

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
Université Mohamed Khider, Biskra
Faculté des sciences exactes et des sciences de la nature et de la vie
Département des sciences de la nature et de la vie

N° d'ordre :
N° de Série :

MEMOIRE

En vue de l'obtention du diplôme de magister en biotechnologie

Thème

**Appréciation de la diversité génétique par les marqueurs
biochimiques des blés sahariens.**

Présenté par : CHEKARA BOUZIANI Mohammed

Soutenu le : 08 / 03 / 2011

Devant le jury :

Président : A. BENGUEDOUAR

Prof. Université Mentouri, Constantine

Rapporteur : D. KHELIFI

Prof. Université Mentouri, Constantine

Examineur : Y. BEN HIZIA

M.C. Université Mentouri, Constantine

Examineur : M.A. HAMIDECHI

M.C. Université Mentouri, Constantine

DEDICACES

A mes parents.

A ma femme.

A mon petit trésor** Ahmed Hocine (Sinou)**

Aucune dédicace ne saurait mieux exprimer mon affection, ma reconnaissance, ma gratitude et mon respect les plus profonds.

A mon frère, et mes sœurs

Je vous dis merci pour votre soutien et votre amour fraternel.

A mon frère, Lyes.

A tous mes amis.

A tous ceux qui me sont chers.

REMERCIEMENT

Ce travail a été réalisé grâce à l'aide de nombreuses personnes que je voudrais remercier.

Tout d'abord, je tiens à exprimer ma gratitude, ma profonde reconnaissance et mon respect au Professeur D. KHELIFI, directeur du laboratoire de biochimie génétique et biotechnologies végétales en témoignage de son encadrement et qui n'a pas cessé de m'encourager et de m'orienter tout au long de ce travail.

Je remercie Le professeur A. BENGUEDOUAR qui accepté de présider mon jury.

A monsieur Y. BEN HIZIA Maître de conférences à l'université Mentouri, Constantine, je le remercie d'avoir accepté de faire partie du jury.

A monsieur M.A. HAMIDECHI Maître de conférences à l'université Mentouri, Constantine, je le remercie d'avoir aussi accepté de faire partie du jury.

Mes vifs remerciements vont aussi à Mlle. Ines BELIL qui m'a aidé dans la réalisation de ce travail au niveau de laboratoire.

A l'INRAA, El Harrach, je tiens à remercier Mr. S. CHOUAKI chargé de recherche pour leur aide.

A l'INRAA, station d'Adrar, je remercie Mr. S. TAREB chargé de gestion des ressources phylogénétiques qui ma accueilli. Je le remercie pour son soutien moral et matériel.

Mes remerciements s'adressent Mr. T. BRAHIMI de l'ITDAS, Biskra; Mr. Y. AMARI de l'ITDAS, El Oued et Mr. A. KIHAL de l'ITDAS, Adrar pour leurs collaborations et leurs précieux conseils.

.Enfin, je remercie tous ceux qui ont participé de près ou de loin à la réalisation de ce travail

TABLE DES MATIERES

	Page
INTRODUCTION	1
Chapitre I. Revue bibliographique	
1. Importance de la culture du blé	3
1.1. Production du blé	3
1.1.1. Production mondiale	3
1.1.2. Production algérienne	4
1.2. Utilisation du blé	5
2. Sélection du blé	6
2.1. La sélection et ses problèmes	6
2.2. Outils pour aider la sélection pour la qualité	7
2.2.1. Outils biochimiques et technologiques	8
2.2.2. Outils biotechnologiques	8
3. Conservation des ressources génétiques du blé	8
4. Le blé saharien	9
4.1. Historique et origine	9
4.2. Appellation	9
4.3. Diversité phénotypique	10
4.4. Limitation de la classification des blés sahariens sur la base de la diversité phénotypique	10
5. Caractéristiques biochimiques et génétiques des protéines du grain de blé	11
5.1. Caractéristiques biochimiques	11
5.1.1. La composition chimique du grain de blé	11
5.1.2. Identification biochimique des protéines de réserve du blé	12
5.1.2.1. Classification	12
5.1.2.2. Extraction et séparation des protéines de réserve	15
5.1.2.2.1. Techniques d'extraction	15
5.1.2.2.2. Techniques de séparation	16
5.2. Caractéristiques génétiques	16

5.2.1. Structure génétique des blés.....	16
5.2.2. Filiation génétique des blés.....	17
5.2.3. Déterminisme génétique des protéines de réserve.....	18
5.2.3.1. Déterminisme génétique des SG-HPM	19
5.2.3.1.1. Au niveau des locus.....	19
5.2.3.1.2. Polymorphisme et nomenclature allélique.....	21
5.2.3.1.3. Les nouvelles SG-HPM.....	22
5.2.3.2. Déterminisme génétique des SG-FPM	25
5.2.3.2.1. Au niveau des locus.....	25
5.2.3.2.2. Nomenclature allélique.....	26
5.2.3.3. Déterminisme génétique des Gliadines.....	28
5.2.3.3.1. Au niveau des différents locus.....	28
5.2.3.3.2. Nomenclature allélique	29
6. Relation entre diversité des protéines de réserve et qualité.....	31
6.1. Relation entre composition en SG-HPM et qualité	31
6.2. Relation entre composition en SG-FPM et qualité	33
6.3. Relation entre composition les gliadines et la qualité.....	34
 Chapitre II. Matériels et méthodes	
1. Matériel végétal.....	35
2. Méthodes d'étude.....	38
2.1. Technique d'électrophorèse.....	38
2.1.1. Principe.....	38
2.1.2. Extraction des protéines de réserve.....	38
2.1.2.1. Extraction des gliadines.....	39
2.1.2.2. Extraction des gluténines.....	39
2.1.3. Electrophorèse monodimensionnelle des gluténines par SDS-PAGE.....	39
2.1.4. Coloration et décoloration	40
2.1.5. Lecture génétique des diagrammes	40
2.2. Statistiques	40
 Chapitre III. Résultats et discussion	
1. Etude de la variabilité des sous-unités gluténines.....	42

1.1. Etude de la variabilité des sous-unités gluténines chez les blés durs.....	42
1.1.1. Etude de la variabilité des SG-HPM chez le blé dur.....	42
1.1.2. Etude de la variabilité des SG-FPM chez les blés durs.....	45
1.2. Etude de la variabilité des sous-unités gluténines chez le blé tendre.....	46
1.2.1. Etude de la variabilité des SG-HPM chez le blé tendre.....	46
1.2.2. Etude de la variabilité des SG-FPM chez le blé tendre.....	51
2. Indices de similarité des diagrammes variétaux.....	53
2.1. Indice de similarité chez le blé dur.....	53
2.2. Indice de similarité chez le blé tendre.....	54
3. Etablissement des diagrammes types variétaux.....	56
4. Classification hiérarchique des variétés de blé dur et de blé tendre.....	58
4.1. Dendrogramme des blés durs.....	58
4.2. Dendrogramme des blés tendres.....	60
CONCLUSION.....	62

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

ANNEXES

LISTE DES TABLEAUX

	Page
Tableau 1 : Les récoltes de blé dans le monde par grandes zones et principaux pays producteurs (tous blés, y compris blé dur) (CIC, 2009).....	4
Tableau 2 : Production, consommation et importation de blé dur en Algérie (CIC, 2000)	5
Tableau 3 : Utilisation du blé (Quaglia, 1988).....	6
Tableau 4 : la composition chimique du tissu d'un grain de blé. (Feuillet, 2000).....	12
Tableau 5 : Caractéristiques des différents groupes des protéines de réserve (Bouguennec, 1993).....	14
Tableau 6 : Classification des sous-unités gluténines de faible poids moléculaire (Lew et al., 1992; Melas et al., 1993).....	14
Tableau 7 : Classification des <i>Triticum</i> (Feuillet, 2000).....	17
Tableau 8 : Expression des allèles des locus codant pour les sous-unités de gluténines SG-HPM (Payne et al, 1981).....	19
Tableau 9 : Expression des allèles des locus codant pour les sous-unités de gluténines SG-HPM (Payne et al, 1981).....	23
Tableau 10 : Blocs alléliques codant pour les SG-FPM (Gupta et Shepherd, 1990).....	26
Tableau 11: Liste des variétés de blé dur étudiées.....	35
Tableau 12: Liste des variétés de blé tendre étudiées.....	36
Tableau 13 : Liste des variétés du blé avec leurs Diagrammes des SG-HPM utilisés comme témoins pour la lecture génétique des électrophorégrammes des blés durs et des blés tendres.....	37
Tableau 14 : Liste des variétés du blé avec leurs Diagrammes des SG-FPM utilisés comme témoins pour la lecture génétique des électrophorégrammes des blés tendres.....	37
Tableau 15 : Types des diagrammes des SG-HPM observé chez les variétés du blé dur.....	42
Tableau 16 : Fréquences alléliques au niveau des 2 locus Glu-A1 et Glu-B1 trouvées chez les 15 variétés du blé dur.....	43
Tableau 17: Types des diagrammes des SG-FPM observé chez les variétés du blé dur.....	45

Tableau 18 : Fréquences alléliques au niveau des 3 locus : Glu-A3, Glu-B3 et Glu-B2 trouvées chez les 15 variétés du blé dur.....	46
Tableau 19 : Types de diagrammes des SG-HPM observé chez les variétés du blé tendre.....	50
Tableau 20 : Fréquences alléliques au niveau des 3 locus Glu-A1, Glu-B1 et Glu-D1 trouvées chez les 33 variétés du blé tendre.....	51
Tableau 21 : Types de diagrammes des SG-FPM observé chez les variétés du blé tendre.....	52
Tableau 22 : Fréquences alléliques au niveau des 3 locus : Glu-A3, Glu-B3 et Glu-D3 trouvées chez les 33 variétés du blé tendre.....	52
Tableau 23 : Indices de similarité des blés durs.....	54
Tableau 22 : Indices de similarité des blés tendres.....	55
Tableau 25 : Diagrammes types des SG-HPM et SG-FPM des blés durs révélés par SDS-PAGE.....	56
Tableau 26 : Diagrammes types des SG-HPM et SG-FPM des blés tendres révélés par SDS-PAGE.....	57

LISTE DES FIGURES

	Page
Figure 1 : les blocs des gènes(Branlard, 2004).....	18
Figure 2 : Localisation des gènes codant pour les gliadines et les gluténines (Branlard, 2004).....	20
Figure 3 : Nomenclature des bandes et des allèles des SG-HPM d'après Lawrence (1983), complétée par Branlard et al. (1990).....	22
Figure 4 : Les différents allèles des SG-FPM révélés en SDS-PAGE (Gupta et Shepherd, 1990).....	26
Figure 5 : La diversité allélique des SG-FPM (Branlard et <i>al.</i> , 2003).....	27
Figure 6 : Diagramme montrant les locus : Glu-A3, Glu-B3 et Glu-B2 codant pour les SG-FPM de la zone B (Nieto-Taladriz et <i>al.</i> , 1997).....	27
Figure 7 : Blocs alléliques des gliadines pour les différent chromosomes des groupes 1 et 6 (Metakovsky, 1991).....	30
Figure 8 : Les différents allèles des ω -gliadines révélés en SDS-PAGE (Khelifi et <i>al.</i> , 1992).....	30
Figure 9 : Variation allélique des SG-HPM et leur relation avec la qualité boulangère (Payne et <i>al.</i> , 1984a).....	32
Figure 10 : Les différentes zones d'un profil électrophorétique des protéines de réserve du blé.....	41
Figure 11 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé dur. (Plaque 1).....	43
Figure 12 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé dur. (Plaque 2).....	44
Figure 13 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé tendre. (Plaque 1).....	47
Figure 14 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé tendre. (Plaque 2).....	48
Figure 15 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé tendre. (Plaque3).....	49
Figure 16 : Dendrogramme de 15 variétés des blés durs (SPSS, version 14.0).....	59
Figure 17 : Dendrogramme de 15 variétés des blés tendres (SPSS, version 14.0).....	61

ABREVIATIONS

Acid-PAGE:	Acid Polyacrylamide Gel Electrophoresis.
CIC :	Conseil International des céréales.
CNUCED :	Conférence des Nations Unies sur le Commerce Et le Développement.
CRSTRA :	Centre de Recherche Scientifique et Technique sur les Régions Arides.
DMSO :	Diméthylsulfoxyde.
DTT :	Dithiotreitol.
IAS :	Indice de similarité absolue.
INRAA :	Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie.
IRS :	Indice relatif de similarité.
ITDAS :	Institut Technique de Développement de l'Agriculture Saharienne.
PCR :	Polymerase Chain Reaction.
RFLP :	Restriction Fragment Length Polymorphism.
SDS :	Sodium Dodecyl Sulfate.
SDS-PAGE:	Sodium Dodecyl Sulfate Polyacrylamide Gel Electrophoresis.
SG :	Sélection généalogique.
SG-FPM :	Sous-unités gluténines de faible poids moléculaire.
SG-HPM :	Sous-unités gluténines de haut poids moléculaire.
SPSS :	Statistical Package for the Social Sciences.
SSD :	Single Seed Descent.
TCA :	Acide Trichloracétique.
TEMED :	NNN N –tétraméthyléthylènediamine.
URSS :	Union des Républiques Socialistes Soviétiques.

INTRODUCTION

L'Algérie est reconnue comme étant un centre de diversité non négligeable pour plusieurs espèces céréalières dont le blé dur (*Triticum durum* Desf.) et le blé tendre (*Triticum aestivum* vulgare L., *Triticum aestivum sphaerococcum* L.). Malheureusement, cette diversité est menacée par une érosion génétique regrettable, surtout pour les blés sahariens. On note en revanche, l'absence d'inventaire précis et d'études sur l'état de conservation et de gestion de ces ressources génétiques locales.

Les blés sahariens sont restés pendant longtemps mal connus ; plusieurs raisons peuvent être avancées pour expliquer cette méconnaissance : l'isolement des zones sahariennes, l'autoconsommation des blés produits (la modeste production ne permet pas la constitution de surplus échangeable) et la difficulté de l'étude des blés sahariens hors de leur milieu d'origine du fait en particulier de leur extrême sensibilité à la rouille jaune (*Puccinia striiformis* Westend) et à la coulure.

La présence des blés dans les cultures sahariennes avait pourtant été signalée depuis longtemps par de nombreux voyageurs, tels que Follie (1792), Adams (1810 et 1814) ou Caille (1828), mais les descriptions en étaient imprécises, voire erronées, et il faudra attendre le vingtième siècle pour que des études soient spécialement consacrées à ces cultures.

Ducellier (1920) est le premier à attirer l'attention des agronomes sur "l'originalité des blés sahariens" et sur "les possibilités culturelles d'une réelle importance" qu'offrent ces céréales: commence alors un considérable travail de prospection et de description des populations sahariennes de blé, dont rendent compte les publications de Miege (1924), Ciferri et Garavini (1941) et Erroux (1952, 1954 et 1958) ; ces études restent jusqu'à nos jours consacrées à la variabilité morphologique des épis et des grains et se donnent pour objectif de classer les différents types rencontrés. Cette approche présente des limites et se heurte à de nombreuses difficultés tels que: l'hétérogénéité des populations, l'abondance des formes intermédiaires et l'imprécision de la nomenclature.

Il est nécessaire donc, de simplifier l'identification génotypique et d'aborder l'étude de la diversité génétique des blés sahariens, en faisant appel aux techniques biochimiques et moléculaires très avancées tel que l'électrophorèse. Cette dernière, permet une identification précise par des caractères biochimiques invariants (indépendants des conditions environnementales): la description des variétés peut alors être basée, non seulement sur les

caractères morphologiques du grain et de l'épi, mais aussi sur une série de fréquences de gènes caractéristiques.

Notre travail s'inscrit dans ce contexte. Il s'agit d'apprécier la diversité génétique des blés sahariens (durs et tendres) par l'analyse de la variabilité d'un groupe des protéines de réserve (gluténines). Les méthodes reposent sur l'étude de diversité des gluténines de haut poids moléculaire et de faible poids moléculaire par une technique d'électrophorèse monodimensionnelle.

Les études ont été conduites au laboratoire de biochimie génétique et biotechnologies végétales (Université Mentouri, Constantine). Ce travail est rendu possible grâce à la coopération de l'institut national de la recherche agronomique d'Algérie (INRAA), l'institut technique de développement de l'agriculture saharienne (ITDAS) et le Centre de recherche scientifique et technique sur les régions arides (CRSTRA), qui ont mis à notre disposition une collection des blés sahariens.

Avant d'exposer notre expérimentation et nos résultats et pour mieux centrer notre problème en fonction des données de la littérature, il nous paraît utile de faire une mise au point sur les blés d'une façon générale et surtout sur les bases biochimiques et génétiques des protéines de réserve.

1. Importance de la culture du blé

Depuis sa découverte et sa domestication par les premiers cultivateurs des anciennes civilisations, le blé a toujours été au coeur d'enjeux politiques, économiques et sociaux de premier rang. Il occupe une place importante dans la production agricole et constitue la nourriture de base pour 35% de la production mondiale. De toutes les plantes cultivées, le blé est celle qui a pris le plus d'importance dans l'alimentation de l'être humain, c'est ce qui fait que c'est la plante la plus cultivée des céréales. Les statistiques montrent que depuis 1945, la production et la consommation mondiale de blé ont pratiquement quadruplé passant d'environ 140 à 570 millions de tonnes (Nouaille, 1991; Magdeleine et *al.*, 1993 ; Ferret, 1993).

1.1. Production du blé

1.1.1. Production mondiale

Au niveau mondial, l'amélioration des techniques culturales et la sélection génétique ont conduit à un accroissement considérable des rendements, passant de moins de 10 q/ha (quintaux par hectare) en 1900 à plus de 25 en 1990. Les pays de l'Amérique du Sud demeurent stables avec 20 q/ha, l'Afrique et le Proche-Orient avec 10 q/ha, l'Égypte et l'Arabie Saoudite ont atteint, en culture irriguée, 35 à 40 q/ha.

En Europe, des rendements très élevés sont obtenus en culture intensive. Le rendement moyen est passé de 30 à 60 quintaux par hectare durant les 30 dernières années, soit une progression moyenne de 1 quintal/ha/an. En France, les gains sont remarquables : aujourd'hui, la production s'élève à 80, voire 100 quintaux/hectare chez les agriculteurs les plus industrialisés. L'augmentation des rendements et des surfaces cultivées a ainsi conduit à un fort accroissement de la production, qui atteignait 275 millions de tonnes en 1965 et 600 en 2003. Le blé est également la première céréale du point de vue des échanges commerciaux (45 % des échanges totaux en 1998) (CIC, 2005).

Le marché du blé est assez traditionnel. Depuis une quarantaine d'années, cinq pays ou régions représentent les deux tiers de la production mondiale (La Chine, L'union européenne des quinze, L'URSS et l'Ex-URSS, L'Inde et les Etats-Unis).

A côté de ces grands acteurs qui produisent plus de soixante millions de tonnes de blé par an, on trouve une série de producteurs dont l'offre s'étale généralement entre dix et quarante millions de tonnes sur la période 1961-2005 : le Canada (21,6), la Turquie (15,8), l'Australie (14,4), le Pakistan (11,7) et l'Argentine (10). Ils fournissent ensemble plus de 16% de l'offre

mondiale sur la période (CNUCED, 2005). Le tableau 1 donne la production mondiale du blé durant la période 2007/2009 par zone géographique selon le conseil international des céréales.

Tableau 1: Les récoltes de blé dans le monde par grandes zones et principaux pays producteurs (tous blés, y compris blé dur) (CIC, 2009).

(Millions de tonnes)	2007	2008	2009
Europe	124,2	156,2	141,3
- dont U.E.	119,7	151,2	136,6
Ex-URSS	93,8	117,3	109
- dont Kazakhstan	16,6	13	14,5
- dont Russie	49,4	63,7	60
- dont Ukraine	13,9	25,9	20
Nord et Centre Amérique	79,4	100,6	88,9
- dont Canada	20,1	28,6	24,5
- dont Etats-Unis	55,8	68	60,4
Sud Amérique	23	17,2	16,9
- dont Argentine	16,3	8,3	7,6
- dont Brésil	3,8	6	5,2
Proche Orient	39,9	32,5	36,7
- dont Iran	15	10	12
- dont Turquie	15,5	17	18
Extrême Orient	216,3	220,6	226,2
- dont Chine	109,9	112,5	114
- dont Inde	75,8	78,6	80,6
Afrique	18,8	20,5	24,4
- dont Egypte	7,4	7,9	8,2
- dont Maroc	1,6	3,7	6
Océanie	13,4	21,7	23,3
- dont Australie	13	21,4	23
TOTAL MONDE	608,8	686,8	666,8

1.1.2. Production algérienne

En Algérie, le blé constitue l'aliment principal (180Kg/individu/an). La faiblesse de la production céréalière et particulièrement celle des blés (1.6 à 1.8 millions de tonne en moyenne), a rendu l'importation très nécessaire, en effet, notre pays a été le premier acheteur mondial de blé

dur durant la période 1993-1996, en moyenne de 5.7 millions de tonne/an, soit un pourcentage de 34% des réserves mondiales.

La balance agricole est régulièrement déficitaire, alors que la production de 1996 (qui est une année de forte production avec 3.2 millions de tonnes) ne présente que 4% de la production mondiale.

De 1995 à 2005, le marché Algérien a absorbé, en moyenne annuelle, 4244903 tonnes de blés dont 70,44% de blé dur, soit 2990265 tonnes représentant une valeur de 858 millions de dollars, dont 60,36% de blé dur, soit 578 millions (Chehat, 2007). Le tableau ci-dessous donne la situation économique du blé dur en Algérie de 1994 au 2001.

Tableau 2 : Production, consommation et importation de blé dur en Algérie (CIC, 2000).

En milliers de tonnes	1994-1995	1996-1997	1997-1998	1998-1999	1999-2000	2000-2001
Production	1110	1600	500	1500	900	700
Consommation	2662	3358	3158	3400	2900	2800
importations	1552	1758	2658	1900	2000	2100

La faible production des blés est dû à plusieurs facteurs dont les plus important sont : les pratiques culturales, les aléas climatiques (irrégularité des pluies, sécheresse, maladies...) et les variétés anciennes à faible rendement (Bendif, 1992).

1.2.Utilisation du blé

Le blé est la céréale dont les débouchés sont les plus diversifiés. L'alimentation humaine (boulangerie, pâtisserie, biscuiterie, couscous, galettes...) reste la plus importante par rapport à la place qu'occupe l'alimentation animale.

Le blé dur est surtout destiné à la fabrication des pâtes alimentaires. Il reste l'aliment de base des pays en voie de développement. En Algérie, la semoule issue du blé dur est à l'origine de produits alimentaires très divers : pains locaux, galettes, couscous, frick, pâtes et gâteau traditionnels.

Le tableau 3 donne les principales utilisations de blé dur dans le monde et montre que les principales consommations de cette céréale sont sous forme de pain (24%) et de pâtes alimentaires (28%).

Tableau 3 : Utilisation du blé (Quaglia, 1988).

Pays	Pâtes (%)	Couscous (%)	Pain (%)	Autres (%)
Italie	60		40	
France	60		40	
Espagne	70		30	
Angleterre	80		20	
Benelux	100			
Allemagne de l'Ouest	65			
Europe de l'Ouest	32			
Amérique du Nord	75			
Tunisie	30	50	15	5
Algérie	30	40	10	20
Maroc	7	80	85	3
Egypte	100			
Jordanie	2	1	95	2
Liban	40		20	40
Syrie			40	60
Chypre	10		90	
Turquie	10	30	60	
Arabie Saoudite		5	10	10
Irak	40	10	50	
Afghanistan	20	8	60	12
Ethiopie	35		5	60
Pakistan			3	97
Monde	28	16	24	32

2. Sélection du blé

2.1. La sélection et ses problèmes

Les exigences industrielles aussi bien pour l'alimentation que pour les autres valorisations du blé nécessitent le maintien d'une certaine qualité des produits. Cependant, la diversification des utilisations industrielles du blé a aussi demandé une évolution de cette qualité, qui doit être adaptée aux nouveaux procédés.

Le sélectionneur doit donc répondre à de nombreuses exigences. Pour cela il est nécessaire qu'il puisse disposer d'outils lui permettant d'apprécier cette qualité et ceci à un stade précoce de la sélection.

Depuis les premières sélection par l'Homme, basées uniquement sur certains aspects agronomiques du blé, la sélection a bien évolué et recouvre un ensemble d'activités techniques et scientifiques très diversifiées. Un certain nombre de méthodes de fixation et de sélection sont désormais bien établies : la sélection généalogique (SG), la sélection en Bulk (Bulk) et la filiation unipare ou "Single Seed Descent" (SSD). Bien que les découvertes techniques et génétiques tendent actuellement à raccourcir les délais de création de nouveaux cultivars, il faut environ 10 ans et parfois 15 ans pour mettre une nouvelle variété sur le marché (Demarly, 1987). Pour le sélectionneur cela signifie investir beaucoup d'argent sans avoir la certitude de succès.

Les objectifs de sélection ne sont pas uniquement d'obtenir de bon rendement, avec des variétés bien adaptées aux techniques culturales hautement mécanisées mais également d'améliorer les facteurs de régularité de ce rendement et la qualité technologique du produit. Le sélectionneur devra donc réunir dans un même génotype des caractères souvent antagonistes comme une production élevée et régulière et une haute teneur en protéines (Picard, 1988).

Les méthodes de sélection génétiques sont responsables d'environ 50 à 60% de l'accroissement de productivité observée au cours des 40 dernières années (Demarly, 1987; Picard, 1987). Cependant plusieurs problèmes se posent comme une perte de la variabilité génétique due à l'élimination nécessaire et consciente de grandes quantités de lignée au cours de la sélection mais aussi par l'emploi d'un choix limité de géniteurs.

Pour éviter cette perte, une stratégie globale a été mise en œuvre : la sélection récurrente d'après la théorie énoncée par Gallais (1977). Cette méthode est basée sur la gestion de populations dans lesquelles de nombreux parents, retenus sur la base d'un taux de sélection modéré, sont intercroisés. Au cours du cycle de sélection, par autofécondation et sélection, ces populations peuvent servir à la création variétale tout en conservant une bonne variabilité (Picard, 1988; Georget, 1990).

2.2. Outils pour aider la sélection pour la qualité

Plusieurs outils offrent des appuis à la sélection : les outils biochimiques (électrophorèses ou techniques de chromatographie) qui permettent une caractérisation génétique des variétés par l'intermédiaire des protéines de réserve. Ces outils peuvent être couplés aux outils technologiques (test de sédimentation, teneur en protéines, dureté...) qui permettent de tester le potentiel "qualité" d'une variété.

Le développement du secteur biotechnologie a apporté un outil supplémentaire aux sélectionneurs avec la production d'autres types de matériel végétal.

2.2.1. Outils biochimiques et technologiques

L'application des outils biochimiques diffère suivant l'étape du cycle de sélection. L'utilisation des protéines de réserve, à un stade précoce de la sélection, permet de prédire le potentiel "qualité" d'un génotype. En effet, les propriétés viscoélastiques du gluten sont reliées aux diagrammes électrophorétiques des gluténines du grain (Payne et *al.*, 1979; Payne, 1987). De plus, contrairement aux outils technologiques, leurs résultats ne sont pas influencés par les facteurs agro-climatiques et le déterminisme génétique des constituants protéiques est plus simple.

Cependant pour vraiment apprécier toute la qualité intrinsèque d'une variété, il est préférable de coupler l'analyse des protéines de réserve avec des tests technologiques appréciant la qualité boulangère. Ces deux types d'outils présentent l'énorme avantage permettre des analyses rapides, en grandes séries sur de petites quantités d'échantillons. Bien qu'ils ne renseignent pas directement sur la qualité finale du blé, par exemple pour la panification, ils en permettent une bonne appréciation.

En fin de cycle de sélection, le diagramme électrophorétique des gliadines puis récemment celui de gluténines constitue " l'empreinte digitale " des variétés qui normalement doivent être inscrites au catalogue officiel des blés.

2.2.2. Outils biotechnologiques

Le développement de la biotechnologie a permis la production de matériel intéressant dont les populations d'haploïdes doublés, issues de différentes techniques de culture *in vitro*, et certainement dans l'avenir des populations de blés transformés.

Les haploïdes doublés présentent de nombreux avantages. Tout d'abord, le délai d'obtention de la lignée pure, objectif du sélectionneur, est raccourci. Comme la lignée est fixée en une campagne de culture *in vitro*, la caractérisation phénotypique et l'appréciation de la valeur génétique des génotypes pourront se faire précocement.

3. Conservation des ressources génétiques du blé

Les généticiens spécialisés en production agricole recherchent des gènes pouvant influencer les rendements, la reproduction, la qualité des produits, la tolérance et la résistance aux maladies et aux stress ainsi que les caractéristiques sanitaires. Dans cette recherche, les croisements entre variétés de caractéristiques extrêmes jouent un rôle important. Ce type de croisement nécessite un haut niveau de biodiversité au sein des espèces; il est aussi recommandé

de conserver intacte la variabilité intra-spécifique sans perdre les gènes ni leurs différentes combinaisons, qui constituent pour les chercheurs un matériel original de travail et représentent aussi un témoin pour l'estimation du progrès génétique réalisé sur les nouvelles variétés (Abdelguerfi, 2003). Il est donc nécessaire de constituer une "réserve génétique", comprenant des ressources très diversifiées susceptibles de répondre aux besoins futurs de l'homme. Ces ressources sont matérialisées sous forme de variétés, anciennes et modernes, de populations ou écotypes locaux et espèces sauvages proches des plantes cultivées.

Les ressources génétiques peuvent être conservées dans leur milieu naturel (conservation *in situ*), et la gestion *in situ* est surtout utilisée pour les espèces sauvages apparentées aux espèces cultivées, ou en dehors de leur habitat d'origine, de manière statique (conservation *ex situ*) : leurs ressources génétiques peuvent être alors conservées de manière stable en dehors de leur habitat d'origine sous forme de semences par exemple, grains de blé de différentes lignées ou sous forme de plantes rassemblées en collection conservatoire au champ (Gargominy, 2006).

4. Le blé saharien

4.1. Historique et origine

L'hypothèse de l'ancienneté des blés sahariens est également confrontée avec les données récentes de la préhistoire. Il apparaît alors que les conclusions de Chevalier (1994) s'appuyant sur les travaux de Hartmann (1923) et Berthelot (1927) évoquant les très anciennes relations entre l'Egypte et l'Afrique du Nord-Ouest qui considérait que la culture du blé au Sahara remontait au néolithique (au V siècle avant Jésus-Christ) sont à perdre. La civilisation néolithique saharienne a des affinités avec la civilisation égyptienne. L'Egypte de très bonne heure, a eu des contacts avec l'Asie d'une part, et avec les Libyens et le Sahara d'autre part, c'est de l'Egypte que seraient venus les blés cultivés au Sahara, d'où dérivent les blés des Oasis actuelles, dont les affinités asiatiques s'expliquent par les contacts de l'Egypte avec l'Asie (Erroux, 1960).

4.2. Appellation

Les appellations révélées dans les différentes régions du Sahara pour les différentes variétés correspondent dans l'ensemble soit à :

- Une caractéristique estimée d'un stade phénologique, à titre d'exemple la précocité. Dans ce cas on peut citer : Sebaga, Chatter, Chouittar.
- Un aspect assez caractéristique d'un organe de la plante en question particulièrement l'épis par exemple : Fritas (non barbu), de la qualité de leur farine, exemple : Belmabrouk, El Farh.

- Une région, par exemple : Touatia, Eskandaria, El Menea.
- Couleur de l'épi : le terme de Hamra (Rouge), Kahlaya (Noir).

4.3. Diversité phénotypique

Les blés sahariens inventoriés au Sahara par Ducellier (1909, 1920) et (Erroux, 1960) dévoilent une variabilité abondante de formes et de couleurs. Ils se différencient notamment :

- Par l'absence ou la présence de barbes.
- Par variation dans la morphologie des barbules (arêtes) qui présente chez les blés sahariens une très grande variabilité.
- Par des variations dans l'ampleur des glumes, plus ou moins "ventrues" plus ou moins coudées à la base, avec une carène nettement indiquée, ou au contraire estompée surtout à la base.
- Par des variations dans la compacité des épis et le nombre souvent élevé des fleurs fertiles dans les épillets. D'une façon générale, les blés typiquement sahariens ont en effet une compacité élevée. Supérieure à celle des blés cultivés dans les territoires du Nord.
- En fin, les blés sahariens se différencient par les caractères de coloration de l'épi et du grain puisque l'on trouve des variétés à épi blanc et des variétés à épi rouge, soit à grain roux, soit à grain blanc.

4.4. Limitation de la classification des blés sahariens sur la base de la diversité phénotypique

La classification faite par Ducellier (1920) et Erroux (1962) des différentes populations collectées dans les zones sahariennes sur la base des critères évoqués ci-dessus, présente des limites et se heurte à de nombreuses difficultés :

- l'hétérogénéité des populations, chacune d'elles étant constituée d'un mélange de formes (au sein de la population Bouch du Fezzan, Erroux (1962) distingue par exemple des types aristés à grains blancs et à grains rouges, et des types breviaristés à glume renflée).
- l'abondance des formes intermédiaires, constituant des séries continues depuis des types à caractères sahariens marqués (tels qu'ils ont été décrits plus haut) jusqu'à des types à caractères sahariens "atténués" ou nuls, ces types se rencontrent le plus fréquemment au contact des régions soudano-sahéliennes (sud) ou telliennes (nord) et à proximité des voies de passage.

- la présence de nombreux types d'épis portant à la fois des caractères de *T. aestivum* L. et de *T. spelta* L. (blés speltoïdes), ou de *T. aestivum* L. et de *T. compactum* L. (blés compactoïdes). Parmi les blés speltoïdes, on peut classer Bou Chouka, Zaghloul, Hamra, Manga; et parmi les blés compactoïdes, Fertass, Farina, El Klouf.

- l'imprécision de la nomenclature :

- un même terme peut concerner des populations différentes ayant en commun une caractéristique morphologique marquante: le terme Fertass (chauve, teigneux) peut recouvrir des formes mutiques ou bréviaristées diverses, les termes Dzil el Bral, Babous el Bral (queue de mulet) se rapportent à plusieurs populations à épi long et barbu. Une même appellation peut même parfois renvoyer à des types totalement différents : dans le Fezzan, la variété Cheguira est un blé tendre (Erroux, 1962) alors que dans d'autres zones, elle s'agit de blé tétraploïde (dur).
- des populations analogues peuvent porter des noms différents suivant les lieux: le Fertass ou Fritissi est aussi appelé Solouni, Taiyat (ou Tayba), Bekma, Fezzan (Erroux, 1962).

5. Caractéristiques biochimiques et génétiques des protéines du grain de blé

5.1. Caractéristiques biochimiques

5.1.1. La composition chimique du grain de blé

Ces constituants se répartissent de manière inégale au sein des différentes fractions histologiques du grain. L'amidon se trouve en totalité dans l'albumen amylicé, les teneurs en protéines du germe et de la couche à aleurone, les pentosanes sont particulièrement élevées. Les matières minérales abondent dans la couche à aleurone, les pentosanes sont les constituants dominants de cette dernière et du péricarpe, les lipides voisinent ou dépassent les 10% dans le germe et dans la couche à aleurone, le tableau suivant décrit mieux la composition du tissu du blé (Feuillet, 2000).

Tableau 4 : la composition chimique du tissu d'un grain de blé. (Feuillet, 2000).

	Péricarpe %T	Aleurone %T	Albumen %T	Germe %T
Protéines	10	30	12	31
Lipides	0	9	2	12
Amidon	0	0	82	0
Sucre réducteur	0	0	1.8	30
Pentosane	43	46	1.6	7
Cellulose	40	3	0.1	2
Minéraux	7	12	0.5	6

5.1.2. Identification biochimique des protéines de réserve du blé

Depuis longtemps, on sait que les différences variétales de la qualité sont dues en majeure partie au gluten. Les propriétés de ténacité, d'élasticité et d'extensibilité de la pâte, généralement différentes d'une variété à l'autre, résultent des caractéristiques des nombreuses protéines constitutives du gluten. (Branlard, 1999).

Les grains des céréales renferment un grand nombre de protéines de nature différente : protéines de structure, protéines biologiquement fonctionnelles et protéines de réserve. 87% des protéines se trouvent dans l'albumen et la couche à aleurone. (Jensen et Martens, 1983; Popineau, 1985).

Elle sont composées par les albumines, les globulines, les gluténines et les gliadines. Les albumines et les globulines ont surtout des fonctions métaboliques, les gluténines et les gliadines sont des protéines de réserve, insolubles forment des agrégats oligomériques (gliadines) et des polymères de haut poids moléculaire liés par des ponts disulfure (gluténines) qui sont responsables des propriétés viscoélastiques du gluten et des pâtes. Ces deux familles de protéines, très riches en prolines et glutamines, apportent la réserve en acides aminés nécessaire à la germination de l'embryon. Elle représentent chacune, en moyenne, 40% des protéines totales du grain qui varient de 9 à 18% de la matière sèche. (Branlard, 1999).

5.1.2.1. Classification

La première classification proposée a été celle de Osborne (1907) en fonction de la solubilité des protéines. Cette classification permet de distinguer :

- **Les albumines** solubles dans l'eau.
- **Les globulines** solubles dans les solutions salines.
- **Les prolamines** solubles dans l'éthanol aqueux.
- **Les gluténines** insolubles dans les solvants précédents.

L'évolution des connaissances sur la solubilité des protéines des céréales, leur composition en acides aminés et en polypeptides a permis d'établir une nouvelle classification, plus conforme aux propriétés physico-chimiques et fonctionnelles des protéines (Shewry et *al.*, 1986).

Les gluténines et les gliadines sont regroupées au sein de la famille des prolamines elle-même subdivisées en 3 groupes en fonction de la composition en acide aminés soufrés et du degré de polymérisation (Tableau 5) :

- Les prolamines de haut poids moléculaire (sous unités de poids moléculaire supérieur à 90 000 da).
- Les prolamines riches en soufre (α -, β - et γ -gliadines et sous unités 35000 da et 40000 da).
- Les prolamines pauvres en soufre (ω -gliadines).

Ces groupes de prolamines existent aussi chez l'orge, le seigle et dans les espèces sauvages des Triticeae (Shewry et *al.*, 1994).

En fin la dernière classification (Tableau 5) qui est la plus utilisée, est celle basée sur leur mobilité électrophorétique (Khan et Bushuk, 1979; Payne et Corfield, 1979; Jakson et *al.*, 1983):

- Les sous-unités gluténines de haut poids moléculaire : SG-HPM (80000 da et 130000 da).
- Les sous-unités gluténines de faible poids moléculaire : SG-FPM (40000 da et 50000 da).
- Les α -, β -, γ - et ω -gliadines (30000 da et 70000 da) (Woychick et *al.*, 1961).

Sur la base de leur mobilité électrophorétique, les gluténines ont été divisées en 4 groupes : le groupe A correspondant aux SG-HPM, les groupes B et C (Payne et Corfield, 1979) et le groupe D découvert en électrophorèse bidimensionnelle par Jakson et *al.* (1983) correspondant aux SG-FPM. Les connaissances récentes sur les SG-FPM des groupes B et C ont amené Lew et *al.* (1992) à proposer une autre classification basée sur la séquence en acides aminés de la région N-terminale des SG-FPM (Tableau 6).

Tableau 5 : Caractéristiques des différents groupes des protéines de réserve (Bouguennec, 1993).

Lixiviation (Becarri, 1745)	Solubilité (Osborne, 1907)	Structure		Quantité	Poids moléculaire	Richesse en soufre (Shewry <i>et al.</i> , 1986)
	Eau pure ALBUMINES			10,10%		
	Solutions salines GLOBULINES					
Protéines du GLUTEN	Solutions alcooliques diluées	Monomères	ω	4,80%	50-70 Kda	Pauvres
		PROLAMINES	GLIADINES	α	45%	32-44 Kda
	β					
	γ					
Acides et bases diluées GLUTENINES	Polymères	Agrégats de taille élevée	8%	HPM : 80-130 Kda		
	GLUTENINES		Agrégats de taille modérée	35%	FPM : 40-50 Kda	Pauvres

Tableau 6 : Classification des sous-unités gluténines de faible poids moléculaire (Lew *et al.*, 1992; Melas *et al.*, 1993).

Classe	Sous-classe	Séquence N-terminale		Groupe (1)
		Acide aminé en position 1	Position du premier résidu cystéine	
m1	m1-c5	Méthionine	En position 5	B, C
	m1-x5	Méthionine	Pas en position 5 (2)	
s1		Sérine	Aucune dans les 20 premières positions	

(1) : Selon Payne et Corfield (1979).

(2) : La position 5 est occupée par l'arginine (m1-r5) ou l'histidine (m1-h5).

5.1.2.2. Extraction et séparation des protéines de réserve

Bien que les premières techniques d'extraction, comme celle d'Osborne (1907), soient suffisantes pour séparer les gluténines des gliadines, la séparation des SG-FPM reste insuffisante. L'évolution des techniques de séparation électrophorétique a apporté une amélioration mais c'est surtout la combinaison de meilleures techniques d'extraction et de séparation qui a permis enfin de caractériser les SG-FPM. Cependant les techniques actuelles ne sont pas encore assez résolutive et l'apport des outils moléculaires (sondes génomiques RFLP, amorces PCR spécifiques, microsatellites) peut être un atout dans l'avenir pour détecter et caractériser les SG-FPM.

5.1.2.2.1. Techniques d'extraction

Jusqu'à récemment, les gluténines étaient séparées des gliadines en réalisant une extraction de protéines totales suivie soit d'une réduction pour séparer les gluténines (SG-HPM et SG-FPM) en gel SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulfate Polyacrylamide Gel Electrophoresis), soit sans réduction pour la séparation des gliadines en gel Acid-PAGE (Acid Polyacrylamide Gel Electrophoresis), les gluténines restant piégées dans les puits.

Plutôt que de faire une extraction de protéines totales et de jouer sur les techniques d'électrophorèse pour séparer les gliadines des gluténines, les recherches portèrent sur une extraction séquentielle spécifique des gluténines d'une part et des gliadines d'une autre part.

S'inspirant des travaux de Burnouf et Bietz (1989), Graybosh et Morris (1990) proposent d'éliminer les gliadines en les solubilisant dans l'éthanol à 70% et en lavant le culot résiduel par le DMSO (Diméthylsulfoxyde) et l'éthanol 70%.

Mais la méthode d'extraction de Singh et *al.* (1991), adaptée de celle de Marchyllo et *al.* (1989) reste la plus souvent utilisée. Elle consiste à extraire de façon séquentielle les gliadines par du propanol-1 à 50% additionné d'agent réducteurs et alkylateurs. Les extraits ainsi obtenus sont fractionnés soit en SDS-PAGE (Singh et al 1991), soit en Acid-PAGE (Morel, 1994).

Une autre technique simple et rapide, extrait les SG-FPM des SG-HPM sans contamination par les gliadines. Elle consiste à réaliser une précipitation sélective des SG-HPM et des SG-FPM grâce à des concentrations différents d'acétone (40% et 80% respectivement) après extraction des gliadines selon la méthode de Singh et *al.* (1991). Cette précipitation sélective est certainement due aux différences de masse entre les deux groupes de protéines (Melas et *al.*, 1994).

5.1.2.2.2. Techniques de séparation

La séparation des SG-FPM se fait classiquement en gel SDS-PAGE (Payne et Corfield, 1979) et celle des gliadines en gel Acid-PAGE (Bushuk et Zillman, 1978) mais aussi parfois en gel SDS-PAGE (Khelifi et *al.*, 1992). La technique Acid-PAGE permet une meilleure résolution des gliadines.

Les SG-FPM, quant à elle, étaient surtout lisibles en électrophorèse bidimensionnelle (Jackson et *al.*, 1983). Plusieurs méthodes ont alors été développées afin de permettre leur lecture en électrophorèse monodimensionnelle (Singh et Shepherd, 1988; Singh et *al.*, 1991).

Gupta et Shepherd (1990) ont proposé une double électrophorèse. Une première électrophorèse SDS-PAGE piège les gluténines non réduites dans les puits, qui après extraction, sont séparées en une deuxième SDS-PAGE. Khelifi et Branlard (1991) ont proposé une variante de cette méthode en remplaçant la première SDS-PAGE par une Acid-PAGE. Cependant, les gluténines restent toujours contaminées par les gliadines.

Enfin, Curioni et *al.* (1995) proposent de purifier les SG-HPM et une partie des SG-FPM par électrophorèse préparative en gel acide après extraction des gliadines selon la méthode de Singh et *al.* (1991). Les SG-FPM restantes sont ensuite purifiées par électrophorèse préparative électroendosmotique en présence de SDS. Cette technique permet la purification des quantités importantes de protéines.

5.2. Caractéristiques génétiques

5.2.1. Structure génétique des blés

Sakamura (1918) cité par Bouguennec (1993) fut le premier à déterminer le nombre exact des chromosomes de diverses espèces de *Triticum* qui se différencient par leur degré de ploïdie (blés diploïdes : génome AA ; blés tétraploïdes : génomes AA et BB ; blés hexaploïdes : génomes AA, BB et DD) et par leur nombre de chromosomes (14,28 ou 42). Le blé tendre possède les trois génomes AA, BB et DD constitués chacun de sept paires de chromosomes homéologues numérotés de 1 à 7 (A1...A7, B1...B7, D1...D7), soit au total 42 chromosomes. Par contre, le blé dur ne contient que les deux génomes AA et BB et 28 chromosomes (Feuillet, 2000). Le tableau 7 montre la classification, la nature des génomes et le nombre de chromosomes des différentes *Triticum*.

Tableau 7 : Classification des *Triticum* (Feuillet, 2000).

Forme cultivée	Nom commun	Nombre de chromosomes (2n)	Nature des génomes
<i>T. monococcum</i>	Engrain	14	AA
<i>T. dicoccum</i>	Blé poulard	28	AA BB
<i>T. durum</i>	Blé dur	28	AA BB
<i>T. polonicum</i>	Blé de Pologne	28	AA BB
<i>T. turgidum</i>		28	AA BB
<i>T. araraticum</i>		28	AA BB
<i>T. aestivum</i>	Blé tendre	42	AA BB DD
<i>T. spelta</i>	Epeautre	42	AA BB DD
<i>T. sphaerococcum</i>	Blé indien nain	42	AA BB DD
<i>T. compactum</i>	Blé club	42	AA BB DD

5.2.2. Filiation génétique des blés

La détermination de l'origine de chacun des génomes du blé est complexe et incomplètement élucidée. Les connaissances actuelles concernant l'origine des génomes du blé ont été acquises grâce à des études cytologiques, mais le développement des outils moléculaires a permis d'affiner et de compléter ces connaissances (Rayburn et Gill, 1985 ; Picard, 1988 ; Le Corre et Bernard, 1995).

Les travaux de Kihara (1924) cité par Félix (1996) ont permis d'attribuer l'origine du génome A à *Triticum monococcum* var. *boeoticum* ou var. *urartu*. Une étude récente basée sur le polymorphisme de séquences répétées a établi que *Triticum urartu* est le donneur du génome A pour tout les blés polyploïdes tandis que *Triticum boeoticum* est présent seulement chez *Triticum zhukovski* (Dvorak et al., 1992). Le génome D aurait pour origine *Aegilops squarrosa* (également dénommé *Triticum tauschii*).

Quant au génome B, son origine demeure encore incertaine et contre versée. *Aegilops (bicornis, speltoïdes, longissima ou searsii)* semblent être les donneurs les plus probables du génome B (Kerby et Kuspira, 1987).

Chaque génome A, B et D provient d'une espèce diploïde ancestrale différente. Ces trois espèces ancestrales seraient elles mêmes issues d'un ancêtre diploïde commun. Cette origine lui a sans aucun doute conféré cette souplesse d'adaptation d'où sa culture dans de très nombreuses régions de monde (Picard, 1988).

5.2.3. Déterminisme génétique des protéines de réserve

Parallèlement à la caractérisation des protéines de réserve, de nombreux travaux ont permis de préciser leur déterminisme génétique.

Le génome du blé contient 16 milliards de bases. Un gène peut exister sous différentes formes et coder des protéines différentes : on parle d'allèle. L'emplacement d'un gène sur un chromosome est un locus, à chaque locus se trouvent plusieurs gènes très proches les uns des autres, codant chacun pour une protéine (gliadine) ou une sous-unité protéique (SG-HPM et SG-FPM), formant ainsi un bloc de gène (Fig. 1). Les recombinaisons entre les gènes d'un même bloc sont très rares. Le mode de transmission de ces linkats est donc de type monogénique et l'ensemble est assimilé à un allèle. Il existe un multiallélisme très important au niveau des locus des SG-HPM mais surtout au niveau des gliadines et des SG-FPM (Feuillet, 2000).

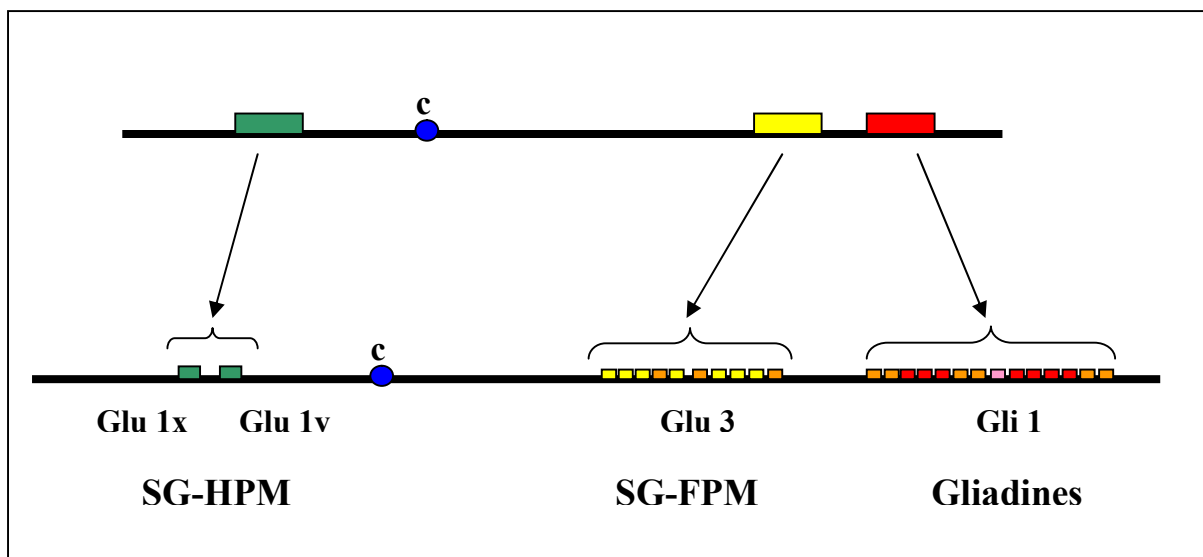


Figure 1: Les blocs des gènes (Branlard, 2004).

L'évolution des techniques d'électrophorèse et des chromatographies ont permis la détection de nombreux nouveaux allèles pour les SG-HPM et les gliadines et surtout la détermination des allèles des SG-FPM. L'amélioration des connaissances sur le déterminisme génétique des protéines de réserve a mis en évidence toute leur complexité génétique, surtout celle des SG-FPM et des gliadines.

En effet les locus " Glu-1, Glu-3 " codant respectivement pour les SG-HPM et SG-FPM, les locus " Gli-1, Gli-2" codant pour les gliadines. A ces locus viennent s'ajouter d'autres gènes

liés (Gli-5, Gli6) ou relativement éloignés (Gli-3) sur les chromosomes du groupe 6. Cependant Félix a identifié deux nouveaux locus (Gli-A7 et Gli-B7) à environ 5cM respectivement des locus Gli-A2 et Gli-B2 (Branlard, 1999).

Le nombre de blocs alléliques observés à ce jour par électrophorèse monodimensionnelle des gliadine est au total, voisin de 130 (Metakovsky, communication personnelle). La diversité allélique des SG-HPM est moindre (environ 40 allèles répertoriés). Les sous-unités FPM des gluténines sont difficilement séparées, en totalité, par électrophorèse monodimensionnelle, de sorte que la quinzaine d'allèles connus est très largement sous estimée (Branlard, 1999).

5.2.3.1. Déterminisme génétique des SG-HPM

Dans les années 80, les travaux de Payne et ses collaborateurs ont largement contribué à la connaissance biochimique et génétique des SG-HPM. De plus l'existence de lignées aneuploïdes d'une variété d'origine chinoise : Chinese Spring permirent à Orth et Bushuk (1974) et Bietz et *al.* (1975) de localiser les gènes des SG-HPM de ce cultivar.

5.2.3.1.1. Au niveau des locus

Les gènes codant pour les SG-HPM, ou sous-unités de la zone A, sont situés au niveau du locus Glu-1, sur le bras long de chacun des chromosomes homéologues du groupe 1 : Glu-A1, Glu-B1 et Glu-D1 (Payne et *al.*, 1980; Lawrence et Shepherd, 1981) (Fig. 2). Au niveau de chaque locus se trouvent associés deux gènes, dénommés x et y (Fig. 1) fortement liés qui codent chacun pour un type de sous-unité ayant une mobilité électrophorétique différente, les SG-HPM de type x étant les plus lentes (Tableau 8).

Tableau 8 : Expression des allèles des locus codant pour les sous-unités de gluténines SG-HPM (Payne et al, 1981).

Locus	Type de SG-HPM	Nombre exprimé
Glu-A1	X	1/0
	Y	0
Glu-B1	X	1
	Y	1/0
Glu-D1	X	1
	Y	1

Suivant les chromosomes (1A, 1B ou les deux), un des deux gènes peut ne pas être exprimé. On parle d'allèle nul. L'ensemble des 3 chromosomes du groupe 1 permet l'expression de 3 à 5 SG-HPM. Certains allèles sont plus fréquemment exprimés que d'autres.

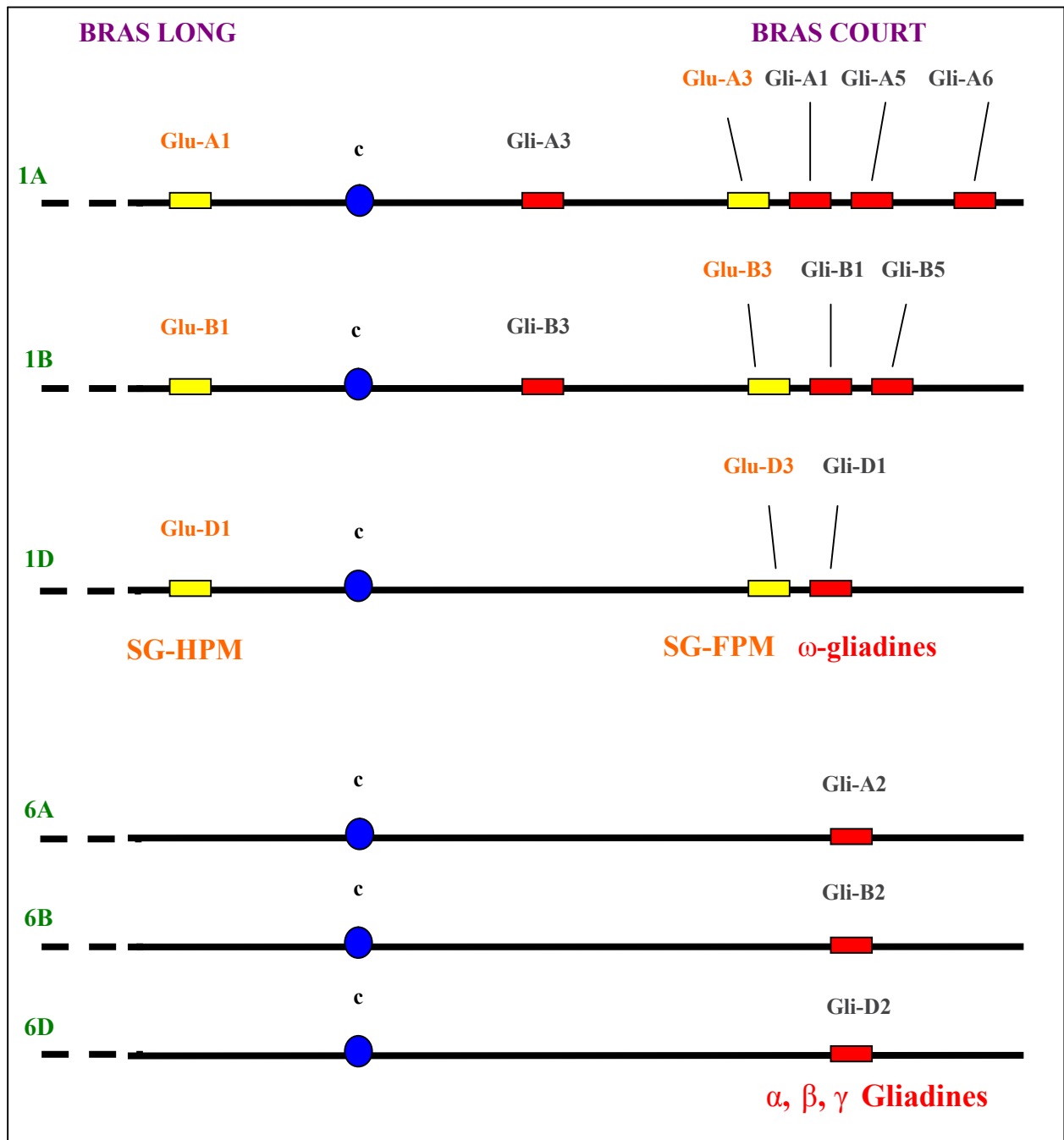


Figure 2 : Localisation des gènes codant pour les gliadines et les gluténines (Branlard, 2004).

5.2.3.1.2. Polymorphisme et nomenclature allélique

Des études approfondies ont été menées sur les gluténines à haut poids moléculaires tant du point de vue génétique que biochimique et cela de par leur relation avec la qualité boulangère. La nomenclature des SG-HPM n'a pas été standardisée de telle sorte qu'au moins 4 systèmes de nomenclatures différentes sont utilisés par les chercheurs (Sadouki, 2005).

Le premier système de nomenclature est numérique et il est basé sur la mobilité des SG-HPM séparées par SDS-PAGE (Payne *et al.*, 1979, 1980 et 1981b; Burnouf et Bouriquet, 1980; Moonen *et al.*, 1982). Ce système est basé sur la numérotation des SG-HPM selon leur mobilité en SDS-PAGE en leur attribuant des numéros croissants (1, 2, 3...) de la plus lente à la plus rapide. Pour les nouvelles SG-HPM découvertes sur une gamme plus large de variétés de blé en leur attribuant des numéros suivis d'astérisques (2*, 3*, 21*...) ou par des chiffres décimaux (2,2 par exemple).

Un deuxième système de nomenclature est génétique et se base sur la classification allélique sur les trois locus. Payne et Lawrence (1983) ont proposés ce système de nomenclature dans lequel les sous unités de gluténines séparées par SDS-PAGE ne sont plus désignées par des chiffres mais par les allèles correspondant (1 et 2* sont codées par les allèles Glu-A1a et Glu-A1b respectivement) (Fig. 3).

Le troisième système de nomenclature a été développé par Ng et Bushuk (1987). Dans ce système les SG-HPM séparées par SDS-PAGE sont identifiées par leur poids moléculaires apparents. Ng et Bushuk (1989) ont déterminés les poids moléculaires apparents de 21 sous unités identifiées numériquement par Payne et Lawrence (1983) en vue de faciliter la comparaison des sous unités de gluténines entre laboratoires. Ce système de nomenclature n'a pas connu de suite.

En fin, le quatrième système de nomenclature qui est très utilisé (Rogers *et al.*, 1991; Shewry *et al.*, 1992; Popineau *et al.*, 1994; Shewry *et al.*, 1997; Radanovic *et al.*, 2002) spécifie pour chaque sous unités sa localisation chromosomique suivi par sa classification en type x ou en type y et enfin le nombre désignant; par exemple les sous unités 5+10 sont désignées par 1Dx5+1Dy10.

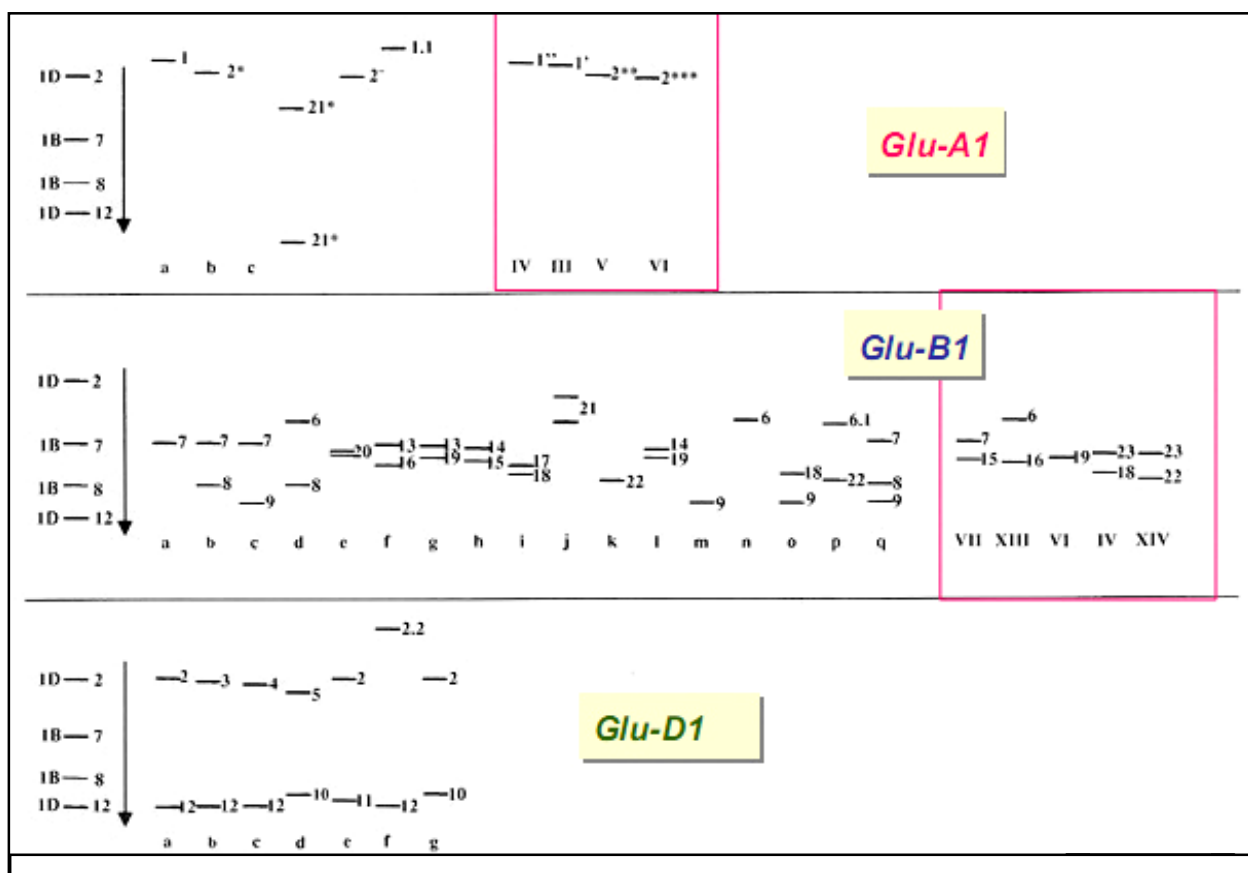


Figure 3 : Nomenclature des bandes et des allèles des SG-HPM d'après Payne et Lawrence (1983), complétée par Branlard et al. (1990).

5.2.3.1.3. Les nouvelles SG-HPM

Après l'étude des 300 variétés de blé tendres par Payne et Lawrence (1983) qui ont définis une nomenclature et fréquences des principaux allèles identifiés (Fig. 3) adoptée au niveau international pour le blé tendre et le blé dur. L'étude de nouvelles variétés en SDS-PAGE ou couplée avec d'autres techniques comme la chromatographie a permis la détection de nouveaux allèles mais leur fréquence est beaucoup plus rare (Tableau 9).

- Au niveau du locus **Glu-A1**

Pour le blé tendre, Waines et Payne (1987) rapportent 4 nouveaux variants alléliques (d, e, f, g) dont les SG-HPM connues.

Gupta et al. (1988a) mettent en évidence dans une variété d'origine tunisienne, une bande nommée 26 située en dessous de la sous-unité 5.

Johansson et al. (1993) ont découvert dans des variétés de blé suédois une nouvelle sous-unité 21*, proche de la sous-unité 21 déjà connue. Contrairement à cette dernière, elle est codée

Tableau 9 : Expression des allèles des locus codant pour les sous-unités de gluténines SG-HPM (Payne et al, 1981).

Locus	SG-HPM	Gène	Technique	Auteurs
Glu-A1	4 SG-HPM	1Ax	SDS-PAGE	Waines et Payne (1987)
	2 SG-HPM			Cross et Hay (1994)
	26			Gupta et al. (1988a)
	21*			Johansson et al. (1993)
	2.1*			Tahir et al. (1994)
	1' et 1"#			Branlard et al. (1989)
2*, 2*1 et 1#	Margiotta et al. (1993)			
	2**	1Ax	RP-HPLC	Sutton (1991)
	21*	1Ay	RP-HPLC	Margiotta et al. (1993)
	1**	1Ax	IE-FPLC	Melas et Autran (1995)
Glu-B1	7 SG-HPM	1Bx+1By	SDS-PAGE	Cross et al. (1994)
	7+11			Gupta et al. (1988)
	14+19 et 7'			Groger et al. (1994)
	13+18 #	Branlard et al. (1989)		
	8*, 6+8, 13+16, 14+15 et	1Bx		Margiotta et al. (1993)
	20 #.			
	8*	1Bx	SDS-PAGE	Sutton (1991)
	7*		+RP-HPLC	Marchyllo et al. (1992)
	6*		IE-FPLC	Melas et Autran (1995)
	20	1By	RP-HPLC	Margiotta (1993)
	Glu-D1	1Dx	SDS-PAGE	Cross et al. (1994)
				11 SG-HPM
2.2				Margiotta et al. (1993)
2.2*				id.
121				id.
12*				
	5*	1Dx	RP-HPLC	Lafiandra et al. (1993)
	43	1Dy		Ng et al. (1993)
	4.1	1Dx		Morel et Bonicel (1994)

par un gène situé sur le chromosome 1A. Tahir et *al.* (1994) détectent dans une collection de blé pakistanais un autre variant allélique appelé 2.1* avec une masse moléculaire inhabituelle très élevée. En utilisant des amorces PCR spécifiques des gènes Glu-A1x, ils trouvent que le gène de cette bande à 600 bp en plus et que sa longueur totale est proche de celle du gène 1Dx codant pour la sous-unité 2.2 (D'ovidio et *al.*, 1994). En comparant des profils de digestion, Tahir et *al.* (1994) suggèrent que cette nouvelle sous-unité 2.1* serait dérivé de la sous-unité 2* et aurait incorporé un fragment supplémentaire lors d'un crossing-over inégal.

Pour le blé dur, Branlard et *al.* (1989) et Margiotta et *al.* (1993) révèlent respectivement 2 et 3 nouvelles sous-unités : 1', 1'', 2*, 2*1 et 1.

- **Au niveau du locus Glu-B1**

Pour le blé tendre, Gupta et *al.* (1988) rapportent l'existence des sous-unités 7+11 dans une variété tunisienne.

Margiotta et *al.* (1988) détectent dans des variétés d'origine népalaises les sous-unités 7*+8, 17*+18 et 17.

Groger et *al.* (1994) trouvent chez deux variétés parmi 163 blés hongrois et autrichiens un nouvel allèle codant pour les sous-unités 14+19 qui semblerait provenir d'une recombinaison entre les gènes des sous-unités 14+15 et 13+19, et ils détectent aussi une différence de mobilité pour la bande 7 qu'ils rebaptisent 7'.

Pour le blé dur, Branlard et *al.* (1989) et Margiotta et *al.* (1993) détectent respectivement 1 et 6 sous-unités 13+18 et 6+8, 13+16, 14+15, 8* et 20 (sous-unité de type x).

- **Au niveau du locus Glu-D1**

Les bandes 2.2 et 2.2* de très haut poids moléculaire ont été détectées dans les blés tendres (Payne et *al.*, 1983; Margiotta et *al.*, 1993).

Margiotta et *al.* (1993) trouvent aussi parmi des variétés népalaises des bandes de mobilité un peu plus rapide que les sous-unités 12. Ce sont les sous-unités 12₁ et 12*.

5.2.3.2. Déterminisme génétique des SG-FPM

Les SG-FPM qui représentent 60 à 80% des gluténines, sont tardivement étudiées de fait de la difficulté de leur séparation en électrophorèse, les SG-FPM se retrouvant souvent mélangées avec les gliadines. La chromatographie n'en permet pas non plus une bonne séparation de ces protéines (Lew et *al.*, 1992). Une électrophorèse bidimensionnelle (Acid-PAGE x SDS-PAGE) semble plus adaptée à leur étude mais c'est une technique plus lourde à mettre en œuvre (Redaelli et *al.*, 1995).

5.2.3.2.1. Au niveau des locus

La chromatographie de filtration sur gel suivie d'une électrophorèse 2-D a permis à Jackson et *al.* (1983) de séparer les SG-FPM et de montrer que les gènes codant certaines sous-unités FPM des groupes B et C et toutes les sous-unités du groupe D sont situées sur les bras courts des chromosomes 1A, 1B et 1D (Sadouki, 2005). Les gènes contrôlant certaines de sous-unités FPM sont très liés (Singh et Shepherd, 1984; Payne et *al.*, 1984b, 1986a).

Singh et Shepherd, (1984, 1987) ont également montrés que certaines SG-FPM sont codées par le locus Glu-B3 très proche du Locus Glu-B1 sur le Bras court du chromosome 1B.

L'étude d'une collection de 207 blés tendres pour leur composition en SG-FPM de la zone B a permis à Gupta et Shepherd (1988) de montrer l'existence de 5, 10 et 4 blocs de sous-unités codés par les locus Glu-A3, Glu-B3 et Glu-D3 respectivement. Au sein d'une variété, on peut dénombrer de 7 à 16 SG-FPM (Gupta et Shepherd, 1990a et 1990b).

De nouveaux locus ont été mis en évidence. Ainsi, Liu et Shepherd (1995) trouvent 1,8% de recombinaison entre les locus Gli-A1 et Glu-A3, considérés jusqu'alors comme fortement liés. Dans une autre descendance, ils détectent 20,8 +/- 5,6% entre deux gènes de SG-FPM, résultat analogue à celui de Ruiz et Carillo (1995) et qui confirme l'existence du Locus Glu-B2 trouvé par Jackson et *al.*, (1985). En fin, la détection de 3,07 +/- 1,25% de recombinaison entre deux bandes SG-FPM de la zone B permet la localisation d'un nouveau locus Glu-B4 proche de Glu-B3 (Liu et Shepherd, 1995).

Au niveau du chromosome 1Bs, Singh et Shepherd (1988) et Khelifi et Branlard (1992) ont trouvés respectivement 1,7% et 2,6% de recombinaison entre les locus Gli-B1 et Glu-B3 ce qui confirme que ces deux locus ne sont pas fortement liés.

5.2.3.2.2. Nomenclature allélique

Pour les blés tendre, la composition allélique des SG-FPM n'est pas encore très connue. Gupta et Shepherd (1987, 1988, 1990); Singh et Shepherd (1988) ont été les pionniers dans ce domaine. Ils ont dénombré, parmi 222 variétés de blé tendre, 20 bloc allélique : 6 sur Glu-B3, 9 sur Glu-B3 et 5 sur Glu-D3 correspondant à 40 sous-unités différentes (Tableau 10 et fig. 4).

Tableau 10 : Blocs alléliques codant pour les SG-FPM (Gupta et Shepherd, 1990).

Locus	Bloc allélique	Nombre de SG-FPM codées		Distribution (en %)	
		Groupe B	Groupe C	Blés mondiaux	Blés Australiens
Glu-A3	a	1	1	-	-
	b	1	1	11	25
	c	1	0	26	16
	d	2	1	11	-
	e	0	0	50	58
	f	1	0	-	-
Glu-B3	a	3	2	-	-
	b	3	4	28	60
	c	2	1	13	22
	d	5	2	5	4
	e	3	3	-	-
	f	3	2	3	12
	g	3	3	20	-
	h	5	3	18	-
	i	5	3	9	-
Glu-D3	a	2	2	28	14
	b	3	2	28	68
	c	2	2	33	16
	d	2	2	3	-
	e	2	2	5	-

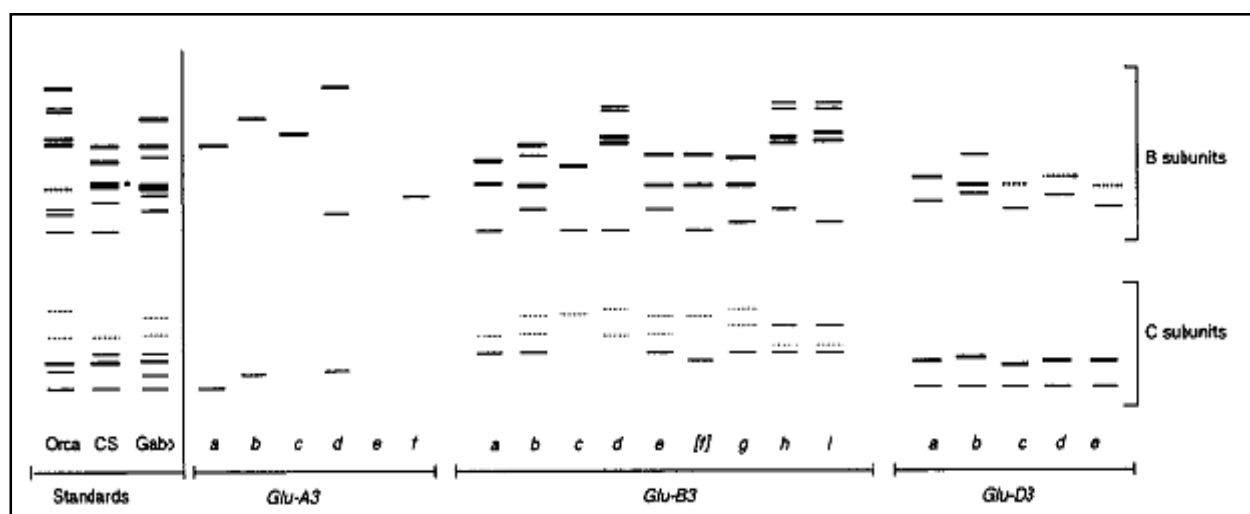


Figure 4 : Les différents allèles des SG-FPM révélés en SDS-PAGE (Gupta et Shepherd, 1990).

Récemment, à partir d'un ensemble de 200 cultivars du blé hexaploïdes cultivés principalement en France, Branlard *et al.* (2003) ont pu identifier 20 allèles : 5 et 11 allèles sur Glu-A3 et Glu-B3 respectivement. 4 allèles ont été identifiés sur Glu-D3 (Fig. 5).

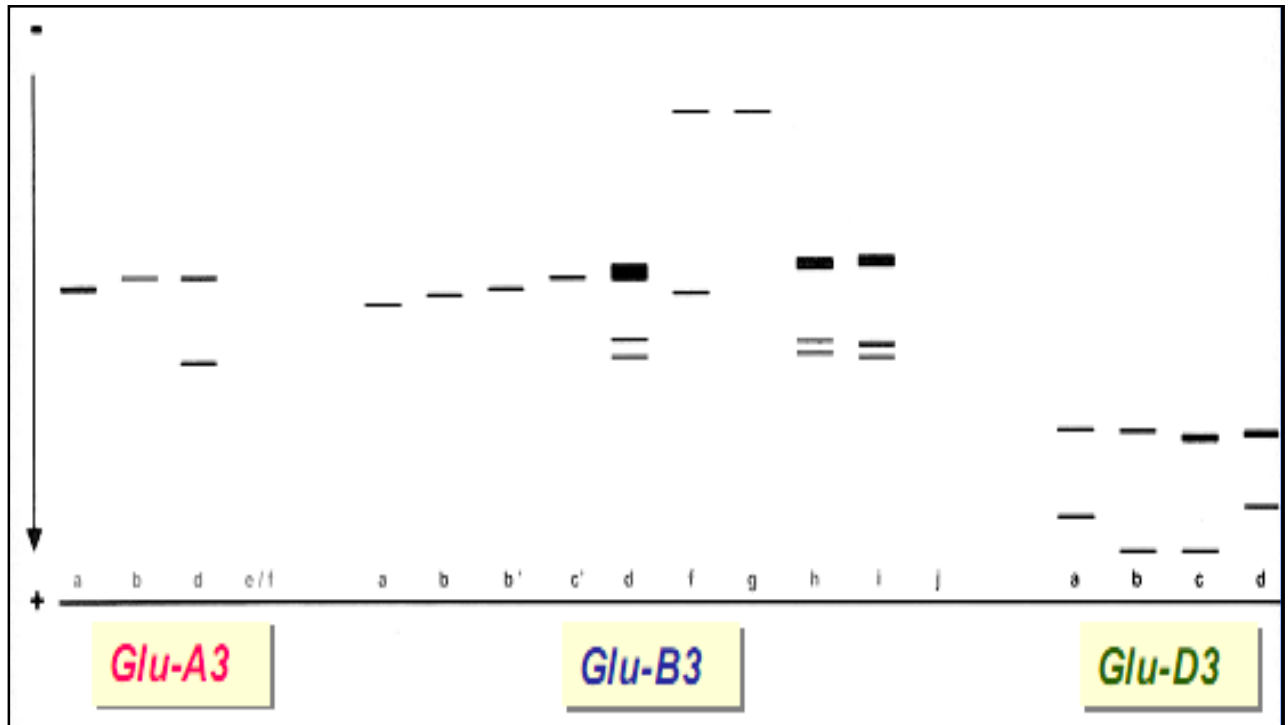


Figure 5 : La diversité allélique des SG-FPM (Branlard *et al.*, 2003).

Pour les blés dur, Nieto-Taladriz *et al.* (1997) ont pu identifier sur 88 variétés, 20 SG-FPM de mobilités différentes : 5 sur Glu-A3, 14 sur Glu-B3 et 1 sur Glu-B2 (Fig. 6).

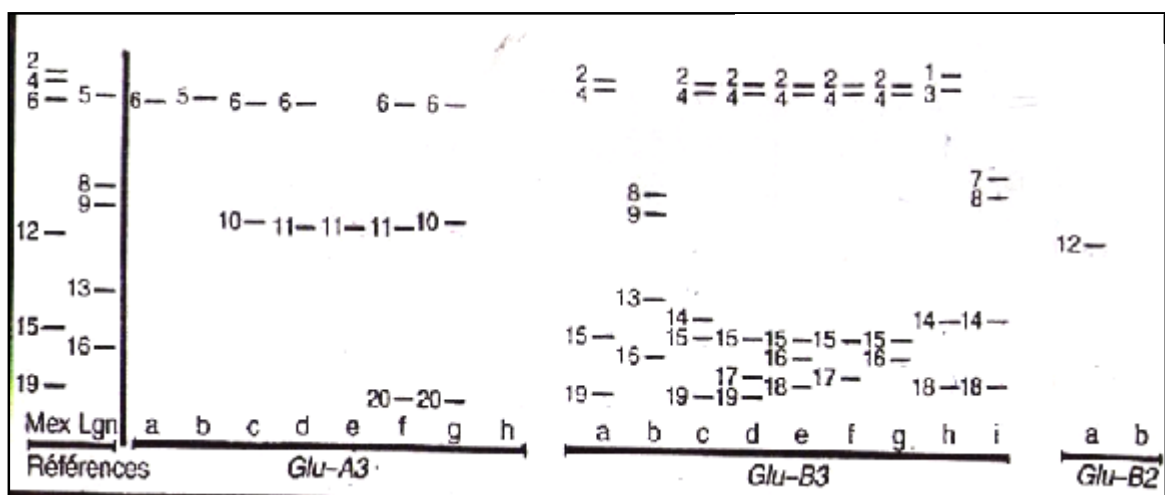


Figure 6 : Diagramme montrant les locus : Glu-A3, Glu-B3 et Glu-B2 codant pour les SG-FPM de la zone B (Nieto-Taladriz *et al.*, 1997).

Il est difficile de retrouver les mêmes mobilités électrophorétiques d'un laboratoire à l'autre tout en utilisant les mêmes témoins et ceci en raison de la proximité des bandes de SG-FPM et des différences de résolution des techniques.

5.2.3.3. Déterminisme génétique des Gliadines

5.2.3.3.1. Au niveau des différents locus

Les gliadines présentent un polymorphisme important. Chaque locus est complexe et contient plusieurs gènes fortement liés qui constituent un bloc allélique, hérité comme un caractère codominant. Une même variété possède couramment de 20 à 30 bandes de gliadines différentes.

Les ω -gliadines, la plus part des γ -gliadines et quelques β -gliadines sont codées par des gènes situés sur chaque locus du chromosome 1 (locus Gli-1) et les α -, la plupart des β - et quelques γ -gliadines sont codées par des gènes situés sur les chromosomes du groupe 6 (locus Gli-2) (Payne 1987, MacRitchie et *al.*, 1990). Ces locus sont situés à l'extrémité distale des bras courts (Fig. 2).

Il a été trouvé récemment que les ω -gliadines mineures étaient codées par des gènes plus ou moins éloignés du locus Gli-1 (Fig. 2). Au niveau du chromosome 1A, on les trouve sur les locus Gli-A3 (Payne et al, 1988), Gli-A4 (Redaelli et *al.*, 1992) et Gli-A5 (Pogna et *al.*, 1993) à 3.78 cM, 10 cM de Gli-A1 pour les deux premiers locus.

Le locus Gli-A5 est distant de 1,4 – 2 cM du locus Hg1 qui intervient dans la morphologie des glumes (Pogna et *al.*, 1993) et à 1,8 cM du locus Gli-A1.

Au niveau du chromosome 1B (Fig. 2), deux autres locus en plus de Gli-B1 ont été détectés : les locus gli-B3 (Galili et Feldman, 1984; Jackson et *al.*, 1985; Metakovsky et *al.*, 1986; Dachkevitch et *al.*, 1993) et Gli-B5 (Pogna et *al.*, 1993) à respectivement 22 – 28 cM en amont et 1 – 2 cM en aval (Pogna et *al.*, 1995) de Gli-B1. Les gènes du locus Gli-B3 coderaient soit pour les ω -gliadines, soit les SG-FPM du groupe D. Mais Liu et Shepherd (1995) trouvent qu'une SG-FPM du groupe B est aussi codées à ce locus.

Au niveau du chromosome 1D, 1% de recombinaison a été observée entre des gènes codant pour des gliadines suggérant l'existence de deux locus : le premier correspondrait à Gli-D1 et le deuxième locus serait l'équivalent des locus Gli-A5 et Gli-B5 (Metakovsky et Sosinov, 1987; Metakovsky et *al.*, 1990).

La localisation chromosomique pour le locus Gli-2 n'est pas aussi bien connue. Payne et al (1984c) ont localisé ce locus à 35% d'unités de recombinaison du centromère sur le chromosome 6As.

5.2.3.3.2. Nomenclature allélique

Les premières nomenclatures ont été basées sur la description de blocs des gliadines, en gel d'amidon acide, à l'intérieur desquels aucune recombinaison n'a lieu (Sozinov et Popereya, 1980). Metakovsky et *al.* (1984) produisent un catalogue d'allèles de gliadines de blés d'hiver à partir de diagrammes obtenus en SDS-PAGE. Mais la difficulté d'utiliser de tels catalogues et le fait que la nomenclature ne corresponde plus aux règles internationales ont amené Metakovsky (1991) à réaliser un nouveau catalogue. Ce catalogue basé sur l'étude de 45 croisements et d'environ 360 blés de différentes origines, étudiés en Acid-PAGE, identifie 111 allèles répartis sur tous les chromosomes des groupes 1 à 6. Ces allèles sont regroupés en familles en fonction de la similarité de leur constitution. Ce catalogue a l'avantage de présenter un support photographique avec au moins un blocs protéique correspondant à chaque allèle, ainsi qu'avec une variété témoin (Bezostaya). Comme la montre la figure 7, la lecture et la reconnaissance des blocs de gliadines nécessite une longue expérience de ce type d'analyses.

Au niveau européen, la nomenclature de Metakovsky pourrait être la plus utilisée car elle est plus complète et elle sert en plus de référence pour déterminer la nomenclature des SG-FPM. Cependant, sa réalisation et son application sont difficiles et selon les études, la nomenclature de Khelifi et *al.*, (1992) peut être suffisante (Fig. 8).

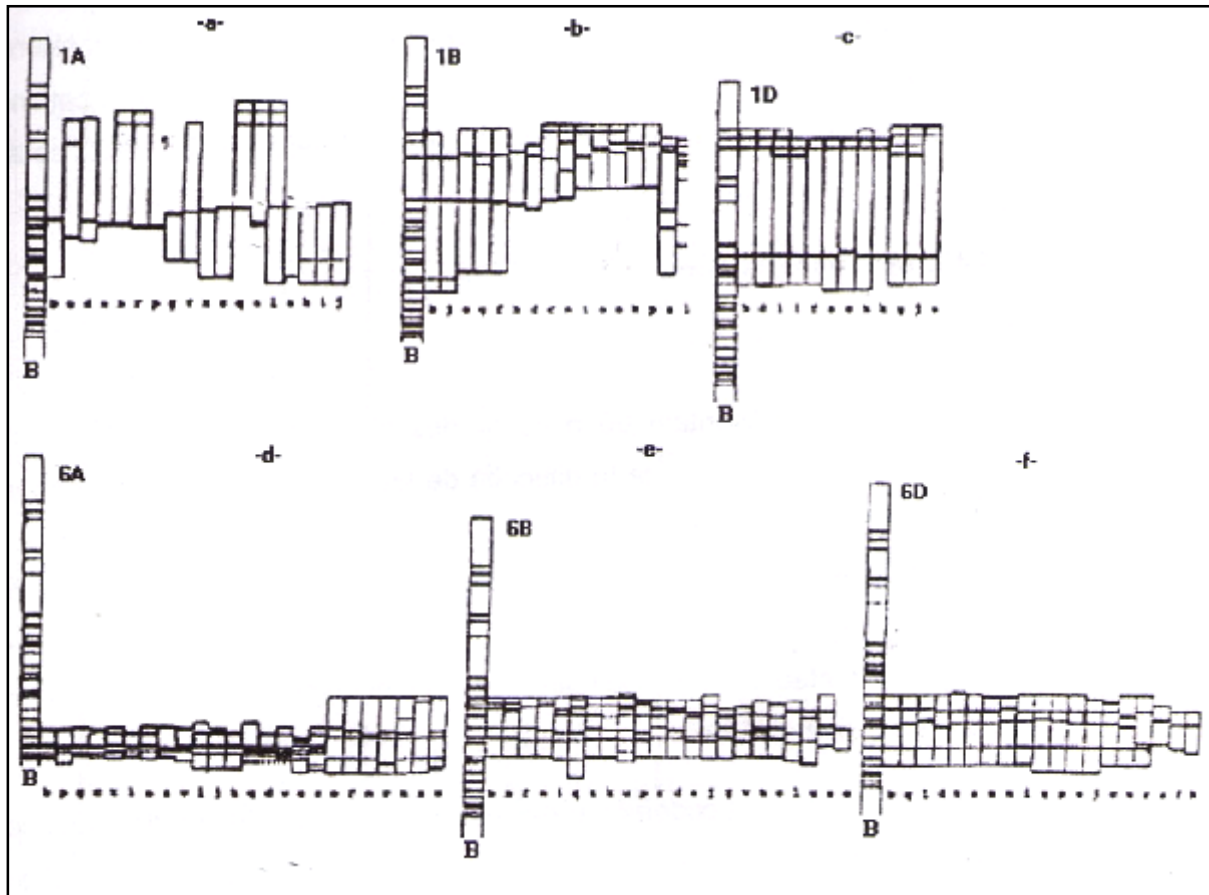


Figure 7 : Blocs alléliques des gliadines pour les différents chromosomes des groupes 1 et 6 (Metakovsky, 1991).

(a) Locus Gli-A1, (b) Gli-B1, (c) Gli-D1, (d) Gli-A2, (e) Gli-B2 et (f) Gli-D2.

B : Diagramme schématique du cultivar témoin Bezostaya.

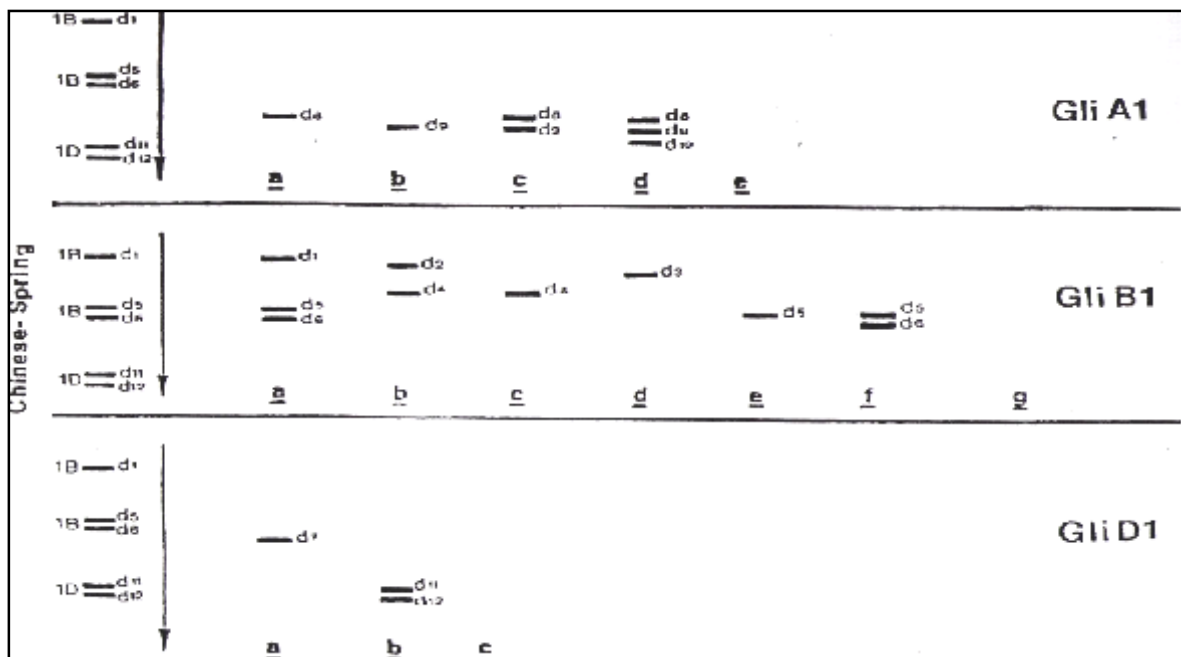


Figure 8 : Les différents allèles des ω -gliadines révélés en SDS-PAGE (Khelifi et *al.*, 1992).

6. Relation entre diversité des protéines de réserve et qualité

Depuis longtemps, on sait que les différences variétales de la qualité sont dues en majeure partie au gluten. Les propriétés de ténacité, d'élasticité et d'extensibilité de la pâte généralement différentes d'une variété à l'autre, résultent des caractéristiques des nombreuses protéines constitutives du gluten (Branlard, 1999).

De nombreux travaux tant génétiques, technologiques que biochimiques ont été effectués (Finney, 1943; Macritchie, 1990 et 1999; Payne *et al.*, 1984 et 1987; Ciaffi *et al.*, 1996; Morris, 1998; Gueguen *et al.*, 1999; Xu *et al.*, 2001) afin de mieux préciser le rôle de ces fractions protéiques (gliadines et gluténines) dans la formation et les propriétés du gluten. Ces études ont montré qu'il existait une vingtaine de SG-HPM ayant des effets significatifs, selon qu'elles étaient présentes ou non dans le grain de blé. Cependant, il apparaît de plus en plus un effet additif voire interactif entre les allèles des SG-HPM mais aussi entre les allèles des SG-HPM et les allèles des SG-FPM. Les gliadines, quant à elles ne seraient que des marqueurs non fonctionnels de la qualité.

L'amélioration des connaissances sur la structure de ces protéines montre en fait que la différence de qualité observée pourrait s'expliquer entre autre par la différence du nombre de ponts disulfures existants entre ces protéines. Les SG-HPM et de SG-FPM du groupe B ont des résidus cystéine qui permettent la formation de ponts disulfures intermoléculaires et agiraient donc comme des extenseurs des chaînes polypeptidiques. Ces formations seraient favorables à la qualité. Les SG-FPM des groupe C et D agiraient plutôt comme des terminateurs de chaîne ce qui est défavorable pour la qualité.

6.1. Relation entre composition en SG-HPM et qualité

Les premiers travaux rapportant l'effet de certaines SG-HPM sur la qualité ont été ceux de Payne *et al.* (1979,1981) sur le test de sédimentation SDS. Depuis ces résultats ont été confirmés et complétés aussi bien sur le blé tendre (Moonen *et al.*, 1982; Branlard et Dardevet ,1985b; Lawrence *et al.*, 1987; Lagudah *et al.*, 1988) que sur le blé dur (Autran et Galterio, 1989; Pogna *et al.*, 1990) et ceci en utilisant différents matériels génétiques (collection, descendance, lignées isogéniques, de substitution, de translocation ...).

Selon Payne *et al.* (1984a) (Fig. 9), le locus Glu-D1 est plus impliqué dans la détermination de la qualité. L'effet détecté pour les autres locus dépend du matériel végétal étudié. Ainsi suivant l'origine de différentes collections : soit le locus Glu-A1 a un effet supérieur à celui de

locus Glu-B1 (Branlard et Dardevet ,1985b; Carrillo *et al.*, 1990), soit c'est l'inverse (Rogers *et al.*, 1989), soit il n'y a pas de réelle différence (Lawrence *et al.*, 1987).

Dans des variétés anglaises, la sous-unité 1 (allèle Glu-A1a) a été reliée à une bonne qualité par Payne *et al.* (1979) pour le test de sédimentation SDS.

La sous-unité 2* (allèle Glu-A1b) est aussi liée à une bonne qualité pour la ténacité et la force de la pâte (Branlard et Dardevet ,1985a; Pogna *et al.*, 1987; Branlard, 1989).

Pour le chromosome 1B, les sous-unités 7+8, 7+9, 13+16 et 17+18 sont plus favorables pour la qualité que les autres, surtout les sous unités 6+8 et 7 (Branlard, 1989; Autran *et al.*, 1987; Odenbach et Mahgoub, 1988; Gupta *et al.*, 1994a). La sous-unité 7+9 est contribué positivement à la force et la ténacité des pâtes, par contre, les sous-unités 13+16 et 17+18 sont fortement liées à l'extensibilité des pâtes (Branlard, 1989). La sous-unité 5+10 (Glu-D1) contribue positivement à la force et la ténacité des pâtes.

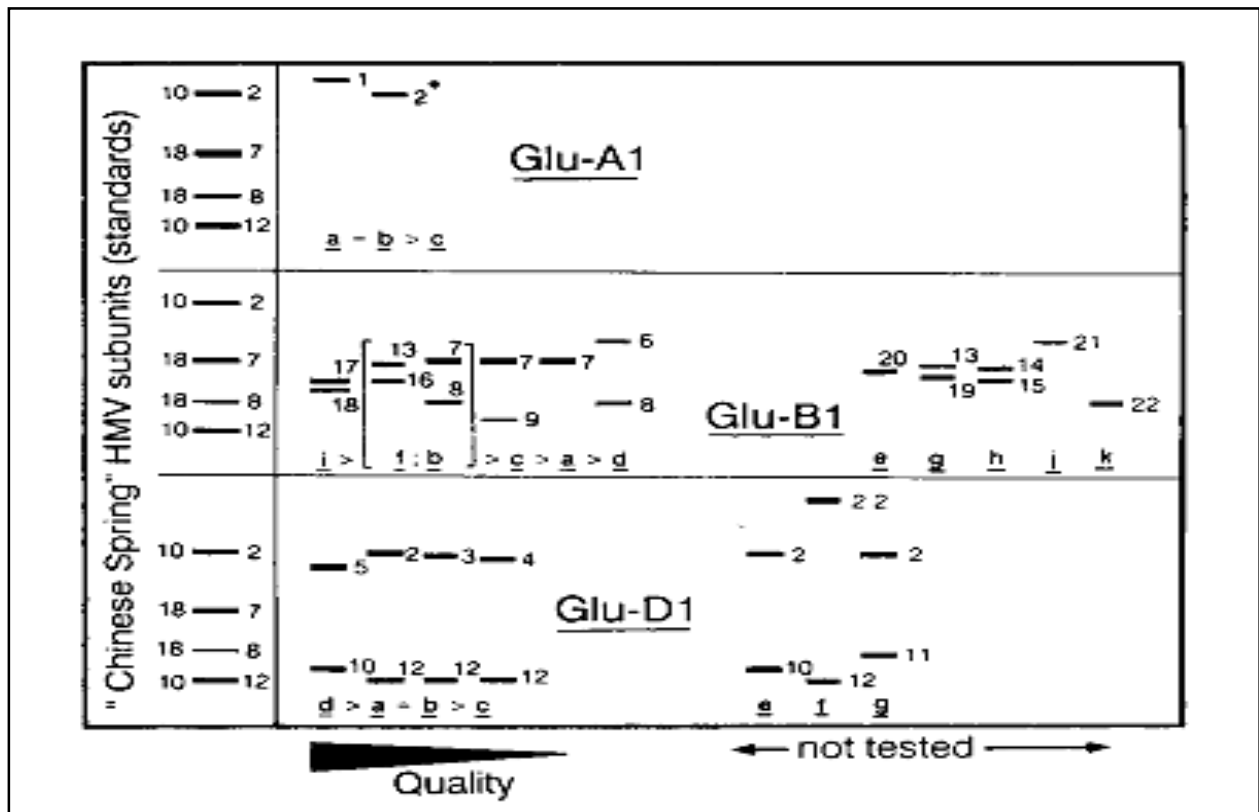


Figure 9 : Variation allélique des SG-HPM et leur relation avec la qualité boulangère (Payne *et al.*, 1984a).

6.2. Relation entre composition en SG-FPM et qualité

L'effet des SG-FPM sur la qualité dépend de la nature de ces protéines. En effet, il faut distinguer les SG-FPM du groupe B et les SG-FPM des groupes C et D.

Les SG-FPM de la zone B possèdent 8 résidus cystéines (Kasarda, 1989; Morel et Bonicel, 1994) dont 6 forment des ponts disulfures intramoléculaires et les deux derniers peuvent former des ponts disulfures intermoléculaires avec les SG-FPM. Ces SG-FPM sont donc considérées comme des extenseurs de chaînes polymériques, favorables à la qualité.

Les SG-FPM du groupe B font l'objet d'autres études se rapportant à leur variabilité allélique (Payne, 1987b; Gupta et *al.*, 1994b; Liu et Shepherd, 1996; Niéto-Taladriz et *al.*, 1997) et à leur effet sur la qualité (Ruiz et Carrillo, 1995a et 1995b; Vazquez et *al.*, 1996).

Les variations qui se manifestent au locus Glu-A3 génèrent les plus grandes variations dans l'extensibilité de la pâte. Ainsi un grand nombre d'allèles a été relié à la variabilité de l'extensibilité.

L'effet associé aux différents allèles suit l'ordre suivant :

Glu-A3a > Glu-A3e (Payne et *al.*, 1987b); Glu-A3 > Glu-A3c (Gupta et Shepherd, 1988); Glu-A3c > Glu-A3e (Gupta et *al.*, 1994b).

Gupta et *al.* (1994b) montrent un effet supérieur de l'allèle Glu-A3m par rapport à l'allèle Glu-A1b (SG-FPM 2*) sur l'extensibilité. Cependant, supérieur de l'allèle Glu-A3a par rapport à l'allèle Glu-A3e a été mis en évidence sur la force et la ténacité (Khelifi et Branlard, 1992).

Les travaux de Vazquez et *al.* (1996) ont montré d'une part, que le locus Glu-A3 codant pour les sous-unités 4, 7+12 et l'allèle nul n'ont aucun effet significatif sur la force du gluten mesurée par le SDS de sédimentation. Ces résultats confirment ceux trouvés par Ruiz et Carrillo (1995b). L'allèle nul n'a pas d'effet négatif mais sa présence implique un niveau faible de polymérisation des gluténines (Payne et *al.*, 1987b).

D'autre part, les résultats montrent clairement que ce sont les variations alléliques au locus Glu-B3 qui ont un effet hautement significatif sur la qualité du blé. Ainsi l'allèle Glu-B3b de certaines variétés de blé est associé à de plus fortes valeurs de la force de la pâte par rapport à l'allèle Glu-B3c (Gupta et *al.*, 1991). Khelifi et Branlard (1992), dans différente descendance en F6, trouvent un effet supérieur de l'allèle Glu-B3j par rapport à l'allèle Glu-B3f. Niéto-Taladriz et *al.* (1994b, 1997) mettent en évidence un effet de ce locus sur la force et la ténacité mais aussi sur l'extensibilité, ont pu établir un ordre de l'effet des allèles sur la force du gluten :

Glu-B3a = Glu-B3f > Glu-B3g > Glu-B3b = Glu-B3i.

Les allèles au locus Glu-D3 semblent être moins importants que les allèles des autres locus pour expliquer la variabilité de la qualité, mais ces allèles sont souvent plus difficiles à identifier ce qui peut expliquer cette différence.

6.3. Relation entre composition les gliadines et la qualité

Plusieurs travaux ont mis en évidence l'existence d'un effet de la diversité des gliadines sur la qualité (Damidaux et *al.*, 1978; Zillman et Bushuk, 1979b; Sozinov et Poperelya, 1980; Wrigley et *al.*, 1981). Cet effet a été principalement lié à l'extensibilité de la pâte (Wall, 1979).

Les liaisons étroites entre les gènes des SG-FPM et ceux des gliadines (situés sur le chromosome du groupe 1) et l'existence de recombinaisons entre ces gènes (Pogna et *al.*, 1988 et 1990; Ruiz et Carrillo, 1995a) ont montré que les gliadines ne sont que des marqueurs non fonctionnels de la qualité. Les SG-FPM en sont directement impliquées car elles participent à la formation des polymères.

Ainsi, l'effet des gliadines (au locus Gli-1) sur l'extensibilité de la pâte serait plutôt dû à l'effet des SG-FPM sur l'extensibilité (Payne et *al.*, 1987b; Gupta et Shepherd, 1988b; Gupta et *al.*, 1989).

Cependant, Krattiger et *al.* (1987) trouvent un effet positif des gliadines du chromosome 6B sur le volume du pain. Ces gliadines augmentent de façon significative le volume de sédimentation (Liu et *al.*, 1995).

Les travaux de Sozinov et Poperelya (1980), Branlard et Dardevet (1985a), Metakovsky et *al.* (1990) et Bouguennec (1993) sur les blés tendres montrent clairement une incidence des gliadines, codées par des gènes sur le locus Gli-2, sur la force, l'extensibilité ou le test SDS. De plus il est possible que les gliadines puissent agir comme des molécules favorisant le glissement des sous-unités ou des chaînes polypeptidiques.

Bien que les gliadines ne semblent pas fortement impliquées dans l'explication de la qualité, leur étude reste cependant nécessaire. La caractérisation des SG-FPM est difficile et celle des gliadines, plus connue, peut pallier à ce problème (Metakovsky et *al.*, 1991). Cependant, il apparaît difficile de définir clairement leur rôle par rapport à celui des SG-FPM.

Matériels et méthode

Dans cette partie sont décrites les méthodes communes, appliquées aux différents types de matériel végétal étudiés, et portant sur :

- les techniques d'extraction et de séparation électrophorétiques des protéines de réserve.
- La nomenclature des bandes protéiques et des allèles correspondants.
- Et les analyses statistiques.

1. Matériel végétal

Le matériel végétal est une collection de blé saharien, dont 15 variétés du blé dur (Tableau 11) et 33 variétés de blé tendre (Tableau 12). Cette collection provient des différentes régions sahariennes de l'Algérie (Biskra, El Oued, Ouargla, Adrar et Bechar).

La majorité des variétés nous ont été fournies par l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie (INRAA)(station d'Adrar), l'Institut Technique de Développement de l'Agriculture Saharienne (ITDAS) (station d'Adrar, Djamaa - EL oued et Biskra) et le Centre de Recherche Scientifique et Technique sur les Régions Arides (CRSTRA) de Biskra. Les autres variétés nous ont été fournies par des agriculteurs de différentes localités sahariennes.

Tableau 11: Liste des variétés de blé dur étudiées.

N°	Variété	Source	Origine
1	Romani	ITDAS A.B.N Biskra	El Fid, Biskra
2	Bidi 2	ITDAS A.B.N Biskra	Ain Ennaga, Biskra
3	Djebli	ITDAS A.B.N Biskra	Sidi Okba, Biskra
4	Megarine	ITDAS Djamaa /El oued	Mégarine, Djamaa
5	Zribet El Oued	CRSTRA Biskra	Zribet El Oued- Biskra
6	Ain Zaatout	CRSTRA Biskra	Ain Zaatout- Biskra
7	Khanguet Sidi Naji	CRSTRA Biskra	Khanguet Sidi Naji, Biskra
8	M'zirâa	CRSTRA Biskra	M'zirâa, Biskra
9	Kahlaya	Agriculteurs	Doucen, Biskra
10	Beds	Agriculteurs	Beds, Biskra
11	Ouled Khoudir	Agriculteurs	Bechar
12	El Ksor	Agriculteurs	El Ksor, Lioua, Biskra
13	Guemgoum Erkham	Agriculteurs	Marmoutha, Lioua, Biskra
14	Chegga	Agriculteurs	Chegga, Biskra
15	Tazzi	Agriculteurs	Aougrou, Gourrara, Adrar

Tableau 12: Liste des variétés de blé tendre étudiées.

N°	Variété	Source	Origine
1	Belmabrouk1	ITDAS Sebâa – Adrar	Touat-Gourrara
2	Belmabrouk2	INRAA-Adrar	Ouled El Hadj Mamoun - Touat
3	Belmabrouk3	Agriculteurs	Mekkid, Touat, Adrar
4	Sebaga1	INRAA-Adrar	Tidmaine, Touat, Adrar
5	Sebaga2	INRAA-Adrar	Tiouliline, Touat, Adrar
6	Moumena	INRAA-Adrar	Ouled Rached, Gourrara, Adrar
7	Mansouri	INRAA-Adrar	Touat, Adrar
8	Bahamoud	INRAA-Adrar	Gourrara, Adrar, Adrar
9	El Menea	INRAA-Adrar	El Habla, Tsabit, Adrar
10	Oum Zhira	INRAA-Adrar	El Ksar Ain zeglouf-Reganne, Adrar
11	Hamra	INRAA-Adrar	Aguril, Touat, Adrar
12	Kedoura	INRAA-Adrar	Tiouliline, Touat, Adrar
13	Chater1	INRAA-Adrar	Tidmaine, Touat, Adrar
14	Chater2	INRAA-Adrar	Tamantit, Touat, Adrar
15	Bakli	INRAA-Adrar	Aougrou, Gourrara, Adrar
16	Ben Salem	INRAA-Adrar	Hiha, Tsabit, Adrar
17	Eskandaria1	INRAA-Adrar	Aougrou, Gourrara, Adrar
18	Eskandaria2	ITDAS Sebâa – Adrar	Touat-Gourrara, Adrar
19	Eskandaria3	Agriculteurs	Mekkid, Touat, Adrar
20	Manga	INRAA-Adrar	Touat, Adrar
21	El Farh	INRAA-Adrar	Tittaouine E'chorfa, Aoulef, Adrar
22	Zaghloul Grain rouge	INRAA-Adrar	Tsabit, Touat, Adrar
23	Oum Rokba1	INRAA-Adrar	Ouled El Hadj, Zaouiat Kounta, Adrar
24	Oum Rokba2	Agriculteurs	Tittaouine E'chorfa, Aoulef, Adrar
25	Masraf	INRAA-Adrar	Tsabit, Touat, Adrar
26	Chouitar	INRAA-Adrar	Tamantit, Touat, Adrar
27	Bent Mbarek	INRAA-Adrar	Liada, Tsabit, Touat, Adrar
28	Touatia1	INRAA-Adrar	Ouled Rached, Gourrara, Adrar
29	Touatia2	ITDAS Sebâa – Adrar	Touat-Gourrara, Adrar
30	Touatia3	Agriculteurs	Mekkid, Touat, Adrar
31	Hassi Ben Abdallah	Agriculteurs	Hassi Ben Abdallah, Ouargla
32	Mekaouia	INRAA-Adrar	Gourrara, Adrar
33	Fritas	ITDAS Djamaa, El Oued	M'rara, El oued

Les tableaux 13 et 14, représentent respectivement les variétés utilisées comme témoins pour la lecture des sous-unités gluténines de haut poids moléculaire (SG-HPM) et de faible poids moléculaire (SG-FPM). Nous donnons les diagrammes de chaque témoin selon la nomenclature de Payne et Lawrence (1983) et complétée par Branlard et *al.* (1990) pour la lecture des SG-HPM chez les blés dur et les blés tendres, et selon la nomenclature décrite par Branlard et *al.* (2003) pour la lecture des SG-FPM chez les blés tendres.

Tableau 13 : Liste des variétés du blé avec leurs diagrammes de SG-HPM utilisés comme témoins pour la lecture génétique des électrophorégrammes des blés durs et des blés tendres.

N°	variétés	Diagrammes	Allèles		
			Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1
1	Rempart	1-3-7+8-12	a	b	b
2	Atlass 66	2-2*-13+16+12	b	f	a
3	Gabo	nul /2*-2-17+18-12	c / b	i	a
4	Democrat	2-2*-7+9-12	b	c	a
5	Vilmorin 53	nul-3-20-12	c	e	b
6	Recital	2*-5-6+8-10	b	d	d
7	Sappo	2-2*-14+15-12	b	h	a

Tableau 14 : Liste des variétés du blé avec leurs diagrammes de SG-FPM utilisés comme témoins pour la lecture génétique des électrophorégrammes des blés tendres.

N°	variétés	Allèles		
		Glu-A3	Glu-B3	Glu-D3
1	Rempart	a	i	b
2	Gabo	b	b	b
3	Democrat	a	h	a
4	Recital	d	g	c

2. Méthodes d'étude

2.1. Technique d'électrophorèse

2.1.1. Principe

Les techniques électrophorétiques sont basées sur le principe de la mobilité différentielle des molécules protéiques dans un support soumis à un courant électrique. Cette mobilité est en fonction de :

- La charge électrostatique.
- La dimension et la forme des protéines.
- L'intensité du champ électrique (tension aux électrodes, conductibilité de support).
- La température de l'électrolyte.

Les cinq acides aminés basiques ou acides confèrent à la protéine la charge. Cette dernière intervient dans la mobilité électrophorétique.

2.1.2. Extraction des protéines de réserve

L'extraction séquentielle des gliadines et des gluténines a été réalisée selon la méthode de Singh et *al.* (1991), adaptée de la méthode de Marchyllo et *al.* (1989) (Annexe1).

Cette méthode décrit une procédure simplifiée pour la séparation des sous-unités gluténines. Elle permet une meilleure résolution des SG-HPM et SG-FPM et a été testée sur un grand nombre de variétés de blé dur et tendre.

Les modifications apportées par cette méthode ont permis la préparation des gluténines avec seulement une légère contamination des protéines des autres classes et l'obtention de gluténines hautement purifiées au bout de 3 heures. Trois solutions de base sont nécessaires (Annexe 2) :

- Solution (A) 50% (V/V) propanol-1.
- Solution (B) 50% (V/V) propanol-1. 0,08 de Tris Hcl, pH 8.8.
- Solution (C) : la solution tampon, 2% P/V SDS, 40% (P/V) glycérol, 0,02% (P/V) bleu de bromophénol, 0,08 de Tris Hcl, pH = 8

Toutes les extractions protéiques (non réduites et réduites), l'alkylation des groupes SH et le traitement des extraits de propanol avec le tampon SDS sont portés à une température égale à 65°C dans les tubes eppendorf. Ensuite les échantillons sont centrifugés à 10.000 g.

2.1.2.1. Extraction des gliadines

La moitié d'un grain, dont la masse est d'environ 20 mg, est écrasée en une fine poudre. Les gliadines sont extraites en premier (30 minutes) dans la solution A (10 ml) : On procède à une agitation avec le vortex au moins 2 fois, suivie d'une centrifugation (10 minutes) et le surnagent est recueilli. Après avoir répété l'extraction une autre fois, le résidu est lavé avec la solution A (0,5 M), centrifugé pendant 5 minutes; ensuite tout le liquide est éliminé par une aspiration. Il est important d'arriver à une extraction complète des gliadines à ce stade, afin d'éviter la contamination des préparations ultérieures des gluténines.

2.1.2.2. Extraction des gluténines

Les gluténines sont extraites (30 minutes) à partir du résidu dans une solution B (0,1ml) contenant 1% P/V dithiotreitol (DTT) ajouté à l'état frais après une bonne agitation ou vortex. Après 5 minutes de centrifugation, la solution B (0,1ml) contenant 1,4% (V/V) du 4-vinylpyridine mélangé à l'état frais est ajouté à chaque tube lequel est incubé pendant 15 minutes pour une alkylation des protéines.

L'échantillon est ensuite centrifugé (2 minutes) et un aliquote (0,1ml) de surnagent est transféré dans un autre eppendorf contenant la solution C (0,1ml). Ce même échantillon est agité brièvement ensuite incubé (15 minutes) pour une complexation du SDS avec le polypeptide des gluténines réduites et alkylées. Après la centrifugation (2 minutes), les extraits protéiques sont déposés (6 ou 8 μ l) sur les puits du gel pour une séparation SDS-PGE des sous-unités gluténines.

2.1.3. Electrophorèse monodimensionnelle des gluténines par SDS-PAGE

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

La séparation se fait en milieu basique (pH 8.8) en présence d'un détergent anionique, le sodium dodecyl sulfate (SDS) qui détruit les liaisons faibles et masque la charge des protéines par sa propre charge négative et annule ainsi la différence de migration due à la charge électrique. Il permet donc une séparation selon la taille, la conformation et la masse moléculaire. La vitesse de migration des protéines dépend de la taille des mailles du gel et de la température de l'électrolyte. (Khelifi, 1991).

Le support d'électrophorèse est formé d'un gel de concentration (stacking gel) à T = 12.8% et d'un gel de séparation (separating gel). Ces deux gels sont préparés à base d'acrylamide à 35%

(P/V), de bisacrylamide à 2% (P/V), du SDS à 10% (P/V) et de Tris-HCl 1M, tamponnés à pH 6.8 pour le gel de concentration et à pH 8.8 pour le gel de séparation. Ces deux gels sont polymérisés en présence d'ammonium persulfate et de TEMED.

Après la polymérisation des gels, les échantillons sont déposés dans les puits au sommet du gel de concentration à raison de 15 µl. La cuve d'électrophorèse est remplie avec un volume suffisant de tampon de migration, et maintenue à une température constante à 10°C grâce à un système de refroidissement. Le gel est soumis à une intensité constante de 80 mA, et une tension ne dépassant jamais le maximale de 1200 V. Les protéines chargées négativement migrent vers l'anode et sont séparées selon leur encombrement moléculaire. La migration est arrêtée une heure après la sortie du front coloré.

2.1.4. Coloration et décoloration

Les protéines sont fixées dans une solution de TCA (Acide Trichloracétique) à 60%, au bleu de coomassie R250 à 1% (P/V), pendant 24 heures sous agitation. Les gels sont ensuite décolorés en les laissant dans l'eau de robinet pendant toute la nuit. Une fois les gels décolorés, ils sont placés dans une solution de glycérol à 10% pendant une heure au minimum pour être ensuite séchés et conservés entre deux feuilles de cellophane.

2.1.5. Lecture génétique des diagrammes

Pour les SG-HPM et les allèles correspondants. La nomenclature utilisée est celle établie par Payne et Lawrence (1983) et complétée par Branlard *et al.* (1990).

Concernant la lecture des diagrammes des SG-FPM chez les blés durs, nous nous sommes intéressés aux SG-FPM de la zone B (Fig. 10), ces derniers correspondent au groupe le plus basique avec un poids moléculaire compris entre 30.000 et 45.000 da. Cette zone présente beaucoup de difficultés dans l'interprétation des diagrammes car les sous-unités de type B sont beaucoup plus nombreuses et très agrégées. Dans ce cas la lecture des diagrammes a été faite selon la nomenclature établie par Niéto-Taladriz *et al.* (1997).

Pour les blés tendres, la lecture des SG-FPM est réalisée selon la nomenclature de Branlard (2003).

2.2. Statistiques

Le traitement des données fait appel à des méthodes statistiques. Les fréquences alléliques et les indices de similarités ont été effectués par (Excel, 2003), les dendrogrammes sont établis grâce

au logiciel SPSS version 14.0 qui utilise la distance moyenne entre classes comme Méthode d'agrégation par le calcul de la distance Euclidienne.

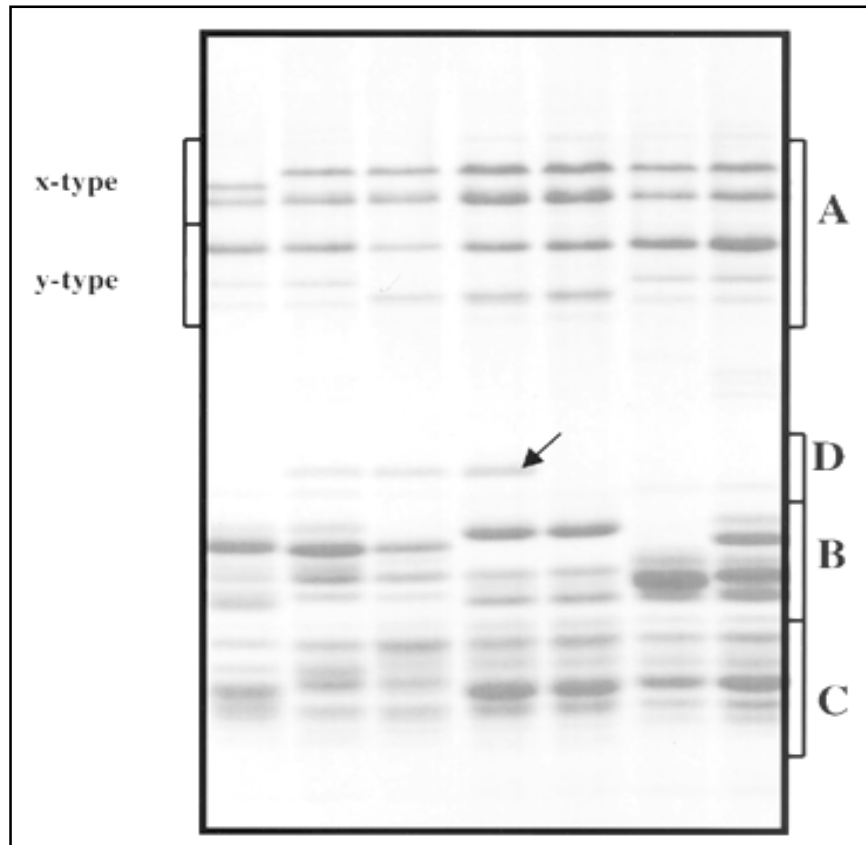


Figure 10 : Les différentes zones d'un profil électrophorétique des protéines de réserve du blé.

Résultats et discussion

1. Etude de la variabilité des sous-unités gluténines

1.1. Etude de la variabilité des sous-unités gluténines chez les blés durs

1.1.1. Etude de la variabilité des SG-HPM chez le blé dur

Les mobilités des différentes SG-HPM ont été définies selon la nomenclature décrite par Payne *et al.* (1983) et complétée par Branlard *et al.* (1990) (Fig. 3).

L'analyse électrophorétique des 15 variétés de blé dur a permis de distinguer 6 types de diagrammes de SG - HPM (Tableau 15). La diversité des bandes électrophorétique est peu importante au niveau du locus Glu-A1, mais elle est très importante au niveau du locus Glu-B1.

Les figures 11 et 12, montrent les principaux types de diagrammes rencontrés chez quelques variétés du blé dur.

Au locus Glu-B1 les bandes 7+8 sont les plus fréquentes, elles constituent le diagramme de 6 variétés suivi des bandes 20, 13+16 et 6+22 présentes chez 2 variétés pour chacune.

Nous avons recensé une nouvelle forme allélique, nous lui avons attribué momentanément (new1) observée chez deux variétés : Djebli (Fig. 11) et Guemgoum Erkham (Fig. 12)

Notons que l'allèle c (nul) au niveau du locus Glu-A1 est présent chez toutes les variétés.

Le diagramme nul-new1 n'est présent que chez deux variétés (Djebli et Guemgoum Erkham), alors que le diagramme nul-19 est représenté par une seule variété (Ain Zaatout) (Tableau 15).

Tableau 15 : Types des diagrammes des SG-HPM observés chez les variétés du blé dur.

Types	Diagrammes	Allèles		Variétés
		Glu-A1	Glu-B1	
I	nul, 7+8	c	b	M'zirâa, Beds, Ouled Khoudir, El Ksor, Chegga, Tazzi
II	nul, 20	c	e	Romani, Bidi 2
III	nul, 13+16	c	f	Megarine, Kahlaya
IV	nul, 6+22	c	o	Zribet El Oued, Khanguet Sidi Naji
V	nul, 19	c	VI	Ain Zaatout
VI	nul, new1	c	new1	Djebli, Guemgoum Erkham

Le calcul des fréquences alléliques montre que les allèles les plus fréquent sont c (nul) avec une fréquence de 100% (allèle dominant), l'allèle b (7+8) avec 40%. Les allèles : e (20), f (13+16), o (6+22) et new 1 présentent une fréquence de 13,33% pour chacun (Tableau 16).

Tableau 16 : Fréquences alléliques au niveau des 2 locus Glu-A1 et Glu-B1 trouvées chez les 15 variétés du blé dur.

Locus	Allèle	Bande	Nombre	Fréquence
Glu-A1	c	nul	15	100%
Glu-B1	b	7+8	6	40%
	e	20	2	13,33%
	f	13+16	2	13,33%
	o	6+22	2	13,33%
	VI	19	1	6,66%
	new1	new1	2	13,33%

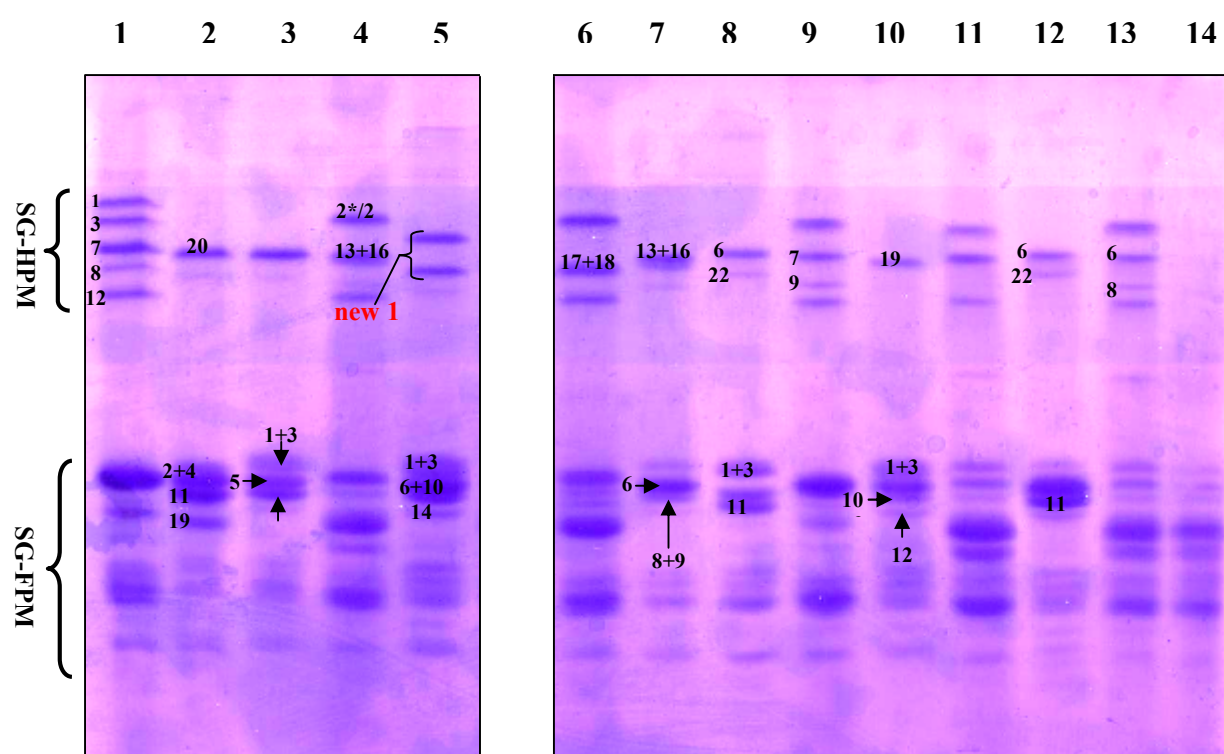


Figure 11 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé dur : 1- Rempart ; 2- Romani ; 3- Bidi 2 ; 4- Atlass 66 ; 5- Djebli ; 6- Gabo ; 7- Megarine ; 8- Zribet El Oued ; 9- Democrat ; 10- Ain Zaatout ; 11- Vilmorin 53 ; 12- Khanguet Sidi Naji ; 13- Recital ; 14- Sappo.

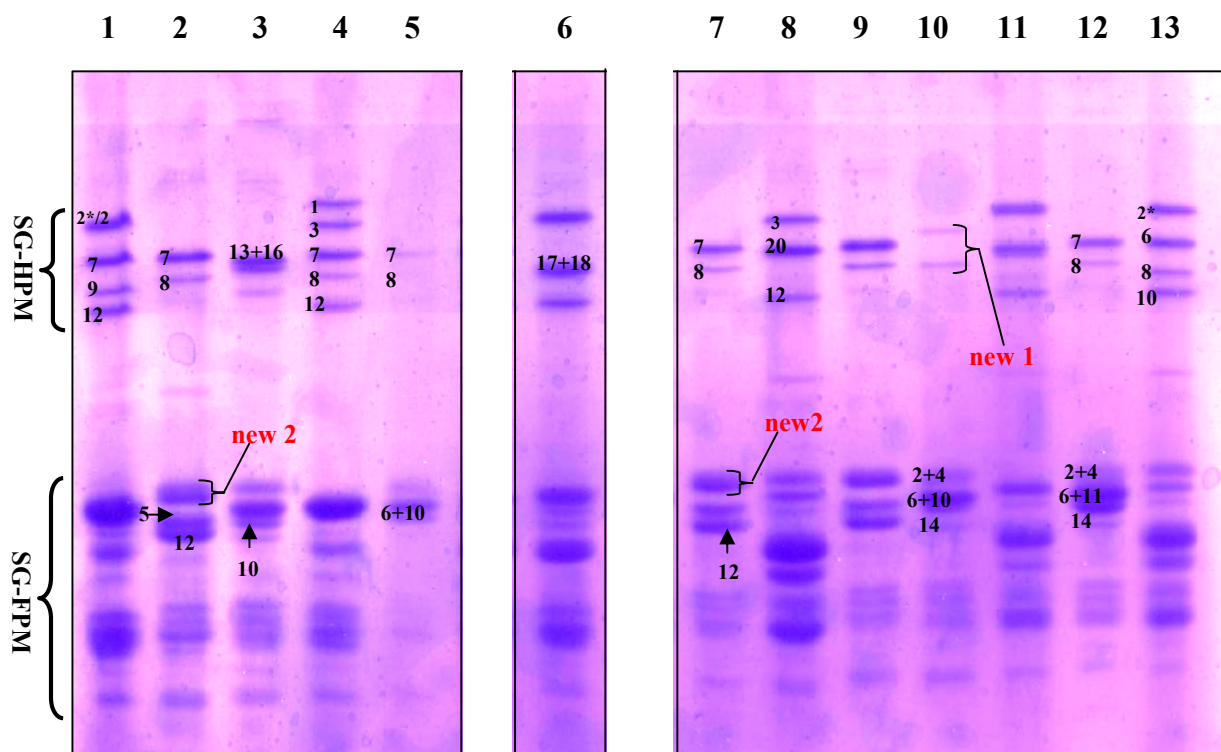


Figure 12 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé dur : 1- Democrat ; 2- M'zirâa ; 3- Kahlaya ; 4- Rempart ; 5- Beds ; 6- Gabo ; 7- Ouled Khoudir ; 8- Vilmorin 53 ; 9- El Ksor ; 10- Guemgoum Erkham ; 11- Atlas 66 ; 12- Chegga ; 13- Recital.

1.1.2. Etude de la variabilité des SG-FPM chez les blés durs

La lecture des électrophorogrammes a été réalisée selon la nomenclature établie par Niéto-Taladriz et *al.* (1997) (Fig. 6).

L'analyse électrophorétique des SG-FPM des 15 variétés de blé dur étudiées nous a permis de distinguer 10 types de diagrammes (Tableau 17). Ainsi, nous notons un grand polymorphisme des SG-FPM. Les figures 11 et 12 montrent quelques types de diagrammes.

Tableau 17: Types des diagrammes des SG-FPM observés chez les variétés du blé dur.

Types	Diagrammes	Allèles			variétés
		Glu-A3	Glu-B3	Glu-B2	
I	6-8-9-13-16	a	b	b	Megarine
II	5-new2-12	b	new2	a	M'zirâa
III	2-4-6-10-14-15-19	c	c	b	Kahlaya, Beds, Guemgoum Erkham
IV	1-3-6-10-12-14-18	c	h	a	Ain Zaatout
V	1-3-6-10-14-18	c	h	b	Bidi 2, Djebli
VI	2-4-6-11-14-15-19	d	c	b	Chegga
VII	2-4-6-11-15-17-19	d	d	b	Romani
VIII	1-3-6-11-14-18	d	h	b	Khanguet Sidi Naji, Tazzi
IX	1-3-11-14-18	e	h	b	Zribet El Oued
X	new2-12	h	new2	a	Ouled Khoudir, El Ksor

Au locus Glu-A3, nous avons dénombré 0 à 2 bandes et 5 allèles ont été identifiés dont le plus fréquent est le Glu-A3 c (6-10) que l'on retrouve chez 6 variétés.

Au locus Glu-B3, nous avons dénombré 4 à 5 bandes de mobilités différentes pour chaque variété et 5 formes alléliques dont 4 sont déjà identifiées par Niéto-Taladriz et *al.* (1997). La cinquième forme allélique (nouvelle) (new2) a été observée uniquement chez les variétés : M'zirâa, Oueled Khoudir et El Ksor.

Au locus Glu-B2, 2 allèles ont été identifiés. Le Glu-B2 a correspondant à la bande 12 et présent chez 4 variétés. Le Glu-B2 b correspondant à l'allèle nul et présent chez 11 variétés.

Les plus hautes fréquences alléliques observées concernent les allèles Glu-A3 c (40%), Glu-B3 h (40%) et Glu-B2 b (73,33%). Les autres allèles apparaissent avec des fréquences plus ou moins faibles : les allèles Glu-A3 d, Glu-B3 c et Glu-B2 a avec (26,66%); Glu-B3 new2 (20%); Glu-A3 h (13,33%); Glu-A3e (6,66%) (Tableau 15).

Tableau 18 : Fréquences alléliques au niveau des 3 locus : Glu-A3, Glu-B3 et Glu-B2 trouvées chez les 15 variétés du blé dur.

Locus	Allèle	Bande	Nombre	Fréquence
Glu-A3	a	6	1	6,66%
	b	5	1	6,66%
	c	6+10	6	40%
	d	6+11	4	26,66%
	e	11	1	6,66%
	h	nul	2	13,33%
Glu-B3	b	8+9+13+16	1	6,66%
	c	2+4+14+15+19	4	26,66%
	d	2+4+15+17+19	1	6,66%
	h	1+3+14+18	6	40%
	new2	new2	3	20%
Glu-B2	a	12	4	26,66%
	b	nul	11	73,33%

L'analyse globale des 15 diagrammes des blés durs étudiées montre une prédominance du diagramme : Glu-A3 c - Glu-B3 c - Glu-B2 b correspondant au bandes 2-4-6-10-14-15-19, on le retrouve chez 3 variétés (Kahlaya, Beds et Guemgoum Erksam).

Trois autres types de diagrammes sont considérés comme fréquents : Glu-A3 c- Glu-B3h- Glu-B2 b, Glu-A3 d- Glu-B3h- Glu-B2 b et Glu-A3 h- Glu-B3new2- Glu-B2a qui sont présents chez 2 variétés chacun.

Nous notons aussi la présence d'autres types de diagrammes tel que : Glu-A3 a- Glu-B3 b- Glu-B2 b, Glu-A3 b- Glu-B3 new2- Glu-B2 a, Glu-A3 c- Glu-B3 h- Glu-B2 a, Glu-A3 d- Glu-B3 c- Glu-B2 b...qui se trouvent chacun chez une seule variété.

1.2. Etude de la variabilité des sous-unités gluténines chez le blé tendre

1.2.1. Etude de la variabilité des SG-HPM chez le blé tendre

Les mobilités des différentes SG-HPM ont été définies selon la nomenclature décrite par Payne et *al.* (1983) et complétée par Branlard et *al.* (1990).

Les figures 13, 14 et 15 regroupent les principaux diagrammes de SG-HPM des blés tendres.

Les différentes sous-unités observées sur ces blés d'origine génétique assez variée sont au nombre de 13 : nul, 2, 2*, 6, 7, 8, 9, 12, 13, 19, 20, 22 et new3. Les diagrammes des SG-HPM des blés tendres sont composés de 3 à 5 bandes (contre 1 à 2 bandes chez les blés durs).

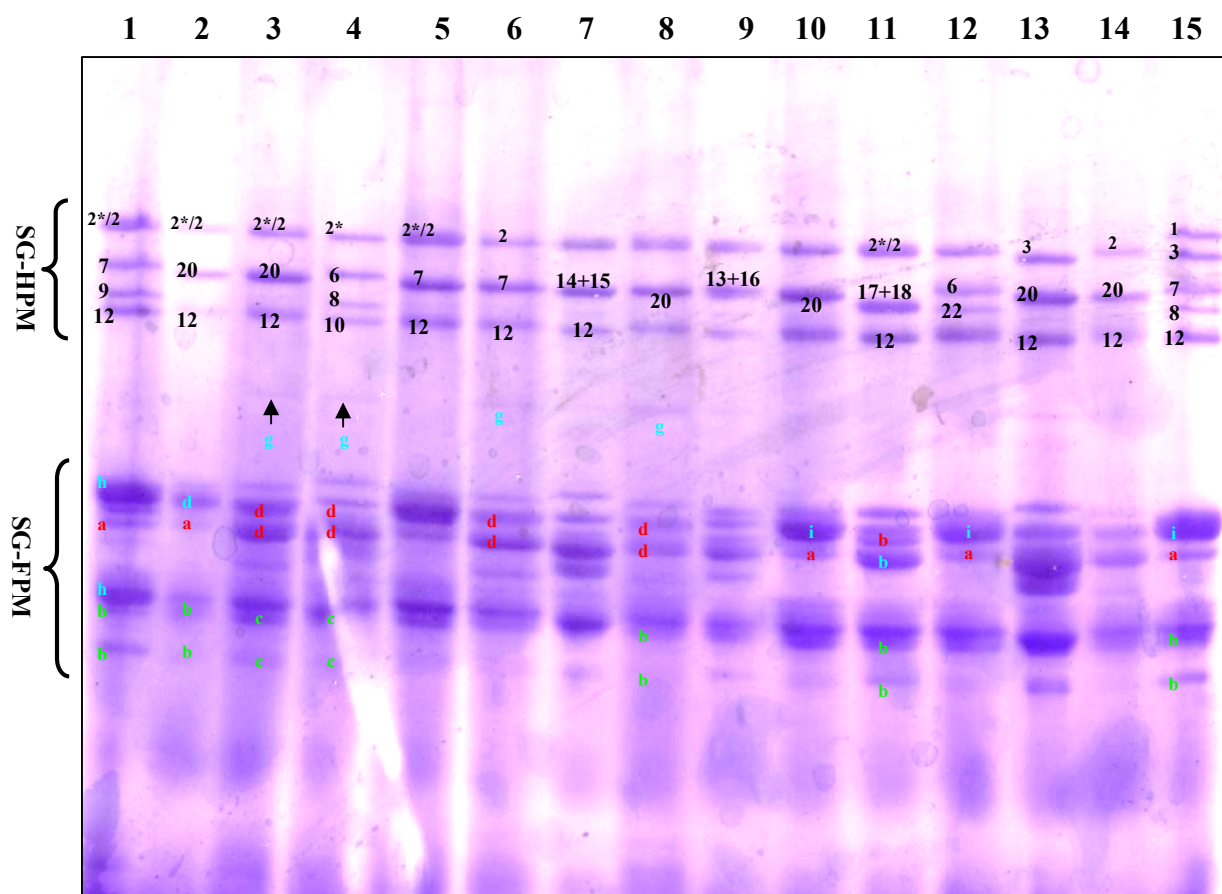


Figure 13 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé tendre : 1- Democrat ; 2- Belmabrouk1 ; 3- Bbelmabrouk2 ; 4- Recital ; 5- Sebagal ; 6- Moumena ; 7- Sappo ; 8- Mansouri ; 9- Atlass 66 ; 10- Bahamoud ; 11- Gabo ; 12- El Menea ; 13- Vilmorin 53 ; 14- Oum Zhira ; 15- Rempart.

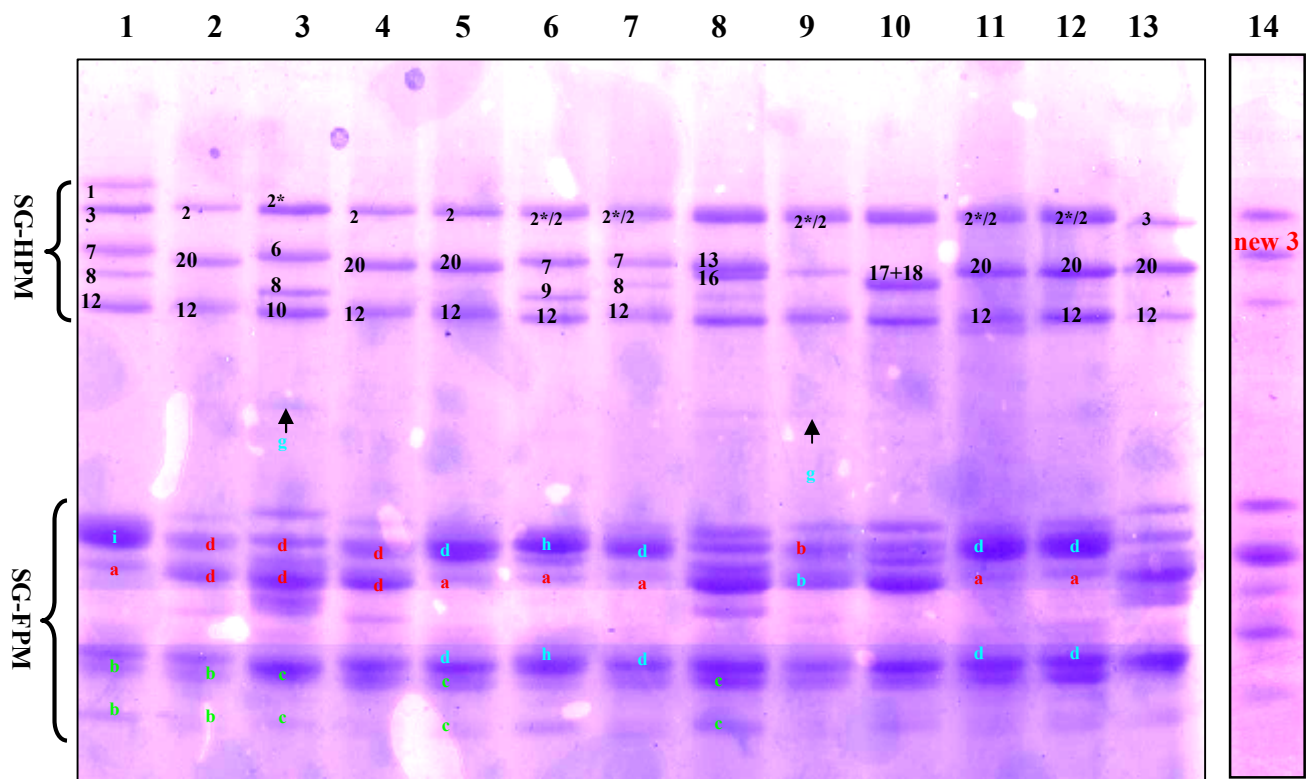


Figure 14 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé tendre : 1- Rempart ; 2- Kedoura ; 3- Recital ; 4- Chater1 ; 5- Chater2 ; 6- Democrat ; 7- Bakli ; 8- Atlas 66 ; 9- Ben Salem ; 10- Gabo ; 11- Eskandaria1 ; 12- Eskandaria2 ; 13- Vilmorin 53 ; 14- Fritas.

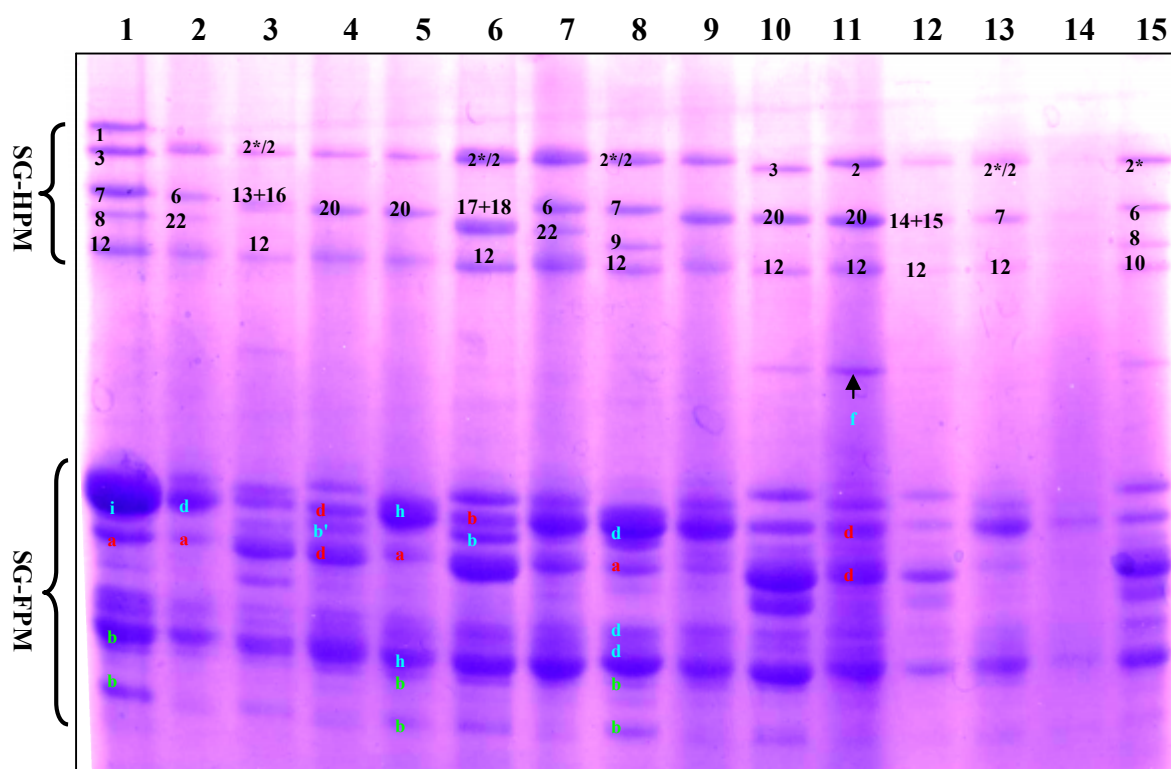


Figure 15 : Profils électrophorétiques de quelques Variétés du blé tendre : 1- Rempart ; 2- Manga ; 3- Atlass 66 ; 4- El Farh ; 5- Zaghloul Grain rouge ; 6- Gabo ; 7- Oum Rokbal ; 8- Democrat ; 9- Masraf ; 10- Vilmorin 53 ; 11- Chouitar ; 12- Sappo ; 13- Bent Mbarek ; 14- Hamra ; 15- Recital.

Sur la base de la diversité génétique observée au niveau des 3 locus étudiés, 9 types de diagrammes ont été établis (Tableau 19), les plus fréquents sont : nul-2-12-20 et 2*-2-12-20, présents chez 9 et 10 variétés respectivement. Les deux diagrammes 2*-2-6-12-22 et nul-2-7-12 présents chacun chez 4 variétés. Nous avons répertorié 4 diagrammes différents : 2*-2-12-13-19, nul-2-7-8-12, nul-2-7-9-12 et 2*-2-new3-12 caractérisant chacun une variété (Touatia3, Hassi Ben Abdallah, Oum Rokba2 et Fritas respectivement).

Une nouvelle forme allélique a été trouvée, nous lui avons attribué momentanément (new3), elle est présente chez la variété "Fritas".

Tableau 19 : Types de diagrammes des SG-HPM observé chez les variétés du blé tendre.

Types	Diagrammes	Allèles			variétés
		GluA1	GluB1	GluD1	
I	2*, 7, 2+12	b	a	a	Sebaga1, Bent Mbarek
II	2*, 20, 2+12	b	e	a	Belmabrouk1, Belmabrouk2, Belmabrouk3, Mansouri, Charter1, Ben Salem, Eskandaria1, Eskandaria2, Eskandaria3
III	2*, 13+19, 2+12	b	g	a	Touatia3
IV	2*, 6+22, 2+12	b	o	a	El Menea, Bakli, Manga, Oum Rokba1
V	nul, 7, 2+12	c	a	a	Sebaga2, Moumna, Hamra, Touatia2
VI	nul, 20, 2+12	c	e	a	Bahamoud, Oum Zhira, Kedoura, Chater2, El Farh, Zaghloul Grain Rouge, Masraf, Chouitar, Touatia1, Mekaouia
VII	2*, new3, 2+12	b	new3	a	Fritas
VIII	nul, 7+8, 2+12	c	b	a	Hassi Ben Abdallah
IX	nul, 7+9, 2+12	c	c	a	Oum Rokba2

Le calcul des fréquences alléliques (Tableau 20) montre que l'allèle a (2+12) au niveau de locus Glu-D1, est le plus fréquent et caractérise toutes les variétés étudiées avec une fréquence de 100% suivi de l'allèle e (Glu-B1), l'allèle b (Glu-A1) et l'allèle c (Glu-A1) avec des fréquences 57,57%, 51,51% et 48,48% respectivement. Au niveau de locus Glu-B1, les allèles a (7) et o (6+22) présentent respectivement des fréquences de 18,18% et 12,12%. La fréquence la plus faible qui est de 3,03% regroupe les allèles b (7+8), c (7+9), g (13+19) et new3.

L'analyse des SG-HPM chez les blés tendres nous a montré qu'il y a une grande diversité surtout au niveau des deux locus Glu-A1 et Glu-B1.

Tableau 20 : Fréquences alléliques au niveau des 3 locus Glu-A1, Glu-B1 et Glu-D1 trouvées chez les 33 variétés du blé tendre.

Locus	Allèle	Bande	Nombre	Fréquence
Glu-A1	b	2*	17	51,51%
	c	nul	16	48,48%
Glu-B1	a	7	6	18,18%
	b	7+8	1	3,03%
	c	7+9	1	3,03%
	e	20	19	57,57%
	g	13+19	1	3,03%
	o	6+22	4	12,12%
	new3	new3	1	3,03%
Glu-D1	a	2+12	33	100%

1.2.2. Etude de la variabilité des SG-FPM chez le blé tendre

Les mobilités des différentes SG-FPM ont été définies selon la nomenclature décrite par Branlard et *al.* (2003).

Sur la base de la diversité génétique observée au niveau des 3 locus étudiés (Glu-A3, Glu-B3 et Glu-D3), 16 types de diagrammes ont été établis (Tableau 21), les plus fréquents sont : Glu-A3a-Glu-B3d-Glu-D3b et Glu-A3a-Glu-B3d-Glu-D3c présents chez 6 et 5 variétés respectivement. Les deux diagrammes Glu-A3d-Glu-B3g-Glu-D3b et Glu-A3d-Glu-B3g-Glu-D3c présents chacun chez 3 variétés. Nous avons répertorié 8 diagrammes différents tel que: Glu-A3a- Glu-B3i-Glu-D3b, Glu-A3a-Glu-B3f-Glu-D3b, Glu-A3a-Glu-B3i-Glu-A3c caractérisant respectivement chacun une variété (Bahamoud, Touatia2, El Menea). Les figures 13, 14 et 15 regroupent les principaux diagrammes de SG-FPM des blés tendres.

L'étude des SG-FPM chez les blés tendres nous a montré qu'il y a un grand polymorphisme au niveau des trois locus Glu-A3, Glu-B3 et Glu-D3.

Au locus Glu-A3, nous avons dénombré 1 à 2 bandes et 3 allèles ont été identifiés dont le plus fréquent est l'allèle a que l'on retrouve chez 20 variétés avec une fréquence de 60,60%. Les allèles b et d présentent respectivement des fréquences de 6,06% et 33,33%.

Au niveau de locus Glu-B3, une grande diversité génétique des SG-FPM est remarquée.

Nous avons recensé 14 bandes de mobilités différentes et 7 formes alléliques différentes qui sont toutes déjà identifiées par Branlard et *al.* (2003). Les plus hautes fréquences alléliques observées concernent les allèles d (39,39%) et g (21,21%). Les allèles b', f, h, i et j apparaissent avec des fréquences plus ou moins faibles.

Au locus Glu-D3, 6 bandes correspondant aux 3 allèles ont été identifiées. L'allèle b présent chez 19 variétés est le plus fréquent (57,57%) suivi par l'allèle c (36,36%). L'allèle a est le moins fréquent (6,06%) présent chez deux variétés (Sebaga1 et sebaga2). Le tableau 22 résume les fréquences alléliques au niveau des trois locus précédents.

Tableau 21 : Types de diagrammes des SG-FPM observé chez les variétés du blé tendre.

Types	Allèles			Diagrammes	variétés
	Glu-A3	Glu-B3	Glu-D3		
I	a	d	a	a d a	Sebaga1, Sebaga2
II	a	d	b	a d b	Belmabrouk1, Bakli, Manga, OumRokba1, Masraf, Fritas
III	a	d	c	a d c	Chater2, Eskandaria1, Eskandaria2, Eskandaria3, Bent Mbarek
IV	a	h	b	a h b	Zaghloul Grain rouge, Oum Rokba2
V	a	h	c	a h c	Toutia1, Touatia3
VI	d	f	b	d f b	Hassi Ben Abdallah, Chouitar
VII	d	g	b	d g b	Fritas, Moumna, Mansouri
VIII	d	g	c	d g c	Belmabrouk2, Belmabrouk3, Oum Zhira
IX	a	i	b	a i b	Bahamoud
X	a	f	b	a f b	Touatia2
XI	a	i	c	a i c	El Menea
XII	b	g	b	b g b	Ben Salem
XIII	b	j	b	b j b	Hamra
XIV	d	b'	b	d b' b	El Farh
XV	d	j	b	d j b	Kedoura
XVI	d	j	c	d j c	Chater1

Tableau 22 : Fréquences alléliques au niveau des 3 locus : Glu-A3, Glu-B3 et Glu-D3 trouvées chez les 33 variétés du blé tendre.

Locus	Allèle	Nombre	Fréquence
Glu-A3	a	20	60,60%
	b	2	6,06%
	d	11	33,33%
Glu-B3	b'	1	3,03%
	d	13	39,39%
	f	3	9,09%
	g	7	21,21%
	h	4	12,12%
	i	2	6,06%
	j	3	9,09%
Glu-D3	a	2	6,06%
	b	19	57,57%
	c	12	36,36%

2. Indices de similarité des diagrammes variétaux

Pour quantifier l'analogie ou la dissemblance des diagrammes, on calcule un indice de similarité ou de dissimilarité inspiré de Dedio, Kaltsikes et Larter, (1969).

L'indice de similarité (IRS) est calculé en rapportant l'IAS (indice de similarité absolue) au nombre total (N) des composants présents dans l'un au moins des diagrammes des variétés comparées.

L'IAS présente l'ensemble des bandes qui ne sont pas significativement différentes entre les deux diagrammes. On considère qu'une bande n'est pas significativement différente d'une autre lorsqu'elles sont de même mobilité et/ou qu'elles ne se distinguent pas par au moins deux classes de concentration.

$$\text{IRS} = 100 \times \text{IAS} / \text{N}$$

2.1. Indice de similarité chez le blé dur

Les indices de similarité ont été effectués pour les 15 variétés du blé dur, ils sont représentés sous forme d'une matrice dans le tableau 23. Cette matrice fournit les valeurs des IRS trouvées entre les diagrammes des blés durs. Il en ressort que l'indice de similarité se situe entre 11% et 100%.

Des valeurs faibles signifient que les diagrammes présentent de nombreuses dissemblances, c'est le cas de Romani avec Zribet El Oued, Bidi2 avec Ouled Khoudir, M'zirâa avec Kahlaya, Djebli avec El Ksor, Guemguoum Erkham et El Ksor... (IRS= 11%) ; Tazzi avec Megarine, Chegga avec Djebli, Romani avec Djebli, Ain Zaatout avec Beds (IRS= 25%).

Inversement, lorsque les valeurs de l'indice de similarité sont élevées, les diagrammes apparaissent voisins. Par exemple : Bidi2 avec Djebli, Guemgoum Erkham avec Djebli, Zribet El Oued avec Khanguet Sidi Naji, M'zirâa avec El Ksor, Kahlaya avec Guemgoum Erkham et Chegga avec Tazzi (IRS= 67%). Les deux diagrammes des variétés Ouled Khoudir et El Ksor présentent un indice de similarité maximale de 100%.

Une valeur moyenne de l'indice de similarité (IRS=43%) a été trouvée entre quelques variétés (Romani avec Chegga, Bidi2 avec Tazzi, Romani et Beds ...).

Selon Autran (1975), il existe une relation entre l'hétérogénéité électrophorétique des sous-unités gluténines et l'origine génétique du blé. Les variétés dont les diagrammes sont très proches ont en effet généralement des origines voisines et présentent naturellement à la fois des parentés génétiques élevées et des indices de similarité élevés. A l'inverse, celles dont les diagrammes

sont très différents, ont le plus souvent des origines génétiques éloignées et des IRS moins élevés.

Tableau 23 : Indices de similarité des blés durs.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
100%	43%	25%	25%	25%	11%	43%	11%	25%	25%	11%	11%	25%	43%	43%	1
	100%	67%	25%	43%	43%	43%	11%	43%	43%	11%	11%	43%	25%	43%	2
		100%	25%	43%	43%	43%	11%	43%	43%	11%	11%	67%	25%	43%	3
			100%	25%	11%	25%	11%	43%	25%	11%	11%	25%	25%	25%	4
				100%	25%	67%	11%	25%	25%	11%	11%	25%	25%	43%	5
					100%	25%	11%	25%	25%	25%	25%	25%	11%	25%	6
						100%	11%	25%	25%	11%	11%	25%	43%	67%	7
							100%	11%	25%	67%	67%	11%	25%	25%	8
								100%	67%	11%	11%	67%	43%	25%	9
									100%	25%	25%	67%	67%	43%	10
										100%	100%	11%	25%	25%	11
											100%	11%	25%	25%	12
												100%	43%	25%	13
													100%	67%	14
														100%	15

2.2. Indice de similarité chez le blé tendre

La matrice présentée dans le tableau 24 fournit les valeurs des indices de similarité trouvées entre les 33 diagrammes des blés tendres. Il en ressort que l'indice de similarité se situe entre 9% et 100%.

Comme les blés durs les IRS faibles montrent des origines génétiques éloignées de variétés: c'est le cas de Sebag 2 avec Fritas, Belmabrouk3 avec Oum Rokba2, El Menea avec El Farh, Hassi Ben Abdallah avec Bent Mbarek (9%), de Chouitar avec Bakli, avec Eskandaria1, avec Eskandaria2, avec Eskandaria3 et avec Oum Rokba1 (20%). A l'inverse, Belmabrouk2 avec Belmabrouk3, Eskandaria1 avec Eskandaria2 et avec Eskandaria3, Bakli avec Manga et avec Oum Rokba1, Masraf avec Mekaouia présentent des parentés génétiques voisines avec un indice de similarité de 100%. Nous avons recensé des indices de similarités plus ou moins faibles 20% et 33% ainsi une valeur de 71% dont les diagrammes sont très proches ont en effet généralement des origines très proche c'est le cas par exemple de : Sebagal avec Sebag2, Mansouri avec Belmabrouk2 et avec Belmabrouk3, Belmabrouk1 avec Bakli, avec Eskandaria1, avec Eskandaria2, avec Eskandaria3 et avec Oum Rokba1, c'est le cas aussi de Touatia1 avec Chater2.

Une valeur moyenne de l'indice de similarité 50% a été trouvée entre plusieurs variétés par exemple : El Menea avec Bent Mbarek, Mansouri avec Chater1, El Farh avec Zaghloul Grain rouge.

Tableau 22: Indices de similarité des blés tendres.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33		
100%	33%	33%	50%	33%	20%	50%	50%	33%	20%	20%	33%	33%	50%	71%	50%	71%	71%	71%	71%	33%	50%	71%	33%	71%	33%	50%	33%	33%	33%	20%	71%	33%	1	
	100%	100%	20%	9%	33%	71%	20%	33%	71%	9%	33%	71%	33%	20%	50%	50%	50%	50%	20%	33%	20%	20%	9%	20%	33%	33%	33%	9%	33%	20%	20%	50%	2	
		100%	20%	9%	33%	71%	20%	33%	71%	9%	33%	71%	33%	20%	50%	50%	50%	50%	20%	33%	20%	20%	9%	20%	33%	33%	33%	9%	33%	20%	20%	50%	3	
			100%	71%	20%	20%	20%	33%	9%	20%	9%	20%	33%	50%	20%	50%	50%	50%	50%	9%	20%	50%	20%	33%	9%	71%	20%	33%	33%	9%	33%	33%	4	
				100%	33%	9%	33%	20%	20%	33%	20%	9%	50%	33%	9%	33%	33%	33%	33%	20%	33%	33%	33%	50%	20%	50%	33%	50%	20%	20%	50%	9%	33%	5
					100%	50%	33%	9%	50%	50%	50%	20%	20%	20%	33%	9%	9%	9%	20%	50%	33%	20%	33%	33%	50%	20%	20%	50%	9%	50%	33%	50%	33%	6
						100%	33%	20%	50%	20%	50%	50%	20%	33%	71%	33%	33%	33%	33%	50%	33%	33%	33%	20%	33%	50%	20%	20%	20%	20%	33%	33%	71%	7
							100%	33%	33%	33%	50%	20%	50%	33%	33%	33%	33%	33%	33%	50%	71%	33%	71%	71%	50%	20%	50%	50%	20%	33%	71%	20%	33%	8
								100%	20%	9%	9%	33%	33%	50%	20%	50%	50%	50%	50%	9%	20%	50%	20%	20%	9%	50%	33%	20%	50%	9%	20%	20%	9	
									100%	20%	50%	50%	50%	9%	33%	33%	33%	33%	9%	50%	33%	9%	20%	33%	50%	20%	50%	20%	20%	33%	33%	33%	10	
										100%	50%	20%	20%	20%	33%	9%	9%	9%	20%	33%	33%	20%	33%	33%	33%	20%	20%	50%	9%	33%	33%	20%	11	
											100%	50%	33%	20%	33%	20%	20%	20%	20%	71%	50%	20%	33%	50%	71%	9%	33%	20%	9%	33%	50%	33%	12	
												100%	33%	20%	33%	50%	50%	50%	20%	33%	20%	20%	9%	20%	33%	33%	33%	9%	33%	20%	20%	33%	13	
													100%	33%	20%	71%	71%	71%	33%	33%	50%	33%	33%	71%	33%	50%	71%	33%	33%	20%	71%	9%	14	
														100%	33%	50%	50%	50%	100%	20%	33%	100%	33%	50%	20%	50%	20%	33%	33%	20%	50%	33%	15	
															100%	33%	33%	33%	33%	33%	33%	33%	20%	33%	33%	20%	20%	20%	20%	20%	20%	33%	50%	16
																100%	100%	100%	50%	20%	33%	50%	20%	50%	20%	71%	50%	20%	50%	9%	50%	20%	17	
																	100%	100%	50%	20%	33%	50%	20%	50%	20%	71%	50%	20%	50%	9%	50%	20%	18	
																		100%	50%	20%	33%	50%	20%	50%	20%	71%	50%	20%	50%	9%	50%	20%	19	
																			100%	20%	20%	100%	33%	50%	20%	50%	20%	33%	33%	20%	50%	33%	20	
																				100%	50%	20%	33%	50%	71%	9%	33%	33%	9%	50%	50%	33%	21	
																					100%	33%	71%	71%	50%	20%	71%	50%	33%	33%	71%	20%	22	
																						100%	33%	50%	20%	50%	20%	33%	33%	20%	50%	33%	23	
																							100%	50%	33%	20%	50%	50%	33%	33%	50%	20%	24	
																								100%	50%	33%	50%	50%	20%	33%	100%	20%	25	
																									100%	9%	33%	50%	9%	71%	50%	33%	26	
																										100%	33%	33%	50%	9%	33%	20%	27	
																											100%	33%	50%	20%	50%	9%	28	
																												100%	20%	50%	20%	29		
																													100%	9%	20%	20%	30	
																															100%	33%	33%	31
																																100%	20%	32
																																	100%	33

3. Etablissement des diagrammes types variétaux

L'analyse des diagrammes électrophorétique et le calcul des indices de similarité mettent en évidence des différences variétales.

Par ailleurs, le diagramme type variétal est fondé sur un caractère qualitatif (absence ou présence d'un allèle ou d'une bande : 0 pour l'absence et 1 pour la présence.

Les tableaux 25 et 26 des diagrammes types variétaux montrent que les variétés peuvent être distinguées sans ambiguïté à partir d'une ou plusieurs différences significatives dans les diagrammes. Donc, cette représentation nous permet de conserver une image réelle des gels pouvant servir comme bases de données pour l'identification variétale en établissant un catalogue.

Tableau 25 : Diagrammes types des SG-HPM et SG-FPM des blés durs révélés par SDS-PAGE.

Variétés	Allèles																			
	c	b	e	f	o	VI	new1	a	b	c	d	e	h	b	c	d	h	new2	a	b
Romani	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Bidi 2	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Djebli	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Megarine	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Zribet El Oued	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1
Ain Zaatout	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
Khanguet Sidi Naji	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1
M'zirâa	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
Kahlaya	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Beds	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Ouled Khoudir	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0
El Ksor	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0
Guemgoum Erkham	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Chegga	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Tazzi	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1

 Allèles du Locus Glu-A1

 Allèles du Locus Glu-B3

 Allèles du Locus Glu-B1

 Allèles du Locus Glu-B2


 Allèles du Locus Glu-A3

Tableau 26: Diagrammes types des SG-HPM et SG-FPM des blés tendres révélés par SDS-PAGE.

Variétés	Allèles																							
	b	c	a	b	c	e	G	o	new3	a	a	b	d	b'	d	f	g	h	i	j	a	b	c	
Belmabrouk1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	
Belmabrouk2	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Belmabrouk3	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Sebaga1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Sebaga2	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Moumena	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Mansouri	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Bahamoud	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
El Menea	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
Oum Zhira	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
Hamra	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Kedoura	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Chater1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Chater2	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Bakli	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Ben Salem	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
Eskandaria1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Eskandaria2	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Eskandaria3	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Manga	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
El Farh	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Zaghloul Grain rouge	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Oum Rokba1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Oum Rokba2	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
Masraf	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Chouitar	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Bent Mbarek	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Touatia1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Touatia2	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Touatia3	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Hassi Ben Abdallah	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Mekaouia	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Fritas	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0


 Allèles du Locus Glu-A1

 Allèles du Locus Glu-B1

 Allèles du Locus Glu-D1

 Allèles du Locus Glu-A3

 Allèles du Locus Glu-B3

 Allèles du Locus Glu-D3

4. Classification hiérarchique des variétés de blé dur et de blé tendre

Les relations entre les variétés de blé dur et celles de blé tendre étudiées sont établies à partir de leurs ressemblances génétiques. Pour cela, nous avons fait appel à une représentation sous forme d'arbre hiérarchique ou dendrogramme qui constitue sans doute la représentation la plus parlante.

Les regroupements effectués à chaque pas de l'algorithme de classification hiérarchique rassemblent des éléments qui sont plus ou moins proches entre eux. Plus on avance dans le regroupement (plus on se rapproche du sommet de l'arbre), plus le nombre de points déjà agrégés est important et plus la distance minimale entre les classes qu'il reste à agréger est importante. On peut associer à chacun des noeuds de l'arbre cette "plus petite distance". La représentation sous forme de dendrogramme d'une classification hiérarchique matérialise bien le fait que les classes formées au cours du processus de classification constituent une hiérarchie indicée de classes partiellement emboîtées les unes dans les autres.

Les dendrogrammes dans notre cas tiennent compte de la diversité des protéines de réserve (SG-HPM et SG-FPM). La distance entre variétés (indice qui mesure combien deux variétés diffèrent) est la conséquence de la contribution des bandes protéiques (par absence ou présence) à la formation de chacun des noeuds. Ces noeuds indiquent donc le degré de ressemblance et facilitent la classification hiérarchique des variétés selon leur constitution génétique.

4.1. Dendrogramme des blés durs

La figure 16, montre que les 15 variétés du blé dur sont classées en 2 groupes distincts dont le deuxième est plus polymorphe que le premier. Chaque groupe est formé d'individus très proches génétiquement.

Le premier groupe est constitué de 4 variétés qui sont : Ouled Khoudir, El Ksor, M'zirâa et Ain Zaatout. A l'intérieur de ce groupe. Nous constatons 3 niveaux de ressemblances différents au sein de ce groupe, les variétés Ouled Khoudir et El Ksor forment entre elles un clade, elles sont semblables avec la même distance génétique. La variété M'zirâa est très proche génétiquement au précédent clade et se situe à une distance de 8. Ain Zaatout forme un deuxième cluster de ce groupe, qui est très éloignée génétiquement des variétés précédentes.

Le deuxième groupe apparaît au dessous du premier, il est très polymorphe, il est constitué de 11 variétés. Nous constatons l'existence de 2 clusters, dont le deuxième est situé à une distance ($d = 21$) et qui est représenté par une seule variété "Megarine". Le premier cluster est constitué par deux sous-groupes représentés par 5 variétés de chacun. La coupure à la distance

$d = 10$ au sein de ce premier cluster permet la formation de 5 sous-groupes distincts, dont les 10 variétés du blé dur sont regroupées entre elles selon leur degré de ressemblance.

A une distance $d = 8$, nous remarquons que des variétés telles que : Beds, Guemgoum Erkham et Kahlaya forment une classe de variétés proches génétiquement entre elles mais à un degré moindre par rapport aux variétés "Ouled Khoudir et El Ksor du premier groupe.

Les variétés Bidi2 et Djebli sont très proches génétiquement avec le même degré de ressemblance observé chez les trois variétés précédentes, elles forment ainsi une nouvelle classe qui située à une distance $d = 13$ par rapport au première classe constituée de Beds, Guemguoum Erkham et Kahlaya.

Les variétés Chegga et Tazzi sont génétiquement très proches entre elles, mais sont différentes de "Romani" qui est située à une distance $d = 15$ et différent encore plus du sous-groupe constitué des variétés "Zribet El Oued" et "Khanguet Sidi Naji" ($d = 16$).

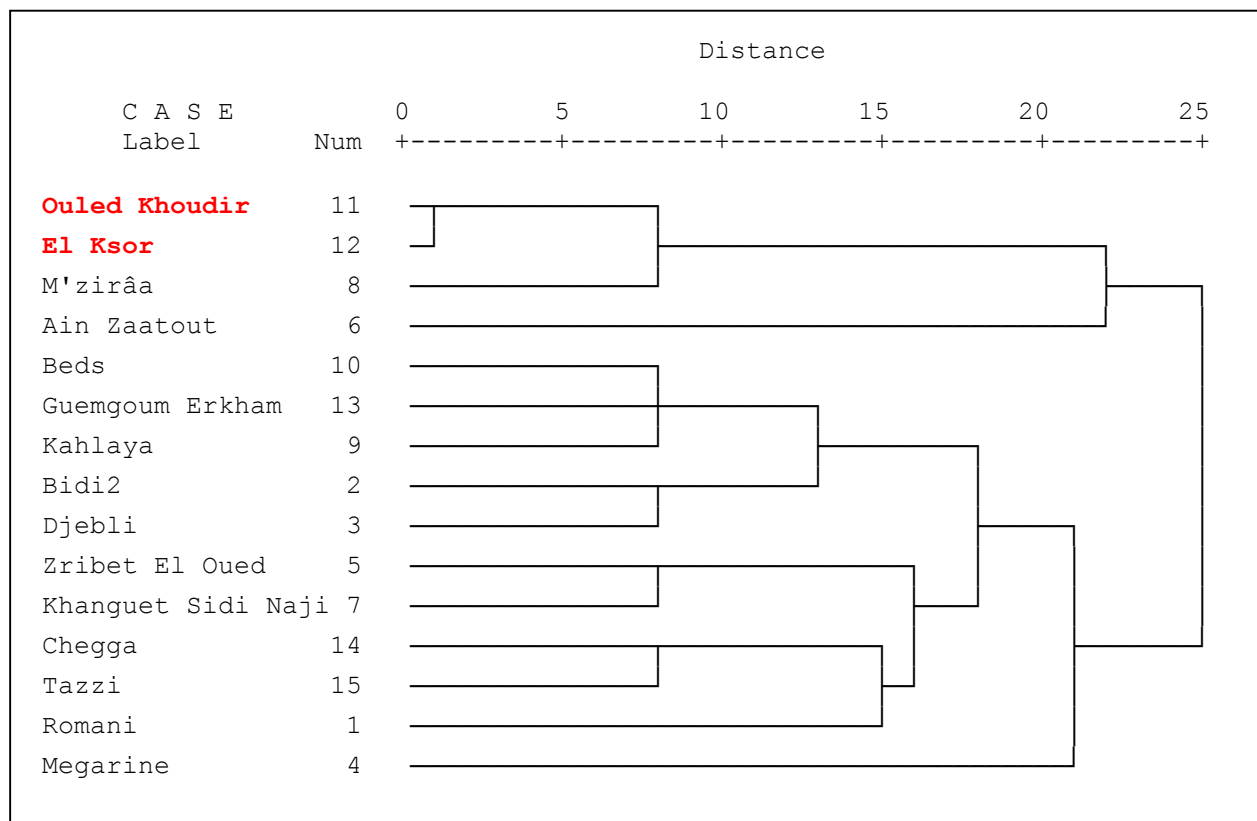


Figure 16 : Dendrogramme de 15 variétés des blés durs (SPSS, version 14.0).

4.2. Dendrogramme des blés tendres

Comme les blés durs, la figure 17, montre que les 33 variétés du blé tendre sont aussi classées en 2 groupes distincts dont le premier est plus polymorphe que le deuxième. Chaque groupe est formé d'individus très proches génétiquement.

Le premier groupe est constitué de 19 variétés, il commence par la variété Masraf et se termine par Touatia3. On distingue 10 niveaux de ressemblance différents avec des distances différentes. La coupure à la distance $d = 20,5$, montre que le groupe est formé en 2 clusters, dont le premier est plus polymorphe que le deuxième, ce dernier est constitué de 2 variétés seulement (El Menea et Touatia3) qui sont génétiquement plus ou moins proches entre elles. Au sein du premier cluster, nous remarquons l'existence de 3 clades constitués respectivement par les variétés (Masraf, Mekaouia), (Eskandaria1, Eskandaria2, Eskandaria3) et (Manga, Oum Rokb1, Bakli). Les variétés constituants chaque clade sont très semblable et sont génétiquement très proches (diagrammes types identiques).

Le deuxième groupe constitué de 14 variétés, commence par la variété Belmabrouk2 et se termine par la variété Hamra. Au sein de ce groupe les variétés sont classées selon 8 niveaux de ressemblance différents. Nous recensons l'existence d'un seul clade formé de 2 variétés "Belmabrouk2" et "Belmabrouk3" qui sont similaire et qui ont les mêmes caractéristiques du point de vue génétique.

D'une façon générale, nous signalons que la variété Belmabrouk1 trouvée au niveau du premier groupe est génétiquement très éloignée de Belmabrouk2 et Belmabrouk3 qui sont classées dans le deuxième groupe du dendrogramme, ainsi pour les variétés Chater1 et Chater2.

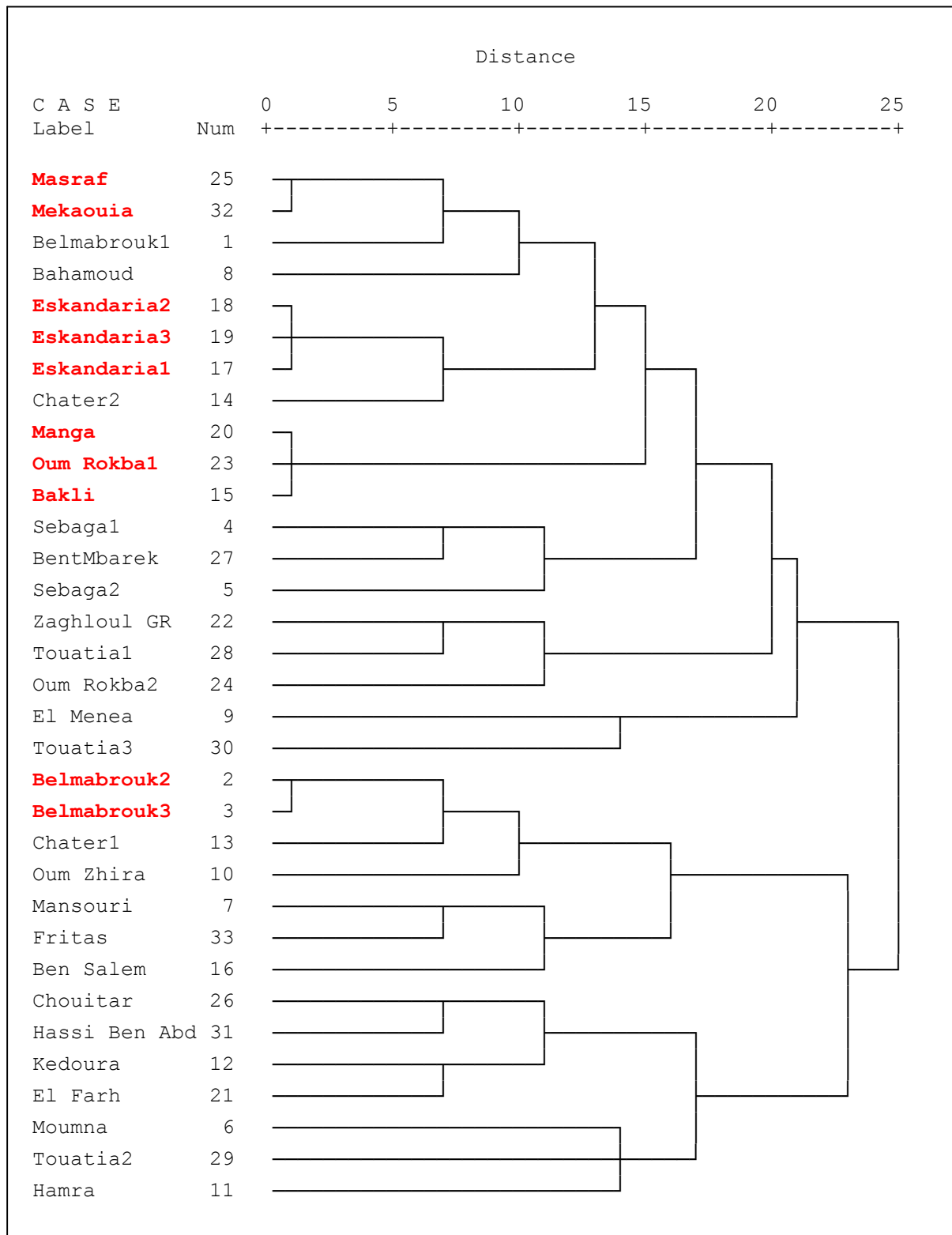


Figure 17 : Dendrogramme de 15 variétés des blés tendres (SPSS, version 14.0).

CONCLUSION

Le travail que nous avons entrepris a permis d'analyser la diversité des protéines de réserve existante au sein de 15 variétés du blé dur et de 33 variétés du blé tendre cultivés au Sahara de l'Algérie.

L'analyse des protéines a porté sur les sous-unités gluténines de haut poids moléculaire et de faible poids moléculaire par la technique SDS-PAGE. Celle-ci nous a montré qu'il y a une grande diversité des sous-unités gluténines. Les électrophorégrammes des SG-HPM des blés durs et des blés tendres montrent un polymorphisme assez important aux locus Glu-A1, Glu-B1 et Glu-D1 avec 6 types de diagrammes chez les variétés du blé dur et 9 chez les tendres. Trois nouvelles formes alléliques sont trouvées (deux chez les blés durs et une autre chez les blés tendres). Ces nouveaux allèles concernant le locus Glu-B1 chez les deux types du blé (dur et tendre) et Glu-B3 chez les blés durs.

La technique SDS-PAGE révèle aussi une grande diversité des SG-FPM aux locus Glu-A3, Glu-B3 et Glu-B2 chez les blés durs et aux locus Glu-A3, Glu-B3 et Glu-D3 chez les variétés du blé tendre. Nous avons recensé une nouvelle forme allélique au locus Glu-B3 chez trois variétés du blé dur.

Le calcul des indices de similarité, l'établissement des diagrammes types variétaux et la classification hiérarchique des variétés étudiées ont été effectués grâce à la diversité électrophorétique des sous-unités gluténines révélés par SDS-PAGE. Ces résultats, nous a permis d'apprécier numériquement la diversité des protéines, d'établir des comparaisons entre variétés et de noter des différences intervariétales très importantes par l'estimation des distances génétiques par le biais des dendrogrammes et surtout, nous avons arrivé à établir les empreintes génétiques de chaque variété des blés sahariens étudiées.

D'autres études sur d'autres groupes de protéines et sur d'autres variétés permettraient de mieux apprécier et évaluer la variabilité génétique des blés sahariens.

Ce travail mériterait d'être poursuivi sur l'ensemble des variétés de blé cultivées et autochtones du Sahara algérien.

Références bibliographiques

- ABDELGUERFI, A. (2003).** Evaluation des besoins en matière de renforcement des capacités nécessaires à la conservation et l'utilisation durable de la biodiversité importante pour l'agriculture. Projet ALG/97/G31. Plan d'Action et Stratégie Nationale sur la Biodiversité. Tome IX : 12-15.
- ANONYME. (2005).** SPSS Base 14.0, Guide de l'utilisateur. SPSS. inc. 535-542
- AUTRAN, J. C. et BOURDET, A. (1975).** L'identification des variétés de blé: Etablissement d'un tableau général de détermination fondé sur le diagramme électrophorétique des gliadines du grain. Ann. Amélior. Plantes, 25 (3), 277-301.
- AUTRAN, J. C., LAIGNELET, B. and MOREL, M. H. (1987).** Characterisation and quantification of low-molecular-weight glutenins in durum wheats. Biochimie., 69: 699–711.
- AUTRAN, J. C. and GALTERIO, G. (1989).** Associations between electrophoretic composition of proteins, quality characteristics and agronomic attributes of durum wheats II. Protein – quality associations. Journal of Cereal Science., 9: 195-215.
- BANQUE DE DONNEES,** l'Observatoire méditerranéen. site Internet <http://www.medobs.org>.
- BIETZ, J.A., SHEPHERD, K.W. and Wall, J.S. (1975).** Cereal single-kernel analysis of glutenin: use in wheat genetics and breeding. Cereal Chemistry 52: 513-532.
- BIETZ, J. A. and BURNOUF, T. (1985).** Chromosomal control of wheat gliadin: Analysis by reversed-phase high-performance liquid chromatography. Theor. Appl. Genet. 70:599-608.
- BOUGUENNEC, A. (1993).** Caractérisation et utilisation de lignées de substitution intervariétales pour l'étude du déterminisme génétique de la valeur technologiques du blé tendre (*Triticum. Aestivum. Thell*). Thes Doct. INA Paris-Grignon p18.
- BRANLARD, G. M., DARDEVET. (1985a).** Diversity of grain protein and bread wheat quality. I. Correlation between gliadin bands and flour quality characteristics, Journal of Cereal Science, 3, 329-343.
- BRANLARD, G. M., DARDEVET. (1985b).** Diversity of grain protein and bread wheat quality. II. Correlation between high molecular weight subunits of glutenin and flour characteristics, Journal of Cereal Science, 3, 345-354.

- BRANLARD, G., AUTRAN, J. C. and MONNEVEUX, P. (1989).** High molecular weight glutenin subunits in durum wheat (*Triticum durum*). *Theor. Appl. Genet.* 78:353-358.
- BRANLARD, G. (1999).** Des protéines sélectionnées pour améliorer la valeur d'utilisation des blés. INRA. Ed. John Libbey Eurotext. Oléagineux, corp gras, lipides. Volume 6, N°6, 513-7, Novembre 1999.
- BRANLARD G., DARDVET M., AMIOR N. and IGREJAS, G. (2003).** Allelic diversity of HMW and LMW glutenin subunits and omega gliadins in French bread wheat (*triticum aestivum* L.). *Genetic resources and Crop Evolution*, 50: 669–679.
- BRANLARD, G. (2004).** Genetic, Molecular and Ecophysiological Determinants of Grain Quality Traits. International Workshop Modelling quality traits and their genetic variability for Wheat 18 - 21 July 2004, Clermont-Ferrand, France.
- BURNOUF, T. and BIETZ, J. A. (1989).** Rapid purification of wheat glutenin for reversed-phase high-performance liquid chromatography: comparison of dimethyl sulfoxide with traditional solvents. *Cereal chem.* 66 : 121-127.
- BUSHUK, W. and ZILLMAN, R.R. (1978).** Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. I. Apparatus, method and nomenclature. *Can. J. Plant. Sci.*, 58: 505-515.
- CARRILLO, J. M., VAZQUEZ, J. F. and ORELLANA, J. (1990).** Linkage relationships between the loci Sec 1 and Sec 3 in rye. *Heredity* 64: 125-130.
- CHEHAT, F. (2007).** Analyse macroéconomique des filières, la filière blés en Algérie. Projet PAMLIM « Perspectives agricoles et agroalimentaires Maghrébines Libéralisation et Mondialisation » Alger : 7-9 avril 2007.
- CIAFFI, M., TOZZI, L. and LAFIANDRA, D. (1996).** Relationship between flour protein composition determined by size-exclusion high-performance liquid chromatography and dough rheological parameters. *Cereal Chem.* 73:346-351.
- CIC, CONSEIL INTERNATIONAL DES CEREALES. (2000).** In : le blé dur en Afrique du Nord. Le bulletin bidimensionnel. Agriculture et agroalimentaire. Canada, Juin 2000. Vol 13, N° 11.
- CIC, CONSEIL INTERNATIONAL DES CEREALES. (2005).** Marché des céréales. GRM, No.376. Août 2005.

- CIC, CONSEIL INTERNATIONAL DES CEREALES. (2009).** Marché des céréales. GRM, No.399. Octobre 2009.
- CIC, CONSEIL INTERNATIONAL DES CEREALES. (2010).** Marché des céréales. GRM, No.402. Juillet 2010.
- CNUCED, CONFÉRENCE DES NATIONS UNIES SUR LE COMMERCE ET LE DÉVELOPPEMENT. (2005).** Rapport sur le commerce et le développement, 2006. Publication des nations unies.
- CURIONI, A., MOREL, M. H., FUREGON, L. and PERUFFO, A. D. B. (1995).** Purification of wheat glutenin subunits by preparative acid and two-dimensional electrophoresis. *Electrophoresis* 16:1005-1009.
- DACHKEVITCH, T., REDAELLI, R., BIANCARDI, A. M., METAKOVSKY, E.V. and POGNA, N. E. (1993).** Genetics of gliadins coded by the group 1 chromosomes in the high-quality bread wheat cultivar Neepawa . *Theor. Appl. Genet.*, 86(2-3): 389-399.
- DAMIDAUX, R., GRIGNAC, P. and FEILLET, P. (1978).** Mise en évidence de relations applicables en sélection entre l'électrophorégramme des gliadines et les propriétés viscoélastiques du gluten de *Triticum durum* Desf. *C R Acad. Sci. Paris* 287:701-704.
- DEDIO, W., KALTSIKES, P. J. and LARTER, E. N. (1969).** Numerical chemo taxonomy in the genus *secale*. *Can. J.Bot* : 1175-1180.
- DEMARLY, Y. (1987).** L'impact possible des biotechnologies sur les semoules de l'an 2000. *IAA* : 15-21.
- DOUSSINAULT, G., PAVOINE, M. T., JAUDEAU, B. et JAHIER, J. (2001).** Évolution de la variabilité génétique chez le blé. Dossier de l'environnement de l'INRA, n°21. p 91-103.
- DOUSSINAULT, G., BRANLARD, G., BŒUF, C. and BERNARD, M. (1999).** Approches de la diversité génétique des variétés de blé tendre à l'aide d'outils récents ou nouveaux : électrophorèse des gliadines, marqueurs moléculaires. *C.R. Acad. Agric. Fr.*, 85(8), 27-35.
- D'OVIDIO, R., PORCEDDU, E. and LAFIANDRA, D. (1994).** PCR analysis of genes encoding allelic variants of high molecular weight glutenin subunits at the Glu-D1 locus. *Theor. Appl. Genet.* 88:175-180.

- DVORAK, J. and GORHAM, J. (1992).** Methodology of gene transfer by homoeologous recombination into *Triticum turgidum*: Transfer of K⁺/Na⁺ discrimination from *Triticum aestivum*. *Genome* 35: 639-646.
- DVORAK, J., DUBCOVSKY, J., LUO, M.C., DEVOS, K.M. and GALE, M.D. (1995).** Differentiation between wheat chromosomes 4B and 4D. *Genome* 38: 1139-1147.
- DUCELLIER, L. (1920).** Les blés du Sahara, Alger, 56 p. (Bibliothèque du Colon du Nord de l'Afrique).
- ERROUX, J. (1952).** Les blés des oasis. In :Bull. Soc. des Agriculteurs d'Algérie, 567.
- ERROUX, J. (1953).** Les céréales de l'Ouedi-El-Hadjal Bulletin de la Société d'Histoire Naturelle de l'Afrique du Nord 45 : 302-317.
- ERROUX, J. (1954).** Les blés du Fezzan. In : Bull. Soc. Hist. Nat. Afrique du Nord, 45.
- ERROUX, J. (1958).** Note sur les blés des oasis du Sahara algérien. In : Bull. Soc. Hist. Nat. Afrique du Nord, 49, (56).
- ERROUX, J. (1960).** les blés des oasis sahariennes. Alger, Université d'Alger, Institut de Recherches sahariennes, [ca. 1960], pp. 181.
- FERRET, M. (1993).** Etude de la diversité allélique des protéines de réserve (gluténines et gliadines) en relation avec des tests technologiques appréciant la valeur d'utilisation du blé tendre (*triticum aestivum L.*). Thes. Doct. Univ d'Auvergne. France. 146 P.
- FEUILLET, P. (2000).** Le grain de blé.INRA. Pris. N°280168v. P : 18, 23-25, 58, 59, 66-69, 81-83.
- FELIX, I. (1996).** Étude de la diversité allélique des protéines de réserve (gluténines et gliadines), en relation avec des tests de technologie appréciant la valeur d'utilisation du blé tendre. Thèse Université Clermont-Ferrand, 146 p.
- FELIX, I., MARTINANT, J.P., BERNARD, M. and BERNARD, S. (1996).** Genetic characterization of storage proteins in a set of F1-derived haploid lines in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 92: 340-346.
- FINNEY, K. F. (1943).** Fractionating and reconstituting techniques as tools in wheat flour research. *Cereal Chem.* 20:381-396.

- GALILI, G. and FELDMAN, M. (1984).** A deficiency of the rapidly migrating high molecular weight glutenin subunit D5 in common wheat. *Cereal Research Communications* 12: 259-261.
- GALLAIS, A. (1977).** Amélioration des population, méthodes de sélection et création des variétés. *Ann. Amélio. Plantes* 27 : 281-329.
- GARGOMINY, O. (2006).** Conservation des ressources génétiques végétales. Centre d'échange français pour la conservation sur la diversité biologique.
- GEORGET, M. (1990).** Le blé à l'INRA : recherches et innovations. *Mensuel INRA* 53 : 38-47.
- GIANIBELLI, M. C., LARROQUE, O. R., MacRITCHIE, F. and WRIGLEY, C. W. (2001).** Biochemical, Genetic, and Molecular Characterization of Wheat Endosperm Proteins. *Cereal Chemistry.*, 78: 635-646.
- GRAYBOSH, R. A. and MORRIS, R. (1990).** An improved SDS-PAGE method for the analysis of wheat endosperm storage proteins. *J. Cereal. Sci.* .11:201-212.
- GROGER, S. (2005).** Personal Communication.
- GUEGUEN, J. SANCHEZ-VIOQUE, R. and MALABAT, C. (1999).** Diversification/ qualité. Les protéines végétales : un réservoir de macromolécules multi-fonctionnelles. Oléagineux, corps gras, lipides. Volume 6. N° 6 : 498-504.
- GUPTA, R. B., and SHEPHERD, K. W. (1987).** Genetic control of LMW glutenin subunits in bread wheat and association with physical dough properties. In: *Proc. Int. Workshop on Gluten Proteins*, 3rd ed. R. Lasztity and F. Bekes, eds. World Scientific: Singapore.
- GUPTA, R. B. and SHEPHERD, K. W. (1988a).** Inheritance of novel high-molecular-weight glutenin-subunits in the Tunisian bread wheat BT-2288. *Genome* 30: 442-445.
- GUPTA, R. B. and SHEPHERD, K. W. (1988b).** Low-molecular-weight glutenin subunits in wheat: their variation, inheritance, and association with physical dough properties. In: Miller TE, Koebner RMD (eds), *Proc 7th Int Wheat Genet Symp*, Cambridge, UK, pp 943-949.

- GUPTA, R. B., SINGH, N. K., and SHEPHERD, K. W. (1989).** The cumulative effect of allelic variation in LMW and HMW glutenin subunits on dough properties in the progeny of two bread wheats. *Theoretical and Applied Genetics.*, 77: 57-64.
- GUPTA, R. B. and SHEPHERD, K. W. (1990a).** Two-step one-dimensional SDS-PAGE analysis of LMW subunits of glutenin. I. Variation and genetic control of the subunits in hexaploid wheats. *Theor. Appl.Genet.* 80:65-74.
- GUPTA, R. B. and SHEPHERD, K. W. (1990b).** Two-step one-dimensional SDS-PAGE analysis of LMW subunits of glutelin. 2. Genetic control of the subunits in species related to wheat. *Theor. Appl. Genet.* 80:183-187.
- GUPTA, R. B., SHEPHERD, K. W. and MacRITCHIE, F. (1991).** Genetic control and biochemical properties of some high molecular weight albumins in bread wheat. *Journal of Cereal Science.*, 13: 221-235.
- GUPTA, R. B., PAUL, J. G., CORNISH, G. B., PALMER, G. A., BEKES, F. and RATHJEN, A. j. (1994a).** Allelic variation at glutenin subunit and gliadin loci, Glu-1, Glu-3 and Gli-1 of common wheats. I. Its additive and interaction effects on dough properties. *J. Cereal Sci.*19, 9-17.
- GUPTA, R. B. and MacRITCHIE, F. (1994b).** Allelic variation at glutenin sub-unit and gliadin loci, Glu-1, Glu-3 and Gli-1 of common wheats. II. Biochemical basis of the allelic effects on dough properties. *J. Cereal Sci.* 19:19-29.
- JACKSON, E. A., HOLT, L. M. and PAYNE, P. I. (1983).** Characterization of high molecular weight and glutenin and low molecular weight subunits of wheat endosperm by two dimensional electrophoresis and chromosomal location of their controlling genes.*Theor.Appl. Genet.*66:29-37.
- JACKSON, E. A., HOLT, L. M. and PAYNE, P. I. (1985).** Glu-B2, a storage protein locus controlling the D group of LMW glutenin subunits in bread wheat (*Triticum aestivum*). *Genet. Res. Cambridge* 47:11-17.
- JENSEN, S. A. and MARTENS, H. (1983).** The botanical constituents of wheat and wheat milling fractions. II. Quantification by amino acids. *Cereal Chem.* 60:172-173.
- JOHANSSON, E., HENRIKSSON, P., SVENSSON, G. and HENEEN, W. K . (1993).** Detection, chromosomal location and evaluation of the functional value of a novel high Mr glutenin subunit found in Swedish wheats. *Journal of Cereal Science* 17: 237-245.

- KASARDA, D. D. (1989).** Glutenin structure in relation to wheat quality. Pages 277-302 in: *Wheat is Unique*. Y. Pomeranz, ed. Am. Assoc. Cereal Chem.: St. Paul, MN.
- KERBY, K. and KUSPIRA, J. (1987).** The phylogeny of the polyploid wheats *Triticum aestivum* (bread wheat) and *Triticum turgidum* (macaroni wheat). *Genome*, 29, 722-737.
- KHAN, K. and BUSHUK, W. (1979).** Studies of glutenin. XI. Comparison by sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis of unreduced and reduced glutenin from various isolation and purification procedures. *Cereal Chem.* 56:63-68.
- KHAN, K. and BUSHUK, W. (1979).** Structure of wheat gluten in relation to functionality in breadmaking. In "Functionality and Protein Structure", Akiva Pour-EL (ed.), ACS Symposium Series 92, American Chemical Society, Washington, DC.
- KHELIFI, D. (1991).** Etude biochimique et génétique des protéines de réserve du blé tendre (*Triticum aestivum* L. em. Thell.). Influence sur la qualité technologique. Thes Doct. Université de constantine. P 29-33.
- KHELIFI, D. and BRANLARD, G. (1991).** A new two-step electrophoresis method for analysing gliadin polypeptides and high and low molecular weight subunits of glutenin of wheat. *Cereal. Sci.* vol. 13, N°1, pp. 41-47.
- KHELIFI, D. and BRANLARD, G. (1992).** The effects of HMW and LMW subunits of glutenin and of gliadins on the technological quality of progeny from four crosses between poor breadmaking quality and strong wheat cultivars. *Journal of Cereal Science.*, 16: 195–209.
- KRATTIGER, A. F., PAYNE, P. I. and LAW, C. N. (1987).** The relative contribution of proteins and other flour components to the bread-making quality of varieties. In *Wheat Gluten Symposium* (R. Lasztiky & F. Bekes, Eds.). World Scientific, Singapore.
- LAEMMLI, U. K. (1970).** Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*, 227, 680–685.
- LAGUDAH, E. S. and HALLORAN, G. M. (1988).** Phylogenetic relationships of *Triticum taushii*, the D genome donor of hexaploid wheat 1. Variation in HMW subunits of glutenin and gliadins. *Theoretical and Applied Genetics* 75: 592-598.

- LAGUDAH, E. S. and HALLORAN, G. M. (1988).** Phylogenetic relationships of *Triticum tauschii*, the D genome donor to hexaploid wheat.2. Inheritance and chromosomal mapping of the HMW subunits of glutenin and gliadin gene loci of *T. tauschii*. *Theoretical and Applied Genetics* 75: 599-605.
- LAUMONT, P. et ERROUX, J. (1961).** Inventaire des blés durs rencontrés et cultivés en Algérie. *Mémoires de la société d'histoire naturelle de l'Afrique du nord*, 94 p.
- LAWRENCE, G.J. and SHEPHERD, K.W. (1980).** Variation in glutenin protein Subunits of wheat. *Aust. J. Biol. Sci.* 33: 221-233.
- LAWRENCE, G.J. and SHEPHERD, K.W. (1981).** Chromosomal locations of genes controlling seed proteins in species related to wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 59: 25-31.
- LAWRENCE, G. J., MOSS, H. J., SHEPHERD, K. W. and WRIGLEY, C. W. (1987).** Dough quality of biotypes of eleven Australian wheat cultivars that differ in HMW glutenin subunit composition. *Journal of Cereal Science*, 6: 99-101.
- Le CORRE, V. and BENARD, M. (1995).** Assessment of the type and degree of restriction fragment length polymorphism (RFLP) in diploid species of the genus *Triticum*. *Theoretical and Applied Genetics* 90:1063–1067.
- LEW, E.J.L., KUZMICKY, D.D. and KASARDA, D.D. (1992).** Characterization of low-molecular-weight glutenin subunits by reversed-phase high-performance liquid chromatography, sodium-dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis, and N-terminal amino-acid sequencing. *Cereal Chem.* 69 : 508–515.
- LIU, E. Y. and SHEPHERD, K. W. (1995).** Inheritance of B subunits of glutenin and omega and gamma in tetraploid wheats. *Theor. Appl. Genet.* 90 : 1149-1157.
- LIU, C. Y., SHEPHERD, K. W. and RATHJEN, A. J. (1996).** Improvement of durum wheat pasta-making and bread-making qualities. *Cereal Chemistry.*, 73: 155-166.
- MacRITCHIE, F., DU CROS, D. L. and WRIGLEY, C. W. (1990).** Flour polypeptides related to wheat quality. *Advances in Cereal Science and Technology.* 10: 79-145.
- MacRITCHIE, F. (1999).** Wheat proteins: characterization and role in flour functionality. *Cereal Foods World.* 44, 188-193.

- MAGDELAINE, V., BARTHELEMY, P., BERNIGOT, M.H., BOISGONTIER, D., COUVREUR, F., CURE, B., DEUMIER, J.M., GATE, P., LASSERAN, J.C., LAURENT, F., LELONG, C., LEYGNE, J.P., LE SOUDER, C., LONCHAMP, T.Y., MARTIN, G., MAUMENE, C., ORLANDO, D. and VCHER, C. (1993).** Blé tendre : marché, débouchés, techniques culturales, récolte et conservation. Rapport I.T.C.F : 3-15.
- MARCHYLO, B. A., KRUGER, J. E., and HATCHER, D. W. (1989).** Quantitative reversed-phase high-performance liquid chromatographic analysis of wheat storage proteins as a potential quality prediction tool. *J. Cereal Sci.* 9:113-130.
- MARGIOTTA, B., COLAPRICO, G., D'OVIDIO, R. and LAFIANDRA, D. (1993).** Characterization of high Mr subunits of glutenin by combined chromatographic (RP-HPLC) and electrophoretic separation and restriction fragment length polymorphism (RFLP) analyses of their encoding genes. *J. Cereal. Sci.* 17:221-236.
- MELAS, V., MOREL, M. H., AUTRAN, J.-C., and FEILLET, P. (1994).** Simple and rapid method for purifying low molecular weight subunits of glutenin from wheat. *Cereal Chem.* 71:234-237.
- METAKOVSKY, E.V.** Personal communication.
- METAKOVSKY, E. V., NOVOSELSKAYA, A. Y. and SOZINOV, A. A. (1984).** Genetic analysis of gliadin components in winter wheat using two-dimensional polyacrylamide gel electrophoresis. *Theor. Appl. Genet.* 69:31-37.
- METAKOVSKY, E. V., AKHMEDOV, M. G. and SOZINOV, A. A. (1986).** Genetic analysis of gliadin-encoding genes reveals gene clusters as well as single remote genes. *Theoretical and Applied Genetics* 73: 278-285.
- METAKOVSKY, E. V. and SOZINOV, A. A. (1987).** Organization, variability and stability of the family of the gliadin-coding genes in wheat: genetic data. *Gluten proteins. Proceedings of the 3rd International Workshop, Budapest, Hungary (Lastity R & Bekes F eds.):* 30-45.
- METAKOVSKY, E.V. (1990).** Organization of gliadin-encoding genes which are genetic markers in wheat. *Molecular Mechanisms of Genetic Processes, Nauka, Moscow (Sozinov AA & Schuppe NG eds.):* 157-168.
- METAKOVSKY, E.V. (1991).** Gliadin allele identification in common wheat II. Catalogue of gliadin alleles in common wheat. *Journal of Genetics and Breeding* 45: 325-344.

- MOONEN, J. H. E., SCHEEPSTRA, A. and GRAVELAND, A. (1982).** Use of the SDS-sedimentation test and SDS-polyacrylamide gel electrophoresis for screening breeder's samples of wheat for bread-making quality. *Euphytica*. 31: 677-690.
- MOREL, M. H. (1994).** Acid-Polyacrylamide Gel Electrophoresis of Wheat Glutenins: A New Tool for the Separation of High and Low Molecular Weight Subunits. *Cereal. Chem.* 71:238-242.
- MORRIS, C. F., BETTGE, A. D., GIROUX, M. J., ZENG, M. and KING, G. E. (1998).** Relationships between RVA pasting characteristics and amylose content of normal, partially-waxy, and waxy wheat flours and starches. p. 323–327. In L O'Brien et al (ed) *Cereals 98 Proc 48th Australian Cereal Chemistry Conf Royal Australian Chemical Inst, North Melbourne, Australia.*
- NG, P.K. and BUSHUK, W. (1987).** Glutenin of Marquish wheat as a reference for estimating molecular weights of glutenin subunits by sodium sulfate-polyacrilamide gel electrophoresis. *Cereal Chemistry* 64:324-327.
- NG, P. K. W., M.G. SCANLON, and W. BUSHUK, W. (1988).** A catalog of biochemical fingerprints of registered Canadian wheat cultivars by electrophoresis and high performance liquid chromatography. Publication No. 139 of the Food Sci. Dept., University of Manitoba, Canada, pages 1-83.
- NG, P. K. W. and BUSHUK, W. (1989).** Concerning the nomenclature of high molecular weight glutenin subunits. *Journal of Cereal Science* 9: 53-60.
- NIETO-TALADRIZ, M. T., PERRETANT, M. R. and ROUSSET, M. (1994b).** Effect of gliadino and HMW and LMW subunits of glutenin in the F6 recombinant inbred lines from a bread wheat cross. *Theor. Appl. Genet.* 88, 81–88.
- NIETO-TALADRIZ, M. T., RUIZ, M., MARTINEZ, M. C., VAZQUEZ, J. F. and CARRILLO, J. M. (1997).** Variation and classification of B low-molecular-weight glutenin subunit alleles in durum wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 95: 1155-1160.
- NOUAÏLLE, C. (1991).** "Défi blé : des choix technologiques". *Biofutur* : 57-60.
- ODENACH, W., MAHGOUB, El -S. (1988).** Relationship between HMW glutenin subunit composition and the sedimentation value in reciprocal sets of inbred backcross lines derived from two winter wheat crosses. *Proc. 7 th Int. Wheat Genet. Symp. Cambridge, England:* 987-991.

- ORTH, R.A. and BUSHUK, W. (1974).** Studies on glutenin VI. Chromosomal location of genes coding for subunits of glutenin of common wheat. *Cereal Chemistry* 51: 118-126.
- OSBORNE, T. B. (1907).** The proteins of the wheat kernel. Publ. 84. Carnegie Inst: Washington, DC.
- PAYNE, P.I. and CORFIELD, K.G. (1979).** Subunit composition of wheat gluténin proteins, isolated by gel filtration in dissociating medium. *Planta* 145 : 83-88.
- PAYNE, P.I., CORFIELD, K.G. and BLACKMAN, J.A. (1979).** Identification of a high molecular weight subunit of glutenin whose presence correlates with breadmaking quality in wheats. Related pedigree. *Ther. Appl. Genet.* 88 : 153-159.
- PAYNE, P.I., LAW, C.N., MUDD, E.E. (1980).** Control by homoeologous Group 1 chromosome of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm. *Theor. Appl. Genet.* 58: 113-120.
- PAYNE, P. I., CORFIELD, K. G., HOLT, L. M. and BLACKMAN, J. A. (1981).** Correlations between the inheritance of certain high molecular weight subunits of glutenin and bread-making quality in progenies of six crosses of bread wheat. *Journal of the Science of Food and Agriculture.*, 32: 51-60.
- PAYNE, P. I., HOLT, L. M. and LAW, C. N. (1981 b).** Structural and genetical studies on the high-molecular-weight subunits of wheat glutenin. *Theoretical and Applied Genetics* 60: 229-236.
- PAYNE, P. I.. and LAWRENCE, G. J. (1983).** Catalogue of alleles for the complex gene loci, Glu-A1, Glu-B1, and Glu-D1 which code for the high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. *Cereal Res. Commun.* 11:29-35.
- PAYNE, P. I., HOLT, L. M. and JACKSON, E. A. (1984).** Genetical analysis of wheat endosperm storage proteins. *Proceedings of the 2nd International Workshop on Gluten Proteins Wageningen, The Netherlands:* 111-120.
- PAYNE, P. I., JACKSON, E. A. and HOLT, L. M. (1984b).** The association between γ -gliadin 45 and gluten strength in durum wheat varieties: A direct causal effect or the result of genetic linkage? *J. Cereal Sci.* 2:73-81.
- PAYNE, P. I., HOLT, L. M., HUTCHINSON, J. and BENNETT, M. D. (1984c).** Development and characterization of a line of bread wheat, *Triticum aestivum*, which lacks

- the short arm satellite 1B and the Gli-B1 locus. *Theoretical and Applied Genetics* 68: 327-334.
- PAYNE, P. I., ROBERTS, M. S. and HOLT, L. M. (1986a).** Location of genes controlling the D group of LMW glutenin subunits on the chromosome 1D of bread wheat. *Genet. Res.*47:175-179.
- PAYNE, P.I. (1987).** The genetical basis of breadmaking in wheat. *Aspects. Appl. Bio* 15 : 79-90.
- PAYNE, P. I. (1987b).** Genetics of wheat storage proteins and the effect of allelic variation on bread-making quality. *Annual Review of Plant Physiology.*, 38: 141-153.
- PAYNE, P. I., HOLT, L. M. and LISTER, P. G. (1988).** Gli-A3 and Gli-B3, two newly esignated loci coding for omega-type gliadins and D subunits of glutenin. Pages 999-1002 in: *Proc. 7th International Wheat Genetics Symposium*. T. E. Miller and R. M. D. Koebner, eds. Institute of Plant Science Research: Cambridge, UK.
- PICARD, E. (1988).**sélection du blé. *L'intégration des biotechnologies* : 48-58.
- PICARD, E. (1995).** Histoire des méthodes d'haploïdisation de 1922 à 1988. *Biotechnologie végétale, Haploïdisation*. AUPELF-UREF.
- POGNA, N. E., MELLINI, F. and DALBELIN PERUFFO A. (1987).** Glutenin subunits of Italian common wheats of good bread making quality and comparative effects of high molecular weight glutenin subunits² and 5, 10 and 12 on flour quality. In, *Hard Wheat: Agronomic, Technological, Biochemical and Genetic Aspects*. Commission of the European Communities, Brussels. (Borghi B ed.): 53-69.
- POGNA, N., LAFIANDRA, D., FEILLET, P. and AUTRAN, J. C. (1988).** Evidence for a direct causal effect of low molecular weight subunits of glutenins on gluten viscoelasticity in durum wheats. *Journal of Cereal Science* 7:211-214.
- POGNA, N. E., AUTRAN, J. C., MELLINI, F., LAFIANDRA, D. and FEILLET, P. (1990).** Chromosome 1B coded gliadins and glutenin subunits in durum wheat: Genetics and relationship to gluten strength. *Journal of Cereal Science.*, 11: 15-34.
- POGNA, N. E., METAKOVSKY, E. V., REDAELLI, R., RAINERI, F. and DACHKEVITCH, T. (1993).** Recombination mapping of Gli-5, a new gliadin-coding locus on chromosomes 1A and 1B in common wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 87: 113-121.

- POGNA, N. E., REDAELLI, R., VACCINO, P., BIANCARDI, A. M., DAL BELINPERUFFO, A., CURIONI, A., METAKOVSKY, E. V. and PAGLIARICCI, S. (1995).** Production and genetic characterization of near-isogenic lines in the bread-wheat cultivar Alpe. *Theor. Appl. Genet.* 90:650-658.
- POPINEAU, Y. (1985).** Propriétés biochimiques et physico-chimiques des protéines des céréales. In protéines végétales (B. Godon) TEC. Doc. Lavoisier Apira. 629 p.
- QUAGLIA, G.B. (1988).** Other durum wheat products. In " Durum chemistry and technology. Fabriant G. and Lintas C. Editors AACC., St Paul, Minnesota.
- RADOVANOVIC, N., S. CLOUTIER, D. BROWN, D.G. HUMPHREYS, and O.M. LUKOW. (2002).** Genetic variance for gluten strength contributed by high molecular weight glutenin proteins. *Cereal Chem.* 79:843–849.
- RAYBURN, A. L. and GILL, B. S. (1985).** Molecular evidence for the origin and evolution of chromosome 4A in polyploid wheat. *Can. J. Genet. Cytol.* 27 246-250.
- RAYBURN, A. L. and GILL, B. S. (1985).** Use of biotin-labeled probes to map specific DNA sequences on wheat chromosomes. *J. Hered.* 76: 78-81.
- REDAELLI, R., POGNA, N. E., DACHKEVITCH, T., CACCIATORI, P., BIANCARDI, A. M. and METAKOVSKY, E. V. (1992).** Inheritance studies of the 1AS/1DS chromosome translocation in the bread-wheat variety Perzivan-I. *J. Genet. Breed.* 46:253-262.
- REDAELLI, R., MOREL, M. H., AUTRAN, J. C., and POGNA, N. E. (1995).** Genetic analysis of low Mr glutenin subunits fractionated by two-dimensional electrophoresis (A-PAGE × SDS-PAGE). *J. Cereal Sci.* 21:5-13..
- ROGERS, W. J., PAYNE, P. I., and HARINDER, K. (1989).** The HMW glutenin subunit and gliadin compositions of German-grown wheat varieties and their relationship with bread-making Quality. *Plant Breeding.*, 103: 89-100.
- ROGERS, W.J., PAYNE, P.I., SEEKINGS, J. A. and SAYERS, E. J. (1991).** Effect on bread-making quality of x-type and y-type subunits of glutenin. *Journal of Cereal Science* 14: 209-221.
- RUIZ, M. and CARRILLO, J. M. (1995a).** 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: 137–144.

- RUIZ, M. and CARRILLO, J. M. (1995b).** Relationships between different prolamin proteins and some quality properties in durum wheat. *Plant Breeding* 114: 40-44.
- SADOUKI, H. (2005).** Contribution à une meilleure compréhension des bases biochimiques de la qualité boulangère des blés tenders. Vue de l'amélioration des variétés Algériennes. Thes doc. Institut national agronomique El-Harach (Alger).p 4-42.
- SHEWRY, P.R., TATHAM, A.S., FORDE, J., KREIS, M. and MIFLIN, B. J. (1986).** The classification and nomenclature of wheat gluten proteins. A reassessment *J. Cereal. Sci* 4 : 97-106.
- SHEWRY, P. R., TATHAM and MIFLIN, B. J. (1987).** Seed storage proteins of economically important cereal. *Adv. Cereal. Sci. Tec.* VII : 1-83.
- SHEWRY, P. R. and TATHAM, A. S. (1990).** The prolamin storage proteins of cereal seeds: structure and evolution. *Journal of Biochemistry.*, 267: 1-12.
- SHEWRY, P. R., TATHAM, A. S. and KASARDA, D. D. (1992).** Cereal proteins and coeliac disease. In: Marsh MN (ed) *Coeliac disease*. Blackwell, London, pp 305–348.
- SHEWRY, P. R., MILES, M. J. and TATHAM, B. J. (1994).** The prolamin storage proteins of wheat and related cereal. *Progress in biophysics and molecular biology* 1994;61(1):37-59.
- SHEWRY, P. R. and TATHAM, A. S. (1997).** Disulfide bonds in wheat gluten proteins. *Journal of Cereal Science.* 25: 207-227.
- SHEWRY, P. R., TATHAM, A. S. and LAZZERI, P. (1997).** Biotechnology of wheat quality. *Journal of Science Food and Agriculture.*73: 397-406.
- SINGH, N. K. and SHEPHERD, K. W. (1984).** A new approach to studying the variation and genetic control of disulphide-linked endosperm proteins in wheat and rye. Pages 129-136 in: *Proc. 2nd International Workshop of Gluten Proteins*, A. Graveland and J. H. E. Moonen, eds. TNO: Wageningen, The Netherlands.
- SINGH, N. K. and SHEPHERD, K. W. (1987).** Solubility behavior, synthesis, degradation and subcellular location of a new class of disulfide-linked proteins in wheat endosperm. *Aust. J. Plant Physiol.* 14: 245-252.
- SINGH N.K. and SHEPHERD K.W. (1988).** Linkage mapping of genes controlling endosperm storage proteins in wheat I. Genes on the short arms of group 1 chromosomes. *Theoretical and Applied Genetics*, 75: 628–641.

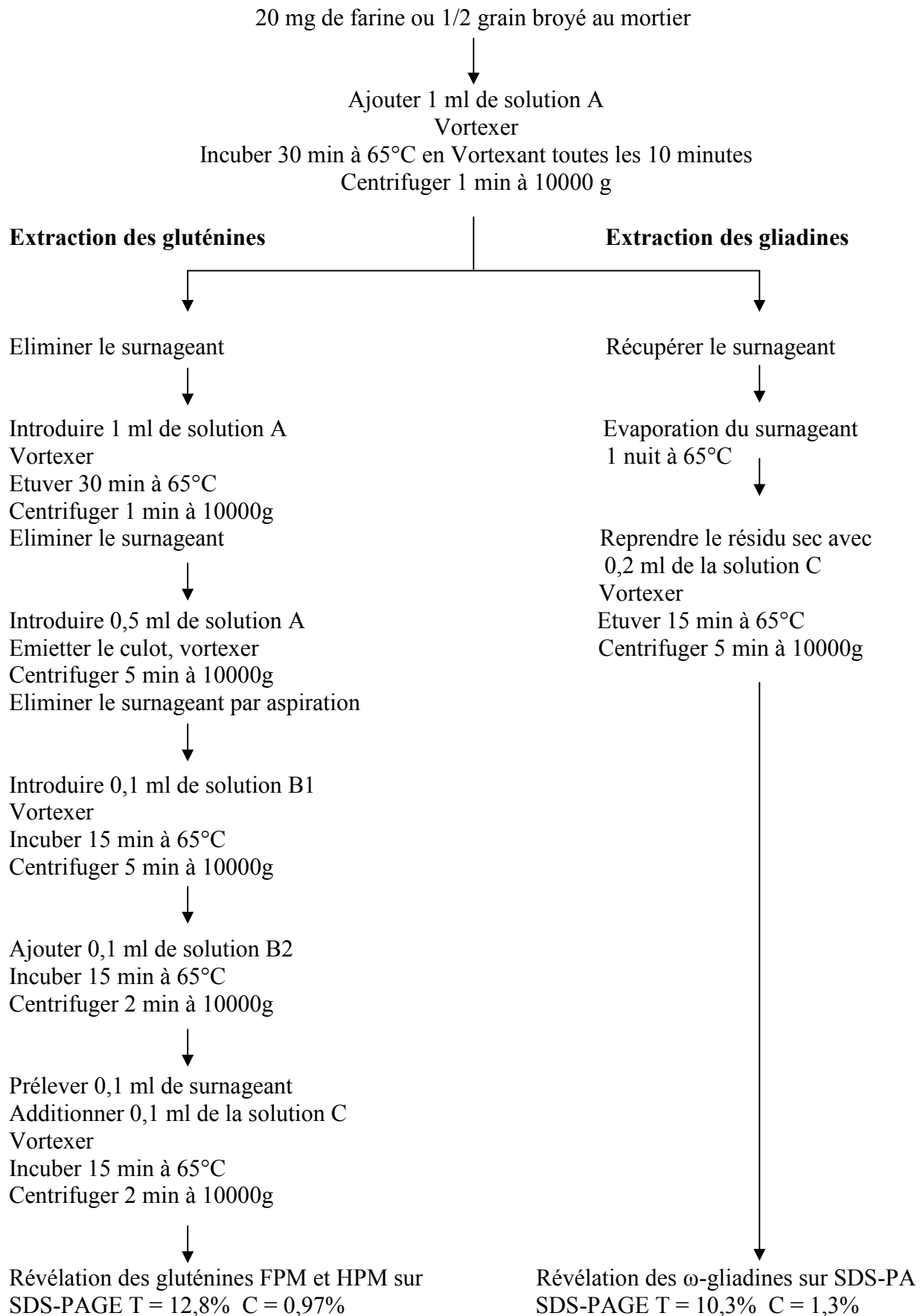
- SINGH, N. K., SHEPHERD, K. W., and CORNISH, G. B. (1991).** A simplified SDS-PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin. *Journal of Cereal Science* 14:203-208.
- SOZINOV, A. A. and POPERELYA, F. A. (1980).** Genetic classification of prolamines and its use for plant breeding. *Ann. Technol. Agric.*, 29, 229-245.
- TAHIR, M. and LAFIANDRA, D. (1994).** Assessment of genetic variability in hexaploid wheat landraces of Pakistan based on polymorphism for HMW-glutenin subunits. In: *Biochemical Evaluation of Plant Genetic Resources, Final Technical Report, Dept. of Agrobiolgy and Agrobiochemistry, University of Tuscia, Viterbo, Italy*, pp. 33–44.
- TAHIR, M., PAVONI, A., TUCCI, G. F., TURCHETTA, T. and LAFIANDRA, D. (1995).** The HMW glutenin subunit composition of bread wheat varieties bred in Pakistan. *Plant breeding*. 114/ 442-444.
- TOUTAIN, G. (1979).** *Éléments d'agronomie saharienne, De la recherche au développement*, Paris, Cellule des zones arides, Inra, Groupe de recherche et d'échanges technologiques, 276 p.
- VAZQUEZ, J. F., RUIZ, M., NIETO-TALADRIZ, M. T. and ALBUQUERQUE, M. M. (1996).** Effects on gluten strength of low Mr Glutenin subunits coded by alleles at Glu-A3 and Glu-B3 loci in durum wheat. *Journal of Cereal Science.*, 24: 125-130.
- WAINES, J. G., and PAYNE, P. I. (1987).** Electrophoretic analysis of the high-molecular-weight glutenin subunits of *Triticum monococcum*, *T. urartu*, and the A genome of bread wheat (*T. aestivum*). *Theor. Appl. Genet.* 74 : 71-76.
- WALL, J. S. (1979).** The role of wheat proteins in determining baking quality. In: Laidman, D.L., Wyn Jones, R.G. (Eds.), *Recent Advances in the Biochemistry of Cereals*. Academic Press, London, New York, pp. 275–311.
- WOYCHICK, J. K., BOUNDY, J. A. and DIMLER R. J. (1961).** Starch gel electrophoresis of wheat gluten proteins with concentrated urea. *Arch. Biochem. Biophys.* 94 : 477-482.
- WRIGLEY, C. W., ROBBINSON, P. J. and WILLIAMS, W. T. (1981).** Association between electrophoretic patterns of gliadin proteins and quality characteristics of wheat cultivars. *Journal of Science Food and Agriculture.*, 23: 433-442.
- XU, J., BIETZ, J. A., FELKER, F. C., CARRIERE, C. J. and WIRTZ, D. (2001).** Rheological properties of vital wheat gluten suspensions. *Cereal Chemistry*, 78(2), 181–185.

XU, J., BIETZ, J. A. and CARRIERE, C. J. (2007). Viscoelastic properties of wheat gliadin and glutenin suspensions, *Food Chemistry* 101: 1025-1030.

ZILLMAN, R. R. and BUSHUK, W. (1979b). Wheat cultivar identification by gliadin electrophore-grams. III. Catalogue of electrophoregram formulas of Canadian wheat cultivars. *Can. J. Plant Sci.*, 59: 287–298.

Annexes

Annexe 1: Extraction des protéines de réserve (Singh *et al.*, 1991)



Annexe 2: Solution utilisées dans l'extraction des gluténines

Solution A

Propanol-1	50 ml
Eau permutée	qsp 100 ml

Solution B

Propanol-1	10 ml
Tris HCL 1 M pH = 8	1,6 ml
Eau permutée	qsp 20 ml

Solution B1

Solution B	7 ml
DL-Dithiothréitol (DTT)	70 mg

Solution B2

Solution B	7 ml
4- vinylpyridine	98 μ l

Solution C

SDS	20 mg
Glycérol	4 ml
Bleu de bromophénol	2 mg
Tris HCL 1M pH = 8	0,8 ml
Eau permutée	qsp 10 ml

Résumé

ABSTRACT

Through biochemical and genetic study of wheat storage proteins is the genetic diversity of these proteins is desired. This work has included 15 durum varieties and 33 bread varieties of Saharan wheat.

Biochemical analysis was performed by one-dimensional electrophoresis of glutenin high molecular weight and low molecular weight subunits. Proteins were separated by SDS-PAGE, and reading diagrams made by international nomenclatures were used to estimate a large genetic variability and some new allelic forms were detected.

Diagram types are proposed and which can serve as a database for the identification of Saharan wheat. A calculation of genetic distances between varieties is assessed to determine the similarity degree's and facilitate the clustering of the varieties according to their genetic characterizes.

This study helped to establish the genetic print of each Saharan wheat variety.

Key words: wheat, Variability, proteins, electrophoresis, genetic distance.

ملخص

من خلال الدراسة البيوكيميائية و الوراثة للمدخرات البروتينية للقمح ، تم البحث عن التنوع الوراثي لـ 15 صنف من القمح الصلب و 33 صنف من القمح اللين من مجموع أصناف القمح الصحراوي.

اجري التحليل البيوكيميائي باستعمال جهاز الهجرة الكهربائية أحادي البعد على تحت وحدات الغلوتينات ذات الوزن الجزيئي المرتفع و ذات الوزن الجزيئي المنخفض.

لقد سمحت تقنية SDS-PAGE بفصل التحت وحدات الغلوتينية ثم قراءتها وفق المسميات المتعارف عليها دوليا من تقدير التباين الوراثي الكبير لهذه البروتينات ، مع إحصاء أشكال أليلية جديدة. لقد تم إنشاء جداول للتخطيطات الصنفية و استعمالها كمعطيات يمكن الرجوع إليها عند الحاجة للتعرف على أصناف مختلفة من القمح الصحراوي.

إن حساب المسافة الوراثية بين أصناف القمح المدروسة سمحت بتقدير درجة التشابه بينها وسهلت من عملية تصنيفها وفق الخصائص الوراثية.

لقد سمحت هذه الدراسة بوضع بصمات وراثية لكل صنف من اصناف القمح الصحراوي المدروس.

الكلمات المفتاحية : القمح ، التنوع ، البروتينات ، الهجرة الكهربائية ، المسافة الوراثية.

RESUME

A travers l'étude biochimique et génétique des protéines de réserve du blé, c'est la diversité génétique de ces protéines qui est recherchée. Ce travail a porté sur 15 variétés de blé dur et 33 variétés de blé tendre des blés sahariens.

L'analyse biochimique a été effectuée par électrophorèse monodimensionnelle des sous-unités gluténines de haut poids moléculaire et faible poids moléculaire. Pour cela, la technique SDS-PAGE pour le fractionnement des différentes sous-unités protéiques et La lecture des diagrammes protéiques réalisée selon les nomenclatures internationales ont permis d'estimer la diversité génétique importante de ces protéines avec le recensement de nouvelles formes alléliques.

Des diagrammes types variétaux sont proposé et qui pouvant servir comme bases de données pour l'identification des différentes variétés des blés sahariens. Le calcul des distances génétique entre variétés est apprécié pour déterminer le degré de ressemblance et facilitent la classification hiérarchique des variétés selon leur constitution génétique.

Cette étude a permis d'établir les empreintes génétiques de chaque variété des blés sahariens étudiés.

Mots clés : blé, variabilité, protéines, électrophorèse, distance génétique