides d'Algérie : écologie, pédogenèse, mise en valeur.* Office des Publications Universitaires (OPU), Alger.

Harlan J.R. (1975). Our vanishing genetics resources. *Science*, 618-621.

Hasanuzzaman M., Borhannuddin Bhuyan M.H.M., Nahar K., Shahadat Hossain Md., Al Mahmud J., Shahadat Hossen Md., Chowdhury Masud A.A., Moumita and Fujita M. (2018). Potassium: A Vital Regulator of Plant Responses and Tolerance to Abiotic Stresses. *Agronomy, 8*(3), 31. doi:10.3390/agronomy8030031

He Z., Lan C., Chen X., Zou Y., Zhuang Q. & Xia X. (2014). Wheat Breeding in China: Review and Prospect. *Journal of Integrative Agriculture, 13*(7), 1333-1345.

Henkrar F., El-Haddoury J., Ouabbou H., Bendaou N. & Udupa S. M. (2016). Genetic diversity and population structure of Moroccan wheat landraces revealed by SSR and functional markers. *3 Biotech, 6*(97). doi:10.1007/s13205-016-0413-y

Holušová K., Vrána J., Šafář J., Šimková H., Balcárková B., Frenkel Z., Darrier B., Paux E., Cattonaro F., Berges H., Letellier T., Alaux M., Doležel J., & Bartoš J. (2017). Physical Map of the Short Arm of Bread Wheat Chromosome 3D. *The Plant Genome*. doi:10.3835/plantgenome2017.03.0021

Hunt J.R., Lilley J.M., Trevaskis B., Flohr B.M., Peake A., Fletcher A., Zwart A.B., Gobbett D. & Kirkegaard J.A. (2019). Early sowing systems can boost Australian wheat yields despite recent climate change. *Nature Climate Change, 9*, 244–247.

Ingram J. & Bartels D. (1996). The molecular basis of dehydration tolerance in plants. *Annual review of plant biology, 47*(1), 377-403.

IPCC. (2022). *Climate Change 2023: Synthesis Report. Contribution of Working Groups I, II and III to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Geneva, Switzerland.

ITGC. (2007). *Guide technique de la culture des céréales*. Institut Technique des Grandes Cultures, Alger

Jones H.G and Jones M.B. (1989). Introduction: some terminology and common mechanisms. (F. T. In: Jones H.G., Éd.) 1–10 pp.

Joukhadar R., Thistlethwaite R. & Daetwyler H.D. (2020). Wheat genomics and the current status of breeding. In: Advances in breeding techniques for cereal crops (Ed. G.

Woodhead). *Burleigh Dodds Science Publishing, Cambridge, UK*, 3-34. doi:10.19103/AS.2019.0052.01

Kalinowski S., Taper M.L. & Marshall T.C. (2007). Revising how the computer program Cervus accommodates geno-typing error increases success in paternity assignment. *Mol. Ecol, 16*, 1099–1106. doi:https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x

Kara K., Mnasri-Rahmani S., Alia Z., Rached-Kanouni M., Hamidechi M.A., Saddoud-Dabbabi O., Beldjazia A. & Missaoui K. (2024). Molecular Characterization, Assessment of Bread Wheat Genotypes Triticum aestivum L. Grown in Algeria using Microsatellites SSR Markers. *Agric Mech Asia Afr Lat Am, 55*(10), 1-15.

Kerby K. and Kuspira J. (1987). The phylogeny of the polyploidy wheat *Triticum aestivum* L.(bread wheat) and Triticum turgidum (macaroni wheat). *Genome, 29*, 722-737. doi:10.1139/g87-124

Kirby E. J. (2002). *Botany of Wheat. In Bread Wheat (FAO Plant Production and Protection Series, No. 30).* Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Kumar S., Sehgal S.K., Kumar U., Prasad P.V.V., Joshi A. K., et Gill B. S. (2012). Genomic characterization of drought tolerance-related traits in spring wheat. *Euphytica, 186*(1), 265–276. doi:10.1007/s10681-012-0675-3

Lambert D., Baker D. et Cole J. (1979). The role of mycorrhizae in the interactions of phosphorus with zinc, copper, and other elements. *Soil Science Society of America Journal, 43*(5), 976-980. doi:10.2136/sssaj1979.03615995004300050033x

Lanouari S. (2024). Les principaux facteurs limitant la production du blé tendre (*Triticum aestivum* L.) au Maroc. *International Journal of Sciences & Technology (IJST)*, 7-15.

Levitt. J. (1981). *Responses of plants to environmental stresses. Volume II. Water, radiation, salt, and other stresses* (éd. 2). Academic Press. doi:10.5555/19810720211

Lev-Yadun S., Gopher A., and Abbo S. (2000). The Cradle of Agriculture. *Science, 288*(5471), 1602-1603. doi:10.1126/science.288.5471.1602

Li X., Bai X., Wu L., Wang C., Liu X., Li Q., Zhang X., Chen F., Lu C., Gao W. & Cheng T. (2025). Mapping of a Quantitative Trait Locus for Stay-Green Trait in Common Wheat. *Plants, 14*(5), 727. doi:10.3390/plants14050727

Lopes M.S., El-Basyoni I., Baenziger P.S., Singh S., Royo C., Ozbek K., Aktas H., Ozer E., Ozdemir F., Manickavelu A., Ban T. & Vikram P. (2015). Exploiting genetic diversity from landraces in wheat breeding for adaptation to climate change. *Journal of Experimental Botany, 66*(12), 3477–3486. doi:10.1093/jxb/erv122

Lopes M.S et Reynolds M.P. (2012). Stay-green in spring wheat can be determined by spectral reflectance measurements (normalized difference vegetation index) independently from phenology. *Journal of Experimental Botany, 63*(10), 3789–3798. doi:10.1093/jxb/ers071

Ludlow. M.M. & Muchow. R.C. (1990). A critical evaluation of traits for improving crop yields in water-limited environments. *Advances in Agronomy, 43*, 107-153. doi:10.1016/S0065-2113(08)60477-0

Mac Fadden E.S and Sears E.S. (1946). *The origin of Triticum spelta and its free threshing hexaploïd relatives. In K.S. Quisenberry and L.P. Reitz: wheat and wheat improvement.* Madison, USA. doi:10.1093/oxfordjournals.jhered.a105590

Mahjoob M.M.M., Gorafi Y.S.A., Kamal N.M., Yamasaki Y., Tahir I.S.A., Matsuoka Y. et Tsujimoto H. (2021). Genome-wide association study of morpho-physiological traits in *Aegilops tauschii* to broaden wheat genetic diversity. *Plants, 10*(2), 211. doi:10.3390/plants10020211

Maury P., Langlade N., Grieu P., Rengel D., Sarrafi A., Debaeke P. & Vincourt P. (2011). Ecophysiologie et génétique de la tolérance à la sécheresse chez le tournesol. *Innovations Agronomiques*(14), 123-138.

Mekhlouf A., Bouzerzour H., Benmahammed A., Sahraoui A. H. & Harkati N. (2006). Adaptation des variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au climat semi-aride. *Sécheresse, 17*(4), 507-513. doi:10.1684/sec.2006.0054

Merabet B. et Boutiba A. (2004). Effet de l'irrigation de complément sur quelques variétés de blé dur dans une région semi-aride (plaine de Chélif). *Annales de l'institut national agronomique El-Harrach, 12*(1-2), 89-107.

Mittler. R. (2002). Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends in Plant Science, 7*(9), 405-410. doi:10.1016/s1360-1385(02)02312-9

Mohi-Ud-Din M., Alamgir H.M., Motiar R.M., Nesar Uddin. M., Sabibul Haque. M., Eldessoky S.D., Alqurashi M. & Salman A. (2022). Assessment of Genetic Diversity of Bread Wheat Genotypes for Drought Tolerance Using Canopy Reflectance-Based Phenotyping and SSR Marker-Based Genotyping. *Sustainability, 14*(16), 9818. doi:10.3390/su14169818

Mondal S., Rutkoski J.E., Velu G., Singh P.K., Crespo-Herrera L.A., Guzmán C., Bhavani S., Lan C., He X. & Singh R.P. (2016). Harnessing Diversity in Wheat to Enhance Grain Yield, Climate Resilience, Disease and Insect Pest Resistance and Nutrition Through Conventional and Modern Breeding Approaches. *Frontiers in Plant Science, 7*. doi:10.3389/fpls.2016.00991

Moule C. (1980). *Les céréales.* Paris: Ed. Maison rustique.

Moulineau. C. (1993). Variation sous contraintes hydriques de la teneur en acides aminées libres foliaires du mil. *Centre d'étude de Cadarache 13108 Saint Paul les Durance Cedex*, 234-244.

Mwadzingeni L., Shimelis H., Dube E., Laing M. D. & Tsilo T. J. (2016). Screening of Bread Wheat Genotypes for Drought Tolerance Using Phenotypic and Proline Analyses. *Frontiers in Plant Science, 7*, 1276. doi:10.3389/fpls.2016.01276

Nadeem M.A., Nawaz M.A., Shahid M.Q., Doğan Y., Comertpay G., Yıldız M., Hatipoğlu R., Ahmad F.S., Alsaleh A., Labuschagne N., Özkan H. & Baloch F.S. (2018). DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment, 32*(2), 261-285. doi:10.1080/13102818.2017.1400401

Nedjraoui D. et Bédrani S. (2008). La désertification dans les steppes algériennes : causes, impacts et actions de lutte. *VertigO - la revue internationale en sciences de l'environnement, 8*(1). doi:10.4000/vertigo.5375

Okada T., Ridma J. E. A., Jayasinghe M., Nansamba M., Baes M., Warner P., Kouidri A., Correia D., Nguyen V., Whitford R. & Baumann U. (2018). Unfertilized ovary pushes wheat flower open for cross-pollination. *Journal of Experimental Botany*, 69(3), 399-412. doi:10.1093/jxb/erx410

Olson M., Hood L., Cantor C. & Botstein D. (1989). A common language for physical mapping of the human genome. *Science, 245*(4925), 1434-1435. doi:10.1126/science.2781285

Oumata S., Monneveux P., Zaharieva M., Mekliche-Hanifi L. & Jacques D. (2023). Variation of morphological traits among wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces from two regions of the Algerian Sahara: Potential interest for wheat breeding. *Genetic Resources and Crop Evolution, 70*, 235–250. doi:10.1007/s10722-022-01429-z

Oumata S., Amouroux P., De Rouw A. and Kane N. A. (2020). Oasis wheats of the South of Algeria: landraces, cultural practices and utilization. *Genetic Resources and Crop Evolution, 67*, 211–230. doi:10.1007/s10722-019-00874-7

Oumata S., (2021). *Diversité des blés oasiens d'Algérie* [Thèse de Doctorat en Sciences Agronomiques]. École Nationale Supérieure Agronomique (ENSA), El Harrach, Alger.

Ozenda, P. (1991). *Flore et végétation du Sahara* (3e éd.). Éditions du C.N.R.S., Paris, 660 p.

Özlem A.S. & Begüm T. (2018). Characterization of some bread wheat genotypes using molecular markers for drought tolerance. *Physiol Mol Biol Plants, 24*(1), 159–166. doi:10.1007/s12298-017-0492-1

Passioura. J. (2007). The drought environment: physical, biological and agricultural perspectives. *Journal of Experimental Botany, 58*(2), 113–117. doi:10.1093/jxb/erl212

Paux E., Sourdille P., Salse J., Saintenac C., Choulet F., Leroy P., Korol A., Michalak M., Kianian S. & Spielmeyer W. (2008). A physical map of the 1 -gigabase bread wheat chromosome 3B. *Science 322(5898)*, 101-104.

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

Penner G. A., Bush A., Wise R., Kim W., Domier L., Kasha K., Laroche A., Scoles G., Molnar S. J & Fedak, G. (1993). Reproducibility of random amplified

polymorphic DNA (RAPD) analysis among laboratories. *PCR Methods and Applications*, 2(4), 341-345. doi: 10.1101/gr.2.4.341.

Porter J. R., & Semenov M. A. (2005). Crop responses to climatic variation. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci, 360*(1463), 2021-2035. doi:10.1098/rstb.2005.1752

Pour-Aboughadareh A., Kianersi F., Poczai P. & Moradkhani H. (2021). Potential of wild relatives of wheat: ideal genetic resources for future breeding programs. *Agronomy, 11*(8), 1656. doi:10.3390/agronomy11081656

Powell W., Morgante M., Andre C., Hanafey M., Vogel J., Tingey S. & Rafalski A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding, 2*(3), 225-238. doi:10.1007/BF00564200

Pritchard J.K., Stephens M., Rosenberg N.A. & Donnelly P. (2000). Association mapping in structured populations. *AJHG, 67*, 170–181. doi:10.1086/302959

Rasheed A., Hao Y., Xia X., Khan A., Xu, Y., Varshney R. K. & He Z. (2017). Crop breeding chips and next-generation sequencing: future of wheat improvement. *Trends in Plant Science, 22*(12), 1048-1071. doi:10.1016/j.tplants.2017.09.009

Remini B., Achour B. et Kechad R. (2010). La foggara en Algérie : un patrimoine hydraulique mondial. *Revue des Sciences de l'Eau / Journal of Water Science, 23*(2), 105-117. doi:10.7202/039903ar

Röder M. S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M. H., Leroy P. & Ganal M. W. (1998). A microsatellite map of wheat. *Genetics, 149*(4), 2007-2023. doi:10.1093/genetics/149.4.2007

Saghai-Maroof M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A & Allard R.W. (1984). Ribosomal DNA sepacer-lengtb polymorphism in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *P. Natl. Acad. Sci, 81*, 8014–8019. doi:10.1073/pnas.81.24.8014

Sahali N. & Sahnoune M. (2023). Regard sur l'évolution de l'espace agricole saharien à travers l'analyse des filières arboricoles. *Revue Nouvelle Économie, 14*(1), 701-718.

Sahnoune F., Belhamel M., Zelmat M. & Kerbachi R. (2013). Climate change in Algeria: vulnerability and strategy of mitigation and adaptation. *Energy Procedia, 36*, 1286-1294. doi:10.1016/j.egypro.2013.07.145

Sall A.T., Chiari T., Legesse W., Seid-Ahmed K., Ortiz R., van Ginkel M. & Bassi F.M. (2019). Durum wheat (*Triticum durum* Desf.): Origin, cultivation and potential expansion in Sub-Saharan Africa. *Agronomy, 9*(5), 263. doi:10.3390/agronomy9050263

Sallam A., Alqudah A.M., Dawood M.F.A., Baenziger P.S. & Börner A. (2019). Drought Stress Tolerance in Wheat and Barley: Advances in Physiology, Breeding and Genetics Research. *International Journal of Molecular Sciences, 20*(13), 3137. doi:10.3390/ijms20133137

Sebbane M. (2021, Novembre 22). Opportunités d'amélioration de la production de blé dur en zone à contrainte hydrique. *Doctorat 3ème, Filière: Sciences agronomiques, Spécialité: production végétale*. Setif, Algérie: Université FERHAT Abbas-Sétif 1.

Sehgal S.A., Tahir R.A. & Nawaz M. (2012). Molecular characterization of wheat genotypes using SSR markers. *Bio Inter-national Journal Automation, 16*(2), 119-128.

Semagn K., Bjørnstad Å. and Ndjiondjop M. N. (2006). An overview of molecular marker methods for plants. *African Journal of Biotechnology, 5*(25), 2540-2568.

Shannon C.E. (1948). Weaver, W. A mathematical theory of communication. *Bell Syst. Tech. J, 27*, 379–423.

Shewry P.R. (2009). Wheat. *Journal of experimental botany, 60*(6), 1537-1553. doi:10.1093/jxb/erp058

Shiferaw B., Smale M., Braun H.J., Duveiller E., Reynolds M. & Wood G. (2013). Crops that feed the world 10. Past successes and future challenges to the role of wheat in global food security. *Food Security, 5*(3), 291-317. doi:10.1007/s12571-013-0263-y

Lev-Yadun S., Gopher A. & Abbo S. (2000). The cradle of agriculture. *Science, 288*(5471), 1602-1603. doi:10.1126/science.288.5471.1602

Simon H., Lecoeur X. and Codaccioni P. (1989). *Produire des céréales à paille.* Technique et Documentation-Lavoisier.

Soltner P. (2005). *Les bases de la production végétales : La plante et son amélioration.* Collection et Techniques Agricoles.

Song L., Wang R., Yang X., Zhang A. & Liu D. (2023). Molecular Markers and Their Applications in Marker-Assisted Selection (MAS) in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agriculture,* 13(3), 642. doi: 10.3390/agriculture13030642

Sork V.L. (2014). Gene flow and natural selection shape spatial patterns of genes in tree populations: implications for evolutionary processes and applications. *Evol Appl, 9*(1), 291-310. doi:10.1111/eva.12316

Steduto P., Hsiao T. C., Fereres E. & Raes D. (2012). *Crop yield response to water.* FAO Irrigation and Drainage Paper No. 66. Rome: FAO

Tarenga L., Hadj-Said S., Zeddouri A. et Taupin J.-D. (2015). La nappe alluviale une ressource vulnérable en zone aride. *Conférence Internationale sur l'Hydrologie des Grands Bassins Fluviaux de l'Afrique.* Hammamet, Tunisie.

Tautz D. (1989). Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research, 17*(16), 6463-6471. doi:10.1093/nar/17.16.6463

Thébert Y. (2005). Royaumes numides et hellénisme. *Afrique & Histoire, 3*(1), 29-37.

Theodore C.H. (1973). Plant Responses to Water Stress. *Annual Review of Plant Biology, 24*, 519-570. doi:10.1146/annurev.pp.24.060173.002511

Türkoğlu A., Haliloğlu K., Mohammadi S.A., Öztürk A., Bolouri P., Özkan G., Bocianowski J., Pour-Aboughadareh A. & Jamshidi B. (2023). Genetic Diversity and Population Structure in Türkiye Bread Wheat Genotypes Revealed by Simple Sequence Repeats (SSR) Marker. *Genes, 14*, 1182. doi:10.3390/genes14061182

Turner N.C., Wright G.C and Siddique K.H.M. (2001). Adaptation of grain legumes (pulses) to water limited environments. *Advances in Agronomy, 14*, 193–231.

Urquijo-Zamora L., Pereira-Lorenzo S., Romero-Rodríguez Á., Lombardero-Fernández M., Ramos-Cabrer A.M. & Fernández-Otero C.I. (2025). Genetic Diversity of Local Wheat (*Triticum aestivum* L.) and Traceability in the Production of Galician Bread (Protected Geographical Indication) by Microsatellites. *Agriculture, 15*(1), 51. doi:10.3390/agriculture15010051

USDA. (2025). *Algeria: Grain and Feed Annual [Algérie : Rapport annuel sur les céréales et l'alimentation animale].* Rapport N° AG2025-0002. Service Agricole Étranger, Département de l'Agriculture des États-Unis (USDA). Récupéré sur https://www.fas.usda.gov/data/algeria-grain-and-feed-annual-9

USDA. (2025, Janvier 28). *NRCS (2025) The PLANTS Database. National Plant Data Team, Greensboro, NC, USA.* Récupéré sur http://plants.usda.gov

Varshney R.K., Graner A. & Sorrells M.E. (2005). Genic microsatellite markers in plants: features and applications. *Trends in Biotechnology, 23*(1), 48-55. doi:10.1016/j.tibtech.2004.11.005

Villegas D., Aparicio N., Blanco R., & Royo C. (2001). Biomass accumulation and main stem elongation of durum wheat grown under Mediterranean conditions. *Annals of Botany, 88*(4), 617-627.

Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., van de Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M. & Zabeau M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research, 23*(21), 4407-4414. doi:10.1093/nar/23.21.4407

Waines J. G. & Hegde S. G. (2003). Intraspecific gene flow in bread wheat as affected by reproductive biology and pollination ecology of wheat flowers. *Crop Science*, 43(2), 451-463. doi: 10.2135/cropsci2003.4510

Wang, S., Wong D., Forrest K., Allen A., Chao S., Huang B. E., Maccaferri M., Salvi S., Milner S.G., Cattivelli L., Mastrangelo A.M ., Whan A., Stephen S., Barker G., Wieseke R. & Akhunov E. (2014). Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90 000 single nucleotide polymorphism array. *Plant Biotechnology Journal, 16*(6), 787-796. doi:10.1111/pbi.12183

Weber J. L. & May P. E. (1989). Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. *American Journal of Human Genetics, 44*(3), 388-396.

Williams J.G., Kubelik A.R., Liva, K.J., Rafalski J.A, & Tingey S.V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research, 18*(22), 6531-6535. doi:10.1093/nar/18.22.6531

Wright. (1951). The genetical structure of populations. *Ann. Eugen, 15*, 323–354.

Xinyao H., Singh P.K., Duveiller E., Dreisigacker S. & Singh R.P. (2013). Development and characterization of International Maize and wheat Improvement Center (CIMMYT) germoplasm for Fusarium head blight resistance. *Springer Netherland*, 241-262. doi:10.1007/978-94-007-7091-1_15

Yang H., Li Y., Li D., Liu L., Qiao Y., Sun H., Liu W., Qiao W., Ma Y., Liu M., Li C. & Dong B. (2022). Wheat escapes low light stress by altering pollination types. *Frontiers in Plant Science,* 13, 924565. doi: 10.3389/fpls.2022.924565

Yannam V. R. R., Lopes M. S. & Soriano J. M. (2025). Optimizing genomic selection models for wheat breeding under contrasting water regimes in a mediterranean environment. *Plant Methods,* 21, 155. doi:10.1186/s13007-025-01467-5

Yokota A., Takahara K., & Akashi K. (2006). Water stress. *Springer, Dordrecht: In Physiology and Molecular Biology of Stress Tolerance in Plants*, 15-39.

Zadoks J.C., Chang T.T. & Konzak C.F. (1974). A decimal code for the growth stages of cereals. *Weed Research, 14*, 415-421. doi:10.1111/j.1365-3180.1974.tb01084.x

Zaharieva M, Bonjean A, Monneveux P (2014). Saharan wheats: before they disappear. *Genet Resour Crop Evol*, 61:1065-1084. https://doi.org/10.1007/s10722-014-0122-5

Zegrary D. (2014). *Caractérisation morpho-physiologique et biochimique de sept génotypes de deux variétés de blé dur cultivé en Algérie [En ligne].* Constantine : Université Constantine 1.

Zhang H., Zhang F., Li G., Zhang S., Zhang Z. & Ma L. (2017). Genetic diversity and association mapping of agronomic yield traits in eighty six synthetic hexaploid wheat. *Euphytica, 213*(111), 1–13. doi:10.1007/s10681-017-1887-3

Zheng Y., Cai Z., Wang Z., Maruza T. M. & Zhang G. (2025). The Genetics and Breeding of Heat Stress Tolerance in Wheat: Advances and Prospects. *Plants,* 14(2), 148. https://doi.org/10.3390/plants14020148

Zohary D., Hopf M., and Weiss E. (2012). *Domestication of Plants in the Old World: The origin and spread of domesticated plants in Southwest Asia, Europe, and the Mediterranean Basin.* Oxford University Press.

ANNEXES

Annexe 01 : Protocole d'extraction d'ADN génomique selon la méthode de Saghai-Maroof *et al.* (1984)

Référence de base : Saghai-Maroof, M. A., Soliman, K. M., Jorgensen, R. A., & Allard, R. W. (1984). Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 81(24), 8014-8018.

1. Préparation des solutions et tampons

- **Tampon d'extraction CTAB (2X) :**
  - CTAB : 2 % (p/v)
  - NaCl : 1,4 M
  - Tris-HCl (pH 8,0) : 100 mM
  - EDTA (pH 8,0) : 20 mM
  - β-mercaptoéthanol : 0,2 % à 1 % (v/v) *(à ajouter sous hotte juste avant l'utilisation)*
- **Mélange Chloroforme / Alcool isoamylique (CIAA) :** Proportions (24:1)
- Isopropanol (froid)
- **Éthanol à 70 % (froid)**
- **Tampon TE (1X) :** 10 mM Tris-HCl (pH 8,0), 1 mM EDTA (pH 8,0)
- **RNase A :** (10 mg/mL)

2. Mode opératoire (Étapes d'extraction)

1. **Broyage du matériel végétal :** Broyer finement 100 à 200 mg de feuilles (fraîches, lyophilisées ou conservées à -80°C) dans un mortier pré-refroidi à l'azote liquide, jusqu'à l'obtention d'une poudre très fine.
2. **Lyse cellulaire :** Transférer rapidement la poudre dans un tube de 1,5 mL ou 2 mL. Ajouter immédiatement 700 à 800 µL de tampon d'extraction CTAB (préchauffé à 60-65°C) et mélanger vigoureusement par inversion.
3. **Incubation :** Incuber les tubes au bain-marie à 60-65°C pendant 30 à 60 minutes. Mélanger doucement par inversion toutes les 10 minutes pour homogénéiser.
4. **Déprotéinisation (Extraction au solvant) :** Retirer les tubes du bain-marie et laisser refroidir quelques minutes. Ajouter un volume égal (environ 700 à 800 µL) du mélange Chloroforme/Alcool isoamylique (24:1). Émulsionner délicatement par inversion pendant 5 à 10 minutes.
5. **Séparation des phases :** Centrifuger à 10 000 - 12 000 tr/min pendant 10 à 15 minutes à température ambiante (ou à 4°C).

6. **Récupération de la phase aqueuse :** Transférer délicatement la phase aqueuse supérieure (contenant l'ADN) dans un nouveau tube propre, en veillant à ne pas prélever l'interphase blanchâtre (contenant les protéines et débris cellulaires).
7. **Précipitation de l'ADN :** Ajouter 0,6 à 1 volume d'isopropanol froid à la phase aqueuse récupérée. Mélanger doucement par retournement jusqu'à l'apparition de la "méduse" d'ADN (précipité blanchâtre). Incuber à -20°C pendant au moins 30 minutes (ou toute la nuit pour augmenter le rendement).
8. **Récupération du culot :** Centrifuger à 12 000 - 14 000 rpm pendant 15 minutes. Éliminer délicatement le surnageant en retournant le tube. Le culot d'ADN doit être visible au fond.
9. **Lavage du culot :** Ajouter 500 µL d'éthanol à 70 % (froid) pour laver le culot (élimination des sels restants). Centrifuger à 12 000 tr/min pendant 5 minutes. Éliminer soigneusement l'éthanol.
10. **Séchage et resuspension :** Laisser sécher le culot à l'air libre (ou à l'étuve à 37°C) pendant 15 à 30 minutes jusqu'à évaporation complète de l'éthanol. Resuspendre le culot dans 50 à 100 µL de tampon TE (ou d'eau stérile de qualité PCR).
11. **Traitement à la RNase (Optionnel mais recommandé) :** Ajouter 1 à 2 µL de RNase A, incuber à 37°C pendant 30 à 60 minutes, puis conserver l'ADN extrait à -20°C.

Annexe 2 : Résultats complémentaires sur *la diversité génétique et la structure des populations par marqueurs SSR*

Cette annexe présente la publication intégrale issue des travaux expérimentaux développés dans le Chapitre II de ce manuscrit. Cet article, intitulé « Genetic diversity and population structure of Saharan bread wheat (Triticum aestivum L.) landraces from Algeria revealed by SSR markers » et publié le 10 Février 2026 dans la revue « International Journal of Computational and Experimental Science and Engineering IJCESEN », détaille spécifiquement la caractérisation moléculaire et l'organisation génétique de notre panel d'écotypes oasiens.

International Journal of Computational and Experimental Science and ENgineering (IJCESEN)

Vol.12 -No.1 (2026) pp. 694-704
http://www.ijcesen.com

ISSN: 2149-9144

Copyright © IJCESEN

Research Article

Genetic diversity and population structure of Saharan bread wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces from Algeria revealed by SSR markers

Mohamed Adel Berrezoug[1]*, Amina Bellatreche[2], Sameh Rahmani Mnasri[3], Abdel Ilah Amrouche[4], Yassine Moustafa Mahdad[5,6]

[1]Laboratory of Functional Agrosystems and Agronomic Chain Technology, Department of Agronomy, Faculty of Natural and Life Sciences, Earth and Universe, Abou-Bekr-Belkaïd University. 22, Rue Abi Ayad Abdelkrim, Fg Pasteur B.P 119, Tlemcen 13000, Algeria

*** Corresponding Author Email:** masteragronomie@gmail.com - **ORCID:** 0009-0007-3276-2877

[2]Laboratory of Applied genetic in agriculture, ecology and public health, Department of Agronomy, Abou-Bekr-Belkaïd University. Department of Biology, Faculty of Natural and Life Sciences, Earth and Universe. 22, Rue Abi Ayad Abdelkrim, Fg Pasteur B.P 119, Tlemcen 13000, Algeria

Email: amina_agronomie@yahoo.fr - **ORCID:** 0000-0003-0040-7444

[3]National Gene Bank of Tunisia, Street Yasser Arafet, 1080 Charguia 1. Tunis, Tunisia

Email: mnasrisameh@yahoo.fr - **ORCID:** 0000-0002-9838-8618

[4]Laboratory of Sustainable Management of Natural Resources in Arid and Semi-arid Areas, SNV Department, Institute of Sciences, University Center of Salhi Ahmad, P.O. Box 66, Naâma 45000, Algeria

Email: abdelillahamrouche@gmail.com - **ORCID:** 0000-0001-8701-3821

[5]Laboratory of Applied genetic in agriculture, ecology and public health, Department of Agronomy, Abou-Bekr-Belkaïd University. Department of Biology, Faculty of Natural and Life Sciences, Earth and Universe. 22, Rue Abi Ayad Abdelkrim, Fg Pasteur B.P 119, Tlemcen 13000, Algeria

[6]Laboratory of Sustainable Management of Natural Resources in Arid and Semi-arid Areas, SNV Department, Institute of Sciences, University Center of Salhi Ahmad, P.O. Box 66, Naâma 45000, Algeria

Email: ya.crag@gmail.com - **ORCID:** 0000-0002-5993-1825

Article Info:

DOI: 10.22399/ijcesen.4896
Received: 05 December 2025
Revised: 27 January 2026
Accepted: 07 February 2026

Keywords

Genetic diversity
Population structure
Saharan landraces
SSR markers
Arid-zone adaptation

Abstract:

Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivation in the Algerian Sahara relies on traditional landraces that have evolved to withstand extreme hyper-arid environmental conditions. These local populations represent a vital yet under-utilized genetic resource for modern breeding programs aiming to improve drought and heat tolerance. This study investigated the genetic diversity and population structure of 16 local landraces collected from the Adrar and Tamanrasset regions in southern Algeria. Genotyping was performed using 13 polymorphic simple sequence repeat (SSR) markers selected for their reliable genome coverage. Genetic diversity parameters were estimated using standard metrics, while population structure was analyzed using Bayesian clustering approaches and Principal Coordinate Analysis (PCoA). Results revealed a total of 72 alleles across the studied loci, with a mean of 5.54 alleles per locus. The genetic diversity indices indicated a moderate level of diversity, with a mean polymorphic information content (PIC) of 0.57, a mean expected heterozygosity (He) of 0.573, and a mean observed heterozygosity (Ho) of 0.271. Analysis of Molecular Variance (AMOVA) revealed that the majority of genetic variation resided among individuals (56%) and within individuals (32%), with a significant 12% attributed to genetic differentiation between the two geographic populations. Bayesian STRUCTURE analysis and PCoA consistently identified two distinct genetic pools that largely corresponded to the geographic origin of the accessions, although some admixture was observed. Overall, the results demonstrate substantial genetic variability and a clear structured population pattern within Saharan bread wheat. These landraces represent a valuable genetic resource for conservation strategies and for future research and breeding efforts targeting wheat improvement under water-limited environments.

1. Introduction

Climate change poses an escalating threat to global agricultural productivity, particularly in arid and semi-arid regions where abiotic stresses such as water scarcity, extreme heat, and soil salinity severely limit crop potential. To maintain food security in these vulnerable environments, enhancing crop resilience has become a priority. This requires the identification, conservation, and effective utilization of genetic resources that possess adaptive traits for marginal conditions. Traditional landraces, which have evolved over centuries under the pressure of local environments and farmer selection, represent unique reservoirs of genetic variability. Unlike modern high-yielding varieties, which often have a narrow genetic base due to intensive selection for favorable conditions, landraces retain allelic diversity that confers tolerance to biotic and abiotic stresses [1] ; [2]. Consequently, characterizing these genetic resources has gained increasing importance in breeding programs targeting drought-prone agroecosystems [3].

Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is the most widely cultivated cereal worldwide, occupying over 17% of global arable land and providing nearly 20% of the daily caloric and protein intake for the human population [4] ; [5]. Despite its critical role in food security, wheat yield stagnation has become a major concern, especially as global food demand is projected to rise by 40% by 2030 and could potentially double by 2050 [6] ; [7] ; [8]. The situation is particularly critical in North Africa, a region identified as a climate change "hotspot," where wheat productivity remains heavily constrained by recurrent drought, erratic rainfall, poor soil fertility, and limited success in genetic improvement programs adapted to local constraints [9] ; [10].

In Algeria, wheat is a strategic commodity and a dietary staple; however, national production is far from meeting domestic needs. Average yields remain low, reaching only 1.4 t/ha in 2021, while wheat imports are projected to exceed 7 million tons in 2024 [11] ; [12]. Reducing this import dependency requires a shift towards more resilient agricultural systems and the valorization of local germplasm. In this context, the southern Saharan regions of Adrar and Tamanrasset offer a unique opportunity. These hyper-arid regions maintain traditional *T. aestivum* landraces cultivated under ancient oasis-based systems. These populations have been naturally selected for survival under extreme heat and water stress, exhibiting phenotypic traits such as early maturity and stability under harsh conditions [13] ; [14]. Understanding and conserving these Saharan landraces is therefore not only a matter of heritage preservation but a crucial component of a broader strategy to increase national crop resilience. Despite their proven agronomic potential, these local varieties remain poorly characterized at the molecular level. While phenotypic evaluations have been conducted, genetic studies on Algerian bread wheat remain limited [15].

Molecular markers, particularly Simple Sequence Repeats (SSRs), are powerful tools for assessing genetic diversity and population structure in self-pollinating crops due to their codominant inheritance, high polymorphism, and genome-wide distribution [16] ; [17]. Although a pioneering study by [18] provided preliminary insights, a comprehensive analysis of the genetic architecture of landraces from the hyper-arid South is still lacking. To bridge this gap, it is essential to analyze the genetic variation of this germplasm, particularly using markers located near genomic regions associated with drought tolerance, to better understand their adaptive potential.

Recent Genome-Wide Association Studies (GWAS) have successfully identified SNP loci and candidate genes associated with drought-related traits in bread wheat [19] ; [20]. Such genomic analyses are therefore crucial not only to understand the evolutionary dynamics and adaptive potential of these genotypes, but also to provide concrete genomic targets to inform breeding strategies for improving wheat resilience in arid and marginal environments.

Therefore, the present study aims to characterize the molecular diversity of Saharan bread wheat landraces to support their conservation and utilization. Specifically, the objectives were to: (i) assess SSR-based genetic diversity and population structure of landraces collected from Adrar and Tamanrasset; and (ii) identify the most informative SSR loci for discriminating this germplasm. By providing a detailed genetic baseline, this study intends to facilitate the integration of these resilient landraces into future breeding efforts targeting wheat improvement for arid and water-limited environments.

2. Material and Methods

2.1 Plant material

Sixteen bread wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces were collected from the Adrar and Tamanrasset regions (Table 1). For molecular analysis, genomic DNA was isolated from fresh

young leaves of 7-day-old seedlings obtained via *in vitro* germination.

2.2 DNA isolation and SSR analysis

Total genomic DNA was extracted from fresh young leaves at the 3-leaf stage using the CTAB method described by [21]. For each accession, leaf tissue was pooled from multiple individual plants to obtain a representative bulk sample. DNA isolation was conducted at the National Gene Bank of Tunisia (BNG). The quality and concentration of the DNA were determined through 0.8% agarose gel electrophoresis and with a Nanodrop spectrophotometer (BioSpec-nano; Shimadzu Biotech).

Genetic profiling was performed using thirteen SSR primers (Table 2) selected from the International Wheat Microsatellite Consortium (WMC). These primers are highly polymorphic and provide wide genome coverage, spanning chromosomes 1A, 1B, 1D, 2A, 2D, 3B, 4B, 5A, 5D, 6D, 7A, and 7D. Additionally, specific primers were selected from genomic regions previously associated with drought- and heat-related quantitative trait loci (QTLs) [22] and [23]

Table 1. *Origin, collection sites, and local names of 16 Saharan bread wheat (Triticum aestivum L.) accessions from Algeria*

Region	Accession	Collection site	Longitudes (E)	Latitudes (N)	Altitude (m)
Adrar	Omroukba	Zaouiat Kounta	0°12'00.52	27°13'00.28	189
	Sabagha	Touat	0°14'12.69	27°51'25.92	269
	El Farh	Tilouline	0°08'24.00	27°05'48.00	170
	Bemmebrouk	Aguil	0°17'38.00	27°52'27.40	258
	Amouch	Deldoul	0°15'34.77	29°01'10.40	282
	Belmebrouk	Zaouiat	0°14'18.29	29°15'41.81	288
	El Menea	El Habla Tsabit	0°13'06.97	28°21'01.45	260
	Bahamoud	Zaouiat	0°14'18.29	29°15'41.81	288
Tamanrasset	Bourabraa	Abalessa	4°04'10.36	22°11'16.00	601
	Bent M'barak1	Tazrouk	6°15'40.92	23°25'17.12	1814
	Manga3	Abalessa	4°04'10.36	22°11'16.00	601
	Tarouzi	Abalessa	4°04'10.36	22°11'16.00	601
	Hribcha	Aïn Amguel	3°25'19.93	24°32'28.27	633
	Manga El Beyda	Idless	5°56'03.64	23°49'03.80	1398
	Labyadh	Tazrouk	6°15'40.92	23°25'17.12	1814
	Manga	Idless	5°56'03.64	23°49'03.80	1398

2.3 PCR amplification and electrophoresis

PCR amplification was performed in a 20 µL reaction volume containing 50 ng genomic DNA, 4.0 mM $MgCl_2$,, 200 µM of each dNTP, 0.25 µM of each primer, 0.4 U Hot-start Taq polymerase, and 1× PCR buffer. Amplifications were carried out in a thermal cycler under the following conditions: initial denaturation at 95°C for 3 min; followed by 35 cycles of 95°C for 30 s, primer-specific annealing temperature (Table 2) for 1 min, and 72°C for 30 s; with a final extension at 72°C for 10 min. PCR products were separated on 3% agarose gels in 1× TAE buffer, stained with ethidium bromide, and visualized under UV light. Fragment sizes were estimated by comparison with 50 bp and 100 bp DNA ladders.

2.4 Analysis of molecular data

Allelic profiles of the 16 bread wheat genotypes, generated using 13 SSR markers, were compiled into a matrix based on allele sizes for each microsatellite locus. This dataset was analyzed using GenAlEx v6.5 [24] to calculate the number of alleles per locus (Na), effective number of alleles (Ne), Shannon's information index (I) [25], observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He), and fixation index (F) [26]. GenAlEx was also employed to perform Principal Coordinate Analysis (PCoA) based on inter-individual relationships derived from Nei's unbiased pairwise genetic distance matrix. Molecular variance within and among populations was assessed through Analysis of Molecular Variance (AMOVA).Additionally, the informativeness of the SSR primers was evaluated using Cervus 3.0 software [27], which calculated the polymorphic information content (PIC) for each marker [28].The sizes of the SSR amplified bands

were utilized to compute Jaccard's dissimilarity coefficients. The correlation between Jaccard and Dice distance matrices was assessed by a Mantel test with 1,000 permutations, revealing a strong correlation ($r = 0.99$, $p < 0.001$). The Jaccard matrix subsequently informed the construction of phylogenetic tree topologies using the neighbor-joining (NJ) method. This analysis was conducted with 1,000 replications, employing DARwin software version 6.0.010 [29].

Genetic structure was inferred using a Bayesian clustering algorithm implemented in STRUCTURE v2.3.4 [30]. The analysis was conducted using an admixture model with uncorrelated allele frequencies, suitable for local populations where historical gene flow may have occurred. Ten independent runs were performed for each value of K ($K = 1–10$), with a burn-in period of 100,000 iterations followed by 100,000 Markov Chain Monte Carlo (MCMC) iterations. The most probable number of genetic clusters (K) was inferred using the ΔK method of [31].

Table 2. *Characteristics of 13 SSR primers used for genetic diversity analysis of 16 Saharan bread wheat (Triticum aestivum L.) landraces*

Primer	Sequences	Chromosome location	Annealing temperatures	Alleles size (pb)
Gwm131 F	AATCCCCACCGATTCTTCTC	1B	55	130 – 300
Gwm131 R	AGTTCGTGGGTCTCTGATGG			
Gwm325 F	TTTCTTCTGTCGTTCTCTTCCC	6D	52	138 – 152
Gwm325 R	TTTTTACGCGTCAACGACG			
Gwm165 F	TGCAGTGGTCAGATGTTTCC	4B	52	180 – 290
Gwm165 R	CTTTTCTTTCAGATTGCGCC			
Gwm129 F	TCAGTGGGCAAGCTACACAG	5A	52	130 – 400
Gwm129 R	AAAACTTAGTAGCCGCGT			
Gwm174 F	GGGTTCCTATCTGGTAAATCCC	5D	54	210
Gwm174 R	GACACACATGTTCCTGCCAC			
Gwm99 F	AAGATGGACGTATGCATCACA	1A	54	120 – 165
Gwm99 R	GCCATATTTGATGACGCATA			
Gwm111 F	TCTGTAGGCTCTCTCCGACTG	7D	54	130 – 250
Gwm111 R	ACCTGATCAGATCCCACTCG			
Barc11 F	GCGATGCGTGTAAAGTCTGAAGATGA	2D	55	80 – 300
Barc11 R	GCGTCCATGGAGCTCTGTTTTATCTGA			
Barc101 F	GCTCCTCTCACGATCACGCAAAG	3B	55	60 – 200
Barc101 R	GCGAGTCGATCACACTATGAGCCAATG			
Barc108 F	GCGGGTCGTTTCCTGGAAATTCATCTAA	7A	55	100 – 260
Barc108 R	GCGAAATGATTGGCGTTACACCTGTTG			
Barc126 F	CCATTGAAACCGGATTTGAGTCG	7D	56	200 – 250
Barc126 R	CGTTCCATCCGAAATCAGCAC			
Wmc177 F	AGGGCTCTCTTTAATTCTTGCT	2A	57	115 – 295
Wmc177R	GGTCTATCGTAATCCACCTGTA			
Wmc179 F	CATGGTGGCCATGAGTGGAGGT	1D	56	110 – 300
Wmc179R	CATGATCTTGCGTGTGCGTAGG			

3. Results and Discussions

3.1 Results

3.1.1 Genetic diversity parameters

The analysis of genetic diversity using 13 SSR markers revealed significant allelic variation among

the 16 bread wheat accessions. A total of 72 alleles were detected across the analyzed SSR loci, reflecting a high level of polymorphism among Saharan wheat accessions. The number of alleles (Na) per locus ranged from 1 (*Barc126*, *Wmc179*) to 11 (*Gwm174*, *Gwm111*), with a mean of 5.54. The effective number of alleles (Ne) varied from 1.000 to 8.182 (mean = 3.341). Shannon's information index (I) ranged from 0.000 to 2.231, with an average of 1.221. Observed heterozygosity (Ho) ranged from 0.000 to 1.000 (mean = 0.271), while expected heterozygosity (He) ranged from 0.000 to 0.878 (mean = 0.573). The mean Ho was lower than He, which is consistent with the self-pollinating nature of wheat, although some loci (e.g., *Gwm111*) displayed high heterozygosity. The Polymorphism Information Content (PIC) ranged from 0.000 to 0.870, with a mean value of 0.570, indicating that the markers used were highly informative (Table 3).

Table 3. *Genetic diversity parameters revealed by 13 SSR markers in 16 Saharan bread wheat (Triticum aestivum L.) accessions.*

Locus	Na	Ne	I	Ho	He	F	PIC
Gwm131	8	4.225	1.698	0.692	0.763	0.093	0.760
Gwm325	5	3.846	1.471	0.200	0.740	0.730	0.740
Gwm165	6	2.273	1.167	0.733	0.560	-0.310	0.560
Gwm129	3	1.744	0.765	0.000	0.427	1.000	0.420
Gwm174	11	5.844	2.044	0.667	0.829	0.196	0.820
Gwm99	6	3.449	1.484	0.154	0.710	0.783	0.710
Gwm111	11	8.182	2.231	1.000	0.878	-0.139	0.870
Barc11	4	2.048	0.939	0.077	0.512	0.850	0.510
Barc101	6	3.261	1.430	0.000	0.693	1.000	0.690
Barc108	4	2.390	1.055	0.000	0.582	1.000	0.580
Barc126	1	1.000	0.000	0.000	0.000	NaN	0.000
Wmc179	1	1.000	0.000	0.000	0.000	NaN	0.000
Wmc177	6	4.172	1.594	0.000	0.760	1.000	0.760
Total	72	43.435					
Mean	5.538	3.341	1.221	0.271	0.573	0.077	0.570

Na = No. of Different Alleles; Ne = No. of Effective Alleles ($1 / \sum pi^2$); I = Shannon's Information Index ($-\sum pi \times ln(pi)$); Ho = Observed Heterozygosity (number of heterozygotes / N); He = Expected Heterozygosity ($1 - \sum pi^2$);
F = Fixation Index; PIC = Polymorphism Information Content; NaN: Not Calculated (monomorphic locus)

3.1.2 Analysis of molecular variance (AMOVA)

The Analysis of Molecular Variance (AMOVA) was performed to assess the partitioning of genetic diversity between the two geographic regions (Adrar and Tamanrasset). The results indicated that only 12% of the total genetic variance was explained by differences between these regions (Table 4). The majority of the genetic variation (56%) was found among individuals within populations, while 32% was attributed to variation within individuals. This high level of intra-population diversity suggests significant genetic heterogeneity within the local wheat landraces cultivated in these oases.

3.1.3 Principal Coordinate Analysis (PCoA)

The Principal Coordinate Analysis (PCoA), based on Nei's genetic distance, showed that the first three axes accounted for 19.19%, 16.21%, and 11.46% of the total genetic variation, respectively. Collectively, the first two axes explained 35.40% of the variation, while the total diversity explained by the three axes reached 46.86%. The PCoA plot differentiated the bread wheat genotypes into two main groups (Figure 1). The first group, positioned on the left side of the plot, included most accessions from the Adrar region. Within this group, two subclusters were observed: one comprised *Amouch*, *El Menea*, and *Bemmebrouk*, and the second included *Sabagha* and *El Farh*. The second group, on the right side, consisted mainly of accessions from Tamanrasset, with two subclusters: one included *Tarouzi*, *Bourabraa*, *Bahamoud*, and *Belmebrouk*; the other grouped *Manga3*, *Bent M'barak1*, *Manga*, *Labyadh*, and *Manga* El *Beyda*. Two accessions showed distinct positions: *Omroukba* (from Adrar) clustered among Tamanrasset accessions, while *Hribcha* (from Tamanrasset) appeared isolated. Comparison with STRUCTURE results suggests that these atypical positions may reflect potential admixture or distinct genetic backgrounds for these specific accessions.

Table 4. *Analysis of molecular variance (AMOVA) among 16 Algerian Saharan bread wheat (Triticum aestivum L.) accessions using 13 SSR markers.*

Source	Df	SS	MS	Est. Var.	%
Among Pops	1	16.313	16.313	0.588	12
Among Indiv	14	96.563	6.897	2.683	56
Within Indiv	16	24.500	1.531	1.531	32
Total	31	137.375		4.803	100

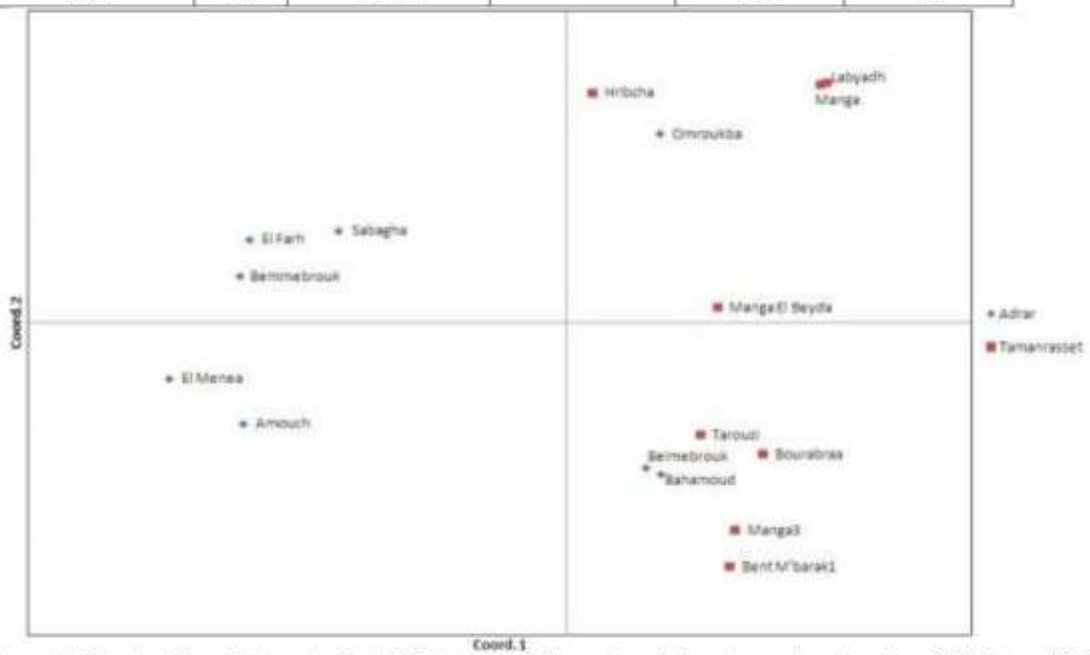


Figure 1. *Principal Coordinates Analysis (PCoA) of 16 Saharan bread wheat accessions based on SSR data and Nei's genetic distance. The first three axes explained 46.86% of the total variation, revealing a partial separation among accessions from different regions*

3.1.4 Genetic relationships and population structure

Bootstrapping analysis of the neighbor-joining (NJ) tree revealed clear differentiation among all accessions, with genetic identity values ranging from 0.023 to 0.93. The highest similarity was observed between *Manga* and *Labyadh*, while the lowest was between *Hribcha* and *El Farh*. The neighbour-joining dendrogram (Figure 2) revealed three main clusters, supported by bootstrap values ranging from 20% to 100%. Cluster I included three subclusters: *Manga3* with *Bent M'barak1*, *Tarouzi* with *Bourabraa*, and *Bahamoud* with *Belmebrouk*. Cluster II consisted of four subclusters: *Manga* with *Labyadh*, *Manga El Beyda*, *Hribcha*, and *Omroukba*. Cluster III comprised *El Menea* with *Amouch*, *Bemmebrouk*, *El Farh*, and *Sabagha*.

Regarding population structure, the Bayesian clustering analysis performed in STRUCTURE provided complementary insights. Consistent with the clustering approach described by [32] and using the method of [31], a clear peak in ΔK was observed at K = 2 (Figure 3). Support for higher K values was substantially lower, as ΔK dropped sharply beyond K = 2, suggesting no further significant substructure. This indicates that the optimal number of genetic clusters is two. This result was supported by the bar plot of population structure (Figure 4), where individuals were assigned to two distinct gene pools. Group 1 (red), predominantly representing the Adrar region, included *Omroukba*, *Sabagha*, *El Farh*, *Bemmebrouk*, *Amouch*, and *El Menea*, along with three accessions from Tamanrasset (*Belmebrouk*, *Bahamoud*, and *Hribcha*), suggesting potential gene flow. Group 2 (green) consisted exclusively of accessions from Tamanrasset, comprising *Bourabraa*, *Bent M'barak1*, *Manga3*, *Tarouzi*, *Manga El Beyda*, *Labyadh*, and *Manga*. Overall, this clustering pattern was largely consistent with the groupings observed in PCoA and NJ analyses, although *Omroukba* and *Hribcha* showed the most atypical positions across the different methods.

3.2 Discussions

3.2.1 Genetic diversity patterns and marker utility

Understanding the genetic structure and diversity of Saharan bread wheat landraces is essential for conserving adaptive variation and supporting

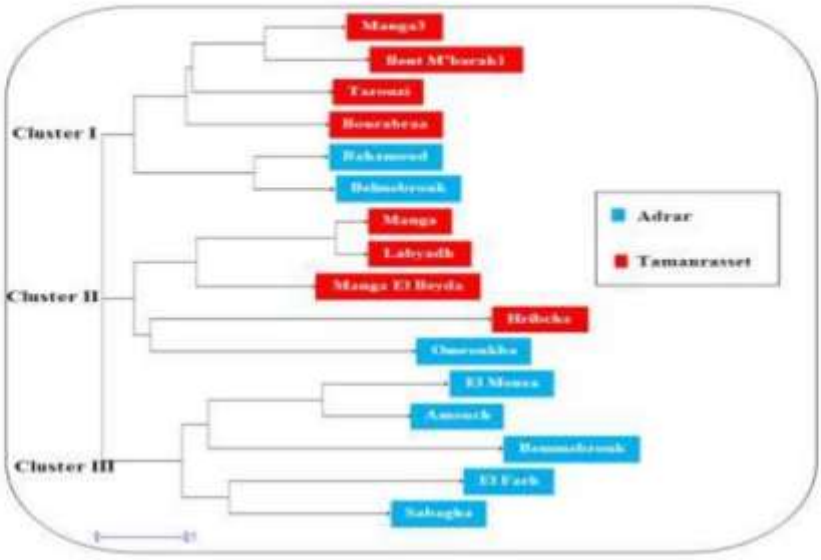


Figure 2. *Neighbor-joining (NJ) tree of 16 Saharan bread wheat accessions based on Jaccard's genetic distances*

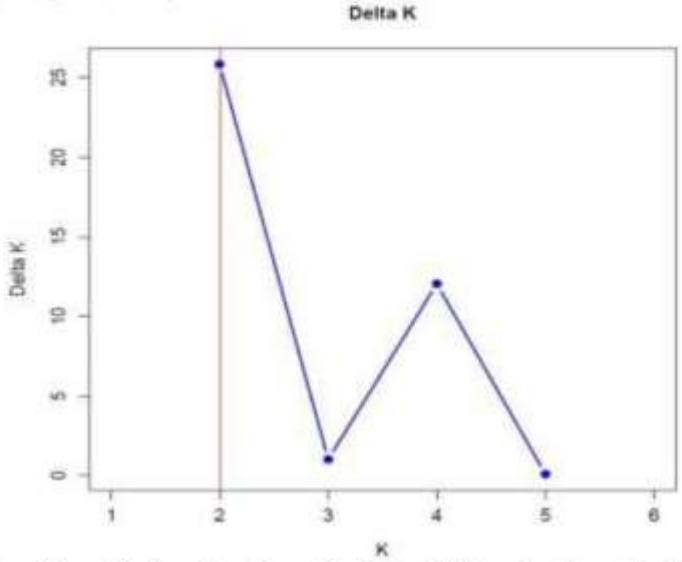


Figure 3. *Determination of the optimal number of genetic clusters (K) based on the method of* [31]. *The clear peak in ΔK observed at K = 2 indicates the most probable number of genetic groups within the studied accessions*

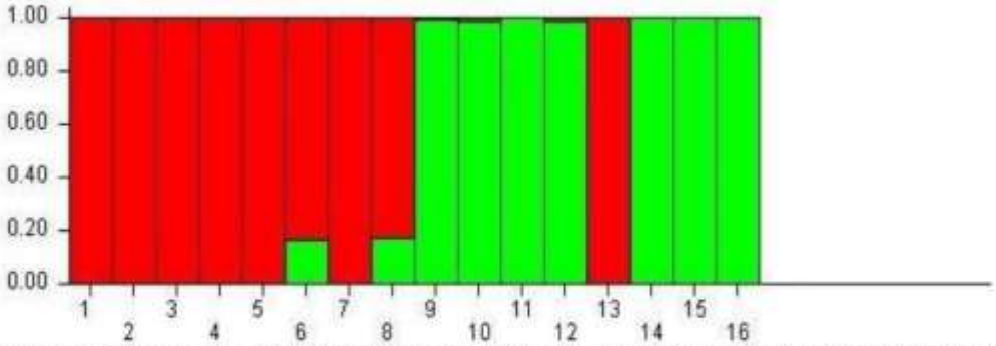


Figure 4. *Bar plot of population structure for 16 Saharan bread wheat accessions inferred by STRUCTURE analysis at K=2. Each vertical bar represents a single individual, and the colors indicate the proportional membership to the two identified gene pools (Group 1: Red; Group 2: Green).*

breeding efforts aimed at improving drought resilience [33] ; [34]. The findings of this study reveal that despite the harsh environmental conditions of the Algerian Sahara, marked by prolonged drought and extreme temperatures, local wheat populations maintain a remarkably high level of genetic diversity.

The analysis revealed a moderate level of genetic diversity across the population, with a mean number of alleles (Na) of 5.54, a mean effective number of alleles (Ne) of 3.34, and a mean expected heterozygosity (He) of 0.573. However, considerable variation was observed among markers, with some loci such as Gwm111 reaching high values (He = 0.878). *Gwm111* has previously been identified as highly informative in wheat genotypes evaluated under drought-prone environments [35], confirming its high discriminatory power. These diversity levels are higher than those previously reported for Saharan germplasm [36] ; [37] and align with recent findings in similar marginal environments [38], suggesting that these landraces have retained substantial allelic richness. This may be attributed to traditional farming practices, such as seed exchange among farmers, which counteract the effects of regional isolation and genetic drift [39]. It is worth noting that the genetic diversity observed in this study (He = 0.573) is comparable to, or even higher than, diversity levels reported in some global collections of bread wheat. This implies that while modern elite cultivars often suffer from genetic erosion due to intensive selection [40], Saharan oases act as reservoirs of allelic variation. Regarding marker utility, the Polymorphism Information Content (PIC) indicated that the selected SSRs were highly informative, with a mean value of 0.57. This mean PIC value is slightly lower than values reported for larger, multi-country panels [41] ; [42], but reflects the high genetic differentiation of local populations. While *Gwm174* is generally regarded as weakly polymorphic in broader wheat collections, it exhibited notable variability in the present study. This suggests that specific loci may be hyper-variable in Saharan populations due to local adaptation or distinct evolutionary histories, making them particularly useful for discriminating germplasm in arid regions [43].

The fixation index (F) varied significantly across loci. As expected for a predominantly self-pollinating species like wheat, many markers (e.g. *Gwm129*, *Barc101*) showed high levels of homozygosity (F ≈1). However, the negative F values observed for other loci indicate an excess of heterozygotes. This heterozygosity might be maintained by occasional outcrossing events, which are known to occur in landraces, or could be a signature of artificial selection favoring specific heterozygous genotypes in traditional farming systems.

3.2.2 Population structure and local adaptation

The analysis of molecular variance (AMOVA) and Bayesian clustering revealed a clear genetic structure organized into two main gene pools, largely corresponding to the geographic regions of Adrar and Tamanrasset. Comparable spatially structured patterns have been reported in other stress-prone environments [44], supporting the idea that environmental gradients play a major role in shaping genetic diversity. This geographic differentiation was further supported by the presence of private alleles specific to each region, highlighting the unique contribution of each population to the overall genetic diversity. However, the AMOVA also revealed a substantial proportion of variation within individuals (32%). Although bread wheat is primarily autogamous, this result suggests the presence of residual heterozygosity, likely resulting from the heterogeneous nature of landrace seed stocks rather than recent mutation.

Interestingly, the genetic clustering observed here mirrors morphological differentiation reported in previous studies, where Adrar and Tamanrasset populations differed in spike architecture and grain size [45]. This congruence between molecular and phenotypic divergence suggests that the observed genetic structure is not merely a result of isolation by distance, but likely reflects genetic isolation and potentially selection pressures exerted by specific local micro-environments and farmers in these two oases. The identification of admixed individuals (e.g. *Hribcha*) further points to historical or recent seed exchange routes between these seemingly isolated regions.

3.2.3 Implications for conservation and breeding

Given the distinct genetic structure identified between Adrar and Tamanrasset, a conservation strategy focusing on a single location would arguably fail to capture the total diversity of Algerian Saharan wheat. Therefore, our results support an *in situ* conservation approach to maintain these landraces in their respective oases, allowing continued evolution under changing climatic conditions and preventing the genetic erosion threatening traditional germplasm [40].From an applied perspective, these results provide valuable insights for wheat improvement programmes. The identification of private alleles and structured gene

pools offers opportunities for the development of pre-breeding populations that incorporate drought resilience traits. Integrating molecular markers such as *Gwm111* and *Gwm174* into breeding pipelines could accelerate the selection of superior genotypes [46]. However, further work is required to confirm marker-trait associations through phenotyping under controlled water-deficit conditions [47] and to determine whether these allelic patterns are region-specific or reflect broader adaptation mechanisms [48]. Finally, since SSR markers are neutral, future research should prioritize genotyping with high-density markers, such as SNPs, to enable Genome-Wide Association Studies (GWAS). Integrating these genomic tools with precise phenotypic data, such as the agronomic evaluations by [45] under drought stress, will be crucial to pinpoint the genomic regions responsible for adaptation and to facilitate marker-assisted selection for climate-resilient cultivars [46].

3.2.4 Limitations and future perspectives

Finally, we acknowledge certain limitations of this study. The sample size (16 accessions) and the number of markers (13 SSRs), while sufficient for a baseline assessment of diversity, limit the power of fine-scale population structure inference. Additionally, the use of agarose gel electrophoresis, although cost-effective, has lower resolution than capillary electrophoresis, potentially underestimating the total number of alleles. Future studies should prioritize high-throughput genotyping (e.g., SNPs) and exhaustive sampling to validate these findings. Furthermore, while the observed structure correlates with geographic origin, the link to drought adaptation remains hypothetical and requires validation through physiological assays.

4. Conclusions

This study provides a comprehensive assessment of the genetic diversity and population structure of Saharan bread wheat (*Triticum aestivum* L.) landraces. The results reveal substantial allelic richness and moderate genetic diversity. In particular, the marker *Gwm174*, often reported as low-polymorphic in global collections, exhibited high informativeness in this study, highlighting the specific genetic variability maintained in these Saharan populations. The Bayesian clustering analysis (K=2) identified two distinct gene pools largely corresponding to the Adrar and Tamanrasset regions, suggesting that environmental gradients and traditional seed management play a major role in shaping genetic differentiation. While the observed variation reflects population history rather than proven functional adaptation, these landraces represent a crucial genetic reservoir. Conserving this germplasm is essential to prevent genetic erosion, and future research integrating high-density genotyping with phenotypic screening will be key to unlocking their potential for breeding drought-resilient varieties.

Author Statements:

- **Ethical approval:** This article does not contain any studies with human participants or animals performed by any of the authors.
- **Conflict of interest:** The authors declare that they have no known competing financial interests or personal relationships that could have appeared to influence the work reported in this paper.
- **Acknowledgement:** The authors express their gratitude to the Team Leader of the laboratory at the Laboratory for the Sustainable Management of Natural Resources in Arid and Semi-Arid Zones at the University Center Salhi Ahmed Naama, Algeria, for his support, guidance, and contribution. The authors also thank the National Gene Bank (BNG) of Tunisia, represented by its General Manager, for his support. This research did not receive any specific grant from funding agencies in the public, commercial, or not-for-profit sectors.
- **Author contributions:** All authors contributed to the study conception, design, and data analysis, and read and approved the final manuscript.
- **Funding information:** The authors received no specific funding for this work.
- **Data availability statement:** The datasets generated during and/or analysed during the current study are available from the corresponding author on reasonable request.

References

[1] S. Ceccarelli, «Efficiency of Plant Breeding,» *Crop Science*, vol. 55(1), pp. 87-97, 2015, DOI: 10.2135/cropsci2014.02.0158.

[2] Halewood M., Chiurugwi T., Hamilton R. S., Kurtz B., Marden E., Welch E., Michiels F., Mozafari J., Sabran M., Patron N., Kersey P., Bastow R., Dorius S., Dias S., McCouch S. & Powell W., «Plant genetic resources for food and agriculture: opportunities and challenges emerging from the science and information technology revolution,» *New Phytologist Foundation*, vol. 217(4), pp. 1407-1419, 2018, DOI:10.1111/nph.14993.

[3] Lopes M.S and Reynolds M.P., «Stay-green in spring wheat can be determined by spectral reflectance measurements (normalized difference vegetation index) independently from phenology,»

Journal of Experimental Botany, vol. 63(10), p. 3789–3798, 2012, DOI: 10.1093/jxb/ers071.

[4] Shi X. & Ling H-Q., «Current advances in genome sequencing of common wheat and its ancestral species,» *The Crop Journal,* vol. 6(1), pp. 15-21, 2017, DOI:10.1016/j.cj.2017.11.001.

[5] Bapela T., Shimelis H., Tsilo T.J. & Mathew I., «Genetic Improvement of Wheat for Drought Tolerance: Progress, Challenges and Opportunities,» *Plants,* vol. 11(10), p. 1331, 2022, DOI: 10.3390/plants11101331.

[6] Reynolds M., Foulkes J., Furbank R., Griffiths S., King J., Murchie E., Parry M. & Slafer G., «Achieving yield gains in wheat,» *Plant, cell & Environment,* vol. 35(10), pp. 1799-1823, 2012, DOI: 10.1111/j.1365-3040.2012.02588.x.

[7] Dixon J., Braun H-J., Kosina P. & Crouch J, «Wheat facts & futures 2009,» CIMMYT, Mexico City, Mexic, 2009.

[8] Li Y-C., Korol A.B., Tzion F. & Eviatar N., «Microsatellites within genes: structure, function, and evolution,» *Mol Biol Evol,* vol. 21(6), pp. 991-1007, 2004, DOI: 10.1093/molbev/msh073.

[9] Nielsen N.H., Gunter B., Jens S., Stig U.A. & Jahoor A., «Genetic diversity and population structure analysis of European hexaploid bread wheat (Triticum aestivum L.) varieties,» *PLOS ONE,* vol. 9, 2014, DOI:10.1371/journal.pone.0094000.

[10] Kara K., Rached-Kanouni M., Mnasri S. & Ben Nacer M., «Genetic variability assessment in bread wheat (Triticum aestivum) grown in Algeria using microsatellites SSR markers,» *Biodiversitas,,* vol. 21(6), pp. 2638-2644, 2020, DOI:10.13057/biodiv/d210635.

[11] FAO, «Food and Agriculture Organization,» 2023. [En ligne]. Available: http://faostat.fao.org.

[12] B. Benarba, «Enhancing food security through scientific research in Algeria. A novel vision and unified national strategy,» *Nor. Afr. J. Food Nutr. Res,* vol. 8(18), p. 68 – 69, 2024, DOI:10.51745/najfnr.8.18.68-69.

[13] Oumata S., Amouroux P., De Rouw A. & Kane N. A., «Oasis wheats of the South of Algeria: landraces, cultural practices and utilization,» *Genetic Resources and Crop Evolution,* vol. 67, p. 211–230, 2020, DOI:10.1007/s10722-019-00874-7.

[14] Oumata S, Monneveux P., Zaharieva M., Mekliche-Hanifi L. & Jacques D, «Variation of morphological traits among wheat (Triticum aestivum L.) landraces from two regions of the Algerian Sahara: Potential interest for wheat breeding,» *Genetic Resources and Crop Evolution,* vol. 70, p. 235–250, 2023, DOI:10.1007/s10722-022-01429-z.

[15] Bellatreche A., Mahdad M.Y., Kaouadji Z. & Gaouar S.B.S., «Agro-morphological diversity of some accessions of bread wheat (Triticumaestivum L.) in western Algeria,» *Biodiversitas,* vol. 18, p. 409–415, 2017.

[16] Sehgal S.A., Tahir R.A. & Nawaz M., «Molecular Characterization of Wheat Genotypes Using SSR Markers,» *Bio Inter-national Journal Automation,* vol. 16(2), pp. 119-128, 2012, DOI:10.1007/s12298-017-0492-1.

[17] Vieira M.L.C., Santini L., Diniz A.L. & Munhoz C.F., «Microsatellite markers: What they mean and why they are so useful,» *Genetics and Molecular Biology,* vol. 39(3), p. 312–328, 2016, DOI:10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027.

[18] Bellatreche A., Mnasri S.R., Ben Naceur M. & Gaouar S.S.B., «Study of the Molecular Biodiversity of the Saharan Bread Wheat in Algeria,» *Cereal Research Communications,* pp. 1-16, 2019, DOI:10.1556/0806.47.2019.39.

[19] Rabieyan E., Bihamta M.R., Esmaeilzadeh M., Alipour H., Mohammadi V., Azizyan K., Javid S., «Analysis of genetic diversity and genome-wide association study for drought tolerance related traits in Iranian bread wheat,» vol. 23(431), 2023, DOI:10.1186/s12870-023-04416-3.

[20] Nouraei S., Mia M.S., Liu H., Turner N.C. and Guijun Y, «Genome-wide association study of drought tolerance in wheat (Triticum aestivum L.) identifies SNP markers and candidate genes,» *Molecular Genetics and Genomics,* vol. 299(1), p. 22, 2024, DOI: 10.1007/s00438-024-02104-x.

[21] Saghai-Maroof M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A & Allard R.W., «Ribosomal DNA sepacer-lengtb polymorphism in barley: mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics,» *P. Natl. Acad. Sci,* vol. 81, p. 8014–8019, 1984.

[22] Alhosein H., Miyuki Ni., Shuhei., Kenji., Masaya F., Hitoshi M & Yutaka O., «Novel QTLs for growth angle of seminal roots in wheat (Triticum aestivum L.),» *Plant Soil,* p. 395–405, 2012, DOI: 10.1007/s11104-011-1075-5.

[23] Ashraf S., Shahzad A., Karamat F., Iqbal M. & Ali G.M., «Quantitative trait loci (QTLs) analysis of drought tolerance at germination stage in a wheat population derived synthetic hexaploid and opata,» *J. Anim. Plant. Sci,* vol. 25(2), p. 539–545, 2015, DOI: 10.5555/20153154245.

[24] Peakall R. & Smouse P.E., «Smouse, P.E. GenALEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update,» *Bioinformatics,* vol. 28, p. 2537–2539, 2012, DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460.

[25] C. Shannon, «Weaver, W. A mathematical theory of communication,» *Bell Syst. Tech. J,* vol. 27, p. 379–423, 1948.

[26] Wright, «The genetical structure of populations,» *Ann. Eugen,* vol. 15, p. 323–354, 1951.

[27] Kalinowski S., Taper M.L. & Marshall T.C., «Revising how the computer program Cervus

accommodates geno-typing error increases success in paternity assignment,» *Mol. Ecol,* vol. 16, p. 1099–1106, 2007, DOI: 10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x.

[28] Botstein D., White R.L., Skolnick M. & Davis R.W, «Construction of a genetic linkage map in man using re-striction fragment length polymorphisms,» *Am. J. Hum. Genet,* vol. 32, p. 314–331, 1980.

[29] J. Felsenstein, «Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap,» *Evolution,* vol. 39(4), p. 783–791, 1985, https:/DOI: doi.org/10.2307/2408678.

[30] Pritchard J.K., Stephens M., Rosenberg N.A. & Donnelly P., «Association mapping in structured populations,» *AJHG,* vol. 67, p. 170–181, 2000.

[31] Evanno G., Regnaut S. & Goudet J., «Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: assimilation study,» *Mol Ecol,* vol. 14, p. 2611–2620, 2005.

[32] Rosenberg N.A., Pritchard J.K., Weber J.L., Cann H.M., Kidd K., Zhivotovsky L.A. & Feldman M.W., «Genetic structure of human populations,» *Science,* vol. 298, p. 2381–2385, 2002.

[33] S. Ceccarelli, «Efficiency of Plant Breeding,» *Crop Science,* vol. 55(1), pp. 87-97, 2015, doi:10.2135/cropsci2014.02.0158.

[34] Lopes M.S and Reynolds M.P., «Stay-green in spring wheat can be determined by spectral reflectance measurements (normalized difference vegetation index) independently from phenology,» *Journal of Experimental Botany,* vol. 63(10), n° %110, p. 3789–3798, 2012, DOI: 10.1093/jxb/ers071.

[35] Faheem M., Talat M., Ghulam S., Naeem A., Alvina G.K. & Abdul Mujeeb K., «Assessment of D-genome Based Genetic Diversity in Drought Tolerant Wheat Germplasm,» *Int J Agric Biol,* vol. 17(4), p. 791–796, 2015.

[36] Bellatreche A., Mnasri S.R., Ben Naceur M. & Gaouar S.S.B., «Study of the Molecular Biodiversity of the Saharan Bread Wheat in Algeria,» *Cereal Research Communications,* pp. 1-16, 2019, doi:10.1556/0806.47.2019.39.

[37] Kara K., Mnasri-Rahmani S., Zerrouki A., Rached-Kanouni M., Hamidechi M.A., Saddoud-Dabbabi O., Beldjazia A. & Missaoui K., «Molecular Characterization, Assessment of Bread Wheat Genotypes Triticum aestivum L. Grown in Algeria using Microsatellites SSR Markers,» *AMA,* vol. 55(10), pp. 1-15, 2024.

[38] Türkoğlu A., Haliloğlu K., Mohammadi S.A., Öztürk A., Bolouri P., Özkan G., Bocianowski J., Pour-Aboughadareh A. & Jamshidi B., «Genetic Diversity and Population Structure in Türkiye Bread Wheat Genotypes Revealed by Simple Sequence Repeats (SSR) Marker,» *Genes,* vol. 14, p. 1182, 2023, DOI: 10.3390/genes14061182.

[39] V. Sork, «Gene flow and natural selection shape spatial patterns of genes in tree populations: implications for evolutionary processes and applications,» *Evol Appl,,* vol. 9(1), pp. 291-310, 2014, DOI: 10.1111/eva.12316.

[40] Sall A.T., Chiari T., Legesse W., Seid-Ahmed K., Ortiz R., van Ginkel M. & Bassi F.M., «Durum wheat (Triticum durum Desf.): Origin, cultivation and potential expansion in Sub-Saharan Africa,» *Agronomy,* vol. 9(5), p. 263, 2019, DOI: 10.3390/agronomy9050263.

[41] Özlem A.S. & Begüm T., «Characterization of some bread wheat genotypes using molecular markers for drought tolerance,» *Physiol Mol Biol Plants,* vol. 24(1), p. 159–166, 2018, DOI: 10.1007/s12298-017-0492-1.

[42] Mohi-Ud-Din M., Alamgir H.M., Motiar R.M., Nesar Uddin. M., Sabibul Haque. M., Eldessoky S.D., Alqurashi M. & Salman A., «Assessment of Genetic Diversity of Bread Wheat Genotypes for Drought Tolerance Using Canopy Reflectance-Based Phenotyping and SSR Marker-Based Genotyping,» *Sustainability,* vol. 9818(14), pp. 1-19, 2022, DOI: 10.3390/su14169818.

[43] Sehgal S.A., Tahir R.A. & Nawaz M., «Molecular Characterization of Wheat Genotypes Using SSR Markers,» *Bio Inter-national Journal Automation,* vol. 16(2), pp. 119-128, 2012, DOI:10.1007/s12298-017-0492-1.

[44] Urquijo-Zamora L., Pereira-Lorenzo S., Romero-Rodríguez Á., Lombardero-Fernández M., Ramos-Cabrer A.M. & Fernández-Otero C.I., «Genetic Diversity of Local Wheat (Triticum aestivum L.) and Traceability in the Production of Galician Bread (Protected Geographical Indication) by Microsatellites,» *Agriculture,* vol. 15(1), p. 51, 2025, DOI: 10.3390/agriculture15010051.

[45] Oumata S, Monneveux P., Zaharieva M., Mekliche-Hanifi L. & Jacques D, «Variation of morphological traits among wheat (Triticum aestivum L.) landraces from two regions of the Algerian Sahara: Potential interest for wheat breeding,» *Genetic Resources and Crop Evolution,* vol. 70, p. 235–250, 2023, DOI: 10.1007/s10722-022-01429-z.

[46] Zhang H., Zhang F., Li G., Zhang S., Zhang Z. & Ma L., «Genetic diversity and association mapping of agronomic yield traits in eighty six synthetic hexaploid wheat,» *Euphytica,* vol. 213, p. 1–13, 2017, DOI: 10.1007/s10681-017-1887-3.

[47] Ahmed H.G.M., Khan A., Kashif M. & Khan S., «Genetic mechanism of leaf venation and stomatal traits for breeding drought tolerant lines in wheat,» *Bangl J Bot,* vol. 46(1), pp. 35-41, 2017.

[48] Devi J., Dubey R.K., Sagar V., Verma R.K., Singh P.M. & Behera T.K., «Vegetable peas (Pisum sativum L.) diversity: An analysis of available elite germplasm resources with relevance to crop improvement,» *Span J Agric Res,* vol. 21(2), pp. 1-13, 2023, DOI: 10.56093/ijas.v93i9.139173.

Annexe 3 : Travaux collaboratifs sur l'évaluation de la tolérance du blé au stress salin

Cette annexe présente la première et la deuxième page d'une publication scientifique à laquelle j'ai contribué en tant que co-auteur au cours de mes travaux de recherche. Cet article, intitulé « Effects of salinity on germination and growth of turkish wheat cultivars : environmental and genetic interactions » et publié en 2025 dans la revue Brazilian Journal of Animal and Environmental Research, évalue de manière comparative l'impact de différents niveaux de salinité sur les paramètres de germination et de développement de variétés de blé tendre et de blé dur

Brazilian Journal of Animal and Environmental Research | 1
ISSN: 2595-573X

Effects of salinity on germination and growth of turkish wheat cultivars: environmental and genetic interactions

Efeitos da salinidade na germinação e crescimento de cultivares de trigo turco: interações ambientais e geneticas

Efectos de la salinidad sobre la germinación y el crecimiento de los cultivares de trigo turco: interacciones ambientales y genéticas

DOI: 10.34188/bjaerv8n1-018

Submetido: 20/12/2024
Aprovado: 15/01/2025

Bemmoussat Asmaa
Laboratory of Functional Agrosystems and Technology of Agronomic Sectors (AFTAGRO)
Agronomy department, Faculty of Nature and Life Sciences (SNV), Tlemcen University
Tlemcen. Algeria
asma.bemmoussat@univ-tlemven.dz

Bellatreche Amina
Laboratory of Aplied genetic in agriculture, ecology and public health
Agronomy department, Faculty of Nature and Life Sciences (SNV), Tlemcen University
Tlemcen. Algeria
amina_agronomie@yahoo.fr

Berezzoug Mohamed Adel
Laboratory of Functional Agrosystems and Technology of Agronomic Sectors (AFTAGRO)
Agronomy department, Faculty of Nature and Life Sciences (SNV), Tlemcen University
Tlemcen. Algeria
masteragronomie@gmail.com

Mahdad Moustafa Yassine
Laboratory for Sustainable Management of Natural Resources in Arid and Semi-Arid Areas, University center of Naâma, Algeria
Laboratory of Applied genetic in agriculture, ecology and public health, University of Tlemcen
Tlemcen. Algeria
ya.crag@gmail.com

Coskun Yalcin
Canakkale Onsekiz Mart University, Lapseki Vocational School
Canakkale. Türkiye
yalcin33coskun@gmail.com

Tas Ismail
Canakkale Onsekiz Mart University, Agriculture Faculty, Department of Irrigation Engineering
Canakkale. Türkiye
tas_ismail@yahoo.com

Tutenocakli Tulay
Canakkale Onsekiz Mart University, Lapseki Vocational School
Canakkale. Türkiye
t_tutenocakli@hotmail.com

Brazilian Journal of Animal and Environmental Research | 2
ISSN: 2595-573X

ABSTRACT
Salinity, a major environmental stress, affects global cereal production by decreasing yields, particularly in wheat (*Triticum aestivum* and *Triticum durum)*. This study evaluated the effects of varying salinity levels on the germination and growth parameters of two Turkish wheat cultivars.Germination experiments were conducted using six salinity levels 2, 4, 8, 12, 16, and 20 dS/m with SAR values 3, 6, 9, and 12. While growth parameters were evaluated under greenhouse conditions in Tlemcen - Algeria, and Çanakkale - Türkiye, using irrigation water with EC levels of 8, 16, and 20 dS/m and SAR 9. Salinity stress negatively impacted both durum and bread wheat. Durum wheat exhibited the highest germination rates at SAR3 (78.89%) and SAR6 (75.56%), with a moderate decline at SAR12 (61.67%). In contrast, bread wheat peaked at SAR3 (67.78%) but declined more sharply under higher salinity levels. High salinity (20 dS/m) reduced durum wheat ear length from 4.7 cm (control) to 2.4 cm and decreased plant dry weight from 5.27 g to 4.14 g. In bread wheat, moderate salinity (8 dS/m) resulted in the longest ear lengths (7.21 cm) and the highest ear weight (0.84 g), while high salinity (20 dS/m) caused the lowest number of fertile tillers (FTN). Differential responses observed between the two locations; wheat grown in warmer Tlemcen (Algeria) faced greater salinity stress than in cooler Çanakkale (Türkiye), highlighting the role of environment and genetics in salinity tolerance.

Keywords: wheat, salinity stress, electrical conductivity, germination rates, yield.

RESUMO
A salinidade, um importante stress ambiental, afeta a produção global de cereais através da diminuição dos rendimentos, particularmente no trigo (Triticum aestivum e Triticum durum). Este estudo avaliou os efeitos de níveis de salinidade variáveis sobre os parâmetros de germinação e crescimento de duas cultivares de trigo turco.Foram realizados experimentos de germinação utilizando seis níveis de salinidade 2, 4, 8, 12, 16 e 20 dS/m com valores SAR 3, 6, 9 e 12. Enquanto os parâmetros de crescimento foram avaliados em condições de estufa em Tlemcen - Argélia, e Çanakkale - Türkiye, usando água de irrigação com níveis EC de 8, 16 e 20 dS/m e SAR 9. O estresse da salinidade impactou negativamente tanto o trigo duro quanto o pão. O trigo duro apresentou as maiores taxas de germinação no SAR3 (78,89%) e no SAR6 (75,56%), com um declínio moderado no SAR12 (61,67%). Em contraste, o trigo-pão atingiu o pico de SAR3 (67,78%), mas diminuiu mais acentuadamente sob níveis de salinidade mais elevados. Alta salinidade (20 dS/m) reduziu o comprimento da espiga de trigo duro de 4,7 cm (controle) para 2,4 cm e diminuiu o peso seco das plantas de 5,27 g para 4,14 g. No trigo farinhoso, a salinidade moderada (8 dS/m) resultou nos maiores comprimentos da espiga (7,21 cm) e no maior peso da espiga (0,84 g), enquanto a salinidade elevada (20 dS/m) causou o menor número de perfilhos férteis (FTN). Respostas diferenciadas observadas entre os dois locais; trigo cultivado em Tlemcen (Argélia) mais quente enfrentou maior estresse por salinidade do que no mais frio Çanakkale (Turquia), destacando o papel do ambiente e da genética na tolerância à salinidade.

Palavras-chave: trigo, salinidade stress, condutividade elétrica, taxas de germinação, rendimento.

RESUMEN
La salinidad, un importante factor de estrés ambiental, afecta a la producción mundial de cereales al disminuir los rendimientos, en particular del trigo (Triticum aestivum y Triticum durum). Este estudio evaluó los efectos de los diferentes niveles de salinidad sobre los parámetros de germinación y crecimiento de dos cultivares de trigo turco.Se realizaron experimentos de germinación utilizando seis niveles de salinidad 2, 4, 8, 12, 16 y 20 dS/m con valores SAR 3, 6, 9 y 12. Mientras que los parámetros de crecimiento se evaluaron en condiciones de invernadero en Tlemcen - Argelia, y Çanakkale - Türkiye, utilizando agua de riego con niveles EC de 8, 16 y 20 dS/m y SAR 9. El estrés por salinidad afectó negativamente tanto al trigo duro como al trigo blando. El trigo duro exhibió

Annexe 04 : Communications Internationales


People's Democratic Republic of Algeria
Ministry of Higher Education and Scientific Research
SETIF 1 University - Ferhat Abbas
Institut of Architecture and Earth Sciences
Water, Climate Change, Agriculture And Territorial Development
Best Awared 2023
CERTIFICATE
OF ACHIEVEMENT
THIS CERTIFICATE
IS PROUDLY PRESENTED TO
BERREZOUG Mohamed Adel
We have the honor to present this certificate to: BERREZOUG Mohamed Adel for his participation in the international seminar: "Water, Climat Change, Agriculture and Territorial Development" by his poster Presentation intitled: " Rôle de la matière organique dans le pouvoir de rétention d'eau de deux sols à texture sableuse." from 1st to 4th Oct, 2023
co-author: BEMMOUSSET Asma, BELLATRECH Amina, MAHDAD Moustafa Yassine.
Pr. Moulley Charef CHABOU
The Institut Dean
Dr. Benhamouche Aziz
President of the WACCAD 2023 Seminar
Benefil MED
PRIMA



CERTIFICATE

FIRST INTERNATIONAL SEMINAR
ON SUSTAINABLE MANAGEMENT OF NATURAL RESOURCES IN ARID AND SEMI-ARID AREAS

Naama, Algeria, 24th & 25th October 2023

BERREZOUG Mohamed Adel

BEMMOUSSAT Asma BELLATRECHE Amina MAHDAD Moustafa Yassine

IS PRESENTED POSTER COMMUNICATION

ROLE DE LA MATIERE ORGANIQUE DANS L'ECONOMIE D'EAU DE DEUX SOLS A TEXTURE SABLEUSE

Laboratory director
PR. AMROUCHE A.
Laboratory Head
Prof. AMROUCHE A.

C-U-N

Seminar chairperson
PR. BENARADJ A.
Dr. BENARADJ Abdelkrim
President of the Seminar
FISB - 2023

Annexe 05 : Communications Nationales

Ministère de l'Enseignement Supérieur
et de la Recherche Scientifique

UNIVERSITE ABOU-BEKR BELKAID-TLEMCEN
تلمسان جامعة أبي بكر بلقايد

Faculté SNV-STU

Laboratoire : Gestion Conservatoire de l'eau, Sol et Forêts

ATTESTATION DE PARTICIPATION

Le Président du Comité d'Organisation atteste que : M. **BERREZOUG Mohamed Adel (Université de Tlemcen),** a participé au Séminiare National sur Forêts, Biodiversité et dévellopement Durable face aux changements climatiques , tenu les 18 et 19 décembre 2024 à la faculté SNV-STU (Université de Tlemcen) par une communication affichée intitulée : « **Gestion durable de l'eau pour le blé dur : impact sur la biodiversité en sol sablo-organique et sous stress climatique»**.
Avec co-auteurs : **BELLATRACHE Amina**

Cette attestation est établie pour servir et faire valoir ce que de droit

Le Directeur de Laboratoire

السيد : مصطفاي نور الدين

Fait à Tlemcen, le 18 décembre 2024
Le Président du Séminaire :
Pr Bouhraoua T. Rachid

Séminaire National sur Forêts et Biodivers
Face aux changements climatiques
Tlemcen, les 18 et 19 Décembre 2024



ABOU BEKR BELKAID UNIVERSITY OF TLEMCEN
FACULTY OF NATURAL AND LIFESCIENCES AND EARTH AND UNIVERSE SCIENCE
LABORATORY OF GENETIC APPLIED ON AGRICULTURE, ENVIRONMENT AND PUBLIC HEALTH

CERTIFICATE OF PARTICIPATION

THIS CERTIFICATE ATTESTS THAT

Mr. BERREZOUG Mohamed Adel

Presented a Poster: **Vers une irrigation intelligente et durable du blé dur : influence sur la biodiversité des sols sablo-organiques face au stress climatique**

With Co-authors: **BELLATRECHE A.**

In the 6th National Seminar MGBIR between "The Student and the Investor"
That was held the 06th Mai 2025, at the University of Tlemcen, Algeria

President of the Seminar

Dr. Selka Sarra
Maitre de conférences B
Spécialité : Génétique appliquée
Université Tlemcen
Email : s.selka.sek@gmail.com

President of the Scientific Committee

Dr. SALAH Zahra
Maître de conférences B
Spécialité: Ecologie animale
Université de Tlemcen

Laboratory director

prof. Dr GAOUAR S.B.S

Dean of the faculty

Université Abou Bekr Belkaid
Faculté des Sciences de la Nature, de la Vie des Sciences de la Terre et de l'Univers
TLEMCEN

LE DOYEN
SOUTTANE Nassima Amel