

Research

open access

Diversité génétique et qualité technologique du blé dur (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum* (Desf.) Husn.) cultivé en Tunisie

E. BABAY^{1,2,3}
M. HANANA¹
R. MZID^{1,*}
H. BEN HAJ-SALAH⁴
M. RODRIGUEZ-QUIJANO³
A. GHORBEL¹
H. SLIM-AMARA²

¹Laboratoire de Physiologie Moléculaire des Plantes.
Centre de Biotechnologie de Borj-Cédria (CBBC). BP
901. Hammam Lif 2050, Tunisia

²Laboratoire de Génétique et Amélioration des Céréales.
Institut National Agronomique de Tunisie (INAT). 43,
Avenue Charles Nicolle. 1082 Tunis, Tunisia

³Unidad de Genética. Departamento de Biotecnología.
ETSIA Universidad Politécnica. Ciudad Universitaria s/n.
2080, Madrid. Spain

⁴Institut National des Grandes Cultures (INGC), BP 120,
BouSalem 8170, Tunisia

*Auteur correspondant: r_mzid@yahoo.fr

Summary - As a prerequisite for improvement of technological quality (semolina and/or pasta) of durum wheat, the evaluation of varieties with respect to gluten quality determined on the basis of gluten strength and protein content supported by the genetic diversity analysis for genetic distance between different genotypes (local, improved and introduced) in our gene pool of durum wheat has been done. This work is further supported by genetic diversity analysis using SSR molecular markers with 28 primers on 27 varieties of Tunisian durum wheat. High genetic polymorphism was detected with an average of 5.2 alleles per locus and a polymorphism index of PIC = 0.53. Landraces showed a very high protein content value relatively to modern cultivars. On the other hand, modern varieties showed high gluten strength. Thus, according to our results, selection of best parents for quality improvement programs, based on pedigrees, technological properties and genetic distances can be possible.

Keywords : gluten / molecular markers
SSR / protein content.

Résumé - La première étape qui doit être planifiée pour installer un programme d'amélioration de la qualité technologique (de la semoule et/ou de la pâte) du blé dur est l'évaluation de la qualité du gluten des variétés, déterminée principalement par la force du gluten et la teneur en protéines. La deuxième étape est l'estimation de la distance génétique qui sépare les différents génotypes (locaux, améliorés et introduits) formant notre patrimoine génétique de blé dur. De ce fait, nous avons évalué la qualité technologique moyennant la technique de sédimentation SDS et la teneur en protéines, et étudié la diversité génétique à l'aide de marqueurs moléculaires de type SSR en utilisant 28 amorces au niveau de 27 variétés de blé dur tunisien. Un polymorphisme important a été détecté avec une moyenne de 5,2 allèles par locus et un indice de polymorphisme PIC=0,53. Les



variétés autochtones ont montré une teneur en protéines très élevée par rapport aux cultivars modernes. D'autre part, ces derniers possèdent une importante force de gluten. Ainsi, d'après nos résultats, nous avons la possibilité de choisir les meilleurs parents pour un programme d'amélioration de la qualité, en se basant sur les pédigrées, les propriétés technologiques et les distances génétiques.

Mots clé : gluten / marqueurs moléculaires SSR / teneur en protéines.

1. Introduction

Le blé dur (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum* (Desf.)) constitue une des céréales les plus anciennes et les plus cultivées dans le monde avec plus de 17 millions d'hectares et qui représente le plus grand marché d'importation pour le bassin méditerranéen. Ceci est dû à la grande consommation des méditerranéens de dérivés de blé dur (Nazco et al. 2012). Contrairement au blé tendre (*Triticum aestivum* L.) qui est utilisé pour la fabrication du pain et des noodles orientales, le blé dur est le préféré pour la fabrication de pâte, car il est le plus dur à moudre pour donner de grosses particules nommées semoule (Sisson 2008). Le blé dur, avec sa teneur en protéines et sa force de gluten, produit une pâte ferme avec une bonne texture, qui garde après cuisson un aspect non collant et intègre (d'Egidio et al. 1990; Elias et al. 2005). La Tunisie étant une zone de grande richesse génétique de blé dur (Ayed and Slim-Amara 2009), le germoplasme local avec sa meilleure adaptation pourrait ouvrir des horizons prometteurs quant à son exploitation. L'analyse de cette diversité génétique serait d'un apport considérable au cours des actions visant la sauvegarde, la conservation et la création variétale. Ainsi, la préservation de la diversité génétique du patrimoine national pourrait servir aux sélectionneurs pour la création de variétés futures permettant ainsi d'échapper aux fluctuations de la production céréalière dues à l'inadaptation de certaines variétés introduites sous nos conditions climatiques. L'étude moléculaire de cette diversité permet de comprendre les différences et les similitudes qui existent entre les écotypes, au niveau de leurs gènes et de décrire la structuration de la variabilité génétique au sein des populations (Nevo et al. 1998). Les microsatellites (SSRs)

sont des marqueurs moléculaires en tandem de courtes séquences d'ADN (Najimi et al. 2003). Ces répétitions sont hautement polymorphes même chez les cultivars apparentés, co-dominantes et sont largement dispersées à travers le génome. Ces marqueurs ne sont pas influencés par les fluctuations de l'environnement et sont indépendants de l'organe analysé et du stade de développement de la plante (Röder et al. 1998; Chabane et al. 2008). La diversité de la qualité technologique de blé dur est déterminée principalement par la force de gluten qui, à son tour, dépend de la qualité et de la quantité de protéines de réserve. Il y a un niveau seuil minimal de protéines de gluten qui doit être atteint, pour avoir une qualité de cuisson désirable (Dexter and Matsuo 1977). Le test de sédimentation SDS, le mixographe et la teneur en protéines expliquent près de 71% de la variation totale de la fermeté de la pâte. Ces tests ont montré une bonne efficacité de la prédiction de la qualité de la pâte (Dick and Quick 1983; Dick and Youngs 1988; Kovacs et al. 1995). Etant donné l'importance de leurs fiabilités, ces tests ont été utilisés par la majorité des améliorateurs de blé dur pour évaluer la force de gluten des nouvelles lignées (Dick and Youngs 1988). La rhéologie de la pâte et sa qualité de cuisson sont essentiellement déterminées par les effets superposés de la teneur en protéines, le ratio gluténine/gliadine et la composition allélique des HMW-GS et des LMW-GS. Il est bien connu que moins de 75% de la variation des différents paramètres de qualité de la pâte est expliqué par la composition en protéines de réserve du grain de blé (Patil et al. 2006; Ruiz and Carrillo 1995; Vazquez et al. 1996). L'évaluation de la variabilité de la qualité technologique (force de gluten) donne une idée sur le niveau de la variabilité génétique qui contrôle la composition allélique de gluténine (sous unité de HMW et de LMW) et de gliadine. Dans ce travail, nous étudions la diversité génétique de 27 variétés de blé dur cultivées en Tunisie depuis 1893 par le biais de 28 marqueurs moléculaires de type SSR (GWM, WMC, BARC, CFD et PSP) et une évaluation de la diversité de leurs qualités du gluten.



2. Matériel et méthodes

2.1. Culture des variétés

27 variétés de blé dur (Deghaïs et al. 2003 ; Ammar et al. 2011), cultivées dans les exploitations agricoles en Tunisie depuis le début du vingtième siècle, ont été utilisées

dans cette étude (tableau 1), les semences ont été fournies par l'Institut National des Grandes Cultures (INGC). Les génotypes ont été cultivés dans les conditions de plein champ pendant la saison 2009-2010 avec deux répétitions en blocs.

Tableau 1 : Liste des variétés utilisées avec le pédigrée, l'origine et l'année (Deghaïs et al. 2003 ; Ammar et al.

Locales	Pédigrée	Origine / Année
Swabaa Algia	Variété locale	Nord Tunisie, 1909
Chili	Variété locale	France, 1932
Ouard Bled	Variété locale	Tunisie
Souri	Variété locale	Tunisie, 1915
Mahmoudi	Variété locale	Tunisie, 1893
Aouadhi	Variété locale	Nord Afrique
Sbèi	Variété locale	1908
Biskri	Variété locale	Algerie, 1909
Aouija	Variété locale	Nord Tunisie, 1909
Hamira	Variété locale	Tunisia, 1893
Bidi	Variété locale	Nord Afrique, 1908
Baidha	Variété locale	Tunisie
Derbessi	Variété locale	Tunisie, 1909
Jenah-Khottifa	Variété locale	Tunisie, 1915
Agili	Variété locale	Tunisie, 1925
Arbi	Variété locale	-
Richi	Variété locale	1908/1909
Améliorées		
Karim	Jori“S”/Anhinga“S”//Flamingo“S”	CIMMYT-Mexico, 1980
Inrat69	Mahamoudi/Kyperounda	Tunisie 1969
Razzek	Dmx69-331/Karim	INRAT-Tunisie, 1987
Om Rabii	Jori C69/ Hau	ICARDA-Seri, 1996
Khlar	Chen/Altar 84	CIMMYT-Mexico, 1992
Nasr	GoVZ512/Cit//Ruff/Fg/3/Pin/Gre//Trob	ICARDA-Seri, 2002
Saragolla	Iride/LineaPSB 0114	Italie, 2004
Iride	Altar 84/Ionio	Italie, 1996
Grécale	S2/WB881//Plinio/F22	Italie, 2004
Maéstrale	Iride/Svevo	Italie, 2004

2.2. Isolement d'ADN et technique SSR

L'ADN génomique de chaque variété a été extrait à partir de feuilles issues de graines germées âgées de 3 semaines. Les réactions de PCR ont été réalisées dans un volume réactionnel de 25 µl contenant 1U de Taq polymérase, 50 ng d'ADN, 0,25 µM de chaque amorce, 0,2 mM de dNTP, 2mM de MgCl₂ et 1X de tampon de réaction PCR ; selon le programme suivant : un cycle à 95°C pendant 3 min, 35 cycles consécutifs composés de [1 min de dénaturation à 94°C, 1 min pour hybridation

à X° C (spécifique de chaque amorce) et 2 min à 72°C pour l'extension], et enfin, 10 min d'élongation finale à 72°C. Les produits amplifiés par PCR ont été séparés par électrophorèse sur gel d'agarose (3%), colorés par le bromure d'éthidium (0,5 mg/ml) et visualisés sous lumière UV, en présence d'un marqueur de taille (100 pb, Promega).

2.3. Évaluation des paramètres qualitatifs

Les principaux paramètres qualitatifs analysés et recherchés pour une bonne qualité de pâtes

sont la teneur en protéines et la force de gluten estimée par le test de sédimentation SDS. Plusieurs études ont montré qu'il existe une corrélation entre le test de sédimentation SDS et les paramètres de mixographe (Brites and Carrillo 2001; Martínez et al. 2005; Edwards et al. 2007). Les paramètres qualitatifs ont été évalués pour des échantillons cultivés dans les conditions pluviales du champ. La force de gluten a été estimée par le test de SDS-sédimentation (SDSS), avec quelques modifications mineures (Dick and quick 1983; Carrillo et al. 1991), avec deux mesures pour chaque échantillon. La teneur en protéines (GPC) à 14% d'humidité a été estimée par un analyseur de réflectance dans le proche infrarouge «Inframatic 8120 Analysis ENMP».

2.4. Analyses statistiques

2.4.1. Analyse de dendrogramme de similarité

Les fragments amplifiés des marqueurs SSR ont été examinés par la présence (représentée par 1) ou l'absence (représentée par 0) de bande. Une matrice de données a été préparée pour générer une matrice de similarité par paire avec le logiciel NTSYSpc-2.02j (NTSYS-numérique taxonomie et de l'analyse multivariée, Rohlf 1998) en utilisant un coefficient d'adaptation simple (Sokal et al. 1958). Enfin, un dendrogramme a été construit sur la base des données de la matrice de similarité en utilisant UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages).

2.4.2. Degré de polymorphisme variétal

Les données ont été utilisées pour calculer la diversité de chaque marqueur SSR. Ceci est l'équivalent de PIC (Polymorphism Information Content) de chaque amorce selon la description d'Anderson (1992) dans l'équation suivante :

$$PIC = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

Où P_{ij} est la fréquence de

l' $i^{\text{ème}}$ bande révélée par la $j^{\text{ème}}$ amorce.

$P(ij)$ est sommée à travers toutes les bandes révélées par les amorces.

La valeur de PIC est également une estimation de la capacité de discrimination du marqueur SSR d'un locus. Les fréquences des allèles nulles ne sont pas incluses dans le calcul de PIC.

3. Résultats et discussion

3.1. Qualité technologique

Il ressort de l'analyse des différents paramètres de la qualité technologique une variabilité au sein des génotypes étudiés. La teneur en protéines à 14% d'humidité varie de 9,8% chez Khlar qui est pourtant une variété améliorée, jusqu'à 13,8% chez les deux variétés locales Bidi et Chili, toutes deux variétés locales, avec une moyenne de 11,9% (figure 1). Bien que le germplasm utilisé soit assez diversifiée, entre variétés locales, améliorées et introduites, seule une légère variabilité des teneurs en protéines a été enregistrée au sein des génotypes étudiés. En France, suite à la récolte 2013 de blé dur, les teneurs en protéines enregistrées sont globalement situées dans une fourchette comprise entre 13 et 13,5 % (Anonyme 2013). Une étude canadienne menée sur 50 ans (1963-2012) a révélé une teneur moyenne en protéines de 13,2 % du blé dur ambré de l'Ouest canadien, mais avec une grande fluctuation de ce facteur de qualité (11,5 à 15,6 %), en grande partie attribuable aux conditions de l'environnement (Canadian Grain Commission 2012). En fait, la teneur en protéines est un caractère à faible héritabilité et fortement influencé par les conditions environnementales et les pratiques culturales.

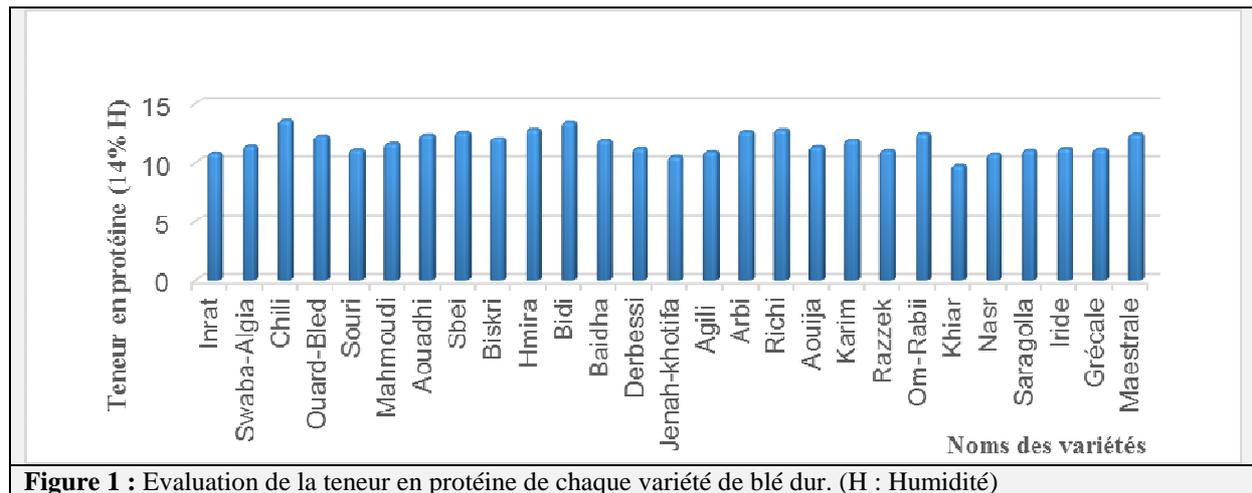


Figure 1 : Evaluation de la teneur en protéine de chaque variété de blé dur. (H : Humidité)

En revanche, les valeurs moyennes de sédimentation SDS sont très variables en fonction des génotypes étudiés (figure 2). Elles varient de 20 mm pour Swabâa Algja et Derbessi (variétés locales) jusqu'à 80 mm pour Saragolla, Grécale et Nasr (variétés améliorées), avec une moyenne de 39,5 mm (figure 3). En général, les variétés améliorées ont une force de gluten plus élevée que les variétés autochtones à l'exception des variétés Maestrale et Karim qui possèdent un volume de sédimentation SDS très faible (synonyme d'une faible force de gluten). Ce résultat indique que la majorité des améliorateurs ont pris en considération la force de gluten comme critère principal de sélection dans leurs croisements. Cependant, les améliorateurs n'ont pas pu associer à ce critère d'amélioration celui de la teneur en protéines qui est influencée par l'environnement et qui corrèle négativement avec le rendement, autre objectif prioritaire de sélection (Oury et al. 2003; Oury and Godin 2007; Blanco et al. 2011). En général, l'amélioration génétique de la teneur en protéines est très difficile à atteindre car il s'agit d'un caractère multigénique dont la variation génétique est faible par rapport aux variations dues à

l'environnement. Cependant le seul gène qui a été identifié, responsable de la teneur en protéines est le *GPC-B1* ayant comme origine *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*, ce gène a été transféré au blé dur et représente aujourd'hui une ressource précieuse pour augmenter les taux de protéines au niveau des grains (Mesfin et al. 1999; Khan et al. 2000; Brevis et al. 2010). Aucune corrélation entre la teneur en protéines et le volume de sédimentation SDS n'a été enregistrée, cette absence de corrélation a été signalée par plusieurs études antérieures (Matsuo et al. 1982; Du Cros 1987; Vázquez et al. 1996; Brites and Carrillo 2001; Edwards et al. 2007). En effet, la teneur en protéines est contrôlée par l'environnement plus que l'expression génétique, contrairement au volume de sédimentation SDS exprimant la force de gluten qui repose particulièrement sur une base génétique. La large variabilité de la force de gluten qui est un caractère contrôlé principalement par la variation allélique des loci *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-A3*, *Glu-B3*, *Glu-B2* et *Gli-B1*, pourrait donner une idée sur la diversité génétique obtenue par l'expression de ces loci (Vázquez et al. 1996; Brites and Carrillo 2001; Martinez et al. 2005).

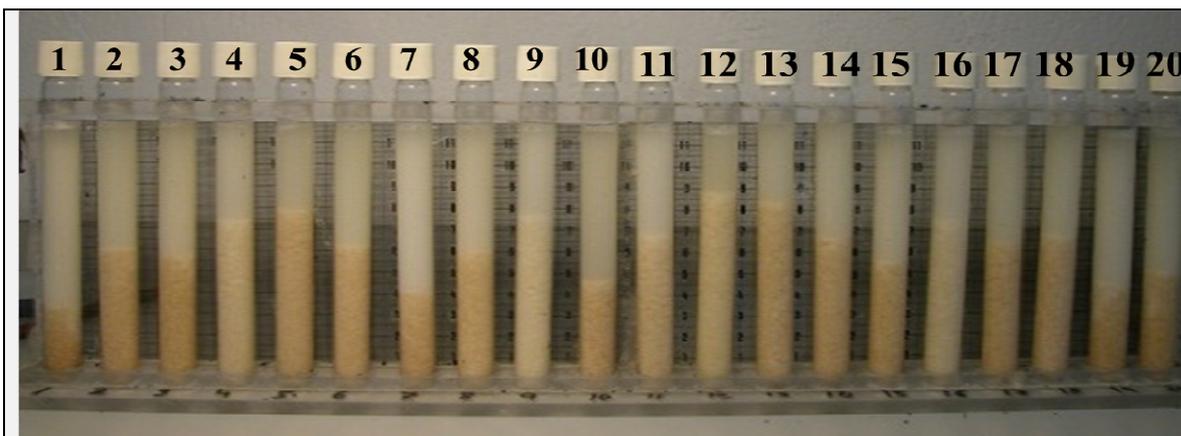


Figure 2 : Profils variétaux des volumes de sédimentation.

1: Karim, 2: MahmoudI, 3: Inrat69, 4: Razzek, 5: Chili, 6: Souri, 7: Jenah-khotifa, 8: Om-rabii, 9: Iride, 10: Biskri, 11:Khiar, 12: Saragolla, 13: Nasr, 14: Grécale, 15: Agili, 16: Arbi, 17: Baidha, 18: Sbéli, 19: Maestrals, 20: Derbessi

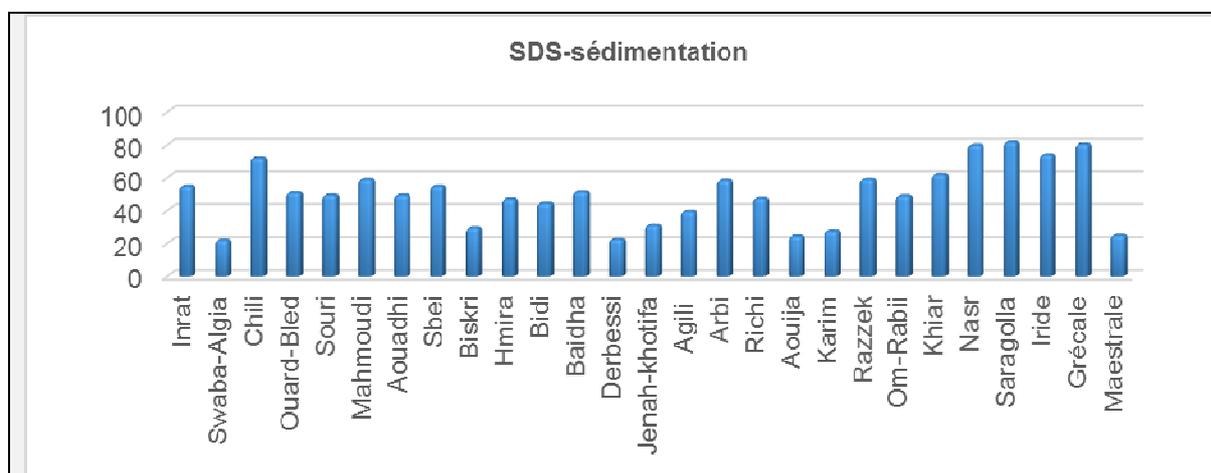


Figure 3 : Valeurs moyennes de sédimentation SDS en fonction des variétés de blé dur.

3.2. Analyse de la diversité génétique du blé dur cultivé en Tunisie

Sur les 28 amorces utilisées, 23 se sont avérées polymorphes et 33 loci ont été ainsi identifiés. Le résumé de l'estimation du nombre d'allèles et les valeurs de PIC de toutes les amorces est présenté dans le tableau 2. Un total de 120 allèles a été identifié pour toutes les variétés. Le nombre d'allèles par amorce varie de 2 pour *Wmc49* et *Gwm369* jusqu'à 12 chez *Cfa2129* avec une moyenne de 5,2 allèles par locus

polymorphe (tableau 2). Les valeurs de PIC minimales et maximales sont 0,13 (*Gwm369*) et 0,87 (*Wmc722*), avec une valeur moyenne de $PIC = 0,53$ (tableau 2). Les marqueurs microsatellites utilisés sont très instructifs. Les marqueurs ayant des valeurs de PIC 0,5 ou plus sont très informatifs pour les études génétiques et ils sont extrêmement utiles pour distinguer le taux de polymorphisme relatif à un marqueur spécifique à un locus (Sundaram et al. 2007).

Tableau 2 : Caractéristiques de chaque amorce

Amorces	PIC	No. allèle (rare)	Chr	Amorces	PIC	No. allèle (rare)	Chr
WMC49	0,61	3(1)	1B	Cfd079b	0,33	7(2)	3A/3B
WMC329	0,43	2(0)	1B	WMC621	0,69	3(0)	6A/6B
WMC51	0,43	3(1)	1B	CFA2129	0,61	12(9)	1A
WMC550	-	-	1A	WMC110	0,44	8(6)	5A
WMC798	0,84	4(1)	1B	BARC101	0,44	4(1)	2B/6B
WMC619	0,54	6(1)	1B	BARC83	0,31	2(0)	1A
GWM374	-	-	2B/3A	BARC231	0,53	3(2)	7A
GWM550	-	-	1B/7A	GWM573	0,37	3(1)	7A/7B
GWM608	-	-	6B	GWM46	0,72	5(2)	7B
GWM5	0,64	7(4)	3A	BARC240	0,72	4(1)	1B
GWM68	0,58	7(2)	3A	GWM146	-	-	7B
GWM369	0,13	2(1)	3A	WMC722	0,87	9(4)	4A
BARC355	0,39	7(4)	5A	WMC553	0,34	3(1)	6A
PSP3030	0,70	4(1)	4B	WMC116	0,53	12(11)	7A

PIC : polymorphisme information content, No : nombre, Chr : chromosome

Le dendrogramme de similarité (figure 4) est établi à partir des valeurs de similarité génétique qui varient de 58% entre « Inrat 69 » et « Jenah-Khottifa », jusqu'à 95% entre «Mahmoudi» et «Chili». Une coupure au niveau de 62% de similarité au niveau du dendrogramme analysé a permis de regrouper les génotypes en trois grands groupes de variétés similaires. Le premier groupe est composé de 13 génotypes dont cinq sont des variétés locales (Chili, Mahmoudi, Ouard Bled

et Souri) et huit variétés améliorées (Inrat69, Grécale, Nasr, Karim, Razzek, Iride, Saragolla et Om Rabii). Le second groupe est formé par onze génotypes dont neuf variétés anciennes (Swabâa Algia, Aouija, Hmira, Richi, Derbessi, Baidha, Aouadhi, Bidi et Biskri) et deux variétés améliorées (Khiar et Maestrale). Le troisième groupe contient trois anciennes variétés (Sbéi, Agili et Jenah-Khotifa) (figure 4).

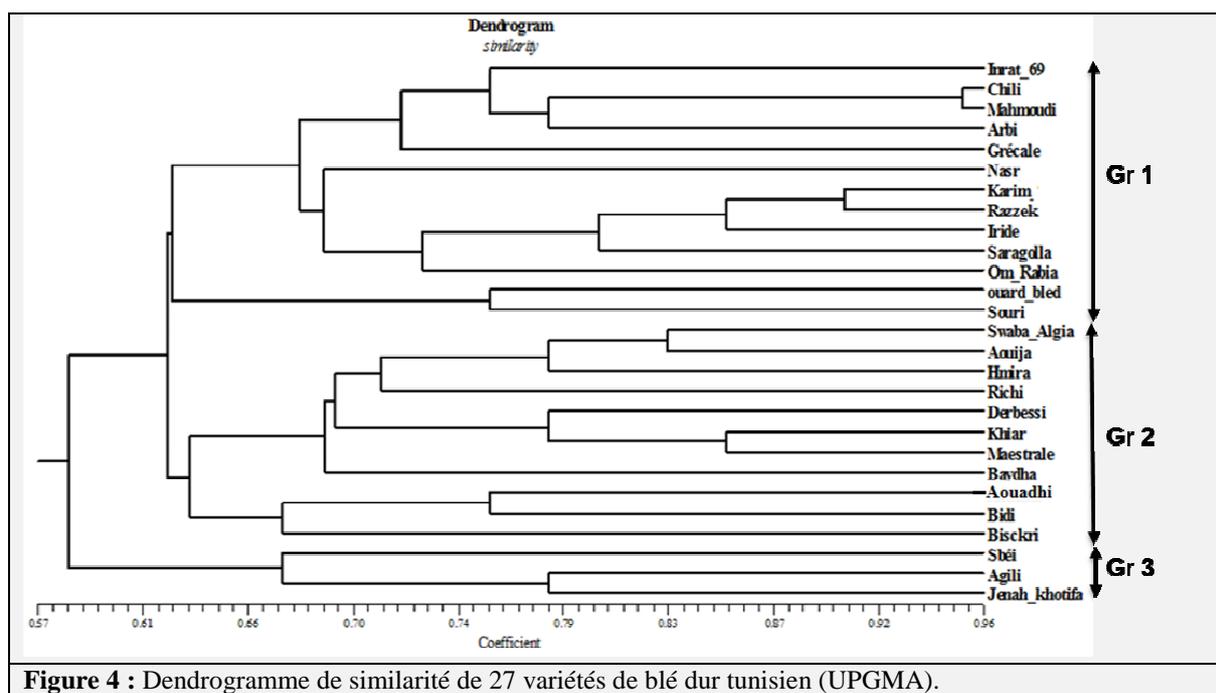


Figure 4 : Dendrogramme de similarité de 27 variétés de blé dur tunisien (UPGMA).



Le rassemblement de la majorité des nouveaux cultivars dans le premier groupe pourrait être expliqué par la présence de plusieurs caractères physiologiques et morphologiques en commun tels que la précocité, le rendement élevé, la longueur de la plante (semi naines) et la force de gluten. En plus la majorité des variétés modernes sont reliées par pédigrées, les variétés ayant un lien de parenté sont classées ensemble (Medini et al. 2005). Une similarité de 90% qui rapproche les deux variétés Karim et Razzek est expliquée par le fait que Karim est un parent direct de Razzek. Les cultivars Khiar et Iride ont la variété Altar 84 comme parent commun alors qu'Iride est un parent de Maestrale, ce qui explique une similarité de 85% entre Maestrale et Khiar. La variété Mahmoudi est un parent d'Inrat 69 ce qui explique leur présence dans le même groupe. Les relations entre les pédigrées et les estimations de la similarité génétique ne sont pas toutes significatives. Cependant, de faibles corrélations entre le lien de parenté et la similarité génétique sur la base de marqueurs moléculaires ont également été signalées par d'autres auteurs (Autrique et al. 1996; Bohn et al. 1999 ; Medini et al. 2005). Ces estimations peuvent être biaisées par la pression de sélection, la contribution parentale inégale, et aussi la parenté des ancêtres sans pedigree connu. Bohn et al. (1999) ont souligné que le biais généré dans le procédé de ségrégation de blé et d'orge est basé sur la similarité phénotypique au parent supérieur. Cependant, les marqueurs d'ADN ont l'avantage de détecter directement la variation de séquence entre les cultivars et ceci n'est pas influencé par des hypothèses inhérentes à l'analyse de pédigrée (Manifeste et al. 2001 ; Soleimani et al. 2002).

Le programme d'amélioration de la qualité du blé est basé sur la sélection des génotypes parentaux avant croisement en fonction de leurs distances génétiques estimées par les variations des marqueurs moléculaires. Le croisement entre les génotypes génétiquement éloignés augmente la variation génétique dans les populations de croisement (Bertan et al. 2007). Ceci est essentiel pour les programmes d'amélioration surtout pour les caractères multigéniques tels que la qualité de gluten et la teneur en protéines du blé dur, tout en prenant en compte l'influence de l'environnement. Parmi les contraintes qui se posent à l'amélioration des caractères qualitatifs telle

que la teneur en protéines, on peut citer la précocité de la période végétative et le remplissage des grains. La précocité de l'épiaison peut être utilisée comme critère de sélection pour améliorer la production dans les zones sèches (Amor et al. 2005). C'est l'un des caractères les plus importants dans l'adaptation des plantes au déficit hydrique terminal. Ainsi, en conditions méditerranéennes, la recherche d'une plus grande précocité a été, jusqu'en 1992, le moyen le plus utilisé pour éviter les effets négatifs du déficit hydrique et des hautes températures de fin de cycle sur le remplissage des grains (Dib et al. 1992). Cependant, les variétés locales à cycle tardif possèdent une teneur en protéines élevée par rapport aux variétés productives modernes. Le blé dur est généralement cultivé en conditions pluviales dans le bassin méditerranéen, qui imposent souvent un certain nombre de contraintes environnementales sur les variétés tardives. Une combinaison de la rareté de l'eau et des températures chaudes pendant la période de remplissage des grains, se traduit généralement par des baisses de rendement, mais dans la plupart des cas, on obtient une très bonne qualité de grain (Nazco et al. 2012).

4. Conclusion

La variabilité génétique est importante au niveau des génotypes étudiés qui constituent un important échantillon de notre patrimoine génétique de blé dur. Cette étude pourrait nous aider à mieux utiliser les parents éloignés dans nos futurs croisements afin d'élargir notre base génétique. Une diminution significative de la diversité du blé dur en Tunisie a été observée suite au remplacement des variétés autochtones par les cultivars améliorés. Ceci a été associé à une perte de quelques caractères tels que la teneur en protéines qui est un caractère très important sur les deux plans technologique et nutritionnel. D'après nos résultats, les variétés autochtones constituent un patrimoine génétique riche et une piste d'investigation pour la recherche de nouveaux gènes qui interviennent dans l'amélioration du taux de protéines et par conséquent l'efficacité d'utilisation de l'azote par la plante. De plus, les variétés améliorées ayant une force de gluten élevée peuvent être un important support pour l'identification de gènes et d'allèles responsables du même caractère. Dans ce sens et afin d'améliorer la qualité du gluten, nous proposons que les améliorateurs



choisissent des parents comme Saragolla, Grécale et Nasr. D'autre part, pour améliorer la teneur en protéines du grain, nous recommandons que ces améliorateurs sélectionnent des parents comme Chili ou Bidi. Il est préférable d'éviter la variété Karim au niveau des croisements, bien qu'il s'agisse de l'une des plus cultivées en Tunisie (bon rendement, adaptation aux conditions climatiques et résistance aux maladies), car elle possède une faible force de gluten jugé en plus par son allèle γ -42 qui est un marqueur de mauvaise qualité (Ammar et al. 2011).

5. Références

- Ammar K, Gharbi MS and Deghaies M (2011)** Wheat in Tunisia. In: Bonjean AP, Angus WM et Van Ginkel M., The world wheat Book, a history of wheat breeding Volume 2 edit TEC and DOC.
- Amor S, Moncef BS, Ben Naceur M and Zid E (2005)** Les céréales en Tunisie : production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance. Science et changements planétaires / Sècheresse, 16(3) :pp 225-229.
- Anderson JA, Churchill GA, Autrique JE, Tanksley SD, and Sorrells ME (1992)** Optimizing parental selection for genetic linkage maps. Genome, 36: pp181-186.
- Autrique E, Nachit MM, Monneveux P, Tanksley SD and Sorrells ME (1996)** Genetic diversity in durum wheat based on RFLP, morphophysiological traits and coefficient of parentage. Crop Sci, 36: pp 735-742.
- Ayed S and Slim-Amara H (2009)** Distribution and phenotypic variability aspects of some quantitative traits among durum wheat accessions. African Crop Science Journal, 16(4): pp219-224.
- Bertan I, Carvalho FIF, Oliveira AC (2007)** Parental selection strategies in plant breeding programs. Journal of Crop Science and Biotechnology, 10: pp 211-222.
- Blanco A, Mangini G, Giancaspro A, Giove S, Colasuonno P, Simeone R, Signorile A, De Vita P, Mastrangelo AM, Cattivelli L and Gadaleta A (2011)** Relationships between grain protein content and grain yield components through quantitative trait locus analyses in a recombinant inbred line population derived from two elite durum wheat cultivars. Mol breeding.
- Bohn M, Utz HF and Melchinger AE (1999)** Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis of RFLPs, AFLPs and SSRs and their use for predicting progeny variance. Crop Sci, 39: pp 228-237.
- Brevis JC, Morris C F, Manthey F and Dubcovsky J (2010)** Effect of the grain protein content locus Gpc-B1 on bread and pasta quality. Journal of Cereal Science, 51: pp357-365.
- Brites. C, and Carrillo, J M (2001)** Influence of high molecular weight (HMW) and low molecular weight (LMW) glutenin subunits controlled by *Glu-1* and *Glu-3* loci on durum wheat quality. Cereal Chemistry, 78: pp59-63.
- Carrillo JM, Vazquez JF, Ruiz M and Albuquerque MM (1991)** Relationships between gluten strength and gluten components in Spanish durum wheat landraces. In: Bushuk, W., Tkachuk, R. (Eds.), Gluten Proteins. AACC, St Paul, MN, 268-277.
- Canadian Grain Commission (2012)** : Qualité du blé de l'Ouest canadien en 2012. <http://www.grainscanada.gc.ca/wheat-ble/harvest-recolte/2012/hqww/hqww12-qrbo12-14-fra.htm>.
- Chabane k, varshney RK, Graner A and Valkoum J (2008)** Generation and exploitation of EST-derived SSR makers for assaying molecular diversity in durum wheat populations. Genetic resource and crop evolution. DOI 10.1007/s10722-007-9292-8.
- Deghaïes M, Kouki M, Gharbi MS and El Felah M (2007)** Les Variétés de céréales cultivées en Tunisie, National Imprimerie of Edition (Eds), Tunisia. p 445.
- D'Egidio MG, Mariani BM, Nardi P, Novaro P and Cubadda R (1990)** Chemical and technological variables and their relationships: a predictive equation for pasta cooking quality. Cereal Chemistry, 67: pp275-281.
- Dexter JE and Matsuo RR (1977)** Spaghetti-making quality of developing durum wheats. Canadian Journal of Plant Science, 57: pp7-16.



- Dib AT, Monneveux P, Araus JL (1992)** Adaptation à la sécheresse et notion d'idiotype chez le blé dur. II. Caractères physiologiques d'adaptation. *Agronomie*, 12 :pp381-93.
- Dick JW and Quick JS (1983)** A modified screening test for rapid estimation of gluten strength in early generation durum wheat breeding lines. *Cereal Chemistry*, 60: pp315–318.
- Dick JW and Youngs VL (1988)** Evaluation of durum wheat, semolina and pasta in the United States. In: Fabriani G, Lintas C (Eds.) *Durum: Chemistry and Technology*. American Association of Cereal Chemists, St. Paul, MN, 237–248.
- Du Cros DL (1987)** Glutenin proteins and gluten strength in durum wheat. *J Cereal. Sci*, 5: pp3–12.
- Edwards NM, Gianibell MC, McCaig TN, Clarke JM, Ames N P, Larroque OR and Dexter JE (2007)** Relationships between dough strength, polymeric protein quantity and composition for diverse durum wheat genotypes. *Journal of Cereal Science*, 45: pp140-149.
- Elias ME and Manthey FA (2005)** End products: Present and future Uses: Durum Wheat breeding current approaches and future strategies. *Crop Science*, 1: pp63-85.
- Khan IA, Procunier JD, Humphreys DG, Tranquilli G, Schlatter AR., Marcucci-Poltri S, Frohberg R and Dubcovsky J (2000)** Development of PCR-based markers for a high grain protein content gene from *Triticum turgidum* ssp. *Dicoccoides* transferred to bread wheat. *Crop Science*, 40: pp518-524.
- Kovacs, MIP, Howes NK., Leisle D, Zawistowski J (1995)** Effect of two different low-molecular-weight subunits on durum wheat pasta quality parameters. *Cereal Chemistry*, 72: pp85–87.
- Matsuo RR, Dexter JE, Kosmolak FG, Leisle D (1982)** Statistical evaluations of test for assessing spaghetti-making quality of durum wheat. *Cereal Chem*, 59: pp222-228.
- Martinez MC, Ruiz M and Carrillo JM (2005)** Effect of different prolamin alleles on durum wheat quality properties. *Journal of Cereal Science*, 41: pp123–131.
- Manifesto MM, Schlatter AR, Hopp HE, Sua´rez EY and Dubcovsky J (2001)** Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Sci*, 41: pp682–690.
- Mesfin A, Frohberg RC and Anderson JA (1999)** RFLP markers associated with high grain protein from *Triticum turgidum* L. var. *dicoccoides* introgressed into hard red spring wheat. *Crop Science*, 39: pp508-513.
- Medini M, Hamza S, Rebai A and Baum A (2005)** Analysis of genetic diversity in Tunisian durum wheat cultivars and related wild species by SSR and AFLP markers. *Genetic resources and crop evolution*, 52 : pp 21-31.
- Najimi B, El Jaafari S, Jlibène M and Jacquemin JM (2003)** Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes. *Biotechnology, Agronomy, Society and Environment*, 7(1): pp17-35.
- Nazco R., Villegas D, Ammar K, Pena RJ, Moragues M and Royo C (2012)** Can Mediterranean durum wheat landraces contribute to improved grain quality attributes in modern cultivars. *Euphytica*, 185: pp1-17.
- Nevo E (1998)** Genetic diversity in wild cereals: regional and local studies and their bearing on conservation *ex situ* and *in situ*. *Genetic resources and crop evolution* 45: pp355-370.
- Oury FX, Godin C (2007)** Yield and grain protein concentration in bread wheat: how to use the negative relationship between the two characters to identify favourable genotypes? *Euphytica*, 157: pp45-57.
- Oury FX, Berard P, Brancourt-Hulmel M, Depatureaux C, Doussignault G, Galic N, Giraud A, Heumez E, Lecompte C, Pluchard P, Rolland B, Rousset M and Trottet M (2003)** Yield and grain protein concentration in bread wheat: a review and a study of multi-annual data from a French breeding program. *J Genet Breed*, 57: pp59–68.



- Patil RM, Oak MD, Tamhankar SA and Rao VS (2006)** Identification of gluten protein subunits and their PCR amplified products related to sedimentation volume in durum wheat. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 15: pp47–50.
- Roder MS, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier MH, Leroy P and Ganal MW (1998)** A Microsatellite Map of Wheat. *Genetics*.
- Rohlf FJ (1998)** NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system Version 2.0. Applied Biostatistic. New York, N.Y.
- Ruiz M and Carrillo JM (1995)** Separate effects on gluten strength of Gli-1 and Glu-3 prolamin genes on chromosomes 1A and 1B in durum wheat. *Journal of Cereal Science*, 21: pp137–144.
- Sisson M (2008)** Role of durum wheat composition on the quality of pasta and bread. *Food*, Global Science Books, 2: pp75-90.
- Sokal RR and Michener CD (1958)** A statistical method for evaluating systematic relationships. The University of Kansas science bulletin, 38: pp1409–1438.
- Soleimani VD, Baum BR and Johnson DA (2002)** AFLP and pedigree-based genetic diversity estimates in modern cultivars of durum wheat [*Triticum turgidum* L. subsp. durum (Desf.) Husn.]. *Theor Appl Genet*, 104: pp350–357.
- Sundaram GR, Venkatesan T and Kunnummal KV (2007)** Genetic diversity among cultivars, landraces and wild relatives of rice as revealed by microsatellite markers. *Journal of Applied Genetics*, 48: pp337–345.
- Anonyme (2013)** Des rendements hétérogènes et une qualité variable en blé dur. <http://www.terre-net.fr/observatoire-technique-culturelle/strategie-technique-culturelle/article/des-rendements-heterogenes-et-une-qualite-variable-en-blé-dur-217-92332.html>.
- Vazquez JF, Ruiz M, Nieto-Taladriz M and Albuquerque MM (1996)** Effects on gluten strength of low Mr glutenin subunits coded by alleles at the Glu-A3 and Glu-B3 loci in durum wheat, *Journal of Cereal Science*, 24: pp125–130.