



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et populaire
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
Ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche scientifique
Université Mohamed Khider Biskra
Faculté des sciences exactes et sciences de la nature et de la vie
Département des Sciences Agronomiques



THESE

Pour l'obtention du Diplôme de Doctorat en Sciences Agronomique

Etude de la diversité génétique de quelques palmiers dattier mâles et essai d'identification d'empreintes génétiques de dokkars les plus proches de «Deglet-Nour » moyennant les marqueurs microsatellites

Présentée par : **CHAOUCH KHOUANE Asma**

Soutenue publiquement le : 30/03/2022

Président :	Abdelaziz BENAZIZA	M.C.A	Université Mohamed Khider. Biskra.
Promoteur :	Halima BENBOUZA	Prof.	Université Hadj Lakhdar. Batna-1
Examineurs :	Souad BABAHANI	Prof.	Université Kasdi Merbah. Ouargla.
	Nacer TARAI	Prof.	Université Mohamed Khider. Biskra.
	Ismail CHAFAA	Prof.	Université Hadj Lakhdar. Batna-2

Année universitaire : 2021/2022

Dédicace

Je dédie ce modeste travail accompagné d'un profond amour :

A mes très chers parents, qui n'ont jamais cessés de m'encourager et de me soutenir toute au long de mes études, qu'aucun mot ne serait témoin de mon profond Amour, reconnaissance et gratitude.

A ma petite famille ; Mon formidable époux Hamed et mes adorables petits Hidaya Nour El-Imène et Lioue Eddine, pour leur présence, tendresse et soutien inconditionnel. Je vous aime très fort.

A mes très chers frères (Chaougui et Ahmed Sami) et ma très chère sœur (Nour El-Houda) et sa formidable petite famille, pour leur soutien moral et encouragement tout le temps.

A mes très chers beaux-parents et belles-sœurs (Badra, Nadjeh, Zahra, Abir et Maissa) ainsi que leurs petites familles, pour leur compréhension, soutien moral et encouragement tout le temps pour terminer ma thèse

Merci mes très chers grands-parents et toutes les personnes de ma grande famille

A tous mes amis et collègues

A tous ceux qui me sont chers...

M^{me}. CHAOUCH KHOUANE Asma

Remerciement

Grâce à la volonté de « Dieu » le présent travail voie le jour. Merci « Allah », le Tout Puissant qui m'a donné la force, le courage et la patience pour accomplir ce modeste travail.

Mes profonds remerciements vont tout d'abord à ma directrice de thèse M^{me}. BENBOUZA Halima, professeure à l'Université de Batna-1- et Directrice au niveau du Conseil national de la recherche scientifique et des technologies, d'avoir assuré l'encadrement scientifique de ce travail. Je tiens à lui exprimer toute ma gratitude et reconnaissance pour son accompagnement scientifique ; ses conseils avisés, ses orientations et ses remarques constructives toute au long de ce travail.

Mes vifs remerciements s'adressent également aux membres de jury qui m'ont fait l'honneur d'accepter d'évaluer ce travail ;

J'exprime mon profond respect et remerciement à Mr. BENAZIZA Abdelaziz, Maitre de conférence au département des sciences agronomiques de l'Université de Biskra, d'avoir accepté de présider le jury.

Je tiens à exprimer également mon gratitude à Mr. TARAÏ Nacer, Professeur au département des sciences agronomiques de l'Université de Biskra, à M^{me}. BABAHANI Souad, professeure au département des sciences agronomiques de l'Université Kasdi Merbah, Ouargla et à Mr. CHAFAA Ismail, Professeur à l'université de Batna 2, d'avoir accepté à examiner ce travail.

Mes sincères remerciements vont particulièrement à Dr. AKKAK Aziz, enseignant-chercheur au niveau de Département des sciences de l'agriculture, de l'alimentation et de l'environnement / laboratoire de biotechnologie appliquée aux arbres fruitiers, à l'Université de Foggia à l'Italie, pour m'avoir accueilli au sein de son laboratoire, pour son soutien, sa disponibilité et l'aide qu'il m'a apporté tout au long de mon séjour à l'Italie. Je lui exprime ma reconnaissance pour sa relation fraternelle et professionnelle.

Un remerciement très particulier à mon époux HAKKOUM Hamed, pour son implication très efficace que ce soit sur terrain ou aux manipulations au laboratoire, pour son aide inestimable et son soutien inconditionnel. Que les mots ne suffisent pas pour le remercier.

Je tiens à remercier infiniment tous les phoeniculteurs que j'ai rencontré lors de mes prospections, en particulier ; Youcef, Ami Larbi et Zaid Said (technicien au CRSTRA-Biskra), pour leur accueil, leur aide et leur collaboration en assurant l'accès à leurs propres oasis et prélèvement des échantillons. Sans eux, ce travail ne pourrait pas se faire.

Je tiens également à adresser ma reconnaissance à Mr. KHECHAI Salim, Chef de département de l'agronomie, à l'université de Biskra, de m'avoir pris contact de certains phoeniculteurs de la région Zibans.

Je tiens à remercier infiniment mes collègues de CRBt-Constantine ; A Dr. Abdessemed Sanna, de m'avoir fourni des précieuses informations quant aux manipulations au laboratoire et aux certains logiciels statistiques que j'ai utilisé dans ce travail. A Mr. SAHRAOUI Housseem, pour sa disponibilité, sa discussion efficace et son assistance dans les statistiques de la partie morphologique de ce travail. A Mme. AOUANE Asma, pour l'aide qu'elle m'a apporté au laboratoire, tout le personnel de laboratoire de biologie moléculaire et de laboratoire d'électrophorèse sans exception pour leur aide. Un grand merci à toute l'équipe de statistique et bioinformatique de CRBT, particulièrement Belaidi Amine, Hadjar Khalid et Demes Abdesselem pour leur disponibilité et leur précieuse assistance de m'avoir initié à utiliser certains logiciels et à résoudre les problèmes statistiques que j'étais confronté.

Je remercie également l'équipe de l'informatique de CRBT, particulièrement BOURAS Ali pour avoir plusieurs fois sauvé mon ordinateur.

Merci à mes amies et collègues BENAHMED Khadidja, NEBBAR Leila, NOUI Amira et GAAD Djouher et tous mes collègues du labo 21-CRBt, pour leur présence, encouragement et le partage lors des moments difficiles. Merci à Hanane et Soumaya pour l'accompagnement et les bons moments que nous avons partagé à Foggia-Italie.

Tout particulièrement, j'exprime mes chaleureux remerciements à ma famille et ma petite famille;

Enfin, je remercie vivement tous ceux qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce travail et qui ont été à mes côtés durant ces années.

Merci

TABLE DES MATIERES

Table des matières

Liste des abréviations	
Liste des Tableaux	
Liste des Figures	
Introduction générale	1
PARTIE I : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE	
Chapitre I. Présentation et biologie du palmier dattier	4
I.1- Histoire et origine	4
I.2- Répartition géographique du palmier dattier	5
I.2.1- Dans le monde	5
I.2.1- En Algérie	6
I.3- Systématique.....	6
I.4- Description morphologique du palmier dattier	7
I.4.1- L'appareil végétatif.....	7
I.4.1.1- Système racinaire	7
I.4.1.2- Stipe.....	7
I.4.1.3- Palmes	7
I.4.2- L'appareil reproducteur	9
I.4.2.1- Les inflorescences	9
I.4.2.2- Les fleurs	10
I.5- Multiplication du palmier dattier	10
I.5.1- Multiplication par voie sexuée	10
I.5.3- Multiplication <i>in vitro</i>	11
I.6- Dokkar, pollinisation et métaxénie chez le palmier dattier	12
I.6.1- Palmier dattier mâle	12
I.6.2- Le pollen et la pollinisation	13
I.6.2.1- Le pollen.....	13
I.6.2.2-La pollinisation.....	13
I.6.3- La métaxénie chez le palmier dattier	14
Chapitre II. Diversité et ressources génétiques du palmier dattier	16
II.1- Ressources génétiques du dattier	16

TABLE DES MATIERES

II.2- Diversité génétique	16
II.2.1- Dénomination des cultivars	17
II.2.2- Sélection des cultivars	18
II.2.3- Homonymie et synonymie	18
II.3- Caractérisation et évaluation du polymorphisme chez le palmier dattier	19
II.3.1- Caractérisation morphologique	19
II.3.2- Caractérisation biochimique	21
II.3.3- Caractérisation moléculaire au niveau de l'ADN	21
PARTIE II: MATERIEL ET METHODES	
Chapitre I. Démarche méthodologique et matériel végétal	24
I.1- Présentation de la région d'étude	24
I.2- Matériel végétal	25
Chapitre II. Caractérisation morphologique	27
II.1- Echantillonnage	27
II.1.1- Partie végétative	27
II.1.2- Partie reproduction	28
II.2- Méthodologie de travail	28
II.2.1- Descripteurs végétatifs	28
II.2.2- Descripteurs de la partie reproduction.....	31
II.2.2.1- La spathe	32
II.2.2.2- Le rachis	33
II.2.2.3- Le pédoncule	34
II.2.2.4- L'épillet	34
Chapitre III. Caractérisation moléculaire	37
III.1- Méthode d'échantillonnage.....	37
III.2- Les microsattellites utilisés	37
III.3- Méthodes d'analyses.....	40
III.3.1- Extraction de l'ADN génomique	40
III.3.2- Amplification par PCR.....	40
III.3.3- Révélation et lecture des bandes amplifiées	41
Chapitre IV. Traitements des données morphologiques et moléculaires	43
IV.1- Traitements des données morphologiques.....	43
IV.2- Traitements des données moléculaires	44

TABLE DES MATIERES

PARTIE III: RESULTATS ET DISCUSSIONS

Chapitre I. Résultats de la caractérisation morphologique	50
I.1- Analyses descriptives	50
I.2- Analyse des variances et de comparaisons multiples des moyennes	58
I.3- Analyse des corrélations entre les variables étudiées	69
I.4- Analyses multivariées et analyse ascendante hiérarchique (ACP-CAH).....	71
Chapitre II. Résultats de la caractérisation moléculaire	83
II.1- Extraction de l'ADN	83
II.2- Optimisation de la réaction d'amplification d'amorces par PCR.....	83
II.3- Variabilité génétique.....	83
II.4- Relations génétiques et regroupement des accessions étudiées	89
II.5- Profils génétiques des pollinisateurs et des cultivars.....	91
II.6- Structure génétique des accessions de palmier dattier	94
Chapitre III. Discussion des résultats	99
III.1- Discussion des résultats morphologiques	99
III.2- Discussion des résultats de la caractérisation moléculaire	104
CONCLUSION GENERALE.....	118
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....	123

ANNEXES

RESUMES

Liste des abréviations

%	Pourcentage
ACP	Analyse en Composantes Principales
ADN	Acide désoxyribonucléique
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism (Polymorphisme de Longueur des Fragments Amplifiés)
AMOVA	Analyse de la variance moléculaire
ANOVA	Analyse de la variance
°C	Degré Celsius
CAH	Classification Ascendante Hiérarchique
dNTP	Désoxyribo-Nucléotide Triphosphate
FAO	Food and Agriculture Organization (Organisation des Nations Unies pour l'Alimentation et l'Agriculture)
IPGRI	International Plant Genetic Resources Institute (Institut International des Ressources Génétiques)
ISSR	Inter Simple Sequence Repeats
Pb	Paire de base
mM	Millimolaire
Mm	Millimètre
MOCAF	Modélisation de la croissance, de l'architecture et de la floraison
Ng	Nanogramme
µl	Microlitre
PCR	Polymerase Chain Reaction (polymérisation en chaîne)
RAPD	Random amplified polymorphic DNA (Amplification Aléatoire d'ADN polymorphe)
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
SSR s	Simple Sequence Repeat
TBE	Tris - Borate- EDTA
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic averaging
V	Volt

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1: Dénomination, genre et origine géographique des 50 accessions collectées de la région des Zibans.....	26
Tableau 2: Descripteurs végétatifs et détails de mesure pour la caractérisation morphologique de la partie végétative	30
Tableau 3: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique de la spathe.....	32
Tableau 4: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique du rachis.....	33
Tableau 5: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique du pédoncule	34
Tableau 6: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique de l'épillet	35
Tableau 7: Description des paires d'amorces SSR utilisées	38
Tableau 8: Moyennes, écart-types et coefficients de variation de 27 caractères végétatifs par cultivars.....	51
Tableau 9: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs à la spathe par cultivars	53
Tableau 10: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs au rachis par cultivars	55
Tableau 11: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs au pédoncule par cultivars.....	56
Tableau 12: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs à l'épillet par cultivars	57
Tableau 13: Résultats des tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères végétatifs étudiés.....	59
Tableau 14: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par <i>test Tukey</i> (HSD) des paramètres végétatifs	61
Tableau 15: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Conover-Iman</i> des paramètres végétatifs	61
Tableau 16: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés à la spathe	63
Tableau 17: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Tukey</i> (HSD) des paramètres reproductifs liés à la spathe	64

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 18: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Conover-Iman</i> des paramètres reproductifs liés à la spathe	64
Tableau 19: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés au rachis	65
Tableau 20: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Tukey</i> (HSD) des paramètres reproductifs liés au rachis	65
Tableau 21: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Conover-Iman</i> des paramètres reproductifs liés au rachis	66
Tableau 22: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés au pédoncule	66
Tableau 23: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Tukey</i> (HSD) des paramètres reproductifs liés au pédoncule	67
Tableau 24: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Conover-Iman</i> des paramètres reproductifs liés au pédoncule	67
Tableau 25: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés à l'épillet	68
Tableau 26: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Tukey</i> (HSD) des paramètres reproductifs liés à l'épillet	68
Tableau 27: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test <i>Conover-Iman</i> des paramètres reproductifs liés à l'épillet	69
Tableau 28: Valeurs propres, pourcentages de variabilité et pourcentages de variabilité cumulée pour les différentes composantes	71
Tableau 29: Valeurs propres, pourcentages de variabilité et pourcentage de variabilité cumulé pour les deux premières composantes	77
Tableau 30: Tailles et fréquences alléliques des amorces SSR utilisées	85
Tableau 31: Paramètres génétiques des 25 amorces examinées sur les 50 accessions du palmier dattier étudiées	87

LISTE DES FIGURES

Figure 1: Répartition géographique des palmiers dattiers dans le monde	5
Figure 2: Schéma d'une palme (Munier, 1973)	8
Figure 3: Figuration schématique du dattier (Munier, 1973).....	8
Figure 4: Inflorescences et fleurs du dattier (Munier, 1973)	9
Figure 5: Carte de l'Algérie et de la Wilaya de Biskra ; les zones d'échantillonnages sont indiquées par la couleur bleue et les points rouges	25
Figure 6: Indice d'espacement de base des pennes	29
Figure 7: Illustration de quelques caractères végétatifs étudiés (A) stipe et (B) palme	29
Figure 8: Illustration de quelques caractères reproducteurs étudiés chez le dokkar..	32
Figure 9: Cercle de corrélation entre les variables végétatives et les facteurs sur le plan F1 et F2 (a), sur le plan F1 et F3 (b).	72
Figure 10: Projection des accessions mâles et femelles du palmier dattier sur le plan F1-F2 basée sur les caractères végétatifs	73
Figure 11: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions mâles et femelles basée sur les caractères végétatifs	76
Figure 12: Cercle de corrélations entre les variables de la partie reproduction et les facteurs sur le plan F1 et F2.	78
Figure 13: Projection des accessions mâles du palmier dattier sur le plan F1-F2 basée sur les caractères	79
Figure 14: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions mâles basée sur les caractères de reproduction	82
Figure 15: Dendrogramme UPGMA des accessions du palmier dattier (dokkar/cultivars) basé sur le coefficient de similarité de Jaccard.	90
Figure 16: Profil d'amplification généré avec l'amorce SSR (mPdCIR35) en utilisant l'ADN génomique de palmiers dattiers mâles et femelles. Un profil unique est observé chez 'Deglet-Nour' mâles (DNM, sauf DNM6) et femelles (DNF).....	92
Figure 17: Profil d'amplification généré avec l'amorce SSR (PDCAT6) en utilisant l'ADN génomique de certains palmiers dattiers mâles et femelles. Un profil unique (136/149 pb) est observé pour les individus femelles 'Deglet-Nour' (A) et des différents profils chez d'autres accessions (B).....	93

LISTE DES FIGURES

- Figure 18:** Sélection de K le plus approprié pour déduire la structure de la population selon la méthode d'Evanno, en utilisant le log de vraisemblance $L(K)$ pour chaque K entre 1 à 10, et la quantité ad hoc (ΔK) basée sur le second ordre du changement de la vraisemblance.95
- Figure 19:** Structuration de population inférée des accessions de palmier dattier à $K=2$ sans information préalable. Chaque accession est représentée par une barre verticale et la longueur de chaque segment coloré représente l'appartenance95
- Figure 20:** Log vraisemblance $L(K)$ pour chaque K, quantité ad hoc (ΔK) basée sur le second ordre du changement de la vraisemblance et structuration de population inférée des accessions de pollinisateurs à $K=9$ sans information préalable. Chaque accession est représentée par une barre verticale et la longueur de chaque segment coloré représente l'appartenance à chaque pool génétique96
- Figure 21:** Résultats de l'analyse de la variance moléculaire entre deux pools génétiques après regroupement avec l'analyse STRUCTURE97
- Figure 22:** Projection des accessions de palmier dattier par l'utilisation de l'analyse des coordonnées principales (PCoA) avec 25 marqueurs SSR98

INTRODUCTION

GENERALE

INTRODUCTION GENERALE

Le palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.) est une espèce fruitière monocotylédone ; dioïque, diploïde ($2n = 36$), appartenant à la famille des *Arecaceae*. C'est une espèce pérenne à fruit comestible de très grande valeur écologique, économique et sociologique. Elle est cultivée dans les zones arides et semi-arides en couvrant plusieurs pays s'étendant de l'Afrique du Nord-Ouest à l'Asie. En Algérie, la culture du palmier dattier est considérée comme une plante stratégique et une source importante de devises après l'hydrocarbure. Le palmier dattier couvre une superficie de 170082 ha, avec une production, en 2019, de 1136025 Tonnes de dattes ce qui a classé l'Algérie parmi les plus grands pays producteurs. Elle occupe le 4^{ème} rang dans le monde en termes de production juste après l'Egypte, l'Arabie Saoudite et l'Iran (FAOSTAT, 2019). En fait, il existe plus de 940 cultivars (Hannachi et al., 1998). Cependant, la création de nouvelles palmerais modernes favorisant la monoculture de quelques cultivars commerciaux, principalement « Deglet-Nour », qui représente environ 53% de la production totale de palmiers dattiers (MADR, 2018), va entraîner l'érosion de la diversité génétique du potentiel phoenicicole locale.

Par ailleurs, les palmiers mâles appelés communément « dokkars » ou « pollinisateurs », jouent un rôle primordial dans la production du dattier en assurant la pollinisation des palmiers femelles. En effet, il existe différents types de dokkars en termes de précocité, quantité et qualité de leur pollens (Toutain, 1967 ; Djerbi, 1994) qui influencent la production et les caractéristiques des fruits, sa qualité et la durée de la maturation (effet métaxénique) (Nixon, 1934 ; Chao et Krueger, 2007 ; Chaouch khouane, 2012). Khankahdani et Bagheri (2019), ont indiqué que les individus mâles et femelles de palmier dattier, de cultivars identiques ou proches, produisent des dattes de meilleure qualité que celles génétiquement séparées. Malgré ce dernier fait, la disponibilité des dokkars est très faible (1 à 2% par rapport aux pieds femelles) dans les *oasis* algériennes modernes. Les agriculteurs utilisent différentes sources de pollens, pure ou en mélange, même parfois acheté du marché dont l'origine est inconnue, pensant qu'il n'y a pas d'incompatibilité entre les pieds mâles et femelles pour procéder à la pollinisation. En effet, l'étude de la diversité génétique des dokkars et de leurs effets métaxéniques sur les fruits est importante pour réaliser tout programme de sélection ou de conservation du matériel génétique.

Plusieurs types de marqueurs ont été utilisés pour la caractérisation des cultivars du palmier dattier ; morphologiques (Elhoumaizi et al., 2002 ; Ould Mohamed Salem et al., 2008 ; Ould Mohamed Ahmed et al., 2011 ; Simozrag et al., 2016 ; Benouamane, 2014 ; Bedjaoui et Benbouza, 2018), biochimiques en utilisant des isozymes (Baaziz et Saaidi, 1988; Bennaceur

INTRODUCTION GENERALE

et al., 1991; Ould Mohamed Salem et al., 2001) et moléculaires basées sur l'ADN (Sedra et al., 1998 ; Ben Abdellah et al., 2000 ; Trifi et al., 2000 ; Cao et Chao, 2002 ; Adawy et al., 2005 ; Rhouma et al. , 2008, Sabir et al., 2014). Les travaux ayant utilisés les marqueurs microsatellites sont nombreux (Billotte et al., 2004 ; Al-Ruqaishi et al., 2008 ; Ahmed et Al-Qaradawi, 2009 ; Elshibli et Korpelainen, 2011 ; Elmeer et al., 2011 ; Arabnezhad et al., 2012 ; Bodian et al., 2012 ; Khanam et al., 2012 ; Racchi et al., 2014 ; Cherif et al., 2016 ; Zehdi-Azouzi et al., 2016). Ces marqueurs microsatellites (SSR) sont plus recommandés pour la discrimination entre les accessions en raison de leur degrés élevés de polymorphisme, de leur hérédité co-dominante, de leur reproductibilité élevée, de leur nature multialléliques, de leur abondance relative et de leur couverture génomique étendue (Kalia et al., 2011). Néanmoins, très peu d'études ont été réalisées pour étudier la diversité génétique des pollinisateurs à l'aide de caractères morphologiques et/ou de marqueurs moléculaires (Ahmed et al., 2006 ; Racchi et al., 2014 ; Benouamane, 2014 ; El Kadri et al., 2019). De même, d'autres études ont inclus un nombre très réduit de pollinisateurs dans leurs investigations sur la diversité génétique du palmier dattier (Zehdi et al., 2004 ; Elshibli et Korpelainen, 2008 ; Rhouma et al., 2008 ; Zehdi et al., 2012).

Les agriculteurs ont du mal à identifier le meilleur pollinisateur à un stade précoce de la plantule. Par conséquent, la caractérisation des pollinisateurs du palmier dattier pour permettre l'identification précoce des meilleurs pollinisateurs devient une demande substantielle qui devrait être résolue pour maintenir une production de dattes de qualité. Malgré cela, et à notre connaissance, aucun marqueur moléculaire n'a été identifié pour être utilisé dans l'identification des meilleurs pollinisateurs morphogénétiquement proches du cultivar "femelle". Dès lors, l'objectif principal de notre étude était l'évaluation et la caractérisation de quelques pollinisateurs de la région des Zibans ainsi que deux principaux cultivars de la région, Deglet-Nour et Ghars. Pour ce faire, deux approches de caractérisation ; morphologique et moléculaire, ont été réalisées.

La caractérisation morphologique avait pour but d'évaluer et de caractériser les pieds de dokkars et de cultivars sélectionnés en étudiant la partie végétative et de reproduction. En ce sens, de déterminer les descripteurs phénotypiques les plus discriminants qui permettent de différencier entre les types de dokkars / cultivars étudiés toute en faisant appel aux savoirs des phoeniculteurs en matière de dénomination dans la région. De plus, d'identifier les dokkars phénotypiquement les plus proches des cultivars femelles notamment celui de Deglet-Nour. D'autre part, la caractérisation moléculaire avait pour objectif d'étudier les relations

INTRODUCTION GENERALE

génétiques entre certains pollinisateurs de la région des Zibans et leur diversité génétique à l'aide de marqueurs SSR. En plus, d'identifier des marqueurs SSRs spécifiques qui caractérisent les individus mâles et femelles des cultivars « Deglet-Nour » et ceux de « Ghars » afin de pouvoir sélectionner, à un stade précoce de la plante, les pollinisateurs génétiquement les plus proches aux individus femelles de ces deux cultivars.

Ce document décrit notre travail et il s'articule en trois grandes parties comme suit ;

La première partie ; est l'étude bibliographique, qui comprends trois chapitres englobant un aperçu général sur le palmier dattier, le dokkar, la pollinisation et l'effet métaxénique, ainsi que l'état de la diversité et ressources génétiques du patrimoine phoenicicole algérien. La deuxième partie, expérimentale; contient la présentation du matériel végétal utilisé et de la méthodologie adoptée. Elle est composée de quatre chapitres ; le premier chapitre décrit la région d'étude, le matériel biologique et la démarche méthodologique. Le deuxième chapitre traite la caractérisation morphologique, et le troisième chapitre détaille la caractérisation moléculaire, et enfin le quatrième chapitre indique les outils du traitement statistique utilisés pour traiter les données morphologiques et moléculaires. Et, la troisième partie ; détaille les résultats trouvés et leurs discussions. Elle est subdivisée en trois chapitres qui abordent les résultats de la caractérisation morphologique, moléculaire et l'interprétation des résultats de leurs analyses. Enfin, une conclusion générale résumant les principaux résultats obtenus et proposant les perspectives de ce travail.

Partie I

Synthèse bibliographique

Chapitre I

Présentation et biologie du palmier dattier

Chapitre I. Présentation et biologie du palmier dattier

I.1- Histoire et origine

Le palmier dattier (*Phoenix dactylifera* L.) est une espèce pérenne à fruit comestible de très grande valeur écologique, économique et sociologique. Elle était primitivement cultivée dans les zones arides et semi-arides chaudes de l'ancien monde (Munier, 1973) et s'installe là où il y'a des points d'eau formant des *oasis*. Ces dernières constituent un environnement propice à l'installation des populations humaines dans de sévères conditions désertiques, en plus au développement des végétaux et des animaux.

Le dattier a été dénommé *Phoenix dactylifera* par Linné en 1734. *Phoenix* est le nom donné par les Grecs à cet arbre qu'ils considéraient comme l'arbre des phéniciens. Il est probablement dérivé, dans une autre hypothèse, du nom d'un oiseau ayant la capacité de renaître de ses cendre et à survivre après avoir été partiellement brûlé (Popenoe 1938 in (Gros-Balthazaed, 2012)). Quant à *dactylifera*, (*dactylus* en latin dérive du grec *daktulos*) c'est un adjectif décrivant la forme en doigts des fruits du palmier dattier (Peyron, 2000).

L'histoire ancienne du palmier dattier en tant que palmier cultivé n'est connue que d'après des données archéologiques et des anciennes pièces d'argile cunéiformes. La première évidence de la culture de palmier dattier, date de la fin du quatrième millénaire avant notre ère. dans la région du golfe Persique (Tengberg, 2012 in Pérez-Escobar et al., 2021). En 2017, Gros-Balthazard et al., ont rapporté la découverte des palmiers dattiers sauvages qui sont les espèces ancestrales de l'un des plus anciens arbres fruitiers cultivés dans les oasis depuis des milliers d'années. La découverte de palmiers dattiers sauvages à Oman révèle une histoire de domestication complexe au Moyen-Orient et en Afrique. La comparaison des génomes des palmiers dattiers sauvages et modernes révèle un événement de domestication secondaire en Afrique, mais seulement une faible sélection artificielle, impliquant la contribution d'au moins deux sources sauvages aux palmiers dattiers africains cultivés.

I.2- Répartition géographique du palmier dattier

I.2.1- Dans le monde

Le palmier-dattier peut résister à des conditions sévères de sécheresse. C'est une espèce thermophile cultivée dans les régions arides et semi-arides du globe terrestre dont elle requière une somme thermique entre 3700 et 5000°C pour la production et la maturation des dattes (Toutain, 1973).

Le nombre total de palmiers dans le monde est estimé à plus de 100 millions d'arbres (Zaid, 2002). La superficie dédiée pour la culture du palmier dattier dans le monde est estimée à 1381434 ha avec une production des dattes de 9075446 tonnes (FAOSTAT, 2019).

D'après Amorsi, 1975 ; Toutain, 1967, son aire de culture s'étale dans l'hémisphère nord entre les parallèles 9°18' (Cameroun) et 39°44' (Elche en Espagne), mais principalement cultivé au Moyen-Orient et en Afrique du Nord (Munier, 1973; Barrow, 1993; Jain et al., 2011). Grâce à l'échange de matériel génétique, la culture du palmier dattier s'est propagée, au cours de ces derniers siècles, pour être présente sur les cinq continents, non seulement comme arbre fruitier mais aussi comme essence ornementale (Gros-Balthazaed, 2012).

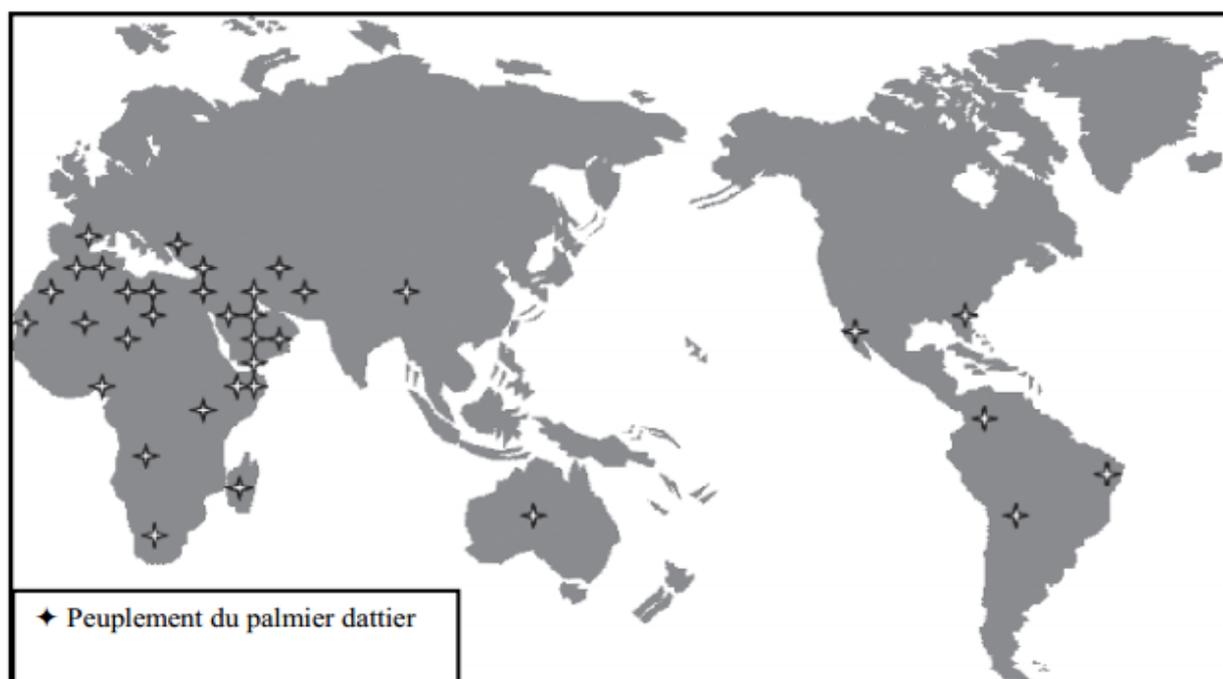


Figure 1: Répartition géographique des palmiers dattiers dans le monde (El-Hadrami et El-Hadrami, 2009).

I.2.1- En Algérie

En Algérie, la culture du palmier dattier est considérée comme une plante stratégique et une importante source de devises après l'hydrocarbure. Le palmier dattier couvre une superficie de 170082 ha, avec une production de 1136025 Tonnes de dattes en 2019, ce qui a classé l'Algérie parmi les plus grands pays producteurs. Elle occupe le 4^{ème} rang dans le monde en termes de production juste après l'Egypte, l'Arabie Saoudite et l'Iran (FAOSTAT, 2019). Ce potentiel phoenicicole est réparti principalement sur plusieurs entités écologiques situées dans la partie septentrionale Est et Centre du Sahara Algérien: le Souf, les Zibans, l'Oued Righ, la cuvette de Ouargla, la vallée du M'Zab et El Goléa (Houari, 1992). D'autres régions marginales sont localisées dans le sud des Wilayates de Khenchela et Tébessa, à Laghouat...etc. (Belguedj et al, 2006).

En fait, il existe plus de 940 cultivars (Hannachi et al., 1998). Cependant, les tendances dans la création de nouveaux vergers de palmiers dattiers reposent davantage sur des cultivars commerciaux principalement «Deglet-Nour» qui représente environ 53% de la production totale de palmiers dattiers (MADR, 2018).

I.3- Systématique

Le palmier dattier est une monocotylédone de la famille des *Areacaceae* (anciennement *Palmacées*) comprenant plus de 2 800 espèces (Dransfield et al., 2008). D'après International Code Of Botanic Nomenclature (Moore, 1963 ; Uhl and Moore, 1971 ; Bransfield, 1999 ; Henderson, 1999 in El-Houmaizi, 2002) sa position systématique est la suivante :

Embranchement : *Angiospermes*

Classe : *Monocotylédones*

Ordre : *Principes*

Famille : *Areacacées*

Tribu : *Phoenicées*

Genre : *Phoenix*

Espèce : *Phoenix dactylifera L.*

I.4- Description morphologique du palmier dattier

Le palmier dattier est une plante pérenne, il est composé d'un stipe (tronc) qui peut atteindre 20 mètres de hauteur, voire plus, et est surmonté d'une couronne de longues feuilles. Plusieurs scientifiques (Toutain, 1967 ; Munier, 1973 ; Amorsi, 1975 ; Djerbi, 1994 ; Peyron, 2000) ont décrit sa morphologie comme suit :

I.4.1- L'appareil végétatif :

I.4.1.1- Système racinaire

Le système racinaire du palmier dattier est de type fasciculé, les racines ne se ramifient pas et n'ont relativement que peu de radicelles (Figure 3). Les racines peuvent s'étendre jusqu'à 25m autour du palmier et jusqu'à 6m en profondeur. Leur développement en densité et en profondeur dépend des conditions du milieu.

I.4.1.2- Stipe

Le palmier dattier a un tronc monopodique « stipe » de forme cylindrique et parfois conique (tout dépend de la variété). Ce tronc est recouvert par les bases des palmes ancienne « cornafs », recouvertes à leur tour par un feutrage appelé « fibrillum » ou « lif » (Figure 3), et il est doté d'un seul bourgeon terminal (phyllophore) qui assure sa longueur.

I.4.1.3- Palmes

Les palmes sont des feuilles composées pennées, insérées en hélices très rapprochées sur le stipe en formant la couronne du palmier (Figure 2). Elles peuvent atteindre 2 à 6 m de longueur et ont une durée de vie entre 3 à 7 ans. On en compte environ 50 à 200 palmes par arbre adulte. A l'aisselle de chaque palme se trouve un bourgeon axillaire qui, en se développant, peut donner naissance à une inflorescence dans la partie coronaire, à un rejet (Djebbar) dans la partie basale, ou à un gourmand (Rkeb) dans la partie moyenne et sous-coronaire. Ces deux dernières ramifications végétatives peuvent assurer le développement des clones dont leurs caractéristiques sont fidèles à leur mère.

On compte trois segments différents au niveau de la palme: le pétiole, le segment à épines et le segment à pennes (Zaid, 2002). Les folioles (épines et pennes) s'attachent contre un rachis bilatéralement tout le long de la palme.

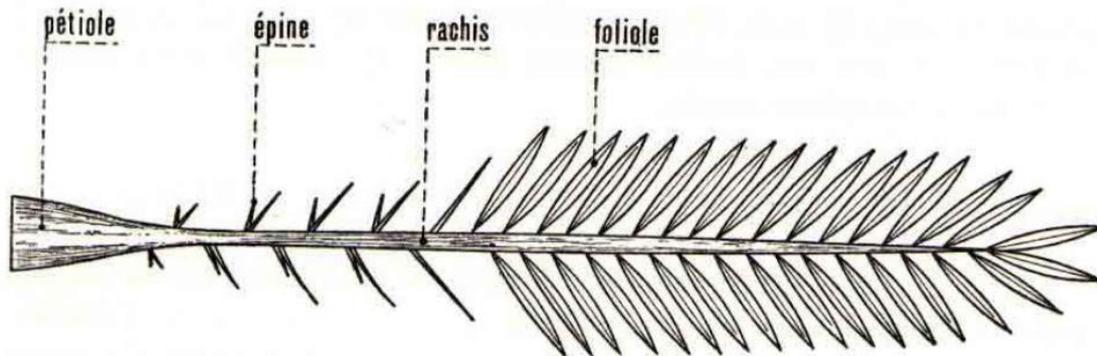


Figure 2: Schéma d'une palme (Munier, 1973)

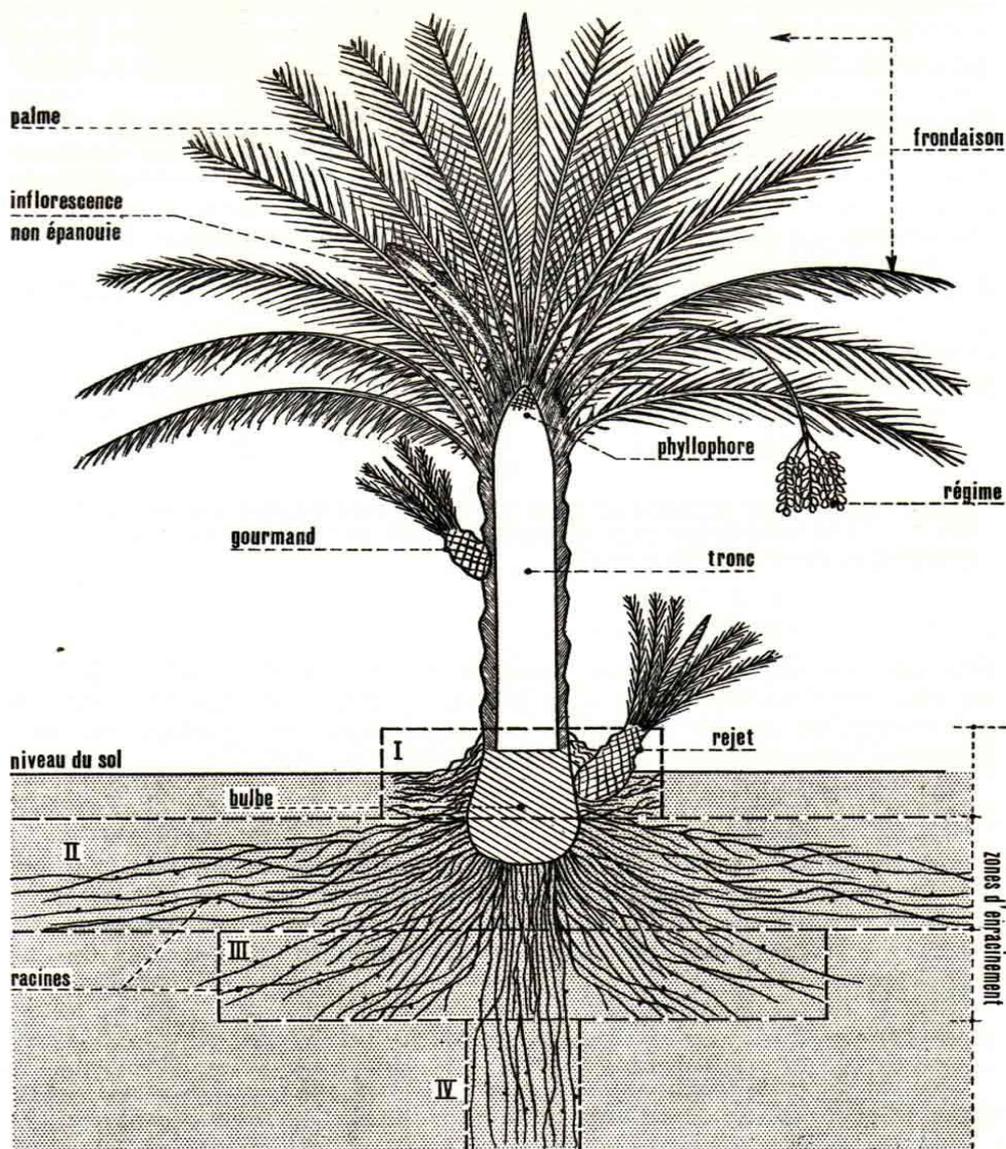


Figure 3: Figuration schématique du dattier (Munier, 1973)

I.4.2- L'appareil reproducteur :

Le palmier est une espèce dioïque. Chaque individu ne porte que des inflorescences du même sexe. Le pied femelle, appelé « Nekhla » porte des inflorescences femelles, et le pied mâle, appelé « pollinisateur » ou « dokkar » porte des inflorescences mâles.

I.4.2.1- Les inflorescences

Les fleurs du palmier dattier sont unisexuées, pratiquement sessiles, leurs pédoncules sont très courts. Elles sont portées par des pédicelles rassemblés en épi composé; le spadice, qui est enveloppée d'une grande bractée membraneuse entièrement fermée ; la spathe, qui s'ouvre d'elle-même suivant la ligne médiane du dos ; chaque spadice ne comporte que des fleurs du même sexe. Les spathe sont de formes allongées. Celles des inflorescences mâles sont plus courtes et plus renflées, avec une légère dépression dans leur partie supérieure. La couleur verdâtre des spathe varie avec les clones et avec le développement de l'inflorescence (Figure 4) (Munier, 1973).

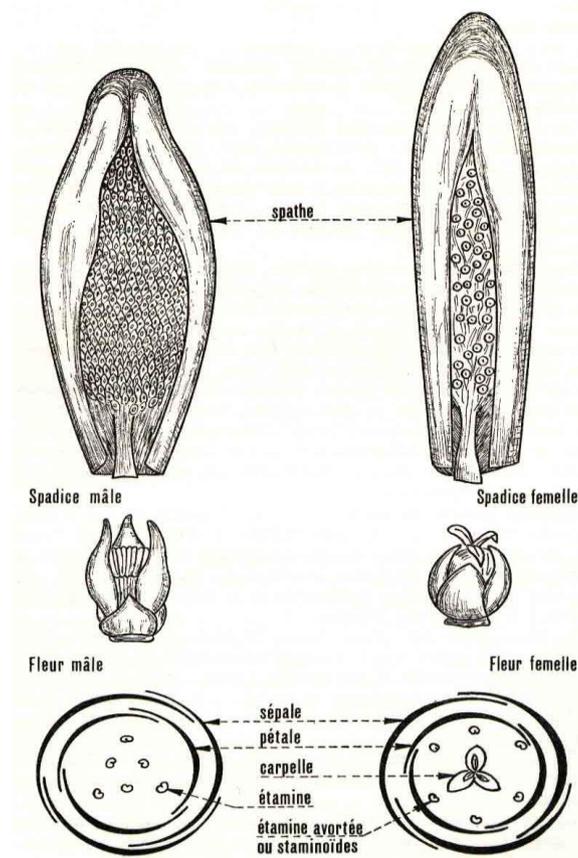


Figure 4: Inflorescences et fleurs du dattier (Munier, 1973)

I.4.2.2- Les fleurs :

- ***La fleur femelle :*** Elle est d'une forme globulaire, avec un diamètre de 3 à 4 mm, et de couleur entre ivoire et vert clair. Elle comporte un calice court, cupuliforme, à trois pointes, formée de trois sépales soudés, d'une corolle constituée de trois pétales ovales et arrondies, de six étamines avortés ou staminodes ; le gynécée comprend trois carpelles indépendants à un seul ovule anatrope s'insérant à la base de l'ovaire (Figure 4).
- ***La fleur mâle :*** Elle est d'une forme légèrement allongée, d'une couleur blanc ivoire. Elle est constituée d'un calice court et cupuliforme tridenté, formé également de trois sépales soudés, d'une corolle formée de trois pétales légèrement allongés et se terminant en pointe, de six étamines disposés sur deux verticilles. Lorsqu'elle est épanouie, elle exhale une odeur caractéristique. Les fleurs mâles restent fermées jusqu'à ce que le pollen soit libéré (Figure 4).

I.5- Multiplication du palmier dattier

Le palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*) est une espèce fruitière dioïque ; donc on trouve les deux sexes, mâle (dokkar) et femelle (nekhla), portés sur des pieds séparés. Sa dioécie est responsable de la diversité qui conduit à l'existence de plusieurs milliers de cultivars de palmier femelles dans le monde. En Algérie, on compte plus d'un millier de cultivars de palmiers femelles. Le palmier dattier se multiplie traditionnellement par voie sexuée (semis de graines) ou asexuée (par rejets) ou bien par des procédés biotechnologiques (micropropagation=*in-vitro*).

I.5.1- Multiplication par voie sexuée

C'est une multiplication par le biais de graine. La graine semée se développe naturellement et donnent une progéniture appelée 'Khalt'. Ces derniers ne conservent pas les mêmes caractéristiques de la plante mère et ils ne sont pas génétiquement uniformes ; il n'y a pas deux plantes identiques. De ce fait, et vu l'hétérozygotie du palmier dattier, une grande variabilité peut se produire, en termes de production et de qualité du fruit. L'individu issu d'une graine ne produira que dans de rares cas (4%) des fruits ayant des qualités organoleptiques similaires ou supérieures à celles des parents (Peyron, 2000). Ainsi, la multiplication par graine engendre 50% mâles et 50% femelles, qu'on ne peut pas différencier avant l'émission des premières inflorescences, après 4 -5 ans au minimum. En

Algérie, la population de khalts représente près de 10% dans certaines oasis (Bouguedoura et al. *in* Al-Khayri et al., 2015). Cette méthode ne pourrait être utile et préconisée qu'à des fins de sélection pour avoir des nouveaux génotypes en cherchant des traits souhaitables (Zaid et de Wet., 2002 ; Chao et Krueger, 2007).

I.5.2- Multiplication par voie asexuée

Cette multiplication se fait par le biais de rejets. C'est la méthode la plus courante et la plus préconisée. Un rejet donne un clone qui conserve la même identité génétique du pied mère. Il reste attaché au pied du palmier parental pendant 3 à 5 ans, ensuite à l'émission des racines, il est enlevé et planté.

Le rejet transplanté portera ses fruits plutôt qu'un plant issu de graine (2 à 3 ans). Néanmoins, cette voie présente certains inconvénients vu que la production des rejets est limitée à la phase juvénile (10 à 15 ans) de la vie du palmier et que seul un nombre limité de rejets est produit (aux alentours de 20 à 30 ramifications, selon la variété). (Zaid et de Wet., 2002 ; Chao et Krueger, 2007). De plus, la probabilité de l'occurrence de mutations somatiques, et donc d'engendrer des nouvelles caractéristiques non recherchées par le cultivateur (El Hadrami et al., 2011 *in* Gros-Balthazaed, 2012).

I.5.3- Multiplication *in vitro*

Cette micro-propagation est réalisée soit par embryogénèse ou organogénèse. L'organogénèse peut être réalisée en utilisant des bourgeons auxiliaires et des méristèmes apicaux, tandis que l'embryogénèse peut être régénérée par les cals à partir de divers tissus méristématiques comme les pousses, les jeunes feuilles, la tige, etc. (Zaid et de Wet., 2002).

Cette voie fait pallier les limites de la multiplication par rejet en termes de nombre de progénitures fournis, elle est économiquement fiable car elle assure une grande production. En général, les *vitro-plants* possèdent les mêmes caractéristiques de leurs origines. Cependant, des variantes somaclonales peuvent survenir (Chao et Krueger, 2007). La fréquence des variations somaclonales chez les *vitro-plants* du palmier dattier peut parfois être très élevée, mais les causes ne sont pas encore claires (Gurevich et al., 2005 *in* Chao et Krueger, 2007).

I.6- Dokkar, pollinisation et métaxénie chez le palmier dattier

I.6.1- Palmier dattier mâle

Les palmiers mâles appelés communément « dokkars » ou « pollinisateurs » assurent la pollinisation des palmiers femelles pour avoir des dattes comestibles toute en limitant la formation de fruits parthénocarpiques. En plus, ils influencent la production et les caractéristiques des fruits en quantité, qualité et durée de la maturation (effet métaxénique).

Les dokkars sont, principalement, issus de semis de graines et utilisés pour la pollinisation. Ensuite, de sujets présentant des valeurs intéressantes sur le plan qualité, quantité et précocité de leurs pollens ont été obtenus par sélection. Cependant, dans certains pays, la sélection se fait sur des pieds francs qui ressemblent morphologiquement à des variétés femelles (ex : mâle Deglet-Nour), et parfois des dokkars ont une dénomination spécifique à leurs mêmes. Les pieds mâles sélectionnés sont, ensuite, multipliés par voie végétative (Djerbi, 1994).

Malgré la grande importance des dokkars, sa disponibilité est très faible, voire rare, et représentent seulement 1 à 2% en comparaison avec les pieds femelles. Les phoeniculteurs ne donnent pas d'importance pour cultiver et entretenir les dokkars. En Algérie, généralement, ils pollinisent par n'importe quel pollen ou bien un mélange sans savoir son origine, parfois même, acheté du marché, en pensant qu'il n'y'a pas d'incompatibilité entre les deux sexes lors de la pollinisation. Néanmoins, afin d'améliorer la production des dattes, l'une des approches consiste à augmenter l'efficacité de la pollinisation en terme de compatibilité du pollen (Chao and Krueger, 2007). Pour mieux comprendre la relation de compatibilité entre différents cultivars, de nombreuses études ont examinées l'effet de différents pollinisateurs sur les caractéristiques et le rendement des fruits (Al-Khalifah, 2006; Al-Muhtaseb and Ghnaim, 2006; Ghnaim and Al-Muhtaseb, 2006; Shafique et al., 2011; Iqbal et al., 2012; Rezazadeh et al., 2013; Hafez et al., 2014, Salomon-Torres et al., 2017).

Il existe des différences notables entre les dokkars, notamment en termes de précocité, quantité et qualité du pollen produit (Toutain, 1967; Djerbi, 1994). De ce fait, il est souhaitable de les sélectionner. Un bon pollinisateur doit être doté d'un ensemble de critères de sélection (Toutain, 1967; Djerbi, 1994):

- ***Epoque d'éclatement des spathes mâles*** : Le pollen doit être disponible au moment où les premières spathes femelles éclatent.

- ***Emission des spathes en quantité et en qualité*** : en émettant annuellement en moyenne douze à vingt spathes, donnant des inflorescences à spadice large et très fournie d'épillets (60 à 285 épillets/spathe), produisant des spathes à fleurs adhérentes aux pédicelles qui ne se détachent pas facilement lorsque elles sont destinées à être utilisées immédiatement à l'état frais, ainsi, ayant une production régulière dans le temps.
- ***Compatibilité entre palmiers mâles et femelles*** : certains mâles semblent donner des meilleurs résultats que d'autres dans la fécondation avec des mêmes palmiers femelles.
- ***Production de pollen en bonne quantité et qualité*** : Chaque palmier mâle devrait fournir plus de ½ kg de pollen pour féconder une cinquantaine de palmiers femelles. Le pollen doit avoir une bonne qualité germinative afin d'assurer un taux de nouaison élevé.

I.6.2- Le pollen et la pollinisation

I.6.2.1- Le pollen

Le pollen est une poussière très fine constituée de grains microscopiques, bicellulaire, produits dans l'anthere (Boughediri, 1985). Le grain de pollen est le gamétophyte mâle. La transmission du matériel génétique se passe au niveau du sac embryonnaire où a lieu la double fécondation par l'union de l'élément mâle et de l'oosphère, d'une part, et de cet élément mâle et du noyau secondaire, d'autre part (Boughediri, 1994). La qualité du pollen a été définie comme l'aptitude du pollen à féconder un pistil réceptif et compatible (Digonnet-Kerhoas et Gay, 1990 *in* Boughediri, 1994). Il existe trois principaux types de tests qui peuvent nous renseigner sur la qualité d'un pollen (Djerbi, 1994, Peyron, 2000, Zaid et de Wet, 2002) :

- ***Test de viabilité par coloration*** ; Moreira and Gurgel (1941).
- ***Test de pouvoir germinatif*** ; Monciero (1954), Brewbaker et Kwak, modifié par Furr et Eurinquez (1959), Tisserat et al. (1983).
- ***Test de pouvoir fécondant (in vitro)*** ; (Djerbi, 1994).

I.6.2.2-La pollinisation

Chez le palmier dattier, la pollinisation s'effectue par le vent (anémophile), les abeilles et les insectes (entomophiles). Les premières expériences faites en vue de démontrer la nécessité de la fécondation chez les Palmiers furent effectuées par Gleditsch en 1749, 1750 et 1751 (Gatin,

1997). L'opération de pollinisation est très critique car tout échec de fécondation à cause du manque de pollen ou bien de sa mauvaise qualité (non viable par exemple) aboutit à la formation des fruits parthénocarpiques (Siches), non comestibles. Plusieurs facteurs climatiques notamment la température, le vent, la pluie et l'humidité de l'air peuvent influencer la réussite de la pollinisation.

Dans les palmeraies modernes et industrielles, la pollinisation se fait artificiellement par l'intervention de l'homme, de façon à réduire le nombre des pieds mâles (2%) au profit de pieds femelles et en même temps en assurant un taux de nouaison optimum (Munier, 1973).

Deux techniques peuvent se faire ; soit de manière traditionnelle; en mettant manuellement trois ou quatre épillets mâles au centre de l'inflorescence femelle, débarrassée de sa spathe (Pesson, 1984), et puis, l'attacher par une partie de penne verte. Soit, de manière mécanique en utilisant des poudreuses à mains ou à dos réglables et des pollens mélangés à un diluant (Khalil et Al-Shawaan, 1983) (cendres de bois finement tamisées, plâtre, chaux, diatomite, talc, etc..) car la pollinisation par poudrage nécessite deux à trois fois plus de pollen que la pratique traditionnelle (Munier, 1973). Le pollen pourrait être utilisé aussi en suspension en ajoutant quelques additifs (Saccharose, AG3, ...) (Zaid et de Wet, 2002).

II.3- La métaxénie chez le palmier dattier

Conventionnellement, lors de la pollinisation croisée le pollen n'exerce aucune influence directe sur le réceptacle ou sur la paroi de l'ovaire (Lakhoua, 1966). Il existe, cependant, quelques exceptions qui se résument en deux termes : '*La xénie*' et '*la métaxénie*'. On entend par '*la xénie*', l'influence du pollen étranger sur l'embryon et l'albumen par exemple le cas du maïs (Lakhoua, 1966). Par contre, pour l'influence directe du pollen sur les tissus maternels autres que l'embryon et albumen le terme de '*métaxénie*' a été proposé par Nixon en 1928 (Lakhoua, 1966). Ceci a été démontrée chez plusieurs variétés de dattiers (Al-Khalifah, 2006 ; Swingle, 1928). Swingle (1928), suppose une théorie plus probable pour expliquer la métaxénie est que l'embryon ou l'endosperme ou les deux sécrètent des hormones ou des substances solubles analogues au cours de leur développement qui se diffusent dans les tissus de la plante mère qui constituent la graine et le fruit. Ces activités chimiques interagissent entre eux et probablement sur les tissus voisins de la graine et les parois ovariennes environnantes qui constituent le fruit. Leurs effets varient selon le parent mâle utilisé pour féconder l'embryon et l'endosperme.

Plusieurs chercheurs ont évoqués dans leurs travaux la notion de la métaxénie, et son effet sur le fruit, aussi bien chez le palmier dattier (Chaouch khouane (2012), Rezazadeh et al. (2013), Hafez et al. (2014), Salomon-Torres et al. (2017)), que chez d'autres espèces, telles que ; le pistachier (Riazi et al., 1995), le concombre (Olfati et al., 2010) et le noyer (Golzari et al., 2016).

Bien que plusieurs travaux de recherche aient prouvé l'effet métaxénique du type de pollens sur le fruit, dans plusieurs pays phoenicicoles, d'autres ont montré le contraire. Cela pourrait attribuer au fait que les effets métaxéniques sont moins prononcés lorsque les conditions climatiques sont favorables, ou à la possibilité que les mâles spécifiques testés n'aient pas produit d'effets métaxéniques (Reuveni, 1986 in Chao and Krueger, 2007).

En Algérie, les résultats obtenus lors de l'étude menée par Acourene et Tama (2002) au niveau de la région Oued Righ ont montré qu'il n'y avait pas d'effet métaxénique significatif entre les pollens testés sur la production et la qualité des dattes. Par contre, les travaux de Chaouch Khouane (2012), ont montré l'existence d'un effet métaxénique sur la production, la maturation des dattes et le poids de leurs chairs par rapport à leurs noyaux. Les résultats ont indiqué que les pollens de Deglet-Nour et mélange ont donné un pourcentage plus élevé de dattes de qualité marchande par rapport au pollen Ghars.

Chapitre II

Diversité et ressources génétiques du palmier dattier

Chapitre II. Diversité et ressources génétiques du palmier dattier

II.1- Ressources génétiques du dattier

Le terme ressources génétiques désigne, d'après la CDB- Convention sur la Diversité Biologique, adoptée en 1992, lors du Sommet de Rio « *un matériel d'origine végétale, animale, microbienne ou autre, contenant des unités fonctionnelles de l'hérédité* ». Ce matériel génétique à une valeur effective ou potentielle.

Grâce à la dioécie du palmier dattier, la diversité génétique est très importante. La sélection continue et le clonage des dattiers, possédants des traits désirables, au cours des milliers d'années, ont développé des milliers de cultivars. Il existe actuellement plus de 5000 cultivars dans le monde (FAO, 2020). D'après la description botanique basée généralement sur les caractéristiques morphologiques du fruit et/ou d'autres caractères de la plante, il existe environ 400 cultivars en Iran, 370 en Iraq, 250 en Tunisie, 244 au Maroc (Zaid et de Wet 2002d) et 400 au Soudan (Osman 1984 in Elshibli, 2008) ainsi que de nombreuses autres variétés dans des grands pays producteurs de dattes.

En Algérie, plus de 940 cultivars (Hannachi et al., 1998) ont été recensés, dont plusieurs ont des caractéristiques intéressantes. La sélection se fait rarement à partir des graines (khalts), mais principalement à partir de rejets provenant soit de la même palmeraie ou d'autres régions (Bouguedoura et al., 2015).

Bouguediri et al. (1993), notent qu'en Algérie les palmiers mâles sont très rarement clonés et ils représentent le plus souvent des génotypes uniques, car, ils sont généralement issus de graines (Khalt) et se caractérisent par des qualités des pollens très variables d'un individu à un autre. En effet, la tendance vers la monoculture en cultivant la variété noble 'Deglet-Nour', seule ou parfois avec quelques autres cultivars à importance commerciale (ex. Ghars, Degla-Beida, Mech-Degla,), fait éroder la richesse du patrimoine phoenicicole en terme de diversité et rend les palmeraies plus vulnérables vis-à-vis aux stress biotiques et abiotiques, y compris la maladie de 'Bayoud' causé par le champignon '*Fusarium oxysporum f.s albedinis*'.

II.2- Diversité génétique

La diversité biologique ou biodiversité est un terme globale, il est défini d'après la CDB- Convention sur la Diversité Biologique adoptée en 1992 lors du Sommet de Rio, comme étant

«une variabilité des organismes vivants de toutes origine y compris, entre autre, les écosystèmes terrestres, marins et autres écosystèmes aquatiques et les complexes écologiques dont ils font partie ; cela comprend la diversité au sein des espèces et entre espèces ainsi que celle des écosystèmes». La diversité génétique, est l'un des trois niveaux qui compose la biodiversité, elle correspond à la diversité des gènes au sein d'une espèce.

Le palmier dattier est une espèce dioïque, se reproduisant naturellement par voie sexuée, qui donne des hybrides. La forte hétérogénéité de la descendance vient à l'origine de l'hétérozygotie des plants originaux. Par conséquent, le maintien des caractéristiques des pieds mères, dans ce cas-là, n'est donc pas possible, par ailleurs, il est potentiellement possible d'obtenir des phénotypes intéressants (Munier, 1973).

Cependant, les clones proviennent par voie végétative d'un même individu propagé pour ses qualités gustatives ou autres caractères intéressants, appelé communément « Cultivar » et qui porte un nom.

II.2.1- Dénomination des cultivars

La dénomination des cultivars femelles est strictement locale et elle est relative le plus souvent au lieu de plantation, couleur ou forme des fruits évidemment portés par les palmiers femelles (Ould Mohamed Ahmed et al., 2011). Quant aux palmiers mâles, dans de nombreux cas, les phoeniculteurs utilisent le pollen du dokkar sans le discriminer, cependant, on entend le terme « cultivar mâle » dans les pays à vocation phoenicole (Peyron, 2000). Alors que dans certains cas, ils reposent essentiellement sur leur ressemblance morphologique aux cultivars femelles connus (Boughediri 1994). Un autre type de dénomination selon la provenance des mâles décrit par Peyron (2000) :

- Les mâles issus de graine d'une variété qu'ils la polliniseront ensuite (ex ; *Siwi dakkars*) ;
- Les mâles issus de graines et multipliés végétativement afin d'avoir des clones réels au même titre que les clones femelles (ex ; *Goundeila dakka, Benta moda dakkar*)
- Les mâles nés à partir de parents inconnus, portent des noms usuels (ex ; *celui de la treille*), et qui sont ensuite sélectionnés pour leurs qualités pollinisatrices et productives, clonés au moins localement.

Le terme « cultivars » désigne donc, aussi bien des pieds femelles que des pieds mâles, et qui ne sont en réalité que des phénotypes, métis non fixés, ou encore des écotypes, multipliés végétativement à partir d'un palmier hybride sélectionné (Munier, 1973, Peyron, 2000).

II.2.2- Sélection des cultivars

Au cours des siècles, des sélections avaient été opérées, au premier temps, selon certains critères ; qualité commerciale des fruits, productivité des plants et leur adaptabilité aux conditions écologiques locales, ce qui a réduit le nombre énorme des francs en cultivars caractéristiques de chaque région (Munier, 1973). Au Maroc, la sélection se base par priorité sur la résistance des cultivars à la fusariose vasculaire (*Fusarium oxysporum f.sp. albidinis*). Par ailleurs, les mâles choisis doivent être reconnus pour leurs qualités pollinisatrices et productives du pollen. Seuls les cultivars possédant des traits intéressants sont ensuite multipliés végétativement, au moins au niveau local (Peyron, 2000).

II.2.3- Homonymie et synonymie

La longue histoire de la culture du dattier, les échanges larges de matériel génétique, la dioécie et la propagation par graine, sont des facteurs qui compliquent la nomenclature des cultivars des dattes, et par conséquent le nombre exact des cultivars est inconnu (Chao et Krueger, 2007).

Les problèmes d'homonymie et de synonymie existent, entre et à l'intérieur des pays, aussi bien chez le palmier dattier (Ould Mohamed Ahmed et al., (2011), Chaouch Khouane et al., 2020) que chez d'autres espèces fruitières (figuier, olivier, ...) (Noormohammadi et al., 2014; Giraldo et al., 2008; Abdessemed et al., 2015; Boudchicha et al., 2018).

L'homonymie se dit dans le cas où des différents génotypes ou cultivars portent le même nom. Par exemple, à Oman et Bahreïn, les cultivars « Khalass » sont différents (Al- Ruqaishi et al., 2008). Des cas d'homonymies ont été rapportés sur le palmier dattier à l'aide de marqueurs phénotypiques (Ould Mohamed Salem et al., 2008, Ould Mohamed Ahmed et al., 2011) et de marqueurs isoenzymes (Bennaceur et al., 1991) ou encore de marqueurs moléculaires – microsatellites (Chaouch khouane et al., 2020).

Cependant, la synonymie désigne le cas où des génotypes ou des cultivars identiques portent des noms différents. Les cultivars Bitamoda au Soudan et Bertamoda en Egypte sont des synonymes (Gros-Balthazaed, 2012). En Algérie, d'après les phoeniculteurs, l'appellation

Itima et Guettara représente le même cultivar qui se trouve dans des régions différentes ; Zibans et Oued-Righ respectivement.

II.3- Caractérisation et évaluation du polymorphisme chez le palmier dattier

Le déclin de la biodiversité du palmier dattier observé en raison entre autres, de la monoculture, exige la mise en place d'une stratégie de conservation et de gestion des ressources phytogénétiques afin d'élargir la base génétique sur laquelle se dressent les programmes d'amélioration. Dès lors, identifier et caractériser les cultivars est une étape primordiale pour les utiliser dans les programmes de restauration, de sélection et d'amélioration. Les travaux de recherche effectués sur l'étude de la diversité et l'évaluation des ressources génétiques sont principalement axés sur les cultivars femelles du palmier dattier. Malgré son importance pour façonner la diversité du palmier dattier (Elsafy et al. 2015), les études de la diversité génétique du palmier dattier mâle ne sont pas nombreuses.

Différents marqueurs sont utilisés pour étudier de la diversité génétique du dattier à savoir les marqueurs morphologiques, biochimiques et moléculaires.

II.3.1- Caractérisation morphologique :

La caractérisation morphologique du dattier est basée essentiellement sur le fruit et, à moindre importance, sur les traits végétatifs de la plante. Une liste de descripteurs phénotypiques du palmier dattier en tant que système de caractérisation normalisé, convenu internationalement, a été établie, en 2005, par une équipe de spécialistes maghrébins d'Algérie, de Tunisie et du Maroc, travaillant sur le palmier dattier, avec l'appui de « *International Plant Genetic Resources Institute* » (IPGRI). Au total, cinq catégories de descripteurs ont été mise en place pour l'identification d'une accession donnée dans son environnement : descripteurs de passeport, de gestion, de l'environnement et du site, de caractérisation, et d'évaluation (IPGRI, 2005).

Les marqueurs morphologiques ont été largement utilisés pour la caractérisation des cultivars de palmiers dattiers et leur utilité a été discutée. En effet, plusieurs travaux de recherche traitant essentiellement de la caractérisation morphologique ont été réalisés dans différents pays phoenicicoles afin d'étudier la diversité génétique et le polymorphisme entre les cultivars du dattier. Les descripteurs utilisés diffèrent d'une investigation à une autre. Parmi

lesquels, il y'avaient ceux qui ont été fondés que sur des descripteurs du système végétatif (Elhoumaizi et al., 2002; Ould Mohamed Salem et al., 2008; Hammadi et al., 2009; Salman Haider et al., 2015), d'autres ce sont basés sur les caractéristiques du fruit en tant que descripteur le plus perceptible pour caractériser les pied femelles du dattier (Brac de la Perrière and Benkhalifa 1989; Jaradat and Zaid, 2004). Par ailleurs, plusieurs investigations ont fait réunir les critères liés au système végétatif et reproducteur à la fois, on peut citer entre autres Ould Mohamed Ahmed et al., (2011)

Les travaux de prospection menés en Algérie, indique la présence de 940 cultivars dont 2/3 ont été échantillonnés et caractérisés sur le plan morphologique en se basant essentiellement sur des attributs relatifs au fruit, graine, palme et spadice, et aussi sur des caractéristiques générales du cultivar et de certaines informations supplémentaires (Hannachi et al. 1998).

De plus, pour la région des Zibans à Biskra, la région d'excellence en matière de production dattière, plusieurs travaux de recherche traitant de la caractérisation et l'évaluation de la diversité génétique ont été réalisés. Celle de Simozrag et al. (2016) a été menée sur 89 cultivars par l'application de 17 traits morphologiques dont 4 relatifs au système végétative et 13 aux fruits. Les auteurs ont trouvé, entre autres, que les caractères liés aux fruits ont été révélé plus discriminants que ceux du système végétatif.

Dans le même contexte, Bedjaoui et Benbouza (2018) ont étudié la diversité phénotypique de 26 cultivars moyennant 52 marqueurs morphologiques de la partie végétative et celle de la reproduction. Des associations entre cultivars ayant des caractéristiques similaires liées à la partie végétative ou au fruit ont été identifiées.

De même, l'étude menée par Rekis et Laiadi (2020) sur 16 cultivars du palmier en utilisant 27 traits morphologiques du système végétatif et ceux du fruit, a indiqué, aussi, une variabilité morphologique y compris ceux ayant des fruits de même consistance. Cependant, en générale, il n'y'a malheureusement pas, assez d'informations sur la caractérisation morphologique des pollinisateurs et elles sont rares pour les pollinisateurs algériens. De plus, on constate le manque de descripteurs morphologiques pour l'identification du cultivar et le pollinisateur au stade précoce du cycle de développement du dattier (Chaouch Khouane et al., 2020). Les phoeniculteurs expérimentés se basent d'une manière intuitive sur l'observation visuelle de l'aspect morphologique de la plante et sa ressemblance avec des cultivars femelles connus.

Pratiquement, les marqueurs morphologiques sont l'outil le plus couramment utilisé pour la caractérisation des cultivars de palmiers dattiers sur la base de la morphologie de certains traits principalement les feuilles, les épines et les fruits (Nixon, R. W., 1950) (Elhoumaizi et al. 2002). Cependant, cette méthode est significativement affectée par les conditions environnementales et varie selon les stades de développement de la plante car il est possible qu'on trouve chez le même cultivar des traits morphologiques variant d'un pied à un autre. En plus, elle exige un grand nombre de données phénotypiques, souvent difficile à valoriser, surtout en absence de fructification (Khierallah, 2015), comme c'est le cas des pieds mâles.

II.3.2- Caractérisation biochimique :

Des marqueurs biochimiques utilisant des isozymes ont été utilisés dans plusieurs études pour identifier les accessions de palmiers dattiers (Baaziz and Saaidi, 1988 ; Bennaceur et al., 1991). Néanmoins, ces marqueurs ont des limites en raison de leur faible niveau de polymorphisme.

Pour but d'étudier la diversité génétique du palmier dattier en Algérie, deux principaux types de composés ; les flavonoïdes et les isoenzymes ont été évalués. Les composés phénoliques sont considérés comme des marqueurs biochimiques très utiles dans la comparaison qualitative et quantitative entre différents cultivars (Bouguedoura et al., 2015). De plus, des études biochimiques, y compris des analyses d'isozymes et d'activité des peroxydases, ont été utilisées pour caractériser les palmiers dattiers au Maroc et en Tunisie (Baaziz et Saaidi, 1988, Bendiab et al., 1998, Ould Mohamed Salem et al., 2001, Majourhat et al., 2002).

II.3.3- Caractérisation moléculaire au niveau de l'ADN:

Plusieurs marqueurs moléculaires, basés sur l'ADN, ont été utilisés pour étudier la diversité génétique et les relations phylogéniques entre les cultivars de palmiers dattiers. Ils ont la capacité de distinguer les cultivars étroitement apparentés. Des études antérieures ont été rapportées en utilisant des marqueurs différents de l'ADN comme par exemple : i) polymorphisme d'amplification aléatoire d'ADN par PCR (RAPD) ; (Sedra et al., 1998) au Maroc; (Trifi, et al., 2000 et Ben Abdallah, 2000) en Tunisie ; ii) polymorphisme d'amplification de fragments de DNA (AFLP) ; (Cao et Chao, 2002) aux USA (Californie) ; iii) et la répétition de séquences inter-simples (ISSR), AFLP et RAPD ; (Adawy et al., 2005) en Egypte. Ainsi, l'utilisation des ISSR et AFLP (Sabir et al., 2014), en Arabie Saoudite.

De plus, les répétitions de séquences simples (SSR), ou les marqueurs microsatellites se sont avérés très utiles et très puissants dans l'évaluation de la diversité génétique des plantes. Ils sont composés de répétitions en tandem de motifs mono-, di-, tri- ou tétranucléotidiques. Les répétitions peuvent aller de quelques unités à plusieurs dizaines (D. de vienne, 1998). Ils sont plus recommandés dans la discrimination entre les accessions en raison de leur degré élevé de polymorphisme, de leur hérédité co-dominante, de leur reproductibilité élevée, de leur nature multiallélique, de leur abondance relative et de leur vaste couverture génomique (Kalia et al., 2011). De ce fait, des marqueurs microsatellites ont été développés et isolés en se basant sur la construction de bibliothèques enrichies en microsatellites (microsatellite enriched-libraries), servant à la caractérisation et la discrimination des cultivars chez le palmier dattier (Billote et al., 2004; Akkak et al., 2009 ; Johnson et al., 2009 ; Arabnezhad et al., 2012 ; Al-faifi et al., 2016). Ultérieurement, après le séquençage de l'ensemble du génome de nombreux cultivars de palmiers dattiers, la disponibilité des données génomiques et des outils de bioinformatique a permis également d'identifier et de développer des marqueurs microsatellites utiles (Hamwiah et al., 2010; Zhao et al., 2013; Mokhtar et al., 2016; He et al., 2017).

La caractérisation par marqueurs microsatellites a prouvé son utilité et sa puissance dans l'évaluation de la diversité génétique du palmier dattier et des relations entre les cultivars dans divers pays phoénicoles; en Tunisie (Zehdi et al., 2004; Zehdi et al., 2012; Zehdi-Azouzi et al., 2016), au Soudan (Elshibli et Korpelainen, 2008; Elsafy et al., 2015), au Qatar (Ahmed et Al -Qaradawi, 2009; Elmeer et al., 2011; Elmeer and Mattat, 2015), en Irak (Khierallah et al., 2011), au Maroc (Bodian et al., 2014), en Lybie (Racchi et al., 2014)), au Nigéria (Yusuf et al., 2015), au Pakistan (Faqir et al., 2016; Naeem et al., 2018; Jamil et al., 2020). De plus, Chaluvadi et al., 2019) ont étudié la variation génétique de palmiers dattiers dans diverses collections de 13 pays producteurs. En Algérie, Akkak et al. (2009), ont utilisé des cultivars algériens dans leurs recherches pour caractériser et évaluer les loci des microsatellites isolés et sélectionnés. Moussouni et al., (2017) ont étudié la caractérisation génétique de 414 accessions (114 cultivars) originaires de 10 oasis algériennes (Biskra, Touggourt, Oued Souf, Ouargla, Ghardaia, Tamanrasset, El Menia, Timimoun, Adrar , Beni Abbes) en utilisant 15 marqueurs SSR, tandis que Simozrag et Laiadi, (2020) ont évalué la diversité génétique et les relations entre 80 accessions de cultivars mineurs et négligés de palmiers dattiers de la région de Biskra en utilisant 13 paires d'amorces SSR.

Tous ces travaux s'intéressent principalement aux cultivars femelles, cependant, l'étude du palmier dattier mâle ne concerne que quelques travaux rares. On peut citer l'investigation

menée par Ahmed et al; (2006) dont l'objectif était d'étudier l'identification de certains palmiers dattiers mâles égyptiens, inconnus, en se basant sur leur similitude génétique avec des variétés femelles, en utilisant des amorces spécifiques pour les gènes d'ARN ribosomal et marqueurs RAPD. Une autre étude utilisant de marqueurs SSR a été menée par Racchi et al. (2014) traitant la diversité génétique de 18 cultivars Libyens et des palmiers mâles afin de les attribuer à des cultivars femelles. El-Kadri et al., (2019), ont étudié la diversité génétique de 24 tunisiens palmier dattier mâles, provenant de différentes régions géographiques, par l'utilisation de marqueurs SSR. En outre, quelques autres études sur la diversité génétique du palmier dattier incluent certains palmiers mâles avec des palmiers femelles, on peut citer ; Zehdi et al. (2004), Elshibli et Korpelainen (2008), Rhouma et al. (2008), Zehdi et al. (2012). Par ailleurs, des investigations ont été réalisées moyennant des marqueurs SSR afin de déterminer le sexe du palmier dattier (Marker-assisted sex differentiation) (Elmeer and Mattat, 2012 ; Cherif et al., 2013 ; Maryam et al., 2016; Zhang et al., 2020).

Partie II

Matériel et méthodes

Chapitre I

Démarche méthodologique et Matériel végétal

Chapitre I. Démarche méthodologique et matériel végétal

I.1- Présentation de la région d'étude:

La région des Zibans se situe à l'est du pays (Biskra). Cette région s'étale sur une superficie de 21671,24 Km² et se situe à 87 m au-dessus du niveau de la mer, entre 34 ° 38 'et 35 ° 5' de latitude, et de 4 ° 56 'et 5 ° 35' de longitudes. Elle est caractérisée par la présence d'un climat aride et semi-aride. Elle est bordée au Nord par l'Atlas Saharien et au Sud par le bas-du Sahara, d'où vient son appellation «*La porte du Sahara*». Cette association des deux domaines morfo-structuraux différents lui offrent une formation d'un bassin fermé permettant à accueillir des réseaux hydro-géographiques importants provenant du Nord. C'est grâce à cette richesse en eaux souterraines que l'activité agricole de cette entité écologique s'est assurée essentiellement en l'exploitant (Aidaoui, 1994). La zone est considérée comme un pôle agricole par excellence (Bessaoud, 2019). Sa diversification sur le plan géographique et climatique lui offre une gamme diversifiée des productions agricoles entre la phoeniciculture, l'arboriculture (en montagne), la culture maraîchère (plasticulture), céréalière et industrielle. Elle est classée en premier rang, en Algérie, en matière de production du palmier dattier. En plus, elle assure le tiers des approvisionnements du pays en produits maraîchers (Bessaoud, 2019).

La superficie phoenicicole à Biskra est de 43851 ha et le potentiel phoenicicole est estimé à 4345000 palmiers productifs, assurant une production de 4723500 Qx (DSA-Biskra, 2018). On compte environ 2690000 palmiers pour le cultivar Deglet-Nour, ce qui représente 62% de la production dattière dans la région des Zibans en comparant avec d'autres cultivars. Pour les cultivars mâles (dokkars), aucune statistique n'est enregistrée (DSA-Biskra, 2018). Ce potentiel de production est essentiellement situé dans la zone du Zab Gherbi (Belguedj et al., 2008), là où se localise nos sites d'échantillonnage (M'lili et El-Hadjeb) (Figure 5).



Figure 5: Carte de l'Algérie et de la Wilaya de Biskra ; les zones d'échantillonnage sont indiquées par la couleur bleue et les points rouges

I.2- Matériel végétal

En se basant sur le savoir-faire des phoeniculteurs de la région, qui dénomment les pieds mâles du palmier dattier « pollinisateurs – dokkars » selon leur ressemblance phénotypique étroite avec les cultivars femelles, nous avons ciblé, six oasis partagées sur deux zones ; « El Hadjeb » et « M'lili » (Tableau 1). Au total, dix types de pollinisateurs, avec 33 accessions, portant des noms similaires à dix cultivars femelles parmi les plus cultivées de la région des Zibans, en plus d'un pollinisateur inconnu. En parallèle, pour les cultivars femelles, nous avons sélectionné « Deglet-Nour », important cultivar commercial, avec 13 accessions, et « Ghars », avec 03 accessions, l'un des premiers cultivars de palmier dattier utilisé dans la transformation des dattes.

Au total, 50 accessions ont été sélectionnées pour faire l'objet de l'étude de la caractérisation morphologique et moléculaire afin de répondre à la problématique en question. Ces

accessions sont tous au stade adulte ayant approximativement le même âge excepté DNM8 (Annexe 1).

Tableau 1: Dénomination, genre et origine géographique des 50 accessions collectées de la région des Zibans

Dénomination	Code	Genre	Nombre des pieds	Forme de spathe*	Site de collection	Coordonnées GPS	
Dokkar Deglet-nour	DNM	Mâle	8	Lanceolée	El Hadjeb (3 pieds)	34.7775855	5.6375651
					M'lili (5 pieds)	34.651145	5.524592
						34.651942	5.527182
						34.653653	5.533813
						34.650924	5.533631
Dokkar Ghars	GHM	Mâle	3	Gonflée	El Hadjeb	34,7775855	5,6375651
Dokkar Mech-degla	MDM	Mâle	3	Gonflée	El Hadjeb	34,7775855	5,6375651
Dokkar Itima	TMM	Mâle	3	Gonflée	El Hadjeb	34,7775855	5,6375651
Dokkar Safray	SFM	Mâle	3	Fusiforme	M'lili	34,6163579	5,5659109
Dokkar Hamray	HMM	Mâle	3	Fusiforme	M'lili	34,6163579	5,5659109
Dokkar Arehti	ACHM	Mâle	3	Fusiforme	M'lili	34,6163579	5,5659109
Dokkar Halwa	HLWM	Mâle	3	Fusiforme	M'lili	34,6163579	5,5659109
Dokkar Thouri	THRM	Mâle	3	Fusiforme	M'lili	34,6163579	5,5659109
Dokkar Horra	HORM	Mâle	1	Fusiforme	M'lili	34,6163579	5,5659109
Cultivar Deglet-Nour	DNF	Femelle	13	Lanceolée	El Hadjeb (6 pieds)	34,7775855	5,6375651
					M'lili (7 pieds)	34.650924	5.533631
Cultivar Ghars	GHF	Femelle	3	Gonflée	El Hadjeb	34,7775855	5,6375651
Pied inconnu	UNK	Mâle	1	/	M'lili	34,6163579	5,5659109

*Basé sur les descripteurs d'IPGRI (International Plant Genetic Resource Institute) (2005).

Chapitre II

Caractérisation morphologique

Chapitre II. Caractérisation morphologique

La caractérisation morphologique du palmier dattier est assez délicate. Comme l'un de nos objectifs était d'identifier les similarités entre les pieds mâles et femelles des cultivars les plus produits et commercialement les plus importants à savoir « Deglet-Nour » et « Ghars », nous nous sommes concentrés sur l'étude des inflorescences mâles pour la partie reproduction, et pour la partie végétative, nous avons sélectionné le stipe et les palmes (Annexe 1).

II.1- Echantillonnage :

Notre choix des accessions mâles étudiés était basé sur la disponibilité des pieds ayant le même âge, la disponibilité des répétitions pour chaque type, mais surtout présentant une forte ressemblance en terme d'aspect morphologique similaire aux cultivars femelles portant la même dénomination. De ce fait, deux majeures contraintes ont été retrouvées lors de notre prospection :

- La rareté des dokkars : en effet, la disponibilité des pieds mâles est très faible et elle ne représente pratiquement que 1 à 2% par rapport aux pieds femelles dans les oasis.
- Les dokkars trouvés ne sont pas tous identifiés selon leur aspect morphologique. La plupart sont inconnus. Les phoeniciculteurs ne s'intéressent pas à les dénommer car la plupart utilisent du pollen d'origines différentes pour assurer la pollinisation en pensant qu'il n'y'a pas de différence.

II.1.1- Partie végétative :

L'échantillonnage a été fait de la même façon sur des pieds mâles et femelles sélectionnés lors des prospections. Pour les pieds mâles, le nombre de répétitions était de 3 pieds par type de dokkar dans l'ensemble, néanmoins pour mâles Deglet-Nour étaient 07 pieds. Tandis que, pour le cultivar Deglet-Nour femelles, 13 individus ont été sélectionnés avec 03 autres individus du cultivar Ghars femelles. Pour chaque pied, pratiquement, 02 palmes ont été prélevées pour faire la caractérisation morphologique de la partie végétative (Tableau 2).

Notons que cette caractérisation de la partie végétative n'a pas pu être appliquée, malheureusement, sur les pieds de dokkars de la palmeraie de M'lili (SFRM, HMM, THRM,

HORM, ACHM, UNK). Ces pieds ont été jugés qu'ils sont de mauvaise qualité, par leur propriétaire, qui a procédé à leur arrachage.

II.1.2- Partie reproduction:

Seuls les pieds mâles sont concernés par l'étude de cette partie. Des inflorescences mâles matures ont été prélevées en les coupant au ras, le maximum possible, proche de leur point d'insertion à l'arbre. Selon les phoeniculteurs, on estime que les inflorescences mâles sont mûres et bonne à prélever, lorsqu'on entend un crissement caractéristique en comprimant le tégument de la spathe entre les doigts. Dix types de dokkars identifiés, ayant la même dénomination que des cultivars femelles connus, ont fait l'objet de l'échantillonnage en raison de 03 inflorescences par pieds (Tableau 1). Notons que 09 dokkars, n'ont pas été caractérisés pour la partie reproduction en raison du manque de disponibilité de leurs inflorescences (Annexe 01).

Nous signalons ici que nous n'avons pas pu caractériser les inflorescences femelles et ce pour des raisons financières. En fait, les phoeniculteurs n'acceptent pas de sacrifier des inflorescences femelles, qui sont les futurs régimes de fruits qu'il ne fallait pas les perdre.

II.2- Méthodologie de travail :

II.2.1- Descripteurs végétatifs :

Un ensemble de vingt-sept caractères quantitatifs ont été évalués, sur le stipe et la palme avec ses quatre composantes ; pétiole, rachis, épines et pennes (Tableau 2). Deux palmes ont été prélevées de la couronne moyenne pour chaque pied. L'indice d'espacement de base des pennes a été calculé selon la formule suivante (Figure 6):

$$\text{Indice} = (a+b+c)/d$$

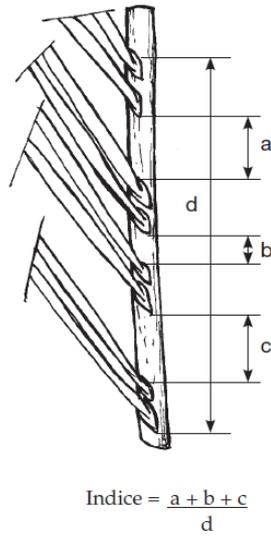


Figure 6: Indice d'espacement de base des penes (IPGRI, 2005)

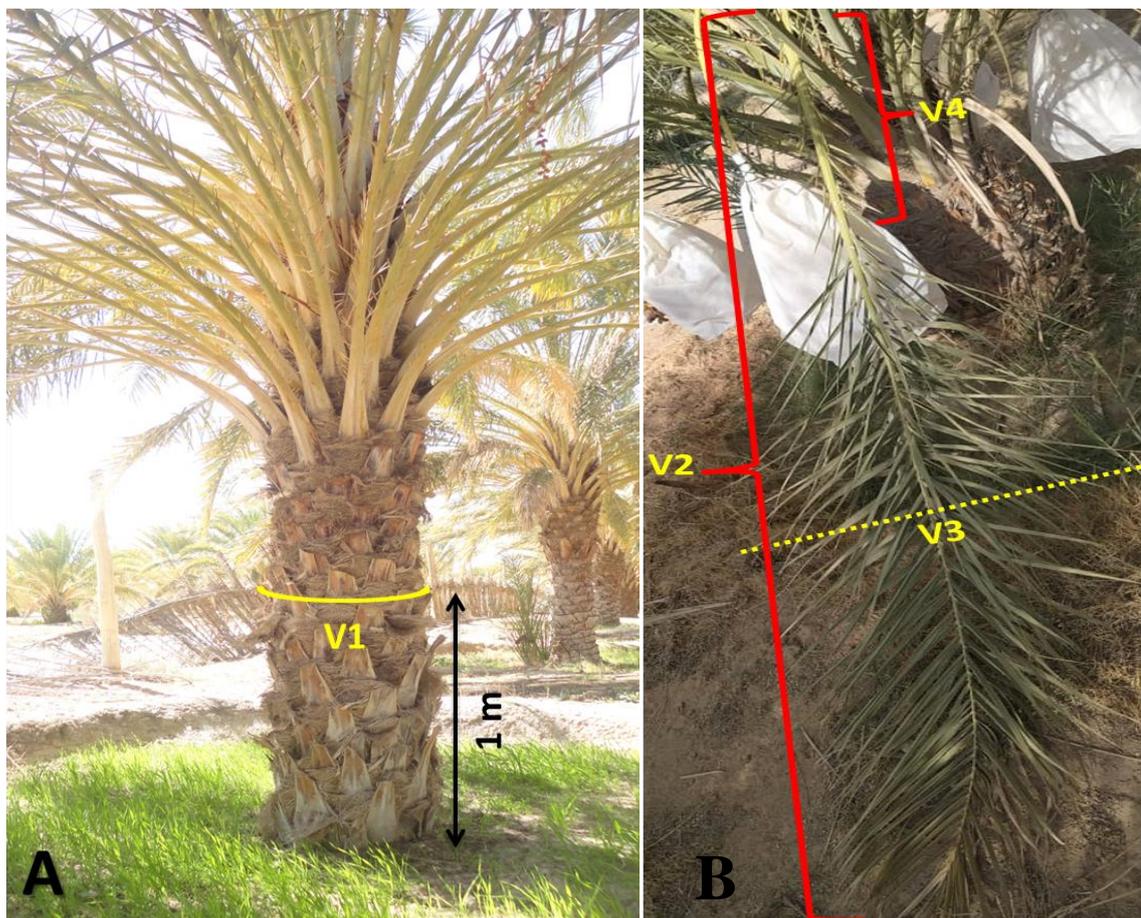


Figure 7: Illustration de quelques caractères végétatifs étudiés (A) stipe et (B) palme

Tableau 2: Descripteurs végétatifs et détails de mesure pour la caractérisation morphologique de la partie végétative

Code	Caractères végétatifs	Détails de mesure	Référence
V1	Circonférence du stipe (cm)	Mesuré à 1 m du sol	MOCAF*
V2	Longueur totale de la palme (cm)	Depuis le point d'insertion jusqu'à l'apex de la penne apicale	IPGRI**
V3	Largeur maximale de la palme (cm)	Au milieu de la partie des pennes	IPGRI**
V4	Long. de la partie épineuse de la palme (cm)	Depuis le point d'insertion jusqu'à la 1ère penne	IPGRI**
V5	Largeur du rachis (mm)	En bas de la palme entre la dernière épine et la première penne	IPGRI**
V6	Epaisseur du rachis (mm)	En bas de la palme entre la dernière épine et la première penne	IPGRI**
V7	Largeur de la palme à la base de pétiole (cm)	Au point d'insertion	IPGRI**
V8	Nombre moyen d'épines des deux côtés	/	IPGRI**
V9	Nombre d'épines solitaires	/	IPGRI**
V10	Nombre d'épines groupé en 2	/	IPGRI**
V11	Nombre d'épines groupé en 3	/	IPGRI**
V12	Epaisseur max. de l'épine de milieu (mm)	Au milieu de la partie épineuse	IPGRI**
V13	Long. max. de l'épine au milieu de la p. épineuse (mm)	Au milieu de la partie épineuse	IPGRI**
V14	Nombre moyen de pennes par palme	/	IPGRI**
V15	Nombre de pennes solitaires	/	IPGRI**
V16	Nombre de pennes groupées en 2	/	IPGRI**
V17	Nombre de pennes groupées en 3	/	IPGRI**
V18	Nombre de pennes groupées en 4	/	IPGRI**
V19	Nombre de pennes groupées en 5	/	IPGRI**
V20	Nombre de pennes internes	Nombre de pennes dirigées vers le bas	IPGRI**
V21	Nombre de pennes intermédiaires	Nombre de pennes médianes	IPGRI**
V22	Nombre de pennes externes	Nombre de pennes dirigées vers le haut	IPGRI**
V23	Long. Max. de penne du milieu (cm)	Au milieu de la partie pennée	IPGRI**
V24	Larg. Max. de penne du milieu (cm)		IPGRI**
V25	Indice d'espacement= a+b+c/d	Au milieu de la partie pennée	IPGRI**
V26	Longueur de la penne apicale (cm)	/	IPGRI**
V27	Largeur maximale de la penne apicale (cm)	/	IPGRI**

MOCAF*: Protocole MOCAF (MOdélisation de la Croissance, de l'Architecture et de la Floraison) de l'AMAP-CIRAD (2013).

IPGRI**: Descripteurs du palmier dattier établi par *International Plant Genetic Resources Institute* (2005).

II.2.2- Descripteurs de la partie reproduction :

Un ensemble de quarante (40) caractères quantitatifs ont été évalués sur la spathe et ses trois composantes principales : rachis, pédoncule et épillet (Tableaux 3, 4, 5 et 6 ; et Figure 8). Trois inflorescences mûres ont été prélevées par pied, en plein période de pollinisation (en Mars et Avril).

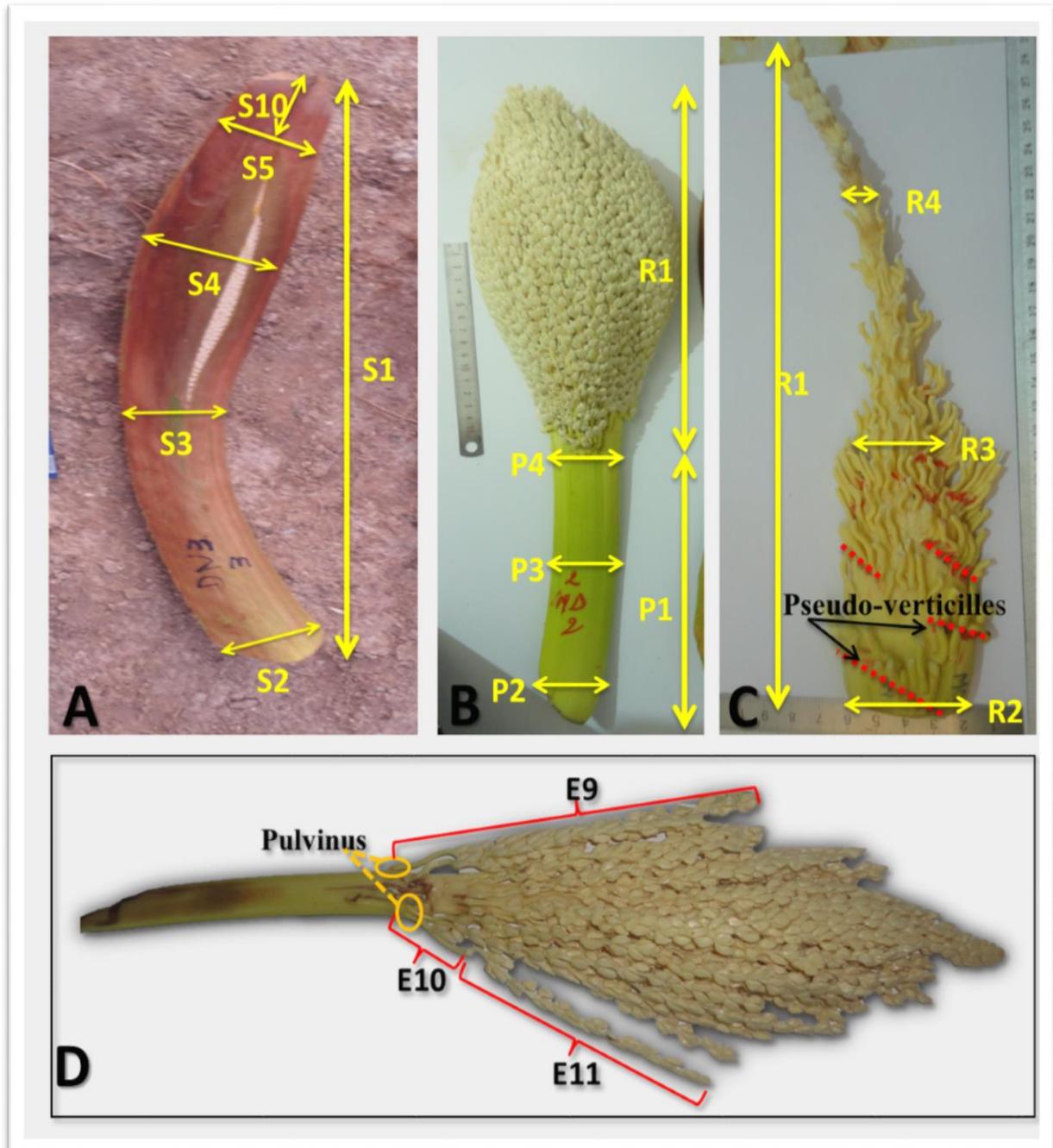


Figure 8: Illustration de quelques caractères reproducteurs étudiés chez le dokkar. (A) spathe, (B) rachis et pédoncule, (C) rachis dégagé des épillets, (D) rachis portant des épillets. S1: Longueur totale de la spathe (cm) , S2: Largeur-base insertion (cm), S3: Largeur-base renflement (cm), S4: Largeur-milieu (cm), S5: Largeur-extrémité (cm), S10: Distance apicale (cm), P1: Longueur totale du pédoncule (cm), P2: Largeur-base (cm), P3: Largeur-milieu (cm), P4: Largeur-extrémité (cm), R1: Longueur totale du rachis (cm), R2: Largeur-base (mm), R3: Largeur-milieu (mm), R4: Largeur-extrémité (mm), E9 : Longueur totale de l'épillet, E10: Longueur de la partie stérile , E11: Longueur de la partie fertile .

II.2.2.1- La spathe :

Les inflorescences qui ont servi d'échantillons pour notre étude ont été coupées à la base d'insertion sur leurs pieds et pesées immédiatement, puis des mesures morpho-métriques ont été effectuées pour la longueur, la largeur, la hauteur et la distance apicale de la spathe (Figure 8, A). Les mesures de largeurs et de hauteurs de la spathe ont été évaluées sur quatre points de contrôle à savoir ; la base juste au point d'insertion, la base au niveau du renflement visible en bas, le milieu et l'extrémité de la spathe. La distance apicale a été estimée par la mesure en longueur entre l'extrémité du renflement visible en haut et l'apex de la spathe (Tableau 3).

Tableau 3: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique de la spathe

Code	Caractères de la spathe	Détails de mesure	Référence
S1	Longueur totale de la spathe (cm)	Depuis la base d'insertion à la plante jusqu'à l'extrémité de la spathe	IPGRI*
S2	Largeur-base insertion (cm)	A la base juste au point d'insertion	proposé**
S3	Largeur-base renflement (cm)	A la base au niveau du renflement visible en bas	proposé**
S4	Largeur-milieu (cm)	Au milieu de la spathe	IPGRI*
S5	Largeur-extrémité (cm)	A l'extrémité de la spathe	proposé**
S6	Hauteur-base insertion (cm)	A la base juste au point d'insertion	proposé**
S7	Hauteur-base renflement (cm)	A la base au niveau du renflement visible en bas	proposé**

S8	Hauteur-milieu (cm)	Au milieu de la spathe	IPGRI*
S9	Hauteur-extrémité (cm)	A l'extrémité de la spathe	proposé**
S10	Distance apicale (cm)	La distance en longueur entre l'extrémité du renflement visible en haut et l'apex de la spathe	proposé**
S11	Poids (g)	/	(Babahani, 2011)

IPGRI*: descripteurs du palmier dattier établi par *International Plant Genetic Resources Institute* (2005)

Proposé par nous-même **: Suite à des observations visuelles lors de nos prospections sur terrain, nous avons supposé que ces mesures pourraient être utiles dans la discrimination entre accessions.

II.2.2.2- Le rachis :

Une fois l'étude morpho-métrique de la spathe a été réalisée, nous avons tout d'abord enlevé ses bractées (l'enveloppe extérieure qui couvre l'inflorescence) et coupé soigneusement au point juste avant l'insertion du 1^{er} épillet en bas, afin de séparer le pédoncule du rachis, et puis pesé le rachis. Ensuite, tous les épillets ont été coupés à leurs bases d'insertion (y compris l'épillet terminale, car le rachis lui-même se termine généralement par un épillet) de façon à dégager le rachis, et les caractérisé (Figure 8, C). Les mesures de largeurs et de hauteurs du rachis ont été évaluées sur trois points de contrôle à savoir : la base, le milieu et l'extrémité (Tableau 4).

Tableau 4: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique du rachis

Code	Caractères du rachis	Détails de mesure	Référence
R1	Longueur totale du rachis (cm)	Depuis l'insertion du 1er épillet jusqu'à l'insertion de l'avant dernier épillet	<i>MOCAF*</i>
R2	Largeur-base (mm)	A la base du rachis	<i>MOCAF*</i>
R3	Largeur-milieu (mm)	Au milieu du rachis	<i>proposé**</i>
R4	Largeur-extrémité (mm)	A l'extrémité du rachis	<i>proposé**</i>
R5	Hauteur-base (mm)	A la base du rachis	<i>MOCAF*</i>
R6	Hauteur-milieu (mm)	Au milieu du rachis	<i>proposé**</i>

R7	Hauteur-extrémité (mm)	A l'extrémité du rachis	<i>proposé**</i>
R8	Poids (g)	/	<i>proposé**</i>

MOCAF*: protocole MOCAF (MODélisation de la Croissance, de l'Architecture et de la Floraison) de l'AMAP-CIRAD (2013)

Proposé par nous-même**: Suite à des observations visuelles lors de nos prospections effectuées sur terrain, nous avons supposé que ces mesures pourraient être utiles dans la discrimination entre accessions.

II.2.2.3- Le pédoncule :

Les inflorescences ont été coupées le plus ras possible proche du stipe. Pour la mesure de la longueur totale du pédoncule, même la partie restante sur le stipe a été mesurée en enfonçant la règle entre le stipe et l'inflorescence en question. Des mesures de longueurs et de hauteurs ont été réalisées sur trois points de contrôle ; base, milieu et extrémité (Tableau 5; Figure 8, B).

Tableau 5: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique du pédoncule

Code	Caractères du pédoncule	Détails de mesure	Référence
P1	Longueur totale du pédoncule (cm)	Depuis le point d'insertion sur le stipe jusqu'à l'insertion du 1er épillet	<i>MOCAF*</i>
P2	Largeur-base (cm)	A la base de la partie visible du pédoncule	<i>MOCAF*</i>
P3	Largeur-milieu (cm)	Au milieu	<i>MOCAF*</i>
P4	Largeur-extrémité (cm)	A l'extrémité avant l'insertion du 1er épillet	<i>MOCAF*</i>
P5	Hauteur-base (cm)	A la base de la partie visible du pédoncule	<i>MOCAF*</i>
P6	Hauteur-milieu (cm)	Au milieu	<i>MOCAF*</i>
P7	Hauteur-extrémité (cm)	A l'extrémité avant l'insertion du 1er épillet	<i>MOCAF*</i>

MOCAF*: protocole MOCAF (modélisation de la croissance, de l'architecture et de la floraison) de l'AMAP-CIRAD (2013).

II.2.2.4- L'épillet :

Avant de couper les épillets pour dégager le rachis, un repérage des pseudo-verticilles a été effectué (Figure 8, C). Par définition, un pseudo-verticille c'est un ensemble d'épillets disposés côte à côte, soit à la même distance, soit de façon strictement monotone, c'est-à-dire, le plus bas et le haut constituent les épillets extrêmes du pseudo-verticille au plan radial (Zango, 2012) (Figure 8, C). Le choix d'un épillet par pseudo-verticille a été appliqué pour réaliser les mesures morpho-métriques. Par la suite, la moyenne par rapport au nombre de pseudo-verticilles a été estimée pour chaque inflorescence.

La longueur de l'épillet est décrite en trois types : 1) la longueur dite totale qui est la longueur depuis le point d'attache de l'épillet sur le rachis jusqu'à son apex, 2) la longueur de la partie stérile qui est la longueur depuis le point d'attache de l'épillet sur le rachis jusqu'à l'insertion de la 1^{ère} fleur sur l'épillet, cette partie ne porte aucune fleur, et 3) la longueur fertile, qui est la partie qui porte les fleurs, obtenue par soustraction des deux premières longueurs (totale et stérile) (Tableau 6 ; Figure 8, D).

Tableau 6: Descripteurs utilisés et détails de mesure pour la caractérisation morphologique de l'épillet

Code	Caractères de l'épillet	Détails de mesure	Référence
E1	Nombre total des épillets	Sur le rachis en entier	IPGRI*
E2	Longueur de l'épillet le plus long (cm)	/	IPGRI*
E3	Longueur de l'épillet le plus court (cm)	/	IPGRI*
E4	Nombre de fleurs par épillet le plus long	/	IPGRI*
E5	Nombre de fleurs par épillet le plus court	/	IPGRI*
E6	Nombre de pseudo-verticilles	/	MOCAF**
E7	Nombre moyen d'épillet par pseudo-verticille	/	MOCAF**
E8	Nombre moyen de fleurs par épillet	Pour chaque épillet / pseudoverticille	MOCAF**
E9	Longueur moyenne totale de l'épillet (cm)	/	MOCAF**
E10	Longueur moyenne stérile (cm)	Longueur moyenne de la partie stérile de l'épillet	MOCAF**

E11	Longueur moyenne fertile (cm)	Longueur moyenne de la partie fertile de l'épillet	<i>MOCAF**</i>
E12	Diamètre-base épillet (mm)	A la base de l'épillet juste après le pulvinus***	<i>MOCAF**</i>
E13	Diamètre-base fertile (mm)	Juste avant l'insertion de la 1ère fleur sur l'épillet	<i>MOCAF**</i>
E14	Diamètre à 10cm (mm)	Après 10 cm de la base de la partie fertile	<i>MOCAF**</i>

IPGRI*: Descripteurs du palmier dattier établi par *International Plant Genetic Resources Institute* (2005)

MOCAF**: Protocole MOCAF (MOdélisation de la Croissance, de l'Architecture et de la Floraison) de l'AMAP-CIRAD (2013)

pulvinus*** : Est un renflement situé à la base de l'épillet correspondant à la zone différenciée qui constitue l'articulation de l'épillet avec le rachis (Figure 8, D).

Chapitre III

Caractérisation moléculaire

Chapitre III. Caractérisation moléculaire

III.1- Méthode d'échantillonnage :

Afin d'étudier la diversité génétique, sur le plan moléculaire, entre quelques dokkars du palmier dattier sur la région des Zibans (Figure 5) et d'identifier ceux qui sont les plus proches du cultivar femelle « Deglet-Nour », dix types de pollinisateurs, avec des répétitions (Tableau 1), soit 33 accessions, en plus, d'un pollinisateur sans dénomination ont été choisis. Les dokkars ont été nommés par les noms des cultivars femelles auxquels ils ressemblent fortement sur le plan morphologique, en se basant sur le savoir-faire des phoeniculteurs. En parallèle, deux cultivars femelles, ont été sélectionnés « Deglet-Nour », important économiquement, avec 13 accessions, et « Ghars », l'un des premiers cultivars de palmier dattier utilisés dans la transformation des dattes, avec 03 accessions. Au total, 50 accessions de palmier dattier mâles et femelles ont été sélectionnées et échantillonnées sur deux sites ; El-Hadjeb et M'lili (réparties en 06 oasis). Le prélèvement de jeunes folioles saines à partir des pieds adultes a été réalisé. Les folioles ont été lyophilisées au laboratoire et conservées, par la suite, à -20°C.

III.2- Les microsatellites utilisés :

En se basant sur leur polymorphisme et leur qualité des profils d'amplification, 25 marqueurs microsatellites ont été choisis parmi ceux qui ont été développés, en particulier, pour le palmier dattier *Phoenix dactylifera* dans des études précédentes (Billotte et al., 2004; Akkak et al., 2009; Hamwiah et al., 2010) répartis en 03 séries (Tableau7);

La 1^{ère} série comprends 07 microsatellites parmi ceux développés par Billotte et al., 2004 : mPdCIR10, mPdCIR25, mPdCIR50, mPdCIR93, mPdCIR57, mPdCIR32, mPdCIR35.

La 2^{ème} série comprends 12 microsatellites parmi ceux développés par Akkak et al., 2009 : PDCAT1, PDCAT2, PDCAT3, PDCAT5, PDCAT6, PDCAT8, PDCAT10, PDCAT12, PDCAT14, PDCAT17, PDCAT18, PDCAT21.

La 3^{ème} gamme comprends 06 microsatellites parmi ceux développés par Hamwiah et al., 2010 : DP159, DP160, DP168, DP169, DP170, DP171.

Tableau 7: Description des paires d'amorces SSR utilisées

N°	SSR	Motif répété	séquence d'amorce (5'-3')	Température d'hybridation (°C)	Intervalle de taille d'allèle (bp)
1	MPdCIR 10 ^a	(GA) ₂₂	F: ACCCCGGACGTGAGGTG R: CGTCGATCTCCTCCTTTGTCTC	60	105-169
2	MPdCIR 25 ^a	(GA) ₂₂	F: GCACGAGAAGGCTTATAGT R: CCCCTCATTAGGATTCTAC	51	206-244
3	MPdCIR32 ^a	(GA) ₁₉	F: CAAATCTTTGCCGTGAG R: GGTGTGGAGTAATCATGTAGTAG	54	280-297
4	MPdCIR35 ^a	(GA) ₁₅	F: ACAAACGGCGATGGGATTAC R: CCGCAGCTCACCTCTTCTAT	54	182-203
5	MPdCIR 50 ^a	(GAA) ₉	F: CTGCGCCAATCTAAACCATT R: GCAAATTGCAACAAATCCTTG	50	159-206
6	MPdCIR 57 ^a	(GA) ₂₀	F: AAGCAGCAGCCCTTCCGTAG R: GTTCTCACTCGCCCAAAAATAC	55.4	260-276
7	MPdCIR93 ^a	(GA) ₁₆	F: CCATTTATCATTCCCTCTCTTG R: CTTGGTAGCTGCGTTTCTTG	Touchdown from 60*	168-188
8	DP 159 ^b	(TC) ₂₇	F: AGCTCCAATTTGCTGCAGAG R: GCTGACCTGGAGTCCAAAAC	55	101-156
9	DP 160 ^b	(GAAA) ₅	F: AAGAGCGACAATCATGACCA R: GGAAATTGAAGGGCATCTTG	58	196-211
10	DP 168 ^b	(CAT) ₈	F: GCAGCAAAGCCCTTAGGC R: GGTGTTATGTGCAGCCAATG	55	205-217
11	DP 169 ^b	(AAT) ₁₂	F: GCATGGACTTAATGCTGGGTA R: GGTTTTCTGCCAACAACAT	58	210-227
12	DP 170 ^b	(AGGG) ₅	F: TCTTTGGGCTTACGACAACC R: GTATGGCCCAAGATGCAGAT	56	205-215
13	DP 171 ^b	(TTC) ₁₀	F: GTGGGAGTAGCGAGGTATGG R: GTCCGGCACTTTAGGAAGTT	56	200-242
14	PDCAT 1 ^c	(TC) ₂₁	F: CTGAAATCTCTGTTCAAATCC R: AGTTTGGATCTATTTGTGAGTTATTTTCTTT	54	79-133
15	PDCAT 2 ^c	CTCGCTG(TC) ₃ (TC) ₃ T(TC) ₃ (TTC) ₃ T(TC) ₄ T	F: GGCCTTCTCTCCCTAATGGG R: AGTTTCTTGCCCTGTTCTTTCCCTC	54	145-196

		TCTGTCC			
16	PDCAT 3°	CT) ₃ CG(CT) ₃ (CA) ₈ - (GT) ₃ (CA) ₄	F:CAAGGATAGGTGTGATGACC R:ACCGTTTGTCCCTTTAACTTCTTGCTGGAATT	54	221-225
17	PDCAT 5°	CG(TC) ₁₆ T(TC) (AG) ₁₆	F:GGCCCGTCCTTGGATTAGAGC R:TACGTTGTCCCGTCAATTGG	54	67-87
18	PDCAT 6°	(CA) ₁₄ (GA) ₂₃	F:AATCAGGGAAACCACAGCCA R:GTTTAAAGCCTTCTCAAGATAGCCTCAG	54	122-149
19	PDCAT 8°	(TC) ₁₆	F:GCTTAAAGTGGTTAGTTGCCAA R:GTTTGGCAGAAGTATTGAAAAGTTGA	54	202-238
20	PDCAT 10°	(TC) ₁₆	F:CACTGCTCCTGTTGCCCTGTT R:GTAGAAGGGCAGAGGACGG	54	93-111
21	PDCAT 12°	(CT) ₁₉	F:CATCGTTGATTCTTAACCCCT R:CGTTTAGATCTTGCATGGCAACGC	54	132-167
22	PDCAT 14°	(TC) ₁₉ (TC) ₁₆	F:TGCTGCAAATCTAGGTCACGAG R:TTTACCCCTCGGCCAAATGTAA	54	121-144
23	PDCAT 17°	(GA) ₂₁	F:CAGCGGAGGGTGGGCCCTCGTT R:TCTCCATCTCCCTTTTCTTGCTACTC	54	115-137
24	PDCAT 18°	(CT) ₁₃ G(CT) ₈ CG(CT)) ₃ CG(CT) ₃	F:CCTAAACCTGAATGAATCAAAG R:CAACTAACATAAGGACAGTGCT ATGTGATTG	54	101-127
25	PDCAT 21°	(GA) ₅ T(GA) ₂ TA(GA) ₂ GC(GA) ₅ (GT) ₇	F:GTGTTTGAAGATTGATTTTGT R:GTTATGAGGTTTCGAACTATAGGCATGCACAATAGTATATTG	54	143-150

^a Microsatellites SSR développés par Billote et al. (2004)

^b Microsatellites SSR développés par Hamwih et al. (2010)

^c Microsatellites SSRs développés par Akkak et al. (2014)

* Programme Touchdown: une dénaturation initiale de 15 min à 95°C suivie par 4 étapes: **Etapes1- 3** cycles normaux : 94°C pendant 1 min, 60°C pendant 90s et 72°C pendant 2 min ; **Etape 2- 10** cycles touchdown; 94°C pendant 1 min, 60°C – (0,3°C/cycle) pendant 90s et 72°C pendant 2 min ; **Etape 3- 20** cycles touchdown; 94°C pendant 1 min, 57°C – (0,2°C/cycle) pendant 90s et 72°C pendant 2 min ; **Etape 4- 5** cycles normaux : 94°C pendant 1 min, 50°C pendant 90s et 72°C pendant 2 min. Ces étapes ont été suivies d'une extension finale à 72°C pendant 90 min..

III.3- Méthodes d'analyses

III.3.1- Extraction de l'ADN génomique :

De jeunes feuilles saines ont été collectées à partir de 50 accessions, puis, elles ont été lyophilisées et broyées en une poudre fine avec de l'azote liquide et du dioxyde de silicium. L'ADN génomique total a été extrait à partir de 100 mg de feuilles broyées en utilisant la méthode CTAB modifiée (Benbouza et al., 2006a). Le contrôle de la qualité et de l'intégration de l'ADN a été vérifié par électrophorèse sur gel d'agarose (1%). En plus, l'estimation de la concentration et de la pureté a été faite par spectrophotométrie à l'aide d'un Nanodrop 2000c (Thermo Scientific, Willington, USA). Les échantillons d'ADN génomique extraits et purs ont été dilués à 50 ng/ μ l dans du tampon TE (Tris-HCl 10 mM, EDTA 0,1 mM) et conservés à froid jusqu'à utilisation.

III.3.2- Amplification par PCR

Pour les deux séries des microsatellites sélectionnées à partir de ceux publiés par Billotte et al. (2004) et Hamwieh et al. (2010), l'amplification par PCR a été réalisée dans un mélange réactionnel total de 25 μ l contenant: 50 ng d'ADN génomique (5 μ L), 1X Green GoTaq® Flexi Buffer (Promega, Madison, USA), 2 mM de MgCl₂, 0,2 mM de dNTP (Qiagen, Venlo, Pays-Bas), 0,625 unité de polymérase GoTaq®G2 Hot Start (Promega, Madison, USA) et 0,2 μ M de chacune des paires d'amorces (Forward et reverse). L'amplification a été réalisée dans un thermocycleur VERITI 96 Well Fast (Applied Biosystems, USA). Différentes conditions d'amplification ont été appliquées selon les paires d'amorces.

- ***Pour la série des 6 microsatellites développés par (Billotte et al., 2004) :*** les conditions d'amplification utilisées étaient comme suit: une étape de dénaturation initiale à 94 ° C pendant 3 min, suivie par; 1) 10 cycles de : dénaturation à 94 ° C pendant 20 s, hybridation de l'amorce à sa température spécifique pendant 1 min et puis une extension à 72 ° C pendant 30 s, ensuite, 2) 25 cycles de : dénaturation pendant 30 s à 94 ° C, hybridation pendant 30 s à 53 ° C et puis extension à 72 ° C pendant 30s. A la fin, une dernière étape de prolongation à 72 ° C pendant 8 min.
- ***Les conditions d'amplification par PCR- pour la série des 7 microsatellites développé par (Hamwieh et al., 2010) étaient comme suit:*** une première étape de dénaturation à 95°C pendant 5 min, suivie de 35 cycles de : dénaturation à 95 ° C pendant 15 s,

hybridation de l'amorce à sa température de fusion pendant 15s et puis, une extension à 72 ° C pendant 30s, puis, à la fin, une extension finale de 5 min à 72 ° C.

Cette partie a été réalisée aux laboratoires de biologie moléculaire et d'électrophorèse au niveau de centre de recherche en biotechnologie (CRBt) en Algérie.

- ***Pour la troisième série de 12 paires d'amorces SSR de Akkak et al., (2009) :*** des amplifications par PCR ont été réalisées dans un mélange réactionnel total de 20 µl contenant: 50 ng d'ADN génomique (5 µL), 0,5 unité de polymérase AmpliTaq Gold (Applied Biosystems) , 1 x tampon PCR (Tris-HCl 100 mM, pH 8,3, KCl 500 mM), 1,5 mM MgCl₂, 200 µM dNTP et 0,5 µM de chacune des paires d'amorces (Forward et reverse). Des PCR multiplex, de deux ou trois paires d'amorces à la fois, ont été effectuées dans une même réaction.

Le profil thermique d'amplification PCR (Akkak et al., 2009) était: une dénaturation initiale de 9 min à 95 ° C, suivi de 28 cycles de : 1) dénaturation pendant 30 s à 95 ° C, hybridation d'amorce pendant 45 s à 55 ° C et une extension pendant 1 min à 72 ° C et, puis, une étape d'élongation finale de 45 min à 72 ° C. Chacune des paires d'amorces de l'avant (Forward) ont été marquées avec un fluorochrome (6-FAM, HEX, NED et PET). Les amplifications ont été effectuées dans un thermocycleur T100TM Bio-Rad.

Cette partie a été réalisée au laboratoire de biotechnologie appliquée aux arbres fruitiers au niveau de Département des sciences de l'agriculture, de l'alimentation et de l'environnement, Université de Foggia à l'Italie.

III.3.3- Révélation et lecture des bandes amplifiées

Pour les deux premières séries des microsatellites (Billotte et al., 2004, Hamwiah et al., 2010), une révélation des profils des bandes d'ADN amplifiées a été réalisée sur un gel de polyacrylamide à 6%, un volume de tampon de charge (95% formamide, 20 mM EDTA, 0,5% (p / v) bleu de bromophénol, xylène cyanol) a été mélangé avec le même volume de chaque produit PCR. Les mélanges ont été dénaturés à 95 ° C pendant 5 min. Ensuite, 5 µL de chacun d'eux a été chargé sur le gel, puis, une électrophorèse a été effectuée avec une unité d'électrophorèse verticale (Apelex "H Vertigel 2") à 1000 v pendant 2-3 heures dans un tampon TBE 1X. Le marqueur de taille d'ADN de 10 pb (Gene On, USA) a été utilisé comme référence de poids moléculaire. Le gel a été coloré avec une méthode au nitrate d'argent décrite par (Benbouza et al., 2006b). La visualisation des profils de bandes d'ADN a été

réalisée en utilisant le système de documentation de gel BioRadGel DOC TMXR + et le logiciel, Image lab 5.1, a été utilisé pour repérer et mesurer la taille précise des bandes amplifiées pour chaque génotype.

En ce qui concerne la troisième série des couples d'amorces développées par Akkak et al., (2009), les produits d'amplification PCR ont été vérifiés sur un gel d'agarose 2% et puis analysés par un séquenceur Abi-Prism 3130 (Applied Biosystems). Un volume de 0.7 μ L de chaque produit PCR a été mélangé avec 10 μ L de formamide Hi-Di et 0,3 μ L de marqueur de taille GS500LIZ, suivi d'une dénaturation à 90° C pendant 4-5 min. Les amplifias ont ensuite été déposés directement sur la glace et puis ont été lancé au séquenceur. Le génotypage a été estimé en lisant les pics avec le logiciel Gene Mapper (version 4.0) (Applied Biosystems).

Chapitre IV

Traitements des données morphologiques et moléculaires

Chapitre IV. Traitements des données morphologiques et moléculaires

IV.1- Traitements des données morphologiques

- **Analyses descriptives :** Pour chaque variable des données végétatives et de reproduction, des dokkars et/ou cultivars, trois paramètres ; la moyenne (*paramètre de position*), l'écart-type (SD) et le coefficient de variation (CV) (*paramètres de dispersion*) ont été calculés. Ces paramètres permettent de mieux présenter et traiter les données observées et de chiffrer leur variabilité autour d'un paramètre de position.
- **Tests paramétriques (ANOVA) et non paramétriques (Kruskal-Wallis) :** En effet, pour procéder à l'analyse de variance (ANOVA), on doit tout d'abord s'assurer de ses conditions d'application ; 1- Indépendance des échantillons qui font l'objet de l'étude, 2- les populations étudiées doivent suivre une distribution normale, et 3- les variances des populations doivent être toutes égales (homoscedasticité). De ce fait, les variables étudiées ont été subdivisées en deux groupes ; ceux remplissant les conditions suscitées ont été traitées par ANOVA, tandis que celles qui ne remplissaient pas les conditions requises de l'ANOVA, elles ont été traitées par le test Kruskal-Wallis.
- **Comparaisons multiples des moyennes** ont été réalisées par le *test post-hoc* approprié au seuil 5%, *Tukey* (HSD) ou *Conover-Iman*.
- **ACP (Analyse en Composante Principale) :** Cette méthode consiste à réduire la matrice de données à partir du modèle linéaire et à obtenir de nouvelles variables appelées composantes principales. Elle permet d'identifier les variables les plus discriminantes et de décrire les accessions des cultivars étudiés qui y sont fortement corrélés.

Tout d'abord, un criblage des variables a été fait sur la base des résultats de coefficient de variation (CV%) pour chaque cultivar/dokkar et pour chaque variable, ainsi que sur les résultats de l'analyse de la variance comme suit :

- Les variables ayant un CV% élevé à très élevé, signifiant des variations intra-cultivars élevées à très élevées, chez plus de la moitié des populations étudiées, ont été écartées de l'analyse de l'ACP.
- Les variables qui ne présentent pas des différences significatives inter-cultivars, sur base de l'analyse de la variance, ont été aussi écartées de l'analyse de l'ACP.

- **CAH (Classification Ascendante Hiérarchique)** : Elle est basée sur la méthode de Ward et est considérée comme approche complémentaire de l'ACP. La matrice des coordonnées des individus est utilisée car elle permet de regrouper ces derniers en clusters selon leurs degrés de ressemblances.
- **Une 2^{ème} ACP et CAH** : ont été réalisés pour les groupes dokkars/cultivars, après avoir écarté quelques accessions présentant des probables homonymies, afin de faire leur description.

Toutes ces analyses, susmentionnées, ont été réalisées en utilisant le logiciel XLSTAT version 2016.02.

IV.2- Traitements des données moléculaires

➤ *Paramètres génétiques des paires d'amorces et des populations étudiées*

Les données moléculaires obtenues dans cette étude traitent à la fois le potentiel informatif des 25 microsatellites utilisés et de la diversité génétique inter et intra populations des 50 accessions du palmier dattier. Plusieurs paramètres génétiques ont été calculés à l'aide du logiciel GenAIEx 6.5 (<http://anu.edu.au/BoZo/GenAIEx>) (Peakall et Smouse, 2006), y compris: le nombre d'allèles (N_a), le nombre effectif d'allèles (N_e), l'hétérozygotie observée (H_o), l'hétérozygotie attendue (H_e), l'indice d'information de Shannon (I), le coefficient de consanguinité de la population (F_{is}), les statistiques F (F_{st}) et les allèles privés. Pour chaque paire d'amorces, le contenu d'information sur le polymorphisme (PIC), la fréquence des allèles (F_a) et le nombre total de génotypes (GA) ont été calculés à l'aide du logiciel Power Marker v3.0 (Liu et Muse, 2005). La fréquence allélique nulle (R) a été estimée par le logiciel FreeNA (Chapuis et Estoup, 2007). Conventionnellement, les accessions diploïdes présentent une amplification d'un ou de deux allèles de tailles différentes, indiquant respectivement des états homozygotes ou hétérozygotes.

➤ *Mesure de la variabilité génétique des populations*

Toute étude de la diversité génétique des populations s'intéresse à la mesure de la variabilité génétique via des paramètres à calculer.

- **Fréquences alléliques et fréquences génotypiques** : Il est important en premier temps de calculer les fréquences alléliques et génotypiques dans une population. Dans les

organismes haploïdes, la diversité génétique équivaut à la diversité allélique. Par ailleurs, ce n'est pas le cas dans les organismes diploïdes, il est important de faire la distinction entre la diversité allélique et génotypique dans la population, car la diversité allélique pourrait résulter d'un assortiment non aléatoire d'allèles au sein des individus (génotypes), comme lors de la reproduction clonale (Halkett and Simon, 2005).

$$\begin{aligned} \text{Fréquence allélique} &= \frac{\text{Nombre d'allèle de type considéré}}{\text{Nombre total d'allèles}} \\ &= \frac{\text{Nombre d'allèle de type considéré}}{2 \text{ allèles par individus diploïde} \times \text{nombre d'individus}} \end{aligned}$$

$$\text{Fréquence génotypique} = \frac{\text{Nombre d'individus porteurs du génotype étudié}}{\text{Nombre total d'individus de la population}}$$

- **Taux de polymorphisme « P% »**

Un locus polymorphe est un locus pour lequel il existe au moins 2 allèles et dont l'allèle le moins fréquent a une fréquence ≥ 0.05 . En outre, il ne donne aucune information sur le nombre d'allèles présents ; il considère qu'un gène à 2 allèles dont une faible fréquence autant qu'un gène avec de multiples allèles (Berg et Hamrick, 1997).

$$P \% = \frac{\text{Nombre de gènes}}{\text{Nombre total de gènes étudiés}}$$

- **Taux d'hétérozygotie :**

L'hétérozygotie (diversité génétique de Nei (1973)) est un paramètre génétique qui se calcule soit au niveau d'individu ou bien au niveau de la population (McDonald, 2008).

Ho (hétérozygotie observée) est la proportion observée d'hétérozygotes, sur les loci. **He** (hétérozygotie attendue) est défini comme la probabilité qu'un individu de la population soit hétérozygote pour un locus donné (Liu, 1998) et peut être calculée comme :

$$He = 1 - \sum_{i=1}^1 P_i^2$$

Où P_i est la fréquence de l' $i^{\text{ème}}$ allèle parmi un total des allèles pour un locus donné.

L'hétérozygotie attendue (H_e) est généralement utilisée pour décrire la diversité génétique car elle est moins sensible à la taille de l'échantillon que l'hétérozygotie observée (H_o). Lorsque H_o et H_e sont similaires (pas significativement différents), le croisement dans la population est presque accidentel. Lorsque $H_o < H_e$, il s'agit d'une population consanguine. Lorsque $H_o > H_e$, le système d'accouplement aléatoire domine la reproduction dans la population (Chesnokov et Artemyeva, 2015).

- **Contenu d'information polymorphique (PIC) :**

Le PIC se réfère à la valeur d'un marqueur pour détecter le polymorphisme au sein d'une population, en fonction du nombre d'allèles détectables et de la distribution de leurs fréquences; ainsi, il fournit une estimation du pouvoir discriminant du marqueur. La valeur PIC d'un locus peut être calculée comme suit :

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^l P_i^2 - \sum_{i=1}^{l-1} \sum_{j=i+1}^l 2 P_i^2 P_j^2$$

Où P_i et P_j sont la fréquence de population des $i^{\text{ème}}$ et $j^{\text{ème}}$ allèles (Nagy et al., 2012).

Lorsque $PIC > 0.5$ on dit que les loci sont très informatifs, $0.5 > PIC > 0.25$; raisonnablement informatif, $PIC < 0.25$; peu informatifs (Botstein et al., 1980).

- **Pouvoir de la discrimination (PD) :**

Le pouvoir de la discrimination d'un locus donné se calcule à l'aide de la formule:

$$PD = 1 - \sum P_i^2$$

Où la fréquence allélique est remplacée par la fréquence génotypique (P_i représente la fréquence du $i^{\text{ème}}$ génotype) (Tessier et al., 1999).

- **Le nombre d'allèles par locus (N_a) et le nombre effectif d'allèles (N_e) :** N_a est la moyenne du nombre d'allèles par locus, et se calcule par la formule : $N_a = \text{nombre total d'allèles} / \text{nombre de loci}$. N_e est le nombre effectif d'allèles, cette mesure est le nombre d'allèles avec des fréquences alléliques égales qu'il faudrait pour atteindre un niveau donné de diversité génétique. Autrement dit, cela nous permet de comparer les populations où le nombre et la distribution des allèles diffèrent considérablement (McDonald, 2008). Le nombre

effectif d'allèles est toujours inférieure au nombre d'allèles réel par locus sauf dans le cas où les fréquences alléliques pour un locus donné sont égales.

- **Fréquence des Allèles nuls** : les allèles nuls se manifestent visiblement par l'absence totale de l'amplification par PCR des microsatellites. Ils peuvent affecter l'estimation de la différenciation des populations, par exemple, en réduisant la diversité génétique au sein des populations (Paetkau et Strobeck 1995 *in* Chapuis et al., 2007). L'estimation des fréquences des allèles nuls dans une population étudiée a pour but de corriger la surestimation de la différenciation génétique en ajustant statistiquement les fréquences des allèles et des génotypes visibles en l'identifiant sous le seuil 0,20 (Chapuis et Estoup, 2007) pour chaque locus.

- **F-statistiques de Wright**: une mesure de la structure génétique développée par Sewall Wright (1965, 1978). Elle est liée statistiquement à l'ANOVA. Elle est composée d'un ensemble de paramètres hiérarchiques (F_{ST} , F_{IS} et F_{IT}).

Le F_{ST} , indice de fixation : Le paramètre de différenciation génétique le plus utilisé est l'indice de fixation de Wright (1943, 1951, 1965), F_{ST} , qui a été développé en tant qu'une partie d'un ensemble de paramètres hiérarchiques (F_{ST} , F_{IS} et F_{IT}) pour évaluer la manière dont la variation génétique est divisée hiérarchiquement dans les populations naturelles (Bird et al., 2011). F_{ST} est défini par la proportion de la variance génétique totale contenue dans les sous-populations (S) par rapport à la variance génétique totale (T). Les valeurs peuvent aller de 0 à 1. Une F_{ST} élevée implique un degré considérable de différenciation entre les sous-populations (McDonald, 2008).

$$F_{ST} = 1 - \frac{(1 - F_{IT})}{(1 - F_{IS})}$$

D'après Wright, 1978 : $0 < F_{ST} < 0,05$: différenciation faible, $0,05 < F_{ST} < 0,15$: différenciation modérée, $0,15 < F_{ST} < 0,25$: différenciation importante, $F_{ST} > 0,25$: différenciation très importante.

Le F_{IS} , le coefficient de consanguinité (Wright, 1965), représente la différenciation des individus à l'intérieur des populations, il est calculé selon la formule :

$$F_{IS} = \frac{(H_e - H_o)}{(H_e)} = 1 - \frac{H_o}{H_e}$$

Un F_{IS} élevé implique un degré de consanguinité considérable. Les valeurs peuvent aller de -1 (non consanguin) à +1 (consanguin). $F_{IS} = 1$ signifie fixation complète (cas d'autofécondation), $F_{IS} < 1$: homozygotie excédentaire, $F_{IS} = 0$: population en équilibre de Hardy-Weinberg et $F_{IS} < 0$: hétérozygotie excédentaire.

➤ ***Relations génétiques entre les accessions étudiées***

Afin d'élucider les relations génétiques entre les accessions du palmier dattier, une méthode basée sur la distance utilisant la méthode des moyennes arithmétiques par groupe de paires non pondérées (UPGMA) (Nei et Li, 1979) et une analyse des coordonnées principales (PCoA) ont été utilisées sur la base des indices de similarité et de distances génétiques.

Différents indices de similarité génétique ont été testés à l'aide du logiciel NTSYS pc 2.11 (Exeter Software, Setauket, NY) et l'indice de Jaccard a été pris en compte avec la plus forte valeur du coefficient de corrélation cophénétique.

Le dendrogramme phylogénétique a été généré et les valeurs de bootstrap ont été calculées sur 2000 répliques en utilisant le logiciel Past 3.18 (Hammer et al., 2001). Concernant l'analyse des coordonnées principales (PCoA), une analyse multivariée, elle a été réalisée avec le logiciel GenAIEx 6.5 (<http://anu.edu.au/BoZo/GenAIEx>) (Peakall et Smouse, 2006).

➤ ***Structure et pools génétiques des accessions étudiées***

L'analyse de la structure génétique des populations a été réalisée à l'aide du logiciel STRUCTURE (Pritchard et al., 2000), une méthode de regroupement bayésienne basée sur un modèle appliquant l'estimation de Markov Chain Monte Carlo (MCMC) afin de déduire la structure de la population et d'affecter des individus à chaque population déduite. L'analyse a été faite sans et avec des informations antérieures basées sur les clusters UPGMA, dix permutations indépendantes K (nombre de populations) de 1 à 10 répétitions, avec un modèle 'admixture' et des fréquences d'allèles corrélées entre les populations. Pour chaque essai, nous avons utilisé 10 000 étapes de 'burn-in steps' suivie de 100 000 itérations de chaîne de Markov de Monte Carlo pour estimer les proportions individuelles de mélange (Q).

Pour sélectionner le K le plus approprié comme nombre de populations, un logiciel en ligne STRUCTURE Harvester (Earl et vonHoldt, 2012) a été utilisé selon la méthode d'Evanno

(Evanno et al., 2005), en utilisant le log vraisemblance $L(K)$ pour chaque K et une quantité ad hoc (ΔK) basée sur le taux de variation du second ordre de la vraisemblance.

De plus, l'estimation de la répartition de la variance moléculaire des individus, parmi et au sein des populations définies par STRUCTURE, a été réalisée à l'aide d'une analyse AMOVA avec le logiciel GenAIEx 6,5.

Partie III

Résultats et discussion

Chapitre I

Résultats de la caractérisation morphologique

Chapitre I. Résultats de la caractérisation morphologique

I.1- Analyses descriptives :

Les résultats des analyses descriptives des données végétatives et reproductives sont illustrés dans les Tableaux (8, 9, 10, 11, 12). D'après Martin et Gendron (2004), les intervalles de variation (CV%) sont interprétés comme suit : (1) entre 0.0% et 16.0%, la variation est faible, (2) entre 16.0% et 33.3%, la variation est importante ; (3) au-delà de 33.3% la variation est très élevée.

I.1.1- Partie végétative :

Les données du Tableau 8 représentent les résultats de l'analyse descriptive de 27 traits morphologiques pour les dokkars/cultivars étudiés.

Les résultats obtenus montrent que les valeurs les plus faibles de la circonférence du stipe (V1) ont été enregistrées chez **Deglet-Nour, femelles et mâles** avec la moyenne de 188.42 cm et 178.71 cm, respectivement. De même, les individus de **Deglet-Nour** ont la partie épineuse la plus longue (V4), le nombre moyen d'épines des deux côtés le plus élevé, la plus grande longueur maximale de pennes du milieu (V23), la plus petite largeur maximale de pennes de milieu (V24), et la plus grande longueur et largeur maximales de la penne apicale (V26 et V27, respectivement). Ce qui donne au cultivar l'aspect aéré de son allure extérieur qu'il le rend clairement distingué par rapport aux autres cultivars/dokkars.

Pour le cultivar **Deglet-Nour femelle**, le nombre moyen des pennes par palme (V14) et le nombre de pennes groupées en 04 (V18) ont les plus faibles valeurs (168.15 et 8.92, respectivement), tandis que pour le paramètre longueur maximale de pennes de milieu (V23), il a la plus grande valeur (50.63 cm). Les **individus femelles** (DNF et GHF) ont été caractérisés par de faibles valeurs quant à la longueur maximale de la partie épineuse (V13), et leurs palmes sont dépourvues du regroupement des pennes en 5 (V19), contrairement aux **individus mâles** (DNM et GHM).

D'après les coefficients de variation (CV%), la majorité des paramètres étudiés présentent des valeurs faibles (Tableau 8) ce qui explique fort probablement leur stabilité intra-accession, donc, ils pourraient être utilisés en tant que descripteurs discriminants. Cependant, certains paramètres signalent la présence d'une variation intra-accessions importante voire très élevée

pour la majorité et/ ou l'ensemble des cultivars/dokkars étudiés, potentiellement dû à l'hétérozygotie du palmier dattier en tant qu'une espèce dioïque.

Tableau 8: Moyennes, écart-types et coefficients de variation de 27 caractères végétatifs par cultivars

		DNF	DNM	GHF	GHM	MDM	TMM
	N	13	7	3	3	3	3
V1	Moy	188,42	178,71	227,00	253,33	203,67	210,00
	SD	11,96	20,55	14,00	6,11	19,60	13,23
	CV%	6,10	10,65	5,04	1,97	7,86	5,14
V2	Moy	448,92	444,79	404,67	393,83	402,08	373,17
	SD	25,31	64,41	46,65	20,81	18,45	23,64
	CV%	5,42	13,41	9,41	4,31	3,75	5,17
V3	Moy	72,87	66,82	66,33	70,25	75,00	60,75
	SD	10,77	22,44	5,48	4,99	8,85	8,38
	CV%	14,20	31,09	6,75	5,80	9,63	11,26
V4	Moy	124,90	121,21	74,75	102,67	75,58	75,50
	SD	11,75	42,75	14,40	4,01	5,70	12,19
	CV%	9,04	32,66	15,72	3,19	6,16	13,18
V5	Moy	24,73	28,16	26,27	28,92	34,20	28,03
	SD	2,12	2,84	1,57	0,68	4,29	2,21
	CV%	8,25	9,33	4,87	1,91	10,24	6,42
V6	Moy	23,90	23,84	24,92	25,54	29,02	24,65
	SD	1,51	3,19	1,77	0,97	5,65	2,86
	CV%	6,08	12,37	5,79	3,10	15,90	9,46
V7	Moy	14,81	15,00	15,58	18,17	18,33	14,67
	SD	1,23	2,16	2,13	0,88	0,58	2,04
	CV%	7,98	13,30	11,14	3,95	2,57	11,34
V8	Moy	51,38	41,36	29,33	46,83	27,00	38,50
	SD	2,97	4,39	6,79	3,33	5,22	4,50
	CV%	5,56	9,84	18,90	5,80	15,79	9,54
V9	Moy	12,92	3,79	8,33	5,17	5,67	2,00
	SD	4,39	2,56	1,26	2,47	2,25	0,50
	CV%	32,65	62,69	12,33	38,98	32,49	20,41
V10	Moy	26,77	29,00	19,00	32,67	17,33	30,33
	SD	5,36	5,10	6,08	3,21	4,04	3,79
	CV%	19,22	16,28	26,14	8,03	19,04	10,19
V11	Moy	11,69	8,57	2,00	9,00	4,00	7,50
	SD	2,93	5,18	2,29	3,97	3,12	3,97
	CV%	24,05	55,90	93,54	36,00	63,74	43,20
V12	Moy	5,11	5,74	5,15	8,44	5,58	7,47

	SD	0,70	1,03	1,20	1,26	1,83	1,27
	CV%	13,12	16,59	19,03	12,16	26,83	13,85
V13	Moy	86,05	99,85	81,61	113,63	90,40	106,75
	SD	6,52	14,96	19,89	18,87	12,26	4,55
	CV%	7,27	13,87	19,90	13,56	11,07	3,48
V14	Moy	168,15	180,29	217,67	177,67	202,33	202,50
	SD	7,86	10,40	4,80	4,37	34,12	29,51
	CV%	4,49	5,34	1,80	2,01	13,77	11,90
V15	Moy	10,77	12,14	9,50	13,33	17,00	11,33
	SD	3,30	2,82	4,44	2,08	6,38	2,47
	CV%	29,46	21,53	38,20	12,75	30,66	17,77
V16	Moy	78,73	87,00	105,00	98,33	106,67	101,67
	SD	6,53	8,98	17,52	7,64	10,21	26,27
	CV%	7,97	9,56	13,62	6,34	7,82	21,10
V17	Moy	67,77	63,86	78,50	44,50	61,50	41,50
	SD	6,80	10,35	5,27	12,12	22,50	16,59
	CV%	9,64	15,01	5,48	22,25	29,87	32,64
V18	Moy	8,92	16,57	24,67	16,00	14,67	38,00
	SD	3,33	12,90	12,70	4,00	11,02	31,75
	CV%	35,84	72,04	42,04	20,41	61,32	68,22
V19	Moy	0,00	0,71	0,00	5,83	2,50	10,00
	SD	0,00	1,22	0,00	1,44	2,50	10,90
	CV%	/	/	/	20,20	81,65	88,98
V20	Moy	57,00	63,36	75,50	61,83	67,50	69,50
	SD	5,91	3,36	1,32	8,74	8,50	0,50
	CV%	9,97	4,91	1,43	11,54	10,28	0,59
V21	Moy	50,42	52,50	62,33	49,00	54,50	59,67
	SD	5,37	6,31	7,49	20,66	15,17	31,04
	CV%	10,22	11,13	9,81	34,43	22,73	42,48
V22	Moy	60,73	64,43	79,83	65,50	78,50	73,33
	SD	4,08	3,28	3,33	6,95	14,31	2,08
	CV%	6,45	4,72	3,40	8,66	14,88	2,32
V23	Moy	50,63	48,82	45,30	48,27	45,17	44,67
	SD	3,55	8,59	1,63	2,49	5,13	2,98
	CV%	6,74	16,29	2,94	4,21	9,28	5,45
V24	Moy	2,75	2,81	3,20	4,06	3,63	3,27
	SD	0,23	0,47	0,43	0,46	0,45	0,24
	CV%	7,92	15,41	11,01	9,18	10,01	5,94
V25	Moy	0,35	0,39	0,37	0,31	0,37	0,35
	SD	0,02	0,05	0,06	0,07	0,06	0,02
	CV%	6,51	12,49	13,78	18,25	13,36	3,53
V26	Moy	28,60	26,57	13,92	18,93	16,48	20,75

	SD	5,16	5,57	1,81	1,00	3,61	2,38
	CV%	17,33	19,40	10,61	4,32	17,88	9,38
	Moy	1,58	1,61	0,90	1,35	1,37	1,35
V27	SD	0,18	0,46	0,28	0,05	0,46	0,31
	CV%	11,04	26,55	25,28	3,28	27,22	18,84

n : Nombre d’observations, **Moy**: Moyenne, **SD**: Ecart-type, **CV%**: Coefficient de variation

I.1.2- Partie reproductrice :

Les résultats de l’évaluation morphologique de l’inflorescence mâle représentée par les organes; spathe, rachis, pédoncule et épillet, sont repris dans les Tableaux 9, 10, 11, 12, ci-dessous.

I.1.2.1- Les spathes :

La lecture du Tableau 9 fait ressortir que les valeurs les plus élevées des paramètres relatifs à la spathe ont été enregistrées chez les dokkars prélevés de l’oasis d’El-Hadjeb, à l’exception de Thouri (THRM). Cela pourrait être dû à la sélection poussée des pieds les plus performants et/ou aux conditions d’entretien optimales qu’ils ont subi.

Nous remarquons aussi une variation intra-accessions importante dans la majorité des traits étudiés principalement pour les dokkars Deglet-Nour provenant de plusieurs oasis (répartis entre El-hadjeb et M’lili). De même, pour les individus mâles de Mech-Degla d’âges relativement variables.

Les données obtenues de la mesure de la distance apicale (S10); qui est la distance en longueur entre l’extrémité du renflement visible en haut de la spathe et son apex, sont en relation avec la forme de la spathe (Tableau 1), dont les valeurs les plus faibles sont liées avec les individus ayant une forme gonflée de leurs inflorescences.

Tableau 9: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs à la spathe par cultivars

		DNM	GHM	HLWM	HMM	HORM	MDM	SFM	THRM	TMM	ACHM
	N	6	3	1	2	1	3	1	2	3	3
S1	Moy	86,733	72,900	52,300	42,267	48,067	67,761	41,600	70,700	63,589	55,467
	SD	22,059	6,005	/	12,964	/	16,475	/	12,398	11,274	1,266

	CV%	23,217	6,725	/	21,688	/	19,852	/	12,400	14,476	1,864
	Moy	5,538	9,004	2,643	4,687	3,886	6,419	5,357	4,701	6,046	4,134
S2	SD	0,454	0,702	/	1,262	/	1,954	/	0,478	0,541	0,672
	CV%	7,482	6,365	/	19,047	/	24,858	/	7,193	7,306	13,272
	Moy	7,024	10,568	3,375	5,539	5,161	8,427	5,918	5,516	8,046	5,552
S3	SD	0,755	0,760	/	1,138	/	2,456	/	0,531	0,753	1,423
	CV%	9,810	5,870	/	14,526	/	23,800	/	6,802	7,647	20,930
	Moy	9,361	14,993	4,471	8,090	7,802	12,500	7,264	7,756	11,391	7,707
S4	SD	1,453	0,954	/	1,326	/	2,565	/	0,488	1,439	0,903
	CV%	14,169	5,197	/	11,590	/	16,752	/	4,448	10,315	9,565
	Moy	4,206	7,672	2,981	5,130	4,950	5,204	4,476	4,729	4,771	4,077
S5	SD	0,936	0,569	/	1,925	/	1,946	/	0,488	0,098	0,858
	CV%	20,310	6,055	/	26,526	/	30,534	/	7,295	1,670	17,189
	Moy	1,571	2,019	0,740	1,406	1,105	1,462	1,711	1,249	1,417	0,836
S6	SD	0,419	0,219	/	0,246	/	0,343	/	0,206	0,186	0,186
	CV%	24,330	8,842	/	12,373	/	19,171	/	11,651	10,697	18,136
	Moy	2,723	3,010	1,021	2,162	1,386	2,342	2,029	1,687	2,398	1,581
S7	SD	0,716	0,487	/	0,278	/	0,727	/	0,225	0,151	0,421
	CV%	24,014	13,204	/	9,090	/	25,361	/	9,445	5,147	21,721
	Moy	4,341	5,820	1,996	3,506	2,842	4,533	3,072	3,428	4,366	1,901
S8	SD	0,626	0,954	/	0,076	/	0,731	/	0,354	0,443	0,392
	CV%	13,154	13,378	/	1,540	/	13,167	/	7,303	8,283	16,829
	Moy	0,759	1,656	0,915	1,704	1,128	1,058	0,935	1,462	1,120	0,996
S9	SD	0,164	0,120	/	0,005	/	0,399	/	0,261	0,068	0,282
	CV%	19,697	5,921	/	0,225	/	30,792	/	12,605	4,932	23,081
	Moy	6,964	1,654	7,100	4,083	6,833	3,799	5,900	12,050	3,190	8,410
S10	SD	2,074	0,114	/	0,118	/	1,884	/	3,276	1,022	1,302
	CV%	27,185	5,642	/	2,041	/	40,485	/	19,225	26,155	12,644
	Moy	1012,778	1547,778	287,000	362,833	383,667	943,889	280,000	573,333	814,444	322,556
S11	SD	601,536	232,918	/	107,716	/	199,376	/	51,854	226,184	106,967
	CV%	54,220	12,287	/	20,992	/	17,247	/	6,395	22,675	27,077

1.1.2.2- Les rachis :

En se basant sur les données obtenues des paramètres liés au rachis, nous avons constaté que pour ce dernier, et comme attendu, les valeurs suivent relativement le même modèle que ceux de la spathe. En effet, les valeurs les plus élevées de la longueur (R1), la largeur et la hauteur de base et milieu (L : R2, R3 ; H : R5, et R6), et le poids (R8) ont été enregistrées chez les dokkars de l'oasis d'El-Hadjeb, à l'exception de Thouri (THRM), et qu'une importante variation intra-accessions, pour la majorité des traits étudiés, principalement pour dokkars Deglet-Nour et Mech-Degla est observée.

Tableau 10: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs au rachis par cultivars

		DNM	GHM	HLWM	HMM	HORM	MDM	SFM	THRM	TMM	ACHM
	N	6	3	1	2	1	3	1	2	3	3
R1	Moy	31,422	26,444	23,000	18,267	21,500	26,033	13,567	26,767	33,583	17,767
	SD	3,524	0,943	/	3,866	/	9,478	/	2,451	3,073	4,543
	CV%	10,238	2,912	/	14,964	/	29,728	/	6,476	7,472	20,876
R2	Moy	24,069	42,596	15,770	20,767	18,907	37,051	15,000	19,588	30,358	24,384
	SD	5,709	3,208	/	1,810	/	11,040	/	1,534	6,684	4,264
	CV%	21,653	6,148	/	6,164	/	24,329	/	5,539	17,978	14,277
R3	Moy	15,554	21,097	11,154	10,421	13,826	19,052	8,679	12,855	16,572	14,402
	SD	5,573	0,606	/	1,035	/	4,039	/	1,491	2,689	2,042
	CV%	32,708	2,346	/	7,025	/	17,309	/	8,203	13,247	11,575
R4	Moy	3,329	3,005	5,277	3,151	8,047	3,276	3,450	3,931	3,204	4,706
	SD	0,796	0,760	/	0,674	/	0,122	/	0,162	0,668	0,720
	CV%	21,832	20,643	/	15,120	/	3,038	/	2,907	17,028	12,499
R5	Moy	10,388	12,384	7,620	9,767	10,003	11,475	8,567	8,677	8,852	8,823
	SD	1,892	1,486	/	2,258	/	2,966	/	1,556	1,118	1,151
	CV%	16,625	9,797	/	16,348	/	21,102	/	12,678	10,316	10,653
R6	Moy	9,780	6,556	5,146	5,051	5,760	7,395	4,326	4,918	6,663	6,146
	SD	7,802	0,968	/	0,398	/	1,544	/	0,056	0,904	1,551
	CV%	72,823	12,058	/	5,566	/	17,050	/	0,798	11,080	20,606
R7	Moy	2,804	2,050	2,402	1,697	2,940	2,890	2,403	2,310	2,785	3,494
	SD	0,476	0,371	/	0,050	/	0,469	/	0,085	0,485	1,315
	CV%	15,505	14,774	/	2,103	/	13,254	/	2,587	14,232	30,736
R8	Moy	505,694	767,77	186,000	233,50	218,000	445,83	178,333	320,833	523,88	217,944
	SD	257,794	83,539	/	0,236	/	5	/	15,321	3	8,257
	CV%	46,537	8,884	/	0,071	/	37,720	/	3,377	23,473	3,093

I.1.2.3- Les pédoncules :

Le plus grand pourcentage de coefficients de variation est celui du dokkar **Deglet-Nour** pour le caractère longueur de pédoncule, 50,731cm, avec des valeurs allant de 16,55 cm jusqu'à 61,40 cm.

Tableau 11: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs au pédoncule par cultivars

	DNM	GHM	HLWM	HMM	HORM	MDM	SFM	THRM	TMM	ACHM
N	6	3	1	2	1	3	1	2	3	3
P1 Moy	38,097	31,822	10,700	17,492	16,200	35,467	21,5	22,225	20,162	28,217
P1 SD	21,172	3,604	/	3,170	/	13,040	/	12,480	8,398	7,672
P1 CV%	50,731	9,248	/	12,816	/	30,019	/	39,708	34,008	22,199
P2 Moy	2,971	4,392	1,786	2,041	2,052	3,772	2,248	2,091	3,371	2,188
P2 SD	0,583	0,239	/	0,403	/	0,761	/	0,009	0,566	0,354
P2 CV%	17,916	4,440	/	13,964	/	16,470	/	0,311	13,702	13,228
P3 Moy	2,901	4,511	1,786	2,107	2,243	3,835	2,248	2,152	3,332	2,305
P3 SD	0,568	0,289	/	0,356	/	0,760	/	0,031	0,443	0,472
P3 CV%	17,875	5,233	/	11,933	/	16,180	/	1,034	10,858	16,731
P4 Moy	2,879	4,522	1,883	2,191	2,202	3,931	2,248	2,293	3,416	2,459
P4 SD	0,440	0,349	/	0,299	/	0,577	/	0,067	0,497	0,303
P4 CV%	13,955	6,308	/	9,636	/	11,980	/	2,072	11,890	10,060
P5 Moy	1,391	1,322	0,640	0,889	0,961	1,279	0,938	0,892	1,057	0,717
P5 SD	0,176	0,230	/	0,034	/	0,126	/	0,105	0,071	0,115
P5 CV%	11,539	14,211	/	2,729	/	8,034	/	8,322	5,467	13,105
P6 Moy	1,311	1,328	0,706	0,901	1,094	1,274	0,938	0,924	1,079	0,723
P6 SD	0,161	0,207	/	0,004	/	0,076	/	0,006	0,069	0,121
P6 CV%	11,203	12,717	/	0,352	/	4,890	/	0,487	5,200	13,612
P7 Moy	1,343	1,510	0,946	1,000	1,096	1,432	0,938	1,067	1,097	0,804
P7 SD	0,187	0,261	/	0,082	/	0,016	/	0,139	0,128	0,107
P7 CV%	12,681	14,115	/	5,800	/	0,898	/	9,185	9,518	10,857

I.1.2.4- Les épillets :

D'après les données reportées dans le Tableau 12, nous remarquons que le dokkar **Ghars** présente les valeurs les plus élevées pour le nombre total des épillets (E1), nombre de pseudo-verticilles (E6) et le nombre d'épillets/pseudo-verticille (E7), ce qui donne un aspect dense et volumineux de leurs inflorescences. Tandis que le dokkar **Itima** présente les plus grandes valeurs pour 07 paramètres de l'épillet ; longueur de l'épillet le plus long (E2) et son nombre

de fleurs (E4), nombre moyen de fleur/épillet (E8), longueur moyenne totale de l'épillet (E9) sa partie stérile (E10) et fertile (E11), ainsi que pour le diamètre à la base de l'épillet (E12).

Tableau 12: Moyennes, écart-types et coefficients de variation des caractères reproductifs relatifs à l'épillet par cultivars

		DNM	GHM	HLWM	HMM	HORM	MDM	SFM	THRM	TMM	ACHM
	N	6	3	1	2	1	3	1	2	3	3
	Moy	152,444	199,444	79,000	83,333	113,333	185,333	53,333	87,000	139,778	81,500
E1	SD	33,022	17,334	/	21,685	/	42,148	/	6,600	17,456	20,067
	CV%	19,775	7,096	/	18,400	/	18,568	/	5,364	10,197	20,104
	Moy	26,058	24,678	16,400	16,567	12,633	22,350	19,367	22,017	30,833	17,206
E2	SD	7,318	2,104	/	3,536	/	5,110	/	0,401	3,000	1,251
	CV%	25,638	6,962	/	15,091	/	18,667	/	1,287	7,945	5,937
	Moy	4,906	2,922	5,300	4,150	2,667	9,778	8,167	6,317	3,944	5,306
E3	SD	3,106	0,422	/	0,825	/	10,391	/	1,061	1,025	1,901
	CV%	57,808	11,793	/	14,056	/	86,771	/	11,873	21,215	29,261
	Moy	65,444	59,778	49,000	51,667	35,000	52,789	49,000	58,667	72,889	55,556
E4	SD	9,616	2,524	/	12,728	/	13,115	/	1,886	11,217	1,347
	CV%	13,414	3,447	/	17,419	/	20,285	/	2,273	12,565	1,980
	Moy	10,389	6,667	7,000	14,667	8,333	10,722	21,333	13,333	10,889	15,111
E5	SD	5,780	1,333	/	7,071	/	3,225	/	3,300	3,372	4,857
	CV%	50,788	16,330	/	34,091	/	24,555	/	17,500	25,285	26,245
	Moy	15,111	16,222	5,000	8,333	11,333	14,167	8,333	8,500	11,556	11,389
E6	SD	3,044	0,962	/	3,300	/	2,843	/	0,236	1,347	3,233
	CV%	0,184	0,048	/	0,280	/	0,164	/	0,020	0,095	0,232
	Moy	4,478	4,839	4,400	4,100	3,953	4,519	4,444	3,803	4,677	4,790
E7	SD	0,366	0,462	/	0,305	/	0,424	/	0,091	0,260	0,772
	CV%	7,462	7,788	/	5,269	/	7,670	/	1,688	4,530	13,163
	Moy	51,056	48,304	23,000	36,702	21,080	36,956	36,280	40,718	60,369	36,595
E8	SD	15,933	3,487	/	7,120	/	8,193	/	4,092	8,163	4,356
	CV%	28,488	5,895	/	13,717	/	18,101	/	7,106	11,041	9,719
	Moy	17,285	19,369	9,000	10,875	7,119	12,577	13,686	14,571	21,183	11,594
E9	SD	5,787	2,302	/	1,249	/	2,682	/	0,114	1,885	0,858
	CV%	30,563	9,704	/	8,122	/	17,413	/	0,552	7,266	6,044
E10	Moy	3,279	3,021	1,360	1,795	1,391	2,679	2,896	2,274	5,283	2,220
	SD	1,179	0,755	/	0,712	/	0,828	/	0,398	1,555	0,187

	CV%	32,817	20,397	/	28,032	/	25,250	/	12,365	24,040	6,888
	Moy	14,006	16,347	7,640	9,080	5,729	9,899	10,790	12,298	15,900	9,374
E11	SD	4,770	1,551	/	0,538	/	1,912	/	0,511	0,461	1,042
	CV%	31,088	7,749	/	4,186	/	15,773	/	2,940	2,368	9,078
	Moy	1,938	1,742	1,610	1,978	1,769	1,987	1,813	1,632	2,177	2,054
E12	SD	0,253	0,154	/	0,047	/	0,422	/	0,203	0,388	0,150
	CV%	11,905	7,234	/	1,665	/	17,349	/	8,812	14,541	5,952
	Moy	1,698	1,683	1,492	1,738	1,768	1,901	1,312	1,519	1,770	1,993
E13	SD	0,201	0,081	/	0,159	/	0,208	/	0,017	0,219	0,223
	CV%	10,796	3,952	/	6,484	/	8,913	/	0,794	10,119	9,151
	Moy	1,137	1,291	0,806	0,961	1,213	1,061	0,802	1,064	1,163	1,143
E14	SD	0,116	0,057	/	0,047	/	0,206	/	0,033	0,092	0,266
	CV%	9,340	3,600	/	3,487	/	15,886	/	2,181	6,483	18,966

I.2- Analyse des variances et de comparaisons multiples des moyennes

I.2.1- Partie végétative :

Les résultats des tests de normalité et d'homogénéité des résidus sont représentés dans le Tableau 13. Parmi les 27 variables quantitatives de la partie végétative, seuls 12 variables constituant le groupe 1 (circonférence du stipe (V1), longueur totale de la palme (V2), largeur maximale de la palme (V3), largeur de la palme à la base de pétiole (V7), nombre d'épines groupé en 2 (V10) et en 3 (V11), longueur max. de l'épine du milieu (V13), nombre de pennes solitaires (V15) et qui sont groupées en 3 (V17), longueur max. de la penne du milieu (V23), indice d'espacement (V25) et longueur de la penne apicale (V26)) remplissent les conditions d'application de l'ANOVA à un seul facteur. Pour les 15 variables restantes représentant le groupe 2 (longueur de la partie épineuse de la palme (V4), largeur du rachis (V6), nombre moyen d'épines des deux côtés (V8), nombre d'épine solitaire (V9), épaisseur max. de l'épine de milieu (V12), nombre moyen de pennes par palme (V14), nombre de pennes groupées en 2 (V16) , en 4 (V18) et en 5 (V19), nombre de pennes interne (V20), intermédiaires (V21) et externes (V22), largeur max. de la penne du milieu (V24), largeur max. de la panne apicale (V27)), le test non-paramétrique par le biais du test *Kruskal-Wallis* a été appliqué dans le but de capter plus de variables potentiellement discriminantes.

Pour les variables du groupe 1, les différences entre les moyennes ont été vérifiées par le test post-hoc *Tukey (HSD)* au seuil de 5%. Alors que pour les variables du groupe 2, les différences entre les moyennes ont été vérifiées par le test post-hoc *Conover-Iman* au seuil de 5%.

Tableau 13: Résultats des tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères végétatifs étudiés

Variable	Test de normalité		Test d'homogénéité		Analyse de variance	Test post-hoc
	<i>Shapiro-Wilk</i>	Signification	<i>Bartlett</i>	signification		
V1	0,315	Normale	0,512	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V2	0,169	Normale	0,083	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V3	0,064	Normale	0,089	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V4	0,269	Normale	0,001	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V5	0,036	Anormale	0,334	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V6	0,001	Anormale	0,050	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V7	0,152	Normale	0,320	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V8	0,029	Anormale	0,624	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V9	0,017	Anormale	0,075	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V10	0,572	Normale	0,950	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V11	0,186	Normale	0,669	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V12	0,004	Anormale	0,457	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V13	0,789	Normale	0,071	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V14	0,002	Anormale	0,002	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V15	0,113	Normale	0,592	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V16	0,040	Anormale	0,050	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V17	0,079	Normale	0,120	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V18	< 0,0001	Anormale	< 0,0001	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V19	< 0,0001	Anormale	< 0,0001	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V20	0,815	Normale	0,016	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V21	0,023	Anormale	0,001	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V22	0,007	Anormale	0,023	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V23	0,118	Normale	0,059	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V24	0,006	Anormale	0,392	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
V25	0,186	Normale	0,079	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V26	0,581	Normale	0,195	Homogène	<i>ANOVA</i>	<i>Tukey (HSD)</i>
V27	0,888	Normale	0,040	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>

Les résultats de l'analyse de la variance pour le premier set des paramètres (groupe 1) indiquent la présence de différences significatives (<0.05) et très hautement significatives (<0.0001) dans la majorité des traits morphologiques étudiés. Les groupes homogènes générés

suite au test post-hoc *Tukey* rassemblent les dokkars et cultivars étudiés en 2 (ex. largeur de la palme à la base du pétiole ; V7) ou 3 groupes (ex. nombre d'épines groupés en 2 ; V10), pour les variables ayant de différences significatives (Tableau 14).

De même, des différences significatives et très hautement significatives ont été observées suite à l'analyse de la variance par le test non paramétrique ; *Kruskal-Wallis*, pour la majorité des variables étudiées du groupe 2. Le test post hoc de *Conover-Iman*, a indiqué le regroupement des dokkars/cultivars étudiés en 2 (ex. largeur du rachis ; V5) ou 3 groupes (ex. longueur de la partie épineuse de la palme ; V4), en fonction du variable pris en compte. (Tableau 15).

Tableau 14: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par *test Tukey* (HSD) des paramètres végétatifs

	V1	V2	V3	V7	V10	V11	V13	V15	V17	V23	V25	V26
GHM	253,333 a	393,833 a	70,250 a	18,167 ab	32,667 a	9,000 ab	113,633 a	13,333 a	44,500 b	48,267 a	0,310 a	18,933 bc
DNF	188,423 c	448,923 a	72,865 a	14,808 b	26,769 abc	11,692 a	86,054 b	10,769 a	67,769 a	50,631 a	0,355 a	28,596 a
DNM	178,714 c	444,786 a	66,821 a	15,000 ab	29,000 ab	8,571 ab	99,850 ab	12,143 a	63,857 ab	48,821 a	0,390 a	26,571 ab
MDM	203,667 bc	402,083 a	75,000 a	18,333 a	17,333 c	4,000 b	90,400 ab	17,000 a	61,500 ab	45,167 a	0,373 a	16,480 c
GHF	227,000 ab	404,667 a	66,333 a	15,583 ab	19,000 bc	2,000 b	81,612 b	9,500 a	78,500 a	45,300 a	0,370 a	13,917 c
TMM	210,000 bc	373,167 a	60,750 a	14,667 b	30,333 ab	7,500 ab	106,750 ab	11,333 a	41,500 b	44,667 a	0,353 a	20,750 abc
Pr > F	0,000	0,024	0,707	0,005	0,003	0,003	0,004	0,123	0,001	0,302	0,193	0,000
Significatif	Oui	Oui	Non	Oui	Oui	Oui	Oui	Non	Oui	Non	Non	Oui

GHM : dokkar Ghars, DNF : Deglet-Nour femelle, DNM : dokkar Deglet-Nour, MDM : Dokkar Mech-Degla, GHF : Ghars femelle, TMM : Dokkar Itima, V1 : Circonférence du stipe (cm), V2 : Longueur totale de la palme (cm), V3 : Largeur maximale de la palme (cm), V7 : Largeur de la palme à la base de pétiole (cm), V10 : Nombre d'épines groupé en 2, V11 : Nombre d'épines groupé en 3, V13 : Long. max. de l'épine au milieu de la p. épineuse (mm), V15 : Nombre de pennes solitaires, V17 : Nombre de pennes groupées en 3, V23 : Long. Max. de penne du milieu (cm), V25 : Indice d'espacement= a+b+c/d, V26 : Longueur de la penne apicale (cm).

Tableau 15: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par *test Conover-Iman* des paramètres végétatifs

	V4	V5	V6	V8	V9	V12	V14	V16	V18	V19	V20	V21	V22	V24	V27
DNM	121,214 bc	28,157 b	23,843 a	41,357 b	3,786 ab	5,743 a	180,286 ab	87 ab	16,571 a	0,714 a	63,357 ab	52,5 a	64,429 ab	2,806 a	1,607 a
GHM	102,667 abc	28,923 b	25,542 a	46,833 b	5,167 ab	8,443 a	177,667 ab	98,333 ab	16 a	5,833 b	61,833 ab	49 a	65,5 ab	4,062 c	1,345 a
MDM	75,583 a	34,2 b	29,017 a	27 a	5,667 abc	5,583 a	202,333 ab	106,667 b	14,667 a	2,5 ab	67,5 ab	54,5 a	78,5 b	3,633 bc	1,373 a
TMM	75,5 ab	28,033 b	24,65 a	38,5 ab	2,00 a	7,467 a	202,5 b	101,667 ab	38 a	10 b	69,5 b	59,667 a	73,333 b	3,273 abc	1,347 a
GHF	74,75 ab	26,267 ab	24,917 a	29,333 a	8,333 bc	5,15 a	217,667 b	105 b	24,667 a	a 0	75,5 b	62,333 a	79,833 b	3,2 abc	0,903 a
DNF	124,897 c	24,735 a	23,896 a	51,385 c	12,923 c	5,112 a	168,154 a	78,731 a	8,923 a	a 0	57 a	50,423 a	60,731 a	2,749 ab	1,577 a
Pr > F	0,001	0,004	0,194	< 0,0001	0,001	0,026	0,006	0,008	0,063	0,000	0,004	0,319	0,005	0,004	0,063
Significatif	Oui	Oui	Non	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui	Non	Oui	Oui	Non	Oui	Oui	Non

GHM : dokkar Ghars, DNF : Deglet-Nour femelle, DNM : dokkar Deglet-Nour, MDM : Dokkar Mech-Degla, GHF : Ghars femelle, TMM : Dokkar Itima, V4 : Long. de la partie épineuse de la palme (cm), V5 : Largeur du rachis (mm), V6 : Epaisseur du rachis (mm), V8 : Nombre moyen d'épines des deux côtés, V9 : Nombre d'épines solitaires, V12 : Epaisseur max. de l'épine de milieu (mm), V14 : Nombre moyen de plumes par palme, V16 : Nombre de plumes groupées en 2, V18 : Nombre de plumes groupées en 4, V19 : Nombre de plumes groupées en 5, V20 : Nombre de plumes internes, V21 : Nombre de plumes intermédiaires, V22 : Nombre de plumes externes, V24 : Larg. Max. de plume du milieu (cm), V27 : Largeur maximale de la plume apicale (cm).

I.2.2- Partie de reproduction :

Les résultats des tests de normalité et d'homogénéité des variances pour les données de la partie reproduction (spathe, rachis, pédoncule et épillet) sont reportés dans les Tableaux 16, 19, 22, 25, respectivement.

Les Tableaux 17, 18, 20, 21, 23, 24, 26 et 28 reprennent les résultats obtenus de l'analyse des variances et de comparaisons des moyennes multiples.

Au total, 40 traits morphologiques quantitatifs ont été utilisés. Parmi eux, 24 variables (groupe 1) ont subi ANOVA à un seul facteur et le test de *Tukey*. Ces 24 variables présentent des différences significatives entre les groupes étudiés qui, et par conséquent, semblent avoir un pouvoir discriminant. Par contre, les autres 16 variables (groupe 2) ne le sont pas dans cette étude, et ont été traitées par les tests de *Kruskal-Wallis* et *Levene*.

I.2.2.1- Variables de la spathe :

Le test non-paramétrique avec *Kruskal-Wallis* a été appliqué sur 03 variables relatives à la spathe, dont 02 ne suivant pas une distribution normale (S5 ; largeur-extrémité et S11 ; poids de la spathe) et une n'est pas homogène (S10 ; distance apicale) par rapport aux groupes étudiés (Tableau 16).

Tableau 16: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés à la spathe

Variable	Test de normalité		Test d'homogénéité		Analyse de variance	Test post-hoc
	<i>Shapiro-Wilk</i>	Signification	<i>Bartlett</i>	Signification		
S1	0,101	Normale	0,127	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S2	0,262	Normale	0,259	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S3	0,495	Normale	0,426	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S4	0,088	Normale	0,726	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S5	0,016	Anormale	0,101	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
S6	0,687	Normale	0,834	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S7	0,905	Normale	0,517	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S8	0,732	Normale	0,583	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S9	0,067	Normale	0,087	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
S10	0,175	Normale	0,042	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
S11	0,011	Anormale	0,092	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>

Entre les variables du groupe 1 de la spathe, des différences majoritairement significatives ont été observées, à l'exception de la longueur de la spathe (S1) (Tableau 17), et ce pourrait probablement lier aux conditions d'entretiens et pas aux types de dokkars

Tableau 17: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Tukey* (HSD) des paramètres reproductifs liés à la spathe

	S1	S2	S3	S4	S6	S7	S8	S9
GHM	72,900 a	9,004 a	10,568 a	14,993 a	2,019 a	3,010 a	5,820 a	1,656 a
MDM	67,761 a	6,419 ab	8,427 ab	12,500 ab	1,462 ab	2,342 a	4,533 ab	1,058 ab
TMM	63,589 a	6,046 abc	8,046 abc	11,391 ab	1,417 ab	2,398 a	4,366 ab	1,120 ab
DNM	86,733 a	5,538 abc	7,024 abc	9,361 abc	1,571 ab	2,723 a	4,341 ab	0,759 b
HMM	42,267 a	4,687 bc	5,539 bc	8,090 bc	1,406 ab	2,162 a	3,506 bc	1,704 a
THRM	70,700 a	4,701 bc	5,516 bc	7,756 bc	1,249 ab	1,687 a	3,428 bc	1,462 ab
SFM	41,600 a	5,357 bc	5,918 abc	7,264 bc	1,711 ab	2,029 a	3,072 bc	0,935 ab
HORM	48,067 a	3,886 bc	5,161 bc	7,802 bc	1,105 ab	1,386 a	2,842 bc	1,128 ab
ACHM	55,467 a	4,134 bc	5,552 bc	7,707 bc	0,836 ab	1,581 a	1,901 c	0,996 ab
HLWM	52,300 a	2,643 c	3,375 c	4,471 c	0,740 b	1,021 a	1,996 bc	0,915 ab
Pr > F	0,060	0,000	0,001	0,000	0,018	0,044	0,000	0,001
Significatif	Non	Oui						

De même, le test *Kruskal-Wallis* appliqué sur les variables du groupe 2 de la spathe, a indiqué des variabilités significatives quant à la distance apicale (S10, avec 04 groupes homogènes) et le poids de la spathe (S11, avec 02 groupes homogènes) (Tableau 18).

Tableau 18: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Conover-Iman* des paramètres reproductifs liés à la spathe

	S5	S10	S11
DNM	4,206 a	6,964 bcd	1012,778 ab
GHM	7,672 a	1,654 a	1547,778 b
MDM	5,204 a	3,799 abc	943,889 ab
TMM	4,771 a	3,19 ab	814,444 ab
SFM	4,476 a	5,9 abcd	280 a
HMM	5,13 a	4,083 abcd	362,833 a
ACHM	4,077 a	8,41 cd	322,556 a
HLWM	2,981 a	7,1 bcd	287 a
THRM	4,729 a	12,05 d	573,333 ab
HORM	4,95 a	6,833 bcd	383,667 ab
Pr > F	0,212	0,019	0,024
Significatif	Non	Oui	Oui

I.2.2.2- Variables du rachis :

La majorité des variables liées au rachis ne suivent pas la loi normale, seules la longueur (R1), la largeur-milieu (R3), et la hauteur-extrémité (R7) du rachis répondent aux conditions d'application de l'ANOVA (Tableau 19)

Tableau 19: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés au rachis

Variable	Test de normalité		Test d'homogénéité		Analyse de variance	Test post-hoc
	<i>Shapiro-Wilk</i>	Signification	<i>Bartlett</i>	signification		
R1	0,700	Normale	0,245	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
R2	0,036	Anormale	0,446	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
R3	0,410	Normale	0,156	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
R4	0,001	Anormale	0,439	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
R5	0,024	Anormale	0,877	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
R6	< 0,0001	Anormale	0,000	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
R7	0,080	Normale	0,107	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
R8	0,006	Anormale	0,000	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>

L'analyse de la variance ANOVA à un seul facteur appliquée sur 3 variables, parmi 8 traits relatifs au rachis, a montré une différence significative pour le paramètre longueur du rachis (R1), en séparant les dokkars étudiés en 02 principaux groupes homogènes (a, b) (Tableau 20).

Tableau 20: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Tukey (HSD)* des paramètres reproductifs liés au rachis

	R1	R3	R7
TMM	33,583 a	16,572 a	2,785 a
DNM	31,422 a	15,554 a	2,804 a
MDM	26,033 ab	19,052 a	2,890 a
GHM	26,444 ab	21,097 a	2,050 a
ACHM	17,767 b	14,402 a	3,494 a
HORM	21,500 ab	13,826 a	2,940 a
THRM	26,767 ab	12,855 a	2,310 a
HLWM	23,000 ab	11,154 a	2,402 a
SFM	13,567 b	8,679 a	2,403 a
HMM	18,267 ab	10,421 a	1,697 a
Pr > F	0,006	0,096	0,179
Significatif	Oui	Non	Non

Quant aux cinq traits liés au rachis traités par le test non paramétrique, nous remarquons que la largeur du rachis à sa base d’insertion à la plante (R2) et son poids (R8) présentent des variabilités significatives entre les groupes étudiés (Tableau 21).

Tableau 21: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Conover-Iman* des paramètres reproductifs liés au rachis

	R2	R4	R5	R6	R8
DNM	24,069 ab	3,329 a	10,388 a	9,78 a	505,694 ab
GHM	42,596 b	3,005 a	12,384 a	6,556 a	767,778 b
MDM	37,051 ab	3,276 a	11,475 a	7,395 a	445,833 ab
TMM	30,358 ab	3,204 a	8,852 a	6,663 a	523,889 ab
SFM	15,00 a	3,45 a	8,567 a	4,326 a	178,333 a
HMM	20,767 ab	3,151 a	9,767 a	5,051 a	233,5 a
ACHM	24,384 ab	4,706 a	8,823 a	6,146 a	217,944 a
HLWM	15,77 ab	5,277 a	7,62 a	5,146 a	186 a
THRM	19,588 ab	3,931 a	8,677 a	4,918 a	320,833 ab
HORM	18,907 ab	8,047 a	10,003 a	5,76 a	218 a
Pr > F	0,033	0,121	0,333	0,168	0,020
Significatif	Oui	Non	Non	Non	Oui

I.2.2.3- Variables du pédoncule :

Suite aux tests de normalité et d’homogénéité appliqués sur les 07 variables relatives à l’épillet, 04 variables ne présentent pas une distribution normale : la longueur (P1) et les largeurs prises à partir de trois points de contrôle (P2 ; base/ P3 ; milieu/ P4 ; extrémité) du pédoncule (Tableau 22).

Tableau 22: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés au pédoncule

Variable	Test de normalité		Test d'homogénéité		Analyse de variance	Test post-hoc
	<i>Shapiro-Wilk</i>	Signification	<i>Bartlett</i>	signification		
P1	0,010	Anormale	0,247	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
P2	0,027	Anormale	0,222	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
P3	0,026	Anormale	0,482	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
P4	0,035	Anormale	0,776	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
P5	0,738	Normale	0,637	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
P6	0,766	Normale	0,068	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
P7	0,899	Normale	0,215	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>

Sur les 7 variables liées au pédoncule, seules 3 ont subi un test ANOVA à un seul facteur, ce sont celles des hauteurs prises à partir de trois points de contrôle (P5 ; base/ P6 ; milieu/ P7 ; extrémité) du pédoncule et qui ont montré des différences hautement significatives entre les dokkars étudiés (Tableau 23).

Tableau 23: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Tukey* (HSD) des paramètres reproductifs liés au pédoncule

	P5	P6	P7
GHM	1,322 ab	1,328 a	1,510 a
DNM	1,391 a	1,311 a	1,343 a
MDM	1,279 ab	1,274 a	1,432 a
TMM	1,057 abc	1,079 ab	1,097 ab
HORM	0,961 abc	1,094 ab	1,096 ab
THRM	0,892 bc	0,924 ab	1,067 ab
SFM	0,938 abc	0,938 ab	0,938 ab
HMM	0,889 bc	0,901 ab	1,000 ab
ACHM	0,717 c	0,723 b	0,804 b
HLWM	0,640 c	0,706 b	0,946 ab
Pr > F	0,000	0,000	0,002
Significatif	Oui	Oui	Oui

Le test *Conover-Iman* sur les 4 variables (P1, P2, P3 et P4), a indiqué que les largeurs prises à partir de trois points de contrôle (P2 ; base/ P3 ; milieu/ P4 ; extrémité) du pédoncule ont des différences significatives. Cependant, la longueur du pédoncule (P1) semble ne pas avoir d'effet discriminant sur les dokkars (Tableau 24).

Tableau 24: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Conover-Iman* des paramètres reproductifs liés au pédoncule.

	P1	P2	P3	P4
DNM	38,097 a	2,971 ab	2,901 ab	2,879 ab
GHM	31,822 a	4,392 b	4,511 b	4,522 c
MDM	35,467 a	3,772 ab	3,835 b	3,931 bc
TMM	20,162 a	3,371 ab	3,332 ab	3,416 abc
SFM	21,5 a	2,248 ab	2,248 ab	2,248 a
HMM	17,492 a	2,041 a	2,107 a	2,191 a
ACHM	28,217 a	2,188 a	2,305 a	2,459 a
HLWM	10,7 a	1,786 a	1,786 a	1,883 a
THRM	22,225 a	2,091 a	2,152 a	2,293 a
HORM	16,2 a	2,052 a	2,243 ab	2,202 a
Pr > F	0,318	0,022	0,019	0,016
Significatif	Non	Oui	Oui	Oui

1.2.2.4- Variables de l'épillet :

La quasi-totalité des variables étudiées de l'épillet présentent une distribution normale exceptée la longueur de l'épillet le plus court (E3) et la longueur stérile de l'épillet (E10). Notons que la longueur totale de l'épillet (E9) suit une loi normale mais non homogène par rapport aux modalités étudiées (Tableau 25).

Tableau 25: Tests de normalité et d'homogénéité, choix d'analyse de la variance et de test post-hoc des caractères reproductifs étudiés liés à l'épillet

Variable	Test de normalité		Test d'homogénéité		Analyse de variance	Test post-hoc
	<i>Shapiro-Wilk</i>	Signification	<i>Bartlett</i>	signification		
E1	0,552	Normale	0,671	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E2	0,216	Normale	0,121	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E3	< 0,0001	Anormale	0,003	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
E4	0,265	Normale	0,122	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E5	0,120	Normale	0,652	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E6	0,826	Normale	0,378	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E7	0,458	Normale	0,619	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E8	0,342	Normale	0,326	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E9	0,198	Normale	0,041	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
E10	0,003	Anormale	0,392	Homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
E11	0,283	Normale	0,025	Non homogène	<i>Kruskal-Wallis</i>	<i>Conover-Iman</i>
E12	0,175	Normale	0,522	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E13	0,775	Normale	0,570	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>
E14	0,068	Normale	0,267	Homogène	ANOVA	<i>Tukey (HSD)</i>

Sur les 14 variables liées à l'épillet, 10 variables ont subi un test ANOVA à un seul facteur, dont 04 traits ont présenté une différence significative entre les dokkars étudiés et qui sont : nombre totale des épillets (E1), longueur de l'épillet le plus long (E2), nombre de pseudo-verticilles (E6), et le nombre de fleurs /épillet (E8) (Tableau 26).

Tableau 26: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Tukey (HSD)* des paramètres reproductifs liés à l'épillet

	E1	E2	E4	E5	E6	E7	E8	E12	E13	E14
TMM	139,778 ab	30,833 a	72,889 a	10,889 a	11,556 ab	4,677 a	60,369 a	2,177 a	1,770 a	1,163 a
GHM	199,444 a	24,678 a	59,778 a	6,667 a	16,222 a	4,839 a	48,304 a	1,742 a	1,683 a	1,291 a
DNM	152,444 ab	26,058 a	65,444 a	10,389 a	15,111 ab	4,478 a	51,056 a	1,938 a	1,698 a	1,137 a
MDM	185,333 a	22,350 a	52,789 a	10,722 a	14,167 ab	4,519 a	36,956 a	1,987 a	1,901 a	1,061 a
ACHM	81,500 b	17,206 a	55,556 a	15,111 a	11,389 ab	4,790 a	36,595 a	2,054 a	1,993 a	1,143 a
THRM	87,000 b	22,017 a	58,667 a	13,333 a	8,500 ab	3,803 a	40,718 a	1,632 a	1,519 a	1,064 a
HMM	83,333 b	16,567 a	51,667 a	14,667 a	8,333 ab	4,100 a	36,702 a	1,978 a	1,738 a	0,961 a

HORM	113,333 ab	12,633 a	35,000 a	8,333 a	11,333 ab	3,953 a	21,080 a	1,769 a	1,768 a	1,213 a
SFM	53,333 b	19,367 a	49,000 a	21,333 a	8,333 ab	4,444 a	36,280 a	1,813 a	1,312 a	0,802 a
HLWM	79,000 b	16,400 a	49,000 a	7,000 a	5,000 b	4,400 a	23,000 a	1,610 a	1,492 a	0,806 a
Pr > F	0,000	0,041	0,056	0,266	0,009	0,304	0,048	0,482	0,109	0,128
Significatif	Oui	Oui	Non	Non	Oui	Non	Oui	Non	Non	Non

Quant aux quatre traits liés au rachis traités par le test non paramétrique, nous remarquons que la longueur totale moyenne (E9) et la longueur fertile (E11) de l'épillet présentent des variabilités significatives entre les groupes étudiés (Tableau 27).

Tableau 27: Valeurs moyennes et groupes homogènes révélés par test *Conover-Iman* des paramètres reproductifs liés à l'épillet

	E3	E9	E10	E11
DNM	4,906 a	17,285 a	3,279 a	14,006 a
GHM	2,922 a	19,369 a	3,021 a	16,347 a
MDM	9,778 a	12,577 a	2,679 a	9,899 a
TMM	3,944 a	21,183 a	5,283 a	15,900 a
SFM	8,167 a	13,686 a	2,896 a	10,790 a
HMM	4,150 a	10,875 a	1,795 a	9,080 a
ACHM	5,306 a	11,594 a	2,220 a	9,374 a
HLWM	5,300 a	9,000 a	1,360 a	7,640 a
THRM	6,317 a	14,571 a	2,274 a	12,298 a
HORM	2,667 a	7,119 a	1,391 a	5,729 a
Pr > F	0,533	0,046	0,058	0,049
Significatif	Non	Oui	Non	Oui

I.3- Analyse des corrélations entre les variables étudiées

I.3.1- Partie végétative :

La matrice de corrélation de *Pearson* pour les variables de la partie végétative (Annexe 2) a montré l'existence des corrélations en majorité positives, et que les coefficients de corrélation varient entre modérément (0,5-0,7) à très fortement corrélée (>0,7). Des très fortes corrélations ont été marquées entre la longueur totale de la palme (V2) et la longueur de la partie épineuse (V4), la longueur maximale de penne du milieu (V23). De même, la largeur (V5) et l'épaisseur du rachis (V6) sont très fortement corrélées. Le nombre moyen d'épines des deux côtés (V8) est positivement et très fortement corrélé avec le nombre d'épines groupés en 3 (V11) et négativement avec le nombre de pennes groupées en 2 (V16). Des liaisons très fortes existent aussi entre le nombre moyen de pennes par palme (V14), d'une

part, et le nombre de pennes groupées en 4 (V18), interne (V20) et externe (V22), d'autres part. Notant que les variables (V20 et externe V22) sont très fortement inter-corrélées, et que le nombre de pennes groupées en 4 (V18) est, à son tour, lié fortement avec celles groupées en 5 (V19) et intermédiaires (V21). Toutefois, ces deux derniers traits sont corrélés modérément.

1.3.2- Partie de reproduction:

1.3.2.1- Corrélations entre les variables de la spathe :

En majorité, des corrélations positives ont été trouvées entre les différentes variables étudiées de la spathe (Annexe 3). Il ressort que le poids de la spathe (S11) est fortement corrélé avec les paramètres mesurés du milieu de la spathe ; de largeur (S4) et de sa hauteur (S8). Les mesures des largeurs à 03 niveaux de contrôle (S2, S3 et S4) et des hauteurs à 03 niveaux (S6, S7 et S8) sont dans l'ensemble fort inter-corrélées entre eux.

1.3.2.2- Corrélations entre les variables du rachis :

Dans l'ensemble, les coefficients de corrélations entre les variables liées au rachis sont tous positifs (Annexe 4). Le poids du rachis (R8) a révélé de fortes corrélations entre les largeurs et les hauteurs à 02 niveaux de mesures ; base et milieu (R2, R3, R5) et de moindre importance avec R6. La largeur à la base du rachis (R2) est fortement corrélée avec la largeur à son milieu (R3) et la hauteur à sa base (R5).

1.3.2.3- Corrélations entre les variables du pédoncule :

La matrice de corrélation montre des coefficients positifs pour l'ensemble des paramètres du pédoncule (Annexe 5). Une forte corrélation est observée entre les largeurs à trois niveaux de mesure ; base (P2), milieu (P3) et extrémité (P7). De même, pour les hauteurs ; base (P5), milieu (P6) et extrémité (P7). Par ailleurs, ces largeurs et hauteurs sont modérément inter-corrélées entre eux.

1.3.2.1- Corrélations entre les variables de l'épillet :

L'ensemble des coefficients de corrélation des variables de l'épillet sont positifs. La matrice de corrélation (Annexe 6) montre des liaisons entre le nombre total des épillets (E1) et le nombre de pseudo-verticilles (E6). Il est à noter que ces paramètres ; longueur de l'épillet le plus long (E2), le nombre de fleurs qu'il porte (E4), nombre moyen de fleurs /épillet (E8),

longueur moyenne totale de l'épillet (E9), sa longueur stérile (E10) et fertile (E11), sont fortement corrélés. Également, le nombre en pseudo-verticilles (E6) est fort corrélé avec la longueur de la partie fertile de l'épillet (E11). Les diamètres de l'épillet mesurés à 2 points de contrôle (base épillet E12, et base fertile E13) sont aussi corrélés entre eux.

I.4- Analyses multivariées et analyse ascendante hiérarchique (ACP-CAH) :

L'analyse ACP permet d'identifier les variables les plus discriminantes et de décrire les accessions des cultivars étudiés qui y sont fortement corrélés, et l'analyse CAH permet de regrouper ces accessions en clusters selon leurs degrés de ressemblances.

I.4.1- Caractères de la partie végétative :

Sur les 27 variables morphologiques des 32 accessions étudiés, 12 variables ont été retenues pour faire une analyse multivariée ACP. Les résultats indiquent qu'elles ont été regroupées principalement sur les 03 premières composantes principales avec 72.46% de la variabilité totale et dont la valeur propre est supérieure à 1.

Tableau 28: Valeurs propres, pourcentages de variabilité et pourcentages de variabilité cumulée pour les différentes composantes

	F1	F2	F3
Valeur propre	5,801	1,663	1,232
Variabilité (%)	48,339	13,858	10,263
% cumulé	48,339	62,197	72,460

La CP1 explique 48.34% de la variabilité totale. Elle est représentée par deux groupes opposés de variables négativement corrélées entre eux et qui ont contribué à la formation de cet axe F1 (Annexe 7). Les variables négativement corrélées sont composées essentiellement par des traits relatifs aux longueurs ; longueur totale de la palme (V2) et la longueur de la partie épineuse de la palme (V4), ainsi que par le nombre d'épines des deux côtés (V8). En revanche, les variables positivement corrélées sont constituées principalement par des caractères de penne, nombre moyen par palme (V14), groupées en 2 (V16), internes (V20) et externes (V22), et aux largeurs ; du rachis (V5), de la palme à la base du pétiole (V7) et de la penne du milieu (V24).

La CP2 explique 13,86 % de la variabilité, et est formée par la contribution des certains caractères à son extrémité positive et qui sont (Annexe 7); la circonférence du stipe (V1), la

largeur de la palme à la base pétiolaire (V7), et la largeur maximale de la penne du milieu (V24). La CP3 explique 10.26% de la variabilité, et est formée par un seul caractère, la longueur de l'épine du milieu (V13) (Figure 9).

En effet, la CP1 semble donner une idée sur la densité et le développement de la couronne, tandis que la CP2 donne une idée sur l'aspect vigoureux de la plante pour les accessions

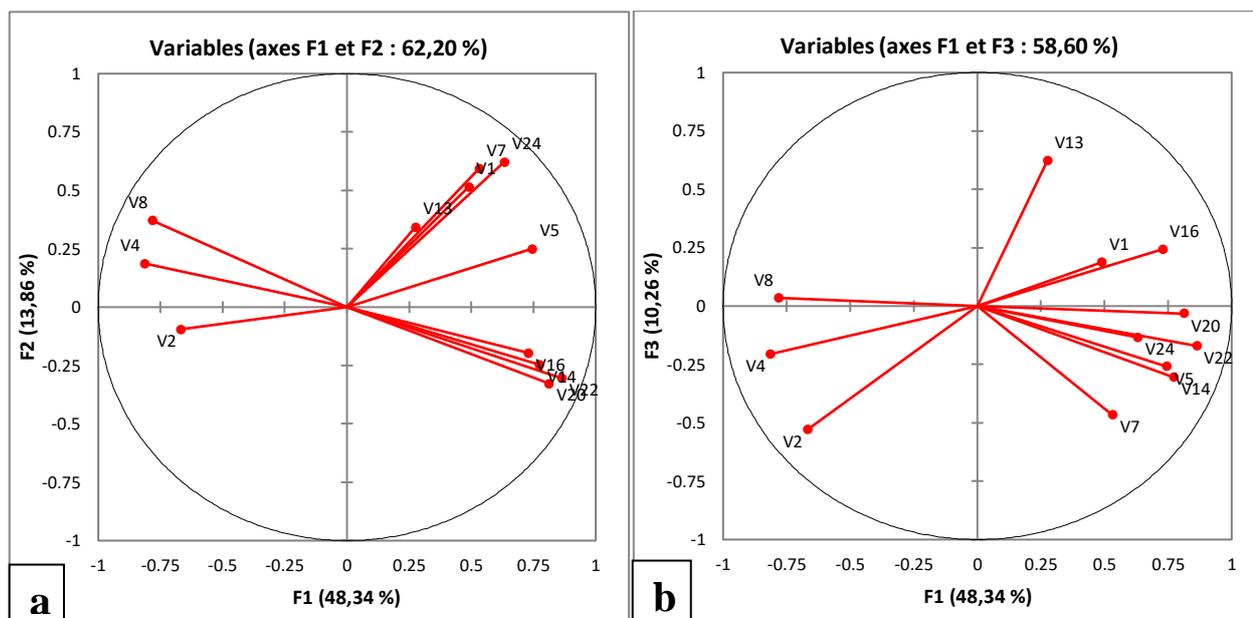


Figure 9: Cercle de corrélation entre les variables végétaives et les facteurs sur le plan F1 et F2 (a), sur le plan F1 et F3 (b).

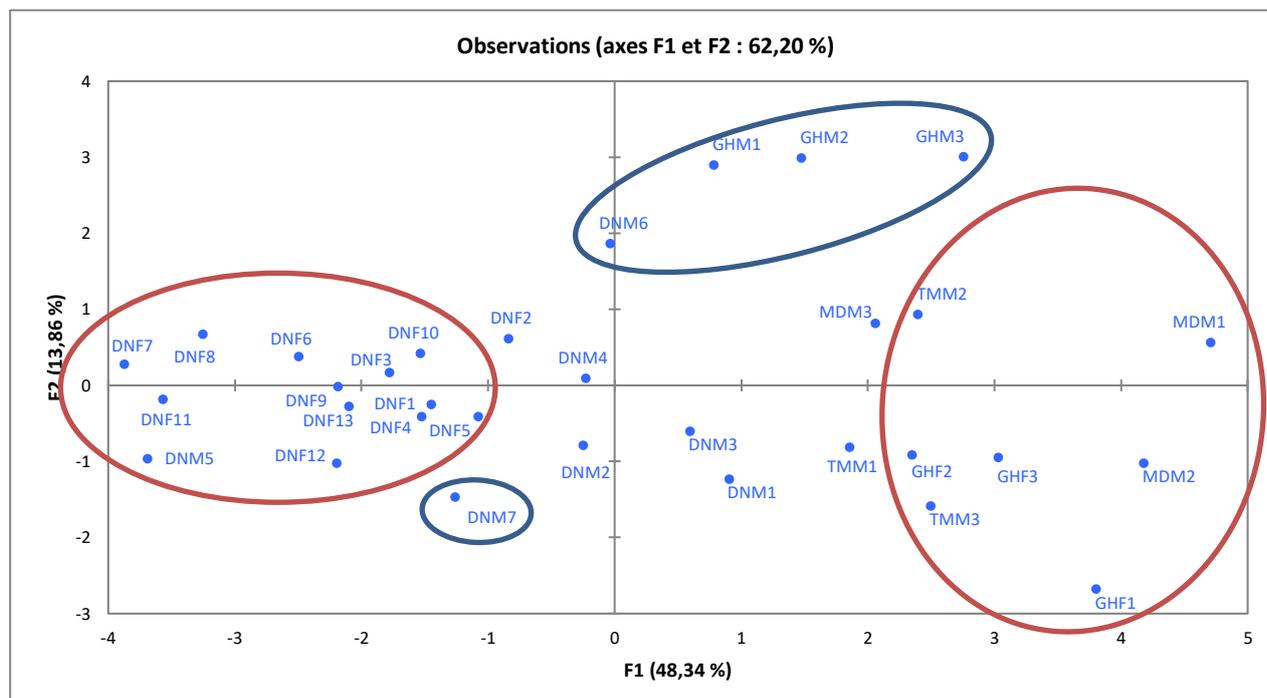


Figure 10: Projection des accessions mâles et femelles du palmier dattier sur le plan F1-F2 basée sur les caractères végétatifs

La représentation graphique des accessions étudiées projetées sur le plan formé par les deux premiers axes F1-F2 est illustrée dans la Figure 10. La somme des cosinus carrés ($\cos^2 > 0,5$) sur les premières composantes principales, pour une observation donnée (Annexe 12), donne une idée de la fidélité de la représentation dans le plan défini par ces axes. Seules les accessions les mieux représentées et les mieux corrélées aux axes définis seront considérées ($\text{cor} > 0,5$). Pour la projection des accessions sur l'axe CP1, elle fait ressortir deux groupes opposés et négativement corrélés; à l'extrémité positive, on trouve le cultivar Ghars femelle (GHF1, GHF2, GHF3), les deux accessions de dokkars Mech degla (MDM1 et MDM2) et les deux accessions de dokkars Itima (TMM2 et TMM3). Ces accessions sont caractérisées par une forte densité des pennes (totale, groupées en 2, internes et externes), des largeurs importantes de la penne du milieu, du rachis et de la base de la palme, d'autre part, elles présentent une faible longueur de la palme et de la partie épineuse, ainsi qu'un nombre faible d'épines. Bien au contraire, le groupe situé à l'extrémité négative de ce même axe qui est formé par toutes les accessions de cultivar femelle Deglet-Nour à l'exception de DNF2, et deux dokkars Deglet-Nour (DNM5 et DNM7) sont distingués par leurs longueurs importantes de la palme et de la partie épineuse, un nombre élevé d'épine, une faible densité des pennes, de faibles largeurs de la penne du milieu, du rachis et de la palme à la base pétiolaire, ce qui leur donne un aspect aéré de la couronne. Les dokkars Ghars (GHM1-GHM2-GHM3) et le

dokkar DNM6 sont corrélés positivement avec la composante CP2, et sont caractérisés par un stipe plus vigoureux, une base de palme importante et une penne du milieu large, contrairement au dokkar DNM7. Quant à la CP3, les accessions qui y sont corrélés sont les dokkars TMM1 et DNM2 distingués par l'épine du milieu le plus longue.

La projection simultanée des variables et des accessions sur les plans F1-F2 et F3 (Biplot) est indiquée en annexes 8 et 9.

➤ **Analyse ascendante hiérarchique (CAH) :**

Sur la base des coordonnées des observations, une classification hiérarchique a été établie afin de classer les accessions étudiées selon leur niveau de dissimilarité par la méthode de Ward. Ce niveau de dissimilarité varie de 1.033 (DNF1-DNF13) à 9.427 (DNM5-MDM1).

D'après les caractères sélectionnés, le dendrogramme a généré trois principaux groupes ; I, II et III. Le premier groupe comprend toutes les accessions de Deglet-Nour femelles, ainsi que deux dokkars Deglet-nour DNM7 et DNM5. Mais pour ce dernier il est séparé de l'ensemble. Ces accessions partagent des caractéristiques communes qui renseignent sur leur allure aérée avec une longueur de la palme et de la partie épineuse importante, un nombre d'épines élevé, une faible densité des pennes, de faibles largeurs de la penne du milieu, du rachis et de la palme à base pétiolaire. Le deuxième groupe rassemble toutes les accessions de dokkars Ghars (GHM1, 2 , et 3) associées avec le dokkar DNM6. Ces accessions présentent comme traits communs ; un stipe assez vigoureux (circonférence du tronc et base de palme sont considérables) ainsi qu'une penne du milieu assez large qui donne l'image d'une couronne plutôt dense. La majorité des accessions formant le troisième groupe et sont caractérisées par une forte densité de la couronne ; des palmes et la partie épineuse assez courtes et dense en pennes, des largeurs importantes de pennes du milieu, du rachis et de la base de la palme, ainsi qu'un nombre faible d'épines. De plus, quelques accessions présentent l'épine du milieu assez longue (TMM1 et DNM2).

Malgré le fait que des accessions de Deglet-Nour femelles (DNF) proviennent de différentes oasis, mais elles ont été groupées ensemble en partageant les mêmes critères phénotypiques. Par contre, les dokkars (DNM) sont dispersés dans les principaux groupes du dendrogramme. De plus, certaines accessions, MDM3 et TMM2, portant la même appellation ont été regroupées dans des groupe ou sous-groupes différents. En outre, il est intéressant de

constater que les accessions du pollinisateur Ghars étaient regroupées dans le groupe principal (II) différent de celui des accessions du cultivar Ghars (femelle) (groupe principal III).

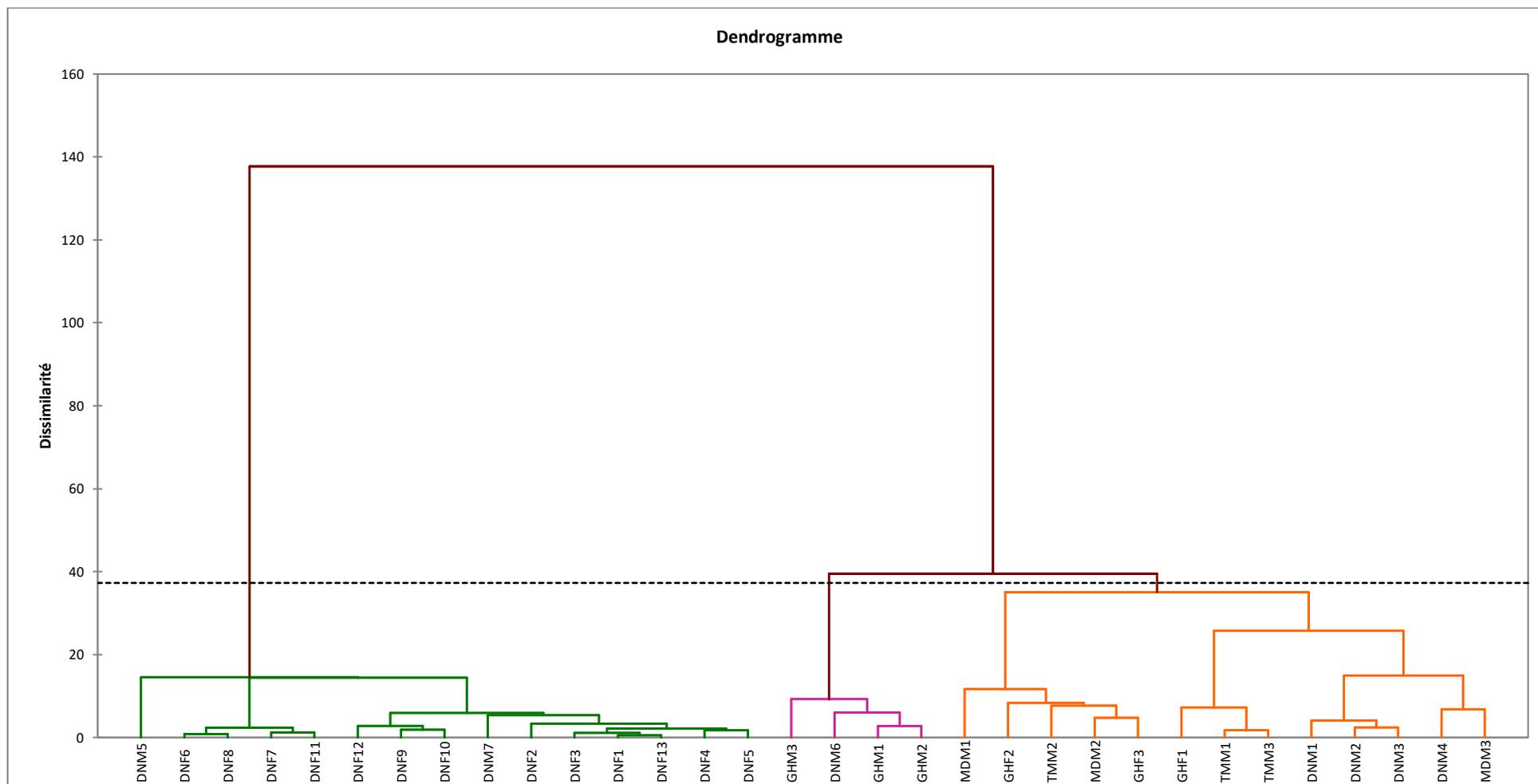


Figure 11: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions mâles et femelles basée sur les caractères végétatifs

I.4.2- Caractères de la partie de reproduction :

L'analyse multivariée par ACP des 21 variables de l'inflorescence identifiées les plus discriminantes a été réalisée sur 25 dokkars. Les résultats (Tableau 29) indiquent que les deux premiers axes expliquent 76.64% de la variabilité totale. La CP1 explique 64.90%, de la variabilité avec la contribution positive de la plupart des variables sélectionnées (19 traits morphologiques) : les longueurs et les hauteurs à trois niveaux de la spathe (base-insertion ; S2 et S6, base-renflement ; S3 et S7 et milieu ; S4 et S8), de la largeur à la base du rachis (R2) et du poids du rachis (R8), les longueurs et les hauteurs à trois niveaux du pédoncule (base ; P2 et P5, milieu ; P3 et P6 et extrémité P4 et P7), ainsi que quelques caractères de l'épillet à savoir : la longueur totale (E9) et celle de la partie fertile (E11), la longueur de l'épillet le plus long (E2), le nombre de pseudo-verticilles (E6) et de fleurs/épillet (E8) (Annexe 10).

La CP2 explique seulement 11.74% de la variabilité et n'est formée que par trois variables opposées entre eux ; positivement par la longueur du rachis (R1) et de l'épillet le plus long (E2), et négativement par la hauteur à l'extrémité de la spathe (S9) (Annexe 10).

Tableau 29: Valeurs propres, pourcentages de variabilité et pourcentage de variabilité cumulé pour les deux premières composantes

	F1	F2
Valeur propre	13,630	2,466
Variabilité (%)	64,904	11,741
% cumulé	64,904	76,645

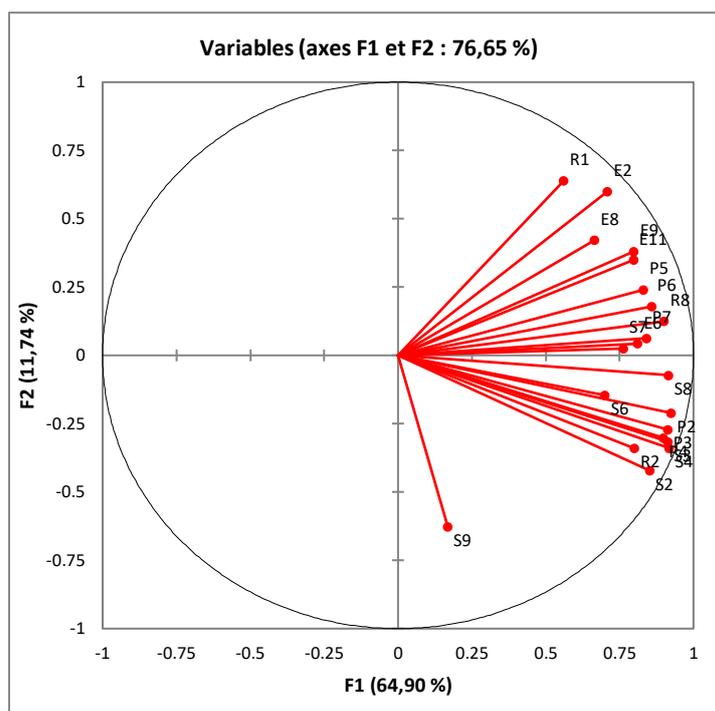


Figure 12: Cercle de corrélations entre les variables de la partie reproduction et les facteurs sur le plan F1 et F2.

La projection des accessions mâles étudiées sur le plan F1-F2 est illustrée en représentation graphique dans la Figure 13. La somme des cosinus carrés des trois premiers axes est indiquée dans l'Annexe 13, et sur la base de laquelle les observations qui sont bien projetées ont été retenues. La projection des variables fait ressortir deux groupes d'individus opposés. Le premier groupe est corrélé positivement à l'axe CP1 et il est composé des dokkars Ghars (GHM), dokkars Mech-degla (sauf MDM3), dokkars Itima (sauf TMM1) et de deux dokkars Deglet-Nour DNM5 et DNM3. Ces accessions sont caractérisées par des valeurs moyennes élevées des caractères quantitatifs et qui donnent une image sur la forme vigoureuse et dense des inflorescences qu'elles portent. A l'opposé, les accessions : dokkars Thouri (THRM), Horra (HORM), Hamray (HMM), Safray (SFM), Arehti (ACHM) et Haloua (HLWM), situées à l'extrémité gauche de l'axe 1, qui se caractérisent par des petites inflorescences avec des poids faibles et moins denses. Par contre, DNM1 présente des valeurs élevées de la longueur du rachis et de l'épillet, et une hauteur de l'extrémité de la spathe très mince.

La projection simultanée des variables et des accessions sur les plans F1 et F2 (Biplot) est indiquée en annexe 11.

le sous-groupe B, iii) Les accessions dokkars Deglet-Nour DNM sont tous regroupées dans le même groupe principal III mais sont dispersées, entre les deux sous-groupes A et B, sans pour autant avoir la même origine (oasis).

Cette tendance est similaire à celle obtenue pour la partie végétative pour ces mêmes accessions.

Suite à une deuxième analyse ACP et de la CAH, lancée après l'élimination des accessions présentant des cas d'homonymies (MDM3-TMM1-DNM5) de la partie végétative (Annexe 14) et de la partie de reproduction (Annexe 15), les caractéristiques phénotypiques des dokkars/cultivars étudiés sont synthétisées comme suit (Annexe 16);

Le cultivar et le dokkar Deglet-Nour : Ils sont caractérisés par une palme longue et mince (largeurs du rachis et du pétiole sont petites), ce qui lui confère un aspect du port érigé, une partie épineuse bien développée en termes de longueur et du nombre d'épines qu'elle porte. Un nombre réduit de pennes, ces dernières sont étroites, ce qui donne l'aspect aéré de la plante bien caractéristique; Leurs inflorescences sont de forme lancéolée.

Le cultivar Ghars ; Il est caractérisé par une palme très dense dû à un nombre élevé de pennes, qui sont larges, et une courte partie épineuse avec un faible nombre d'épines. Tandis que ***le dokkar Ghars ;*** est caractérisé par un stipe vigoureux, insérant des palmes avec de larges bases pétiolaires et de larges pennes, ainsi que de longues épines.

Le dokkar Itima ; Il est caractérisé par une palme moins longue avec un rachis et une base pétiolaire mince.

Et, le dokkar Mech-degla ; Il est caractérisé par une palme très dense suite à un nombre élevé de pennes qui sont larges et une courte partie épineuse avec un faible nombre d'épines. Cette description ressemble à celle du cultivar Ghars, mais l'observation sur terrain fait les discriminer visuellement grâce à la couleur jaunâtre de Mech-Degla par rapport à Ghars.

Tous les dokkars, mentionnés ci-dessus, excepté celui de Deglet Nour, ont des inflorescences de formes gonflées et semblent avoir des largeurs et des hauteurs (à différents niveaux) importantes de la spathe en entier et du pédoncule, ainsi que la largeur de la base du rachis. Le poids du rachis est élevé suite à une longueur importante des épillets et de leurs parties fertiles qui portent un nombre élevé des fleurs. Cependant, ***les dokkars: Haloua, Hamray, Arechti, Thouri, Horra ;*** leurs inflorescences ont un aspect fusiforme. Ils sont souvent trouvés sous

forme de « laâchach », qui sont issus de graines sans sélection préalable par les phoeniculteurs.

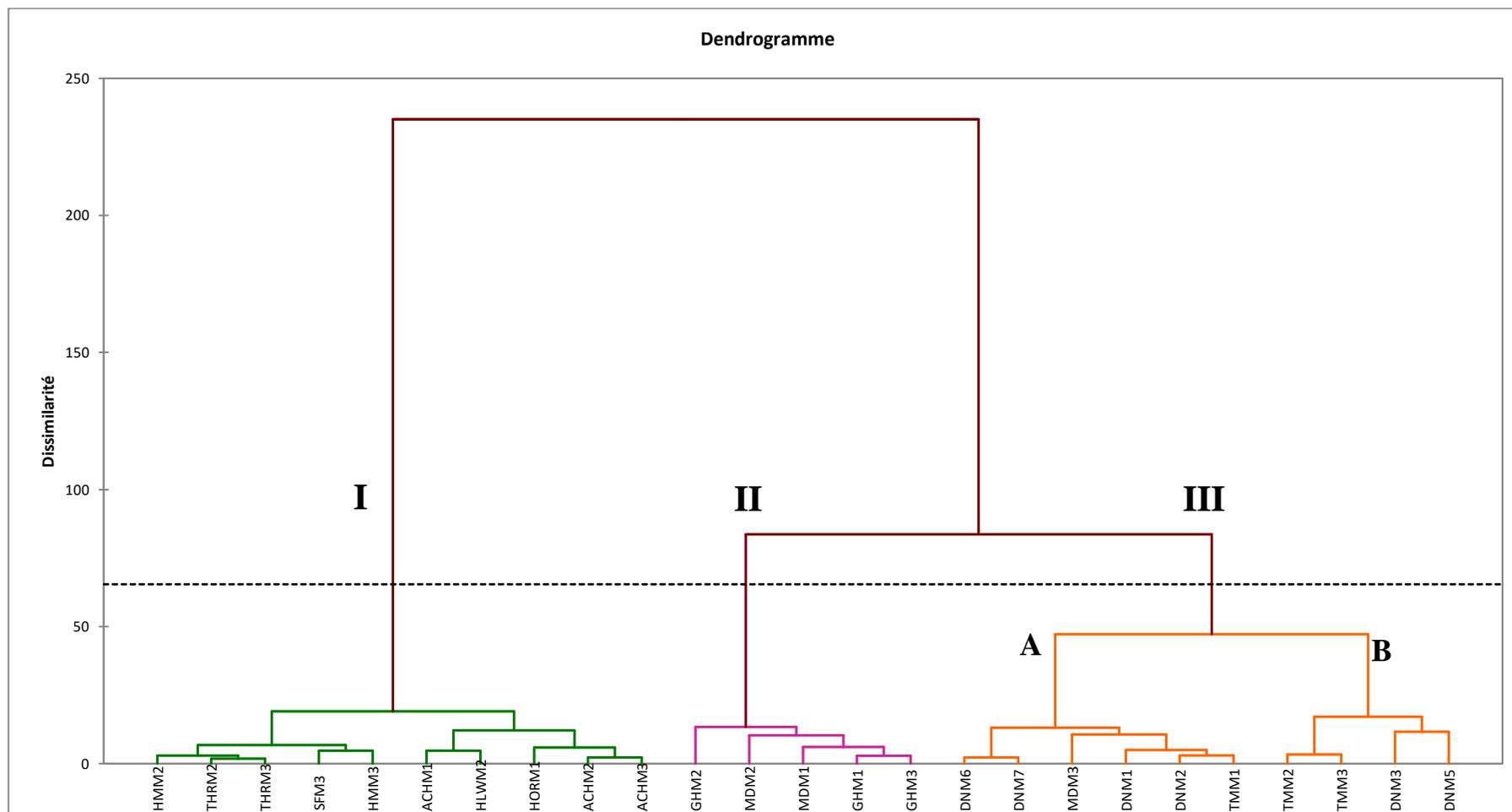


Figure 14: Classification ascendante hiérarchique (CAH) des accessions mâles basée sur les caractères de reproduction

Chapitre II

Résultats de la caractérisation moléculaire

Chapitre II. Résultats de la caractérisation moléculaire

II.1- Extraction de l'ADN

L'ADN génomique total a été extrait à partir de feuilles broyées en utilisant la méthode CTAB modifiée par Benbouza et al., (2006). Ce protocole d'extraction a donné des bons résultats en matière de quantité et qualité de l'ADN extrait.

II.2- Optimisation de la réaction d'amplification d'amorces par PCR :

Généralement la réaction PCR exige un ADN pure et de bonne concentration pour une bonne amplification. L'étape d'optimisation des programmes PCR pour les amorces s'est avérée nécessaire afin d'avoir une bonne résolution des bandes produites lors de la migration par électrophorèse des produits PCR. Les amorces concernées par l'optimisation de la réaction PCR sont celles de Billotte et al. (2004) et de Hamwieh et al. (2010). Les paramètres de la réaction PCR ayant été modifiés concerne les températures d'hybridation. Seule l'amorce mPdCIR93 a été amplifiée par un profil Touch down après avoir eu un échec d'amplification par les profils thermiques utilisés avec les autres amorces, même après avoir testé plusieurs températures d'hybridation. Les températures d'hybridation optimisées de chaque paire d'amorces sont mentionnées dans le Tableau 7. De plus, la concentration de l'enzyme de polymérisation (*Taq polymerase*) a été optimisée.

II.3- Variabilité génétique

Le choix des 25 marqueurs SSR utilisés dans cette étude était basé sur les résultats d'amplification d'études antérieures similaires. Le locus, mPdCIR32, était monomorphe et a montré deux fragments de tailles 280 pb et 297 pb, tandis que tous les 24 autres locus SSR ont montré une amplification polymorphe avec un ou deux fragments par génotype et ont amplifié un nombre total de 135 allèles. Le nombre d'allèles amplifiés a varié par locus, de 2 (PDCAT3) à 12 (DP 159), avec une moyenne de 5,44 (Tableau 30). La fréquence allélique la plus faible observée parmi plusieurs loci était de 0,010 (Tableau 30) et la plus élevée était de 0,860 pour l'allèle 260 pb (locus mPdCIR57) (Tableau 30). La probabilité maximale d'identité (1) a été détectée avec PDCAT2 et la probabilité minimale (0,153) avec PDCAT3. Les valeurs PIC ont varié de 0,236 (mPdCIR 57) à 0,758 (mPdCIR 35), avec une valeur PIC moyenne de 0,55 (Tableau 31). Pourtant, des valeurs PIC élevées ne correspondent pas

automatiquement à un nombre élevé de cultivars distingués (NDC), ni à un nombre élevé d'allèles détectés par un marqueur SSR.

Tableau 30: Tailles et fréquences alléliques des amorces SSR utilisées

SSR	Taille d'allèles et leurs fréquences*										
MPdCIR10	105	112	120	128	134	140	145	162	169		
	0.0300	0.0300	0.2500	0.0900	0.3500	0.1500	0.0400	0.0300	0.0300		
MPdCIR25	206	220	222	225	235	241	244				
	0.0400	0.0600	0.3900	0.0100	0.0300	0.2000	0.2700				
MPdCIR50	159	164	171	182	187	192	198	206			
	0.0100	0.2400	0.0700	0.1000	0.0300	0.5300	0.0100	0.0100			
MPdCIR93	168	173	180	186	188						
	0.0700	0.0200	0.6000	0.1700	0.1400						
MPdCIR57	260	272	276								
	0.8600	0.0600	0.0800								
MPdCIR32	280	297									
	0.5000	0.5000									
MPdCIR35	182	187	191	193	197	203					
	0.2000	0.3100	0.2100	0.0500	0.1400	0.0900					
DP159	101	105	108	112	114	117	122	127	137	147	156
	0.3500	0.0700	0.3600	0.0100	0.0700	0.0400	0.0100	0.0500	0.0200	0.0100	0.0100
DP160	196	201	206	211							
	0.3700	0.1300	0.3700	0.1300							
DP168	205	209	213	217							
	0.2900	0.0400	0.6100	0.0600							
DP169	210	219	222	227							
	0.1300	0.7700	0.0400	0.0600							
DP170	205	209	211	213	215						
	0.0100	0.5000	0.0100	0.4700	0.0100						
DP171	200	214	220	242							
	0.0200	0.4700	0.4800	0.0300							
PDCAT1	100	106	133	79	85						
	0.5200	0.1300	0.1400	0.0200	0.1900						

PDCAT10	101 0.5000	111 0.4900	93 0.0100							
PDCAT2	145 0.0100	165 0.0100	171 0.0100	175 0.0800	177 0.2100	179 0.0300	183 0.0300	186 0.1000	189 0.4000	196 0.1200
PDCAT5	67 0.1100	78 0.2100	80 0.0400	85 0.4100	87 0.2300					
PDCAT14	121 0.1100	123 0.1100	125 0.2000	129 0.0800	135 0.4900	144 0.0100				
PDCAT12	132 0.0100	141 0.0100	143 0.0700	149 0.1400	161 0.1000	163 0.5900	167 0.0800			
PDCAT17	115 0.1000	125 0.0200	131 0.6300	137 0.2500						
PDCAT21	143 0.5400	145 0.1200	150 0.3400							
PDCAT8	202 0.1300	223 0.0200	225 0.3600	233 0.0900	235 0.3500	238 0.0500				
PDCAT6	122 0.0600	130 0.2100	136 0.3200	138 0.1900	140 0.0300	149 0.1900				
PDCAT18	101 0.0100	111 0.3100	117 0.0100	119 0.2400	123 0.0200	127 0.4100				
PDCAT3	221 0.1700	225 0.8300								

* Fréquences alléliques sont mentionnées en-dessous des tailles d'allèles

La moyenne du taux d'hétérozygotie total (H_t) par locus, pour tous les cultivars, était assez élevée (0,638), avec une valeur de 0,83 pour mPdCIR10, indiquant le potentiel élevé de l'informativité de ces marqueurs SSR ($PIC > 0,5$, Tableau 31). Sur les 135 allèles amplifiés, quatorze semblent être fixes ($p \geq 0,5$), tandis que soixante-sept (49,26%) sont probablement des allèles rares ($p \leq 0,05$) (Tableau 31). De plus, la plupart des dokkars présentaient des allèles privés à l'exception de (Safra, Hamra et Unknown). Sur les 28 allèles privés amplifiés, «Deglet-Nour» Dokkar avait le plus grand nombre d'allèles spécifiques (9) (Annexe 18). Tandis que deux pollinisateurs «Horra» et «Ghars», ont amplifié un seul allèle spécifique de 101 pb et 235 pb aux loci PDCAT18 et mPdCIR25, respectivement (Tableau 30). Ces allèles spécifiques semblent être fixes car leurs fréquences sont égales à 0,5. De plus, l'allèle 225 pb (locus PDCAT3) était présent chez toutes les accessions étudiées, à l'exception de celles de «Ghars» pour les individus mâles et femelles. Le locus PDCAT2 avait le plus grand nombre de génotypes, 15, et le plus faible nombre (1) était noté au locus mPdCIR32 (Tableau 31).

L'hétérozygotie observée (H_o) était élevée pour la plupart des loci sauf pour 6 loci, où le H_o était inférieur à 0,5. Les valeurs H_o ont varié entre 0,026 (DP169) et 1,00 (PDCAT10, DP171, DP160, DP159, mPdCIR32 et mPdCIR10), avec une moyenne de 0,688 (Tableau 31), indiquant une grande diversité des accessions de palmiers dattiers. Dans cette étude, la valeur de fréquence allélique nulle (R) (0,20) a été considérée comme la valeur seuil pour laquelle la signification de l'hétérozygotie attendu (H_e) est sous-estimée en raison des allèles nuls qui peuvent être trouvés (Chapuis et Estoup, 2007). Sur tous les loci, les valeurs H_e étaient significatives car tous les loci présentaient une valeur R de fréquence allélique nulle sous le seuil (Tableau 3). La moyenne d'hétérozygotie attendue (H_e) était de 0,436 et a varié entre 0,098 (PDCAT3) et 0,6 (PDCAT2). La majorité des marqueurs SSR ont montré des valeurs élevées de H_o par rapport à H_e , à l'exception du locus DP169 (Tableau 31). Cette tendance se traduit par des valeurs F_{is} négatives (Tableau 31) suggérant un excès d'hétérozygotes.

Tableau 31: Paramètres génétiques des 25 amorces examinées sur les 50 accessions du palmier dattier étudiées

Locus	N	N_e	NG	H_o	H_e	I	F_{is}	F_{st}	PIC	R	NDC
mPdCIR10	9	2.562	6	1.000	0.573	0.907	-0.746	0,312	0.7499	0	1
mPdCIR25	7	2.096	9	0.635	0.475	0.744	-0.335	0,338	0.6853	0.05	2
mPdCIR32	2	2.000	1	1.000	0.500	0.693	-1.000	0,000	0.3750	0	0

mPdCIR35	6	2.058	6	0.821	0.466	0.715	-0.762	0,372	0.7586	0	0
mPdCIR50	8	2.071	8	0.718	0.473	0.734	-0.518	0,293	0.6020	0.024	2
mPdCIR57	3	1.394	4	0.292	0.214	0.324	-0.362	0,282	0.2356	0.025	0
mPdCIR93	5	2.000	8	0.708	0.450	0.715	-0.575	0,243	0.5458	0	1
DP159	11	2.598	7	1.000	0.584	0.946	-0.712	0,256	0.6948	0	2
DP160	4	2.246	2	1.000	0.534	0.791	-0.872	0,275	0.6358	0	0
DP168	4	1.626	6	0.375	0.311	0.460	-0.204	0,362	0.4713	0.049	0
DP169	4	1.262	5	0.026	0.141	0.200	0.818	0,698	0.3586	0.082	1
DP170	5	2.060	4	0.990	0.511	0.734	-0.939	0,006	0.4181	0	1
DP171	4	2.063	3	1.000	0.513	0.732	-0.950	0,072	0.4444	0	1
PDCAT1	5	1.845	10	0.353	0.334	0.551	-0.057	0,556	0.6138	0.036	1
PDCAT2	10	2.726	15	0.974	0.600	1.000	-0.624	0,250	0.7347	0	3
PDCAT3	2	1.150	3	0.128	0.098	0.153	-0.304	0,712	0.2424	0.001	0
PDCAT5	5	2.284	8	0.974	0.544	0.839	-0.790	0,266	0.6766	0	0
PDCAT6	6	2.357	13	0.699	0.527	0.857	-0.325	0,324	0.7420	0.014	0
PDCAT8	6	2.433	11	0.776	0.554	0.897	-0.399	0,272	0.6738	0.014	1
PDCAT10	3	2.044	2	1.000	0.509	0.718	-0.966	0,008	0.3897	0	1
PDCAT12	7	1.911	11	0.500	0.407	0.660	-0.228	0,436	0.5810	0.045	1
PDCAT14	6	1.979	13	0.606	0.438	0.706	-0.385	0,421	0.6522	0.014	1
PDCAT17	4	1.710	7	0.500	0.349	0.538	-0.434	0,444	0.4710	0.011	1
PDCAT18	6	2.075	9	0.760	0.477	0.742	-0.594	0,288	0.6145	0	2
PDCAT21	3	1.752	6	0.365	0.330	0.514	-0.107	0,441	0.4993	0.049	0

(*N*) nombre d'alleles détecté, (*Ne*) nombre effectif d'allèles, (*NG*) nombre de génotypes, (*Ho*) hétérozygotie observée, (*He*) hétérozygotie attendue, (*I*) indice d'information de Shannon, (*Fis*) coefficient de consanguinité de la population, (*PIC*) contenu d'information polymorphique, (*PD*) pouvoir de discrimination, (*R*) fréquence allélique nulle et (*NDC*) nombre de cultivars distingués.

II.4- Relations génétiques et regroupement des accessions étudiées

Sur la base de l'analyse de 25 marqueurs SSR, le dendrogramme UPGMA a regroupé les accessions en deux groupes principaux (I et II). Le groupe I regroupe la plupart des accessions est organisé en deux sous-groupes principaux A et B. Le sous-groupe A, contient 8 accessions, et le sous-groupe B regroupe le plus grand nombre d'accessions, 33, organisées en deux sous-groupes B-1 et B-2. Le deuxième groupe principal (II) ne contient que neuf accessions réparties sur deux sous-groupes C et D (Figure 15).

Le dendrogramme a mis en évidence des relations de regroupement faibles (avec des valeurs bootstrap faibles) principalement pour les sous-groupes (A et B). En outre, une forte variation des valeurs de similarité au niveau moléculaire a été observée parmi les 50 accessions. Les valeurs ont varié de 0,176 (entre 'ACHM1'-et 'MDM2') à 1,00 pour 32 combinaisons d'accessions, entre les accessions «Deglet-Nour» mâles et femelles ainsi que pour la combinaison des deux accessions mâles de «Ghars» GHM1 - GHM3 (Annexe 17). Dans l'ensemble, les accessions de même type ont été regroupées en fonction de leur origine (Oasis). À l'exception de : i) HMM1, regroupée dans le groupe principal I, sous-groupe A-1, tandis que les deux autres accessions au groupe principal II (sous-groupe D-2), ii) THRM1, DNM5 et ACHM1 regroupées dans différents sous-groupes des accessions appartenant au même type de dokkars. De plus, il est intéressant de constater que les accessions du pollinisateur Ghars sont regroupées dans un groupe principal (II) différent de celui des accessions du cultivar Ghars (femelle) (groupe principal I). Tandis que les accessions mâles et femelles de «Deglet Noor» sont regroupées dans le même groupe principal I (sous-groupe B-2).

Le dendrogramme UPGMA montre quatre cas de profils génotypiques différents ayant la même dénomination mais qui ne sont pas regroupés dans les mêmes groupes ou sous-groupes principaux. Ces accessions sont: THRM1, HMM1, ACHM1 et DNM5. De plus, les accessions des sous-groupes (A, B, C et D) se sont regroupées de la même manière que dans l'analyse PCoA.

II.5- Profils génétiques des pollinisateurs et des cultivars

Parmi les 25 loci SSR amplifiés dans cette étude, PDCAT2 a distingué le plus grand nombre de dokkars / cultivars, tandis que neuf loci SSR n'ont pu en distinguer aucun (Tableau 31). La combinaison des marqueurs mPdCIR25 et PDCAT2 a permis de distinguer 6 des dokkars / cultivars (Tableau 31). Les vingt-cinq SSR utilisés dans cette étude ont identifié les 50 accessions. En fait, les 135 allèles amplifiés ont révélé 177 génotypes parmi les accessions étudiées (Tableau 31). Parmi ces génotypes, le nombre de génotypes uniques par locus SSR était de 51 et a varié de 0 pour (mPdCIR10, mPdCIR32, DP171, DP160, PDCAT21 et PDCAT3) à 8 pour (PDCAT2). Les accessions DNM5, TMM1 et TRHM1 ont amplifié le plus grand nombre de génotypes uniques. De plus, pour toutes les accessions, le locus mPdCIR32 a amplifié un génotype unique (280-207).

Parmi les quinze génotypes à haute fréquence (1) trouvés dans cette étude, seuls deux génotypes avec les combinaisons d'allèles 182/191 136/149 étaient spécifiques de «Deglet-Nour» aux loci mPdCIR35 (pour les mâles et les femelles) et PDCAT6 (pour les femelles), respectivement (Figures 16 et 17). Parmi les profils génétiques trouvés dans cette étude, seules les accessions femelles de «Deglet-Nour» étaient représentées par un profil unique multi-locus (Annexe 19) et peuvent donc être considérées comme génotype de cultivar.

Parmi les 28 allèles privés notés dans cette étude (Annexe 18), les accessions de pollinisateurs «Deglet-Nour» ont amplifié le plus grand nombre d'allèles privés (9) suivis de «Itima» (5). Il est intéressant de noter que pour la plupart des accessions mâles et femelles de «Deglet-Nour», deux allèles privés (182 pb et 191 pb) ont été amplifiés au locus mPdCIR35, à l'exception du DNM6 qui a amplifié un autre allèle 203 pb tout en ayant l'allèle 182 pb (Figure 16).

De même, pour «Ghars», trois allèles privés ont été amplifiés pour toutes les accessions femelles aux loci DP169 (227 pb), DP171 (242 pb), PDCAT2 (183 pb), cependant un seul allèle (235 pb) a été amplifié au locus mPdCIR25 pour toutes les accessions mâles. De plus, l'allèle 227 pb, au locus DP169, semble être fixé pour le cultivar «Ghars». Le taux de polymorphisme le plus bas a été enregistré pour «Ghars» avec 60%, tandis que «Arecheti» et «Halwa» ont montré 100% de polymorphisme.

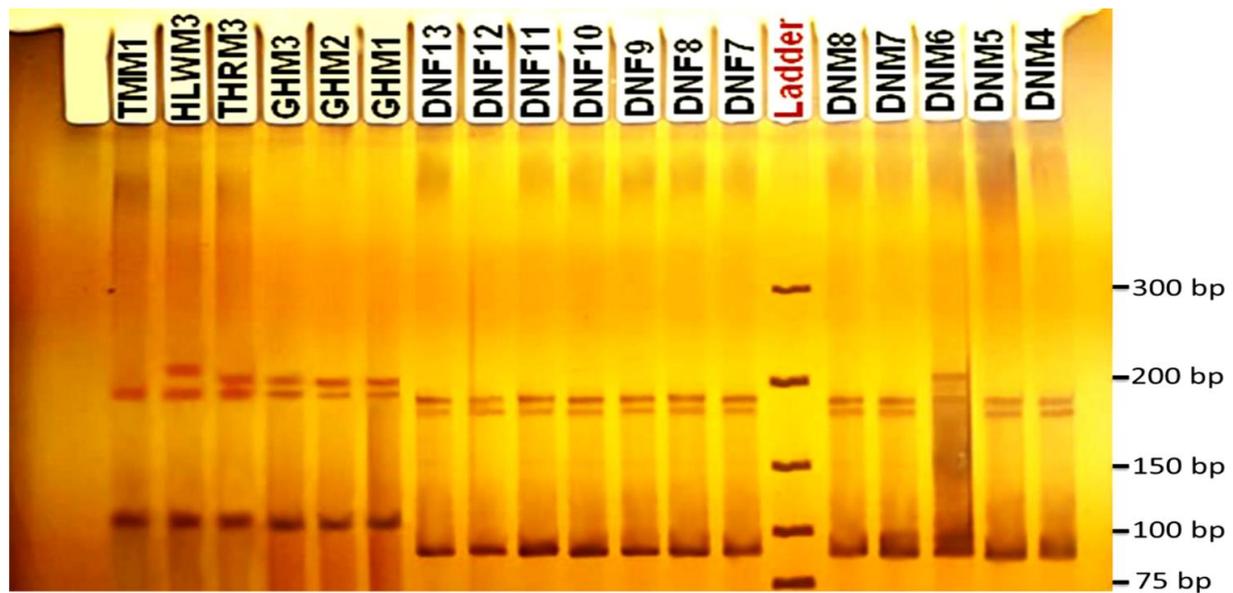


Figure 16: Profil d'amplification g n r  avec l'amorce SSR (mPdCIR35) en utilisant l'ADN g nomique de palmiers dattiers m les et femelles. Un profil unique est observ  chez 'Deglet-Nour' m les (DNM, sauf DNM6) et femelles (DNF)

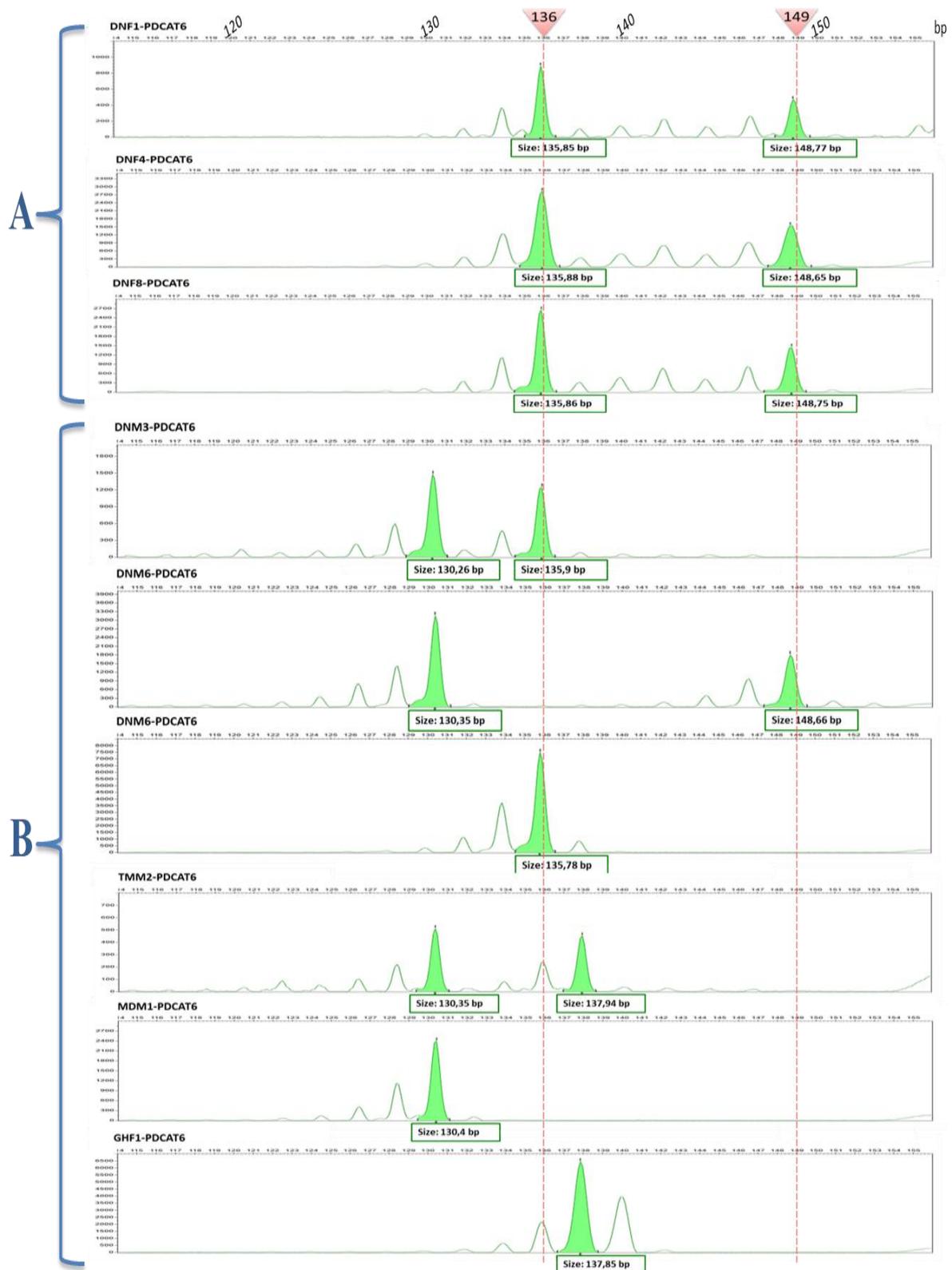


Figure 17: Profil d'amplification g n r  avec l'amorce SSR (PDCAT6) en utilisant l'ADN g nomique de certains palmiers dattiers m les et femelles. Un profil unique (136/149 pb) est observ  pour les individus femelles 'Deglet-Nour' (A) et des diff rents profils chez d'autres accessions (B)

II.6- Structure génétique des accessions de palmier dattier

En utilisant STRUCTURE, une analyse bayésienne a été réalisée pour déduire la structure de la population parmi les accessions de palmiers dattiers étudiées en utilisant 25 marqueurs SSR. Les analyses ont été effectuées avec et sans incorporer les informations préalables basées sur le regroupement UPGMA afin d'identifier la valeur K optimale. Pour les deux analyses, K = 2 était l'optimum des clusters à la valeur la plus élevée de Δk (méthode Evanno, Evanno et al., 2005) (Figures 18 et 19). Il est intéressant de noter que toutes les accessions de «Deglet-Nour», que ce soit mâle ou femelles, étaient regroupées dans le groupe 1, 65% des accessions ayant une appartenance supérieure à 0,9 et seulement 15% (3 accessions) exprimant une appartenance inférieure à 0,6. Pour les accessions restantes, elles ont été regroupées dans le groupe 2 où 73,33% ont exprimé une appartenance > 0,9. La structure génétique de la population est en concordance avec le regroupement UPGMA et le PCoA, où les pollinisateurs «Deglet-Nour» et les accessions femelles ont été regroupés dans le même pool génétique et le reste des accessions ont été regroupés dans le deuxième pool génétique. Cependant, l'analyse de la structure de la population composée seulement des dokkars (sans accessions femelles) a montré que le nombre optimal de clusters était de Neuf (K = 9) (Figure 20).

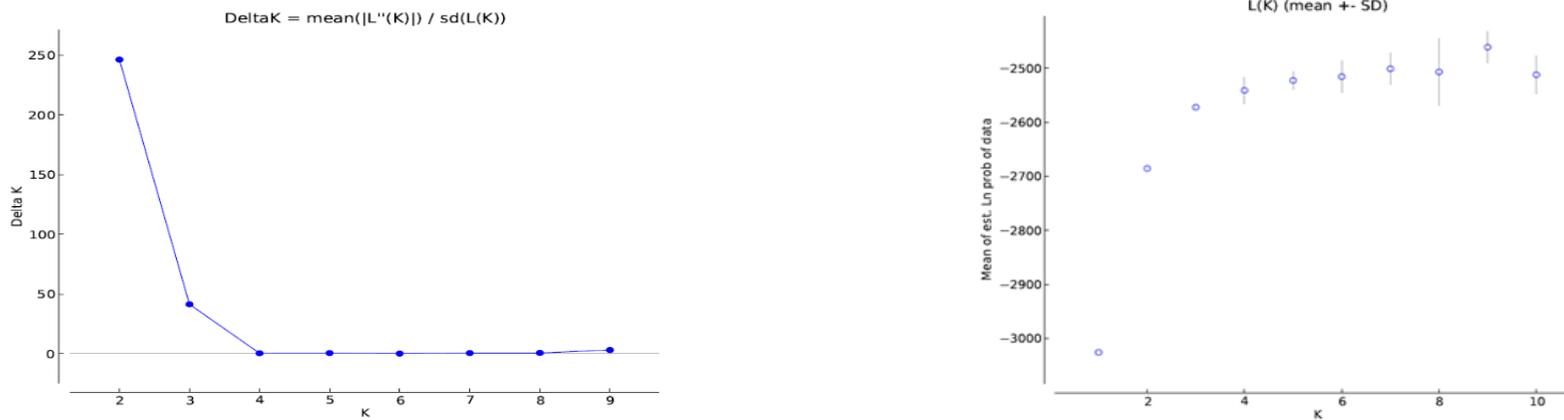


Figure 18: Sélection de K le plus approprié pour déduire la structure de la population selon la méthode d'Evanno, en utilisant le log de vraisemblance L(K) pour chaque K entre 1 à 10, et la quantité ad hoc (ΔK) basée sur le second ordre du changement de la vraisemblance.

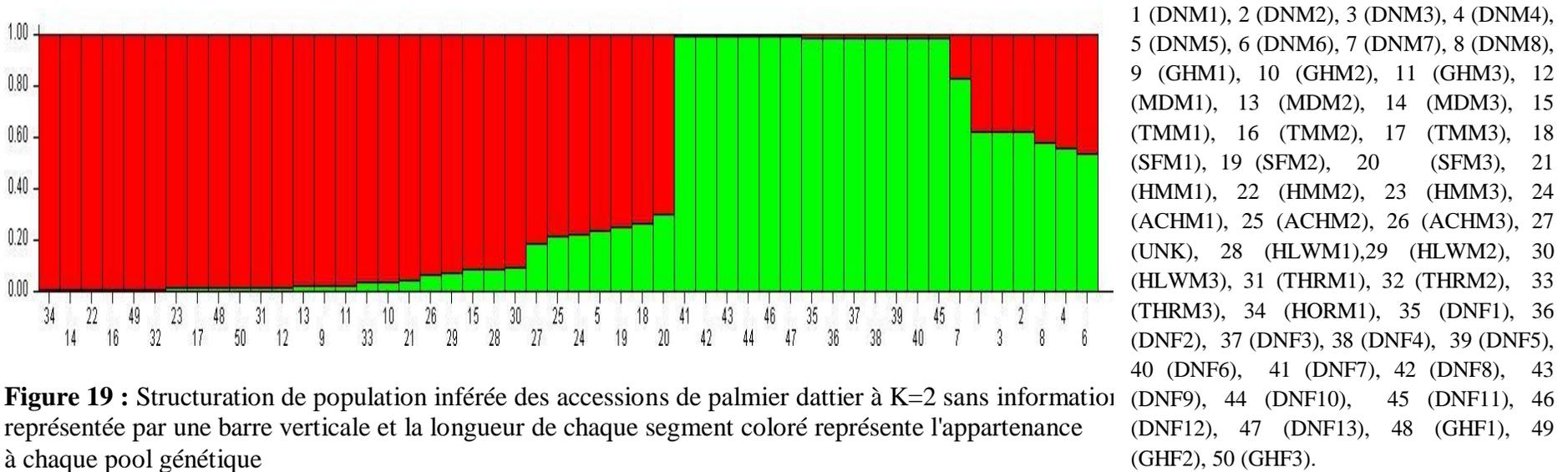
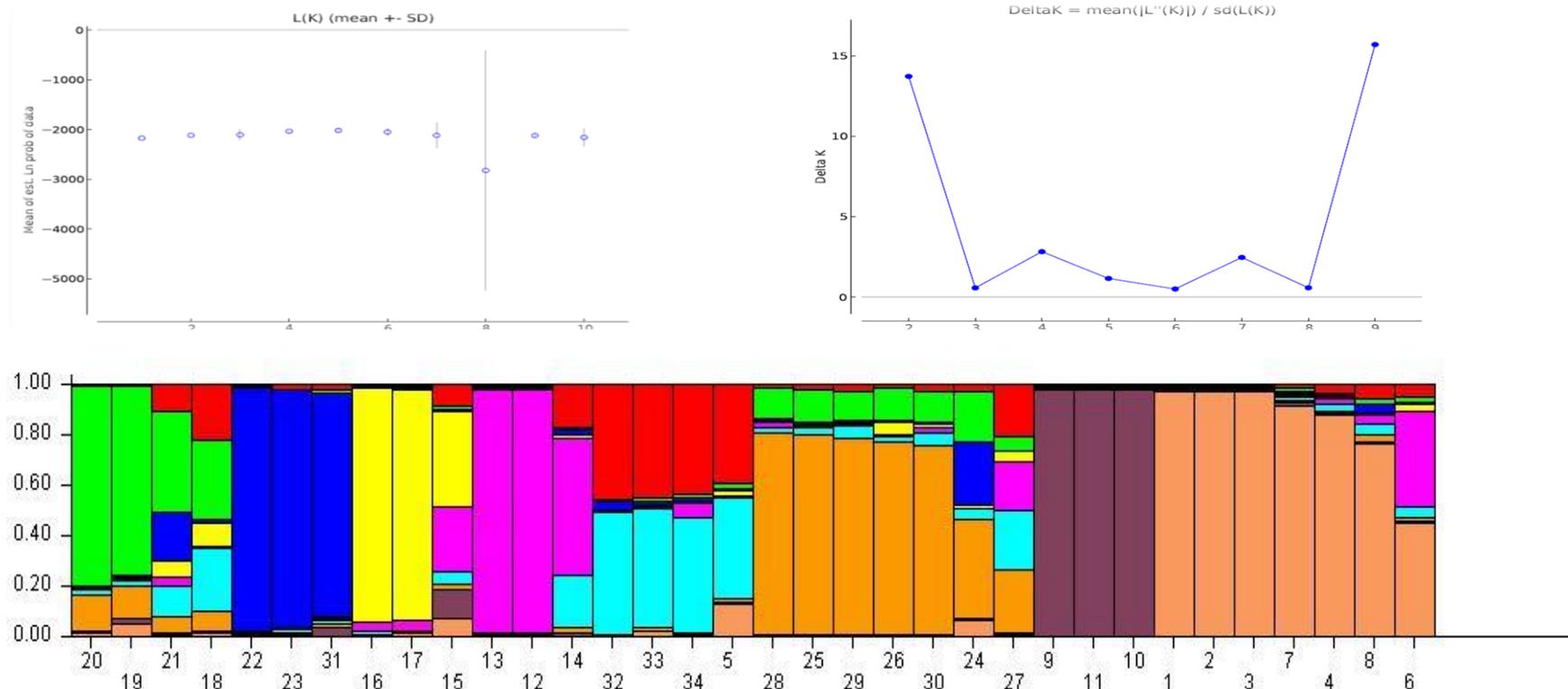


Figure 19 : Structuration de population inférée des accessions de palmier dattier à K=2 sans information représentée par une barre verticale et la longueur de chaque segment coloré représente l'appartenance à chaque pool génétique



1 (DNM1), 2 (DNM2), 3 (DNM3), 4 (DNM4), 5 (DNM5), 6 (DNM6), 7 (DNM7), 8 (DNM8), 9 (GHM1), 10 (GHM2), 11 (GHM3), 12 (MDM1), 13 (MDM2), 14 (MDM3), 15 (TMM1), 16 (TMM2), 17 (TMM3), 18 (SFM1), 19 (SFM2), 20 (SFM3), 21 (HMM1), 22 (HMM2), 23 (HMM3), 24 (ACHM1), 25 (ACHM2), 26 (ACHM3), 27 (UNK), 28 (HLWM1), 29 (HLWM2), 30 (HLWM3), 31 (THRM1), 32 (THRM2), 33 (THRM3), 34 (HORM1).

Figure 20: Log vraisemblance L(K) pour chaque K, quantité ad hoc (ΔK) basée sur le second ordre du changement de la vraisemblance et structuration de population inférée des accessions de pollinisateurs à K=9 sans information préalable. Chaque accession est représentée par une barre verticale et la longueur de chaque segment coloré représente l'appartenance à chaque pool génétique

L'AMOVA a été calculée entre les deux pools de gènes ($F_{st} = 0,139$; $P < 0,001$) et le résultat indique que la plus grande partie de la variabilité génétique explique les différences au sein des populations (86%), tandis que 14% de la variance totale est observée entre les populations (Figure 21).

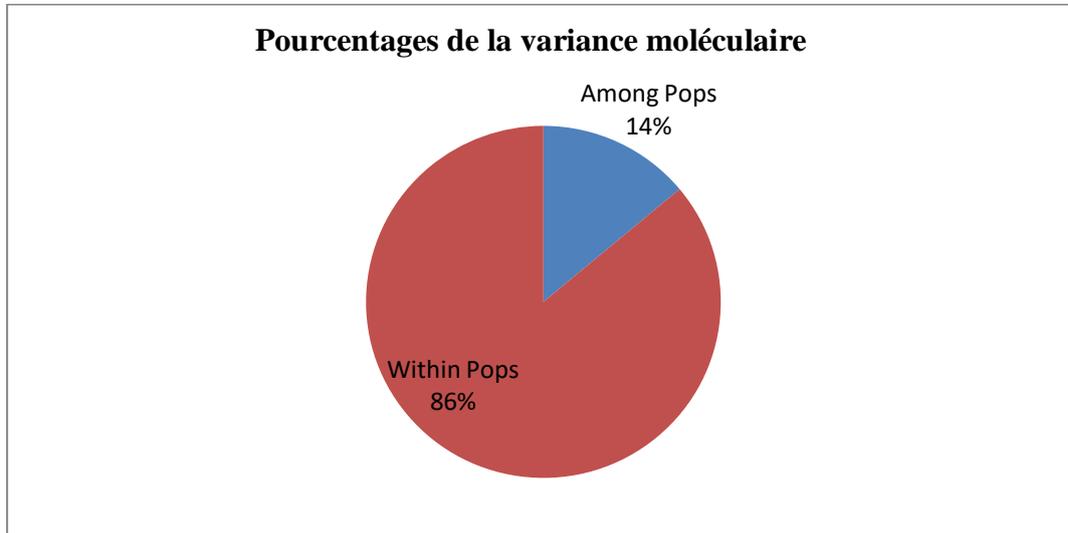


Figure 21: Résultats de l'analyse de la variance moléculaire entre deux pools génétiques après regroupement avec l'analyse STRUCTURE

En ce qui concerne l'analyse des coordonnées principales PCoA (Figure 22). Les trois premiers axes expliquent 53,55% de la variabilité totale. La variabilité de chaque axe est comme suit : CP1 (27,84%), CP2 (16,83%) et CP3 (9,28%). La variabilité cumulative indique clairement que la diversité génétique chez un même type de pollinisateurs a permis de les différencier facilement. Dans l'ensemble, le plan de deux premiers axes de PCoA a regroupé les accessions en deux principaux groupes subdivisés chacun en deux sous-groupes qui sont en concordance avec le regroupement UPGMA (Figure 15).

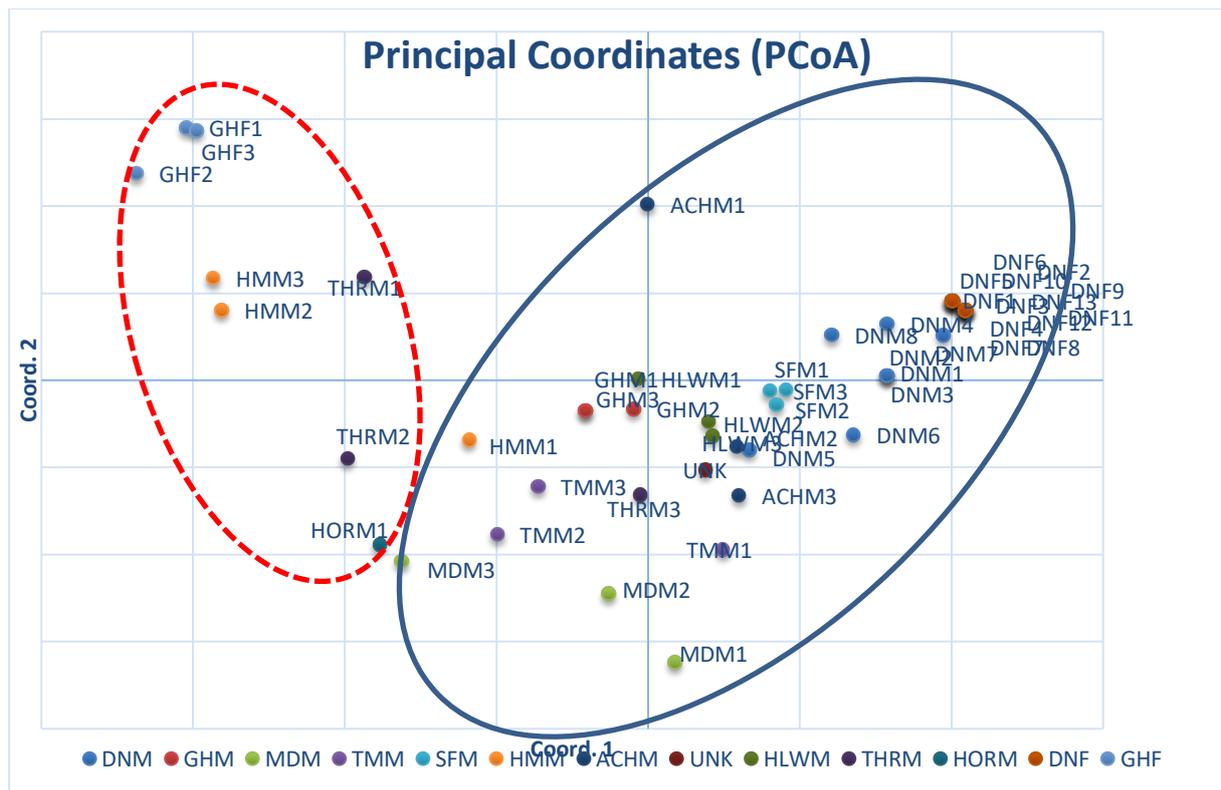


Figure 22: Projection des accessions de palmier dattier par l'utilisation de l'analyse des coordonnées principales (PCoA) avec 25 marqueurs SSR

Chapitre III

Discussion des résultats

Chapitre III. Discussion des résultats

III.1- Discussion des résultats morphologiques

Dans cette étude, nous visons à enrichir nos connaissances sur les dokkars présents dans la région des Zibans. Cette partie de l'étude concerne l'utilisation des descripteurs morphologiques dans le but de 1) examiner la variabilité phénotypique des accessions dokkars/cultivars du palmier dattier étudiés et 2) identifier les traits phénotypiques qui vont de nous permettre la reconnaissance rapide des dokkars semblables aux cultivars femelles. Identifier et caractériser les cultivars/dokkars est une étape primordiale aussi bien pour les conserver que pour les utiliser dans les programmes de sélection et d'amélioration.

Les travaux de recherche effectués sur l'étude de la diversité et l'évaluation des ressources génétiques sont principalement axés sur les pieds femelles du palmier dattier dont la caractérisation morphologique est basée essentiellement sur le fruit et puis avec une moindre importance sur les traits de la partie végétative de la plante. L'utilisation des descripteurs morphologiques pour identifier la variabilité génétique du palmier dattier, surtout chez les cultivars femelles, a été reportée par des études antérieures (Mason, 1915; Rhouma, 1994 ; Belguedj, 2002 ; Elhoumaizi et al., 2002; Rizk et El Sharabasy, 2007; Ould Mohamed Salem et al., 2008; Rhouma et al., 2010 ; Ould Mohamed Ahmed et al., 2011; Hannachi, 2012 ; Simozrag et al., 2016; Bedjaoui et Benbouza, 2018, Rekis et al., 2020). Les études de la diversité génétique du palmier dattier mâle sont très insuffisante et moins importante que celle des cultivars femelles, pourtant son importance est primordiale pour la détermination de la diversité du phénotypique du palmier dattier (Elsafy et al., 2015). En Algérie, Babahani (2011) a étudié les affinités phénotypiques entre des dokkars et des cultivars de Deglet-Nour, Ghars et Degla-Beida ainsi que d'autres dokkars dans la région de Ouargla, sur la base de la caractérisation morphologique. De même, Benouamene (2014), a caractérisé phénotypiquement quatre types de dokkars et de cultivars (femelles) ; Safraya, Hamraya, Ghars et Horra dans la région des Zibans en utilisant les descripteurs de l'*IPGRI*.

Pour une étude de la diversité phénotypique des dokkars, bien entendu ne portant pas de fruits, une étude approfondie des inflorescences s'avère importante. Donc, notre investigation s'est basée essentiellement sur la partie reproductrice des dokkars (inflorescences mâles), en plus de la partie végétative (stipe et palmes) de quelques dokkars en les comparant avec deux principaux cultivars femelles Deglet-nour et Ghars. Dans le cadre de ce travail, les traits

morphologiques quantitatifs; 27 traits végétatifs et 40 traits de la partie de reproduction, ont été caractérisés par des descripteurs morphologiques de l'*IPGRI*, du protocole *MOCAF* de l'AMAP-CIRAD, un paramètre évoqué par Babahani (2011) et de quelques autres paramètres quantitatifs proposés par nous-même et qui sont utilisés pour la première fois dans la caractérisation des accessions du palmier dattier. Plusieurs travaux antérieurs similaires ont été basés sur les descripteurs de l'*IPGRI* (Peyron et Gay, 1988 ; Ben Salah, 1993, Ben Salah et Hellali, 2004 ; Sedra, 2001 ; Rhouma, 1994 ; Babahani, 2011 ; Bedjaoui et Benbouza, 2018).

D'après les résultats obtenus dans cette étude, de fortes corrélations entre les caractères utilisés ont été constatées, et qui révèlent que l'architecture végétative et reproductrice du palmier dattier est bien arrangée ; ceci est bien illustrée pour la partie végétative comme suit :

1- La vigueur de la plante est définie par un gros stipe considéré comme un support pour maintenir des palmes avec des épines plus épaisses qui expriment la rigidité et des pennes plus larges qui renseignent sur la densité. La longueur de la palme est très corrélée avec la longueur de la partie épineuse, et la longueur de la penne apicale. Cette palme a donc besoin d'un rachis et d'un pétiole plus épais pour son rattachement plus fort à l'arbre, ainsi, la vigueur du rachis est associée aux nombres des pennes qu'il porte. Comme observé chez les cultivars et les dokkars de Ghars (GHF1, GHF2, GHF3, GHM1, GHM2, GHM3), les deux accessions de dokkars Mech degla (MDM1 et MDM2), ceux des dokkars Itima (TMM2 et TMM3) ainsi que le dokkar DNM6. Bien au contraire, toutes les accessions du cultivar femelle Deglet-Nour, à l'exception de DNF2, et les dokkars Deglet-Nour (DNM5 et DNM7) se sont distingués par leurs longueurs importantes de la palme et de la partie épineuse, un nombre élevé d'épines, une faible densité des pennes, de faibles largeurs de la penne du milieu, du rachis et de la palme à la base pétiolaire, ce qui leurs donne un aspect aéré de la couronne.

2- La largeur importante de la palme est structurée par des pennes plus longues au milieu comme observée par exemple chez Deglet-Nour femelle. Lorsque la partie épineuse est longue, le nombre d'épines est plus élevé et leur disposition sur le rachis a une tendance à être regroupée en 3 au lieu de 2, comme chez le dokkar/cultivar Deglet-Nour. La même tendance a été observée pour les pennes qui ont tendance à se regrouper en 4 et 5 au lieu de 2, comme c'est observé chez le cultivar Ghars (GHF) et les dokkars Ghars (GHM), Mech-Degla (MDM) et Itima (TMM).

Des résultats similaires quant aux corrélations entre les caractères étudiés et de la tendance du regroupement des pennes et des épines ont été trouvés dans certains travaux ; El-Houmaizi et al. (2002), Ouled Mohammed Salem (2008), Ould Mohamed Ahmed et al. (2011), Salman Haider et al., (2015), Bedjaoui et Benbouza (2018).

Néanmoins, il est important de signaler que le nombre de pennes est négativement proportionnel au nombre d'épines, à la longueur de la partie épineuse et il n'est pas lié à la longueur de la palme. Cette dernière corrélation est en contradiction avec les résultats trouvés par El-Houmaizi et al., (2002) et Ould Mohamed Ahmed et al., (2011).

En ce qui concerne la partie de reproduction, les corrélations hautement significatives ont indiqué une architecture de l'inflorescence mâle bien structurée et qui peut être interpréter comme suit :

1- La vigueur de la spathe est fortement associée à celle du rachis et du pédoncule. Ce dernier qui développe une base assez forte pour attacher l'inflorescence à la plante. Les dimensions en longueur, largeurs et hauteurs (à différents niveaux de mesure) des spathes-rachis sont proportionnelles avec le nombre de pseudo-verticilles et par conséquent, au nombre des épillets, des fleurs et de poids de la spathe et du rachis. L'architecture la plus vigoureuse a été enregistrée chez les dokkars de l'oasis d'El-Hadjeb, contrairement à ceux du site de M'lili, à l'exception de Thouri (THRM) et du dokkar Ghars qui possède les plus fortes valeurs.

2-Le nombre d'épillets trouvés par inflorescence mâle dans cette étude, ainsi que le nombre de fleurs/épillet sont relativement inférieurs à ceux trouvés par Zango (2011). Nous constatons une grande variation dans nos résultats quant à longueur moyenne de l'épillet (de 7 à 21 cm) selon le type de dokkar, en comparaison aux résultats trouvés par Zango (2011), et qui variaient aux alentours de 18 cm pour les inflorescences mâles.

D'après les résultats des analyses descriptives des données végétatives et reproductives, certains paramètres signalent la présence d'une variation intra-accessions (dokkar/cultivar) importante voire très élevée pour la majorité et parfois l'ensemble des cultivars/dokkars étudiés, potentiellement dû à l'hétérozygotie observée chez le palmier dattier, en raison de la dioécie, notamment pour les dokkars qui sont produits généralement par voie sexuée). Dans le cadre de cette étude ces descripteurs ne peuvent pas être considérés comme discriminants. De même, l'analyse de la variance a permis de sélectionner les variables pour lesquelles les types de dokkars/cultivars ne présentaient pas des différences significatives, et sont donc des

descripteurs non discriminants pour cette étude. Partant de ces résultats, il est possible de considérer les descripteurs les plus discriminants pour les dokkars. Pour la partie végétative, à partir de 27 traits quantitatifs, seulement 12 traits ont été retenus ; Circonférence du stipe (V1), longueur totale de la palme (V2), longueur de la partie épineuse de la palme (V4), largeur du rachis (V5), largeur de la palme à la base du pétiole (V7), nombre moyen d'épines des 2 côtés (V8), longueur max. de l'épine du milieu (V13), nombre moyen de pennes /palme (V14), nombre de pennes groupées en 2 (V16), internes (V20), et externes (V22) et largeur max. de la penne du milieu (V24). De même pour la partie de reproduction, 21 traits se sont révélés discriminants, à partir d'un nombre initial de 40 ; ceux relatifs à la spathe : largeur de la spathe à la base d'insertion (S2), largeur de la spathe à la base du renflement (S3) et au milieu (S4), hauteur de la spathe à la base d'insertion (S6), à la base du renflement (S7), au milieu (S8), et à l'extrémité de la spathe (S9). Ceux au rachis ; Longueur du rachis (R1), largeur à sa base (R2) et son poids (R8). Ceux qui sont relatifs au pédoncule: largeur à la base (P2), au milieu (P3) et à l'extrémité du pédoncule (P4), hauteur à la base (P5), au milieu (P6) et à l'extrémité du pédoncule (P7). Et ceux qui sont relatifs à l'épillet: longueur de l'épillet le plus long (E2), nombre de pseudo-verticilles (E6), nombre de fleurs par épillet (E8), longueur totale moyenne de l'épillet (E9) et longueur de sa partie fertile (E11). Les résultats de l'analyse multi-variée en composante principale (ACP) et de classification hiérarchique ascendante (CAH) confirment le pouvoir discriminant des descripteurs retenus. Compte tenu de ces paramètres, une variabilité significative entre les dokkars/cultivars étudiés a été observée, indiquant un niveau assez élevé de diversité génétique entre eux. Des résultats similaires ont été rapportés par d'autres travaux qui ont trouvé une grande variabilité phénotypique entre les cultivars étudiés (Elhoumaizi et al., 2002 ; Ould Mohamed Ahmed et al., 2011 ; Hammadi et al., 2009 ; Haider et al., 2015 ; Ould Mohamed Salem et al., 2008 ; Ahmed et al., 2011 ; Bedjaoui et Benbouza, 2018).

Sur base de notre travail pour cette partie, et des résultats obtenus de la caractérisation morphologique développée des inflorescences, il en ressort que 07 paramètres parmi les 12 paramètres proposés par nous-même ont présentés des différences significatives entre les dokkars étudiés (Tableaux 17 et 21), et 06 paramètres entre les 07 suscités ont contribués à la formation des axes pour ACP avec des fortes corrélations, et sont donc des descripteurs discriminants: largeur de la spathe à la base d'insertion (S2), largeur de la spathe à la base du renflement (S3), hauteur de la spathe à la base d'insertion (S6), à la base du renflement (S7) et

à l'extrémité de la spathe (S9) et le poids du rachis (R8). Ces paramètres proposés sont décrits dans les tableaux des descripteurs utilisés de la partie de reproduction (Tableaux 3 et 4).

Les plans d'ACP et les dendrogrammes basés sur l'étude de la partie végétative et reproductrice illustrent, selon les cas, une similarité étroite ou bien une dissimilarité entre les accessions ayant la même dénomination. Pour la partie végétative, toutes les accessions femelles «Deglet-Nour» avaient les mêmes profils phénotypiques et étaient regroupées ensemble séparément des autres accessions, pourtant, elles proviennent de différentes oasis, ce qui était attendu, car toutes les accessions étaient propagées, selon les phoeniculteurs, par des rejets. Tous ces résultats suggèrent que les accessions «Deglet-Nour» semblent avoir une base génétique uniforme par rapport aux autres accessions. De plus, le fait que les agriculteurs pratiquent une sélection plus sévère pour sa multiplication végétative basée sur la morphologie, la forme et la qualité du fruit, en raison de son importance économique, pourrait également jouer un rôle clé pour cette homogénéité génétique. Puisque «Deglet-Nour» a été identifiée par un profil phénotypique unique, cela pourrait être utilisé comme moyen de certification et de contrôle des produits algériens «Deglet-Nour». Cependant, l'augmentation du nombre d'accessions à étudier pour confirmer ce résultat doit être réalisée. La majorité des accessions du dokkar Deglet-Nour semblent être les plus proches au cultivar Deglet-nour, sur le plan morphologique, de la partie végétative, par rapport aux autres accessions étudiées (dokkar/cultivar). Tandis que, les individus mâles et femelles «Ghars» n'étaient pas phénotypiquement semblables, sur base la base de la classification ACP et CAH Malgré le fait qu'ils ont été collectés dans la même oasis à El-hadjeb. Nos résultats concordent avec ceux trouvés par Babahani (2011) pour les individus de Ghars, par contre, sont différents pour Deglet-Nour. En effet, les résultats de l'étude de Babahani (2011) ont indiqué qu'il n'y'a pas de ressemblance apparente entre les individus mâles et femelles de même type d'après l'appellation des phoeniculteurs.

Quelques dokkars MDM3, TMM1 et DNM5 se trouvent séparés des autres accessions ayant la même appellation MDM (1 et 2); TMM (2 et 3); et DNM (1, 2, 3, 4, 6 et 7), respectivement. Cela peut être expliqué par des cas d'identification erronée ou d'homonymies. Peu de cas d'homonymes ont été rapportés chez le palmier dattier à l'aide de marqueurs phénotypiques (Ould Mohamed Salem et al., 2008), de marqueurs isoenzymes (Bennaceur et al., 1991) et des marqueurs microsatellites (Chaouch khouane et al., 2020).

En outre, il faut noter que l'identification des cultivars/dokkars pourrait être aussi faite par des caractères qualitatifs : l'aspect du port et de la couronne de l'arbre, la couleur des penes et du pétiole et la forme de l'inflorescence. En fait, ces derniers traits sont pris en compte par les phoeniculteurs dans la dénomination des cultivars et des dokkars. A titre d'exemple, le cultivar Deglet-Nour est connu par son port érigé, une couronne aérée alors que le cultivar Ghars a un port retombant et un aspect de la couronne moyen. Nos résultats de la variation dans la longueur, la densité et la vigueur des palmes confirment cette description. Ainsi, la couleur du pétiole varie d'un cultivar/dokkar à un autre ; jaunâtre pour Deglet-Nour, marron pour Ghars, noirâtre pour Safray et orange pour Mech-degla. L'inflorescence portée par Deglet-Nour est caractérisée par une forme lancéolée, alors que pour Ghars, Itima et Mech-Degla ils ont des inflorescences de formes gonflées, et pour d'autres cultivars la forme est fusiforme.

Les accessions MDM3, TMM1 et DNM5, n'ont pas été groupées avec les accessions de même appellation dans la première analyse ACP pour les descripteurs de la partie de reproduction, et végétative et l'analyse CAH pour les descripteurs de la partie reproduction, et ont été écartées. Ensuite, les résultats de la deuxième analyse ACP et CAH nous a permis de faire une brève description, synthétisée en Annexe 16, des dokkars/cultivars étudiés sur base des moyennes des paramètres étudié, des accessions de chaque type.

III.2- Discussion des résultats de la caractérisation moléculaire

Ce travail représente la première étude d'évaluation de la diversité génétique à l'aide de marqueurs SSR de certains pollinisateurs locaux algériens maintenus dans des palmeraies privées. La puissance des marqueurs SSR pour identifier la variabilité génétique du palmier dattier a été démontrée par des études antérieures, ce qui est conforme à nos résultats. Par exemple, les vingt-cinq amorces SSR utilisées dans cette étude ont produit des bandes polymorphes, avec un taux moyen élevé de polymorphisme (84%), qui ont mis en évidence une variabilité génétique élevée parmi les accessions de différents pollinisateurs. Ce pourcentage élevé de polymorphisme était attendu en raison de l'origine du matériel analysé. En fait, le palmier dattier se reproduit sexuellement et asexuellement. Mais, malgré la facilité de la multiplication végétative dans le palmier dattier, différents types de dokkars, sont produits par reproduction sexuée à travers des graines qui poussent à partir de l'individu femelle du cultivar cultivé dans les palmeraies, ils sont appelés localement «Laachach». Ces derniers désignent un groupe de pollinisateurs qui se multiplient naturellement par graines

sans aucune sélection et sont utilisés, par la suite, pour collecter du pollen pendant la phase de reproduction. En fait, dans les palmeraies privées, «Laachach» sont souvent présents. L'une des raisons de cette coutume dans les palmeraies de palmiers dattiers est probablement due au nombre limité de rejets produits dans la durée de vie du palmier dattier et au fait qu'un nombre assez élevé d'entre eux ne survivent pas au stade adulte (Zaid et de Wet 2002). Ainsi, en raison de l'importance de ces types de pollinisateurs dans la détermination de la qualité et du rendement des fruits du palmier dattier, il serait intéressant d'utiliser les marqueurs du génome organellaire pour faciliter la compréhension des contributions maternelles à la formation des génotypes mâles. De même, le nombre d'allèles privés trouvés dans cette étude était relativement élevé, 28 par rapport au nombre des accessions étudiées, tandis que le nombre d'allèles uniques était de 20. Le plus grand nombre de ces allèles spécifiques (privés et uniques) ont été amplifiés aux locus PDCAT2 et DP159. La présence soit d'allèles uniques, pour une accession, soit d'allèles privés, dans des accessions entières, d'une population, pourrait être un indicateur de génotypes potentiels avec des caractères intéressants adaptés à l'amélioration des cultures. Dans cette étude, DNM5, TMM1 et TRHM1 pourraient être des pollinisateurs avec des caractères intéressants car ils ont amplifié le plus grand nombre de génotypes uniques. Mais, cela doit être vérifié avec des recherches plus approfondies, principalement sur la germination du pollen et la qualité des fruits. Les marqueurs PDCAT2 et mPdCIR25 étaient la combinaison la plus efficace pour distinguer les accessions de populations mâles et, par conséquent, représentent un bon outil pour identifier les pollinisateurs algériens.

Le nombre moyen d'allèles marqués (5,44) était faible par rapport à d'autres études similaires (Elshibli et Korpelainen, 2008; Zehdi et al., 2012; Racchi et al., 2014; Yusuf et al., 2015). L'hétérozygotie des loci SSR ($H_o = 0,688$, $H_e = 0,436$) était inférieure à celle des autres études mentionnées ci-dessus. Les principales sources de diversité génétique du palmier dattier sont souvent liées à ses moyens de propagation. Par exemple, les producteurs utilisent un mélange de pollen de différentes origines mâles provenant soit de la reproduction sexuée (graines), soit de la multiplication végétative, principalement par le biais de rejets. De plus, les dokkars sont souvent échangés entre les producteurs. La valeur PIC moyenne (0,55) reflète le pouvoir de discrimination des marqueurs SSR utilisés, mais elle était inférieure à celle d'autres études; (Zehdi et al., 2012). Cependant, la comparaison faite ici avec d'autres résultats sur le palmier dattier est biaisée en raison de la présence de palmiers dattiers femelles dans ces études.

Le regroupement UPGMA a mis en évidence des relations génétiques étroites entre les géotypes mâles et femelles pour les accessions «Deglet-Nour». Ils ont été regroupés dans le même sous-groupe (B-2). Le fait que les pollinisateurs et les femelles de «Deglet-Nour» ont amplifié deux allèles privés (182 pb et 191 pb) au locus mPdCIR35, à l'exception du DNM6 qui n'a amplifié que l'allèle 191 pb, pourrait indiquer que ces deux allèles pourraient être utilisés pour identifier le Pollinisateur «Deglet-Nour» au stade précoce du semis. Les accessions DNM1, DNM2 et DNM3 semblent être des clones (Figure 15) car elles ont été propagées par des rejets et avaient des profils génétiques identiques sur 25 loci. Tandis que, les autres DNM étaient issus de graines et collectés dans différentes oasis. En fait, le nombre de rejets produites pendant la durée de vie des dattes est limité et un bon nombre d'entre elles ne survivent qu'au stade adulte (Zaid et de Wet 2002).

En outre, toutes les accessions femelles «Deglet-Nour» avaient les mêmes profils génétiques dans les 25 loci et étaient regroupées, ce qui était attendu car toutes les accessions étaient propagées par des rejets. Pourtant, il est intéressant de souligner également que ces accessions ont été regroupées selon leur site d'échantillonnage. Les DNF1 à DNF6, regroupés, ont été collectées dans la même oasis à Elhadjeb. Celles de DNF7 à DNF13 ont été collectées dans la même oasis à M'lili. Tous ces résultats suggèrent que les accessions «Deglet-Nour» semblent avoir une base génétique uniforme par rapport aux autres accessions. De plus, le fait que les agriculteurs pratiquent une sélection plus sévère pour sa multiplication végétative basée sur la morphologie, la forme et la qualité du fruit, en raison de son importance économique, pourrait également jouer un rôle clé dans cette homogénéité génétique. Puisque «Deglet-Nour» a été identifiée par un profil génétique unique, cela pourrait être utilisé comme moyen de certification et de contrôle des étiquettes d'origine des produits algériens «Deglet-Nour». Cependant, une étude complémentaire avec l'augmentation du nombre d'accessions doit être réalisée pour confirmer ce résultat.

Tandis que, les individus mâles et femelles «Ghars» n'étaient pas génétiquement proches et étaient regroupés en deux groupes principaux différents. Malgré le fait qu'ils ont été collectés dans la même oasis à El-hadjeb, les profils moléculaires ont montré des différences d'allèles dans 15 loci SSR parmi les 25 étudiés. Cependant, toutes les accessions femelles ont amplifié les mêmes allèles privés à trois loci DP169 (227 pb), avec une fréquence 1 qui semble être fixée, DP171 (242 pb), et PDCAT2 (183 pb). De même, tous les individus mâles ont amplifié un allèle privé de 235 pb, au locus mPdCIR25, qui pourrait être utilisé pour sélectionner le

pollinisateur «Ghars». Les différences observées pour les individus «Ghars» peuvent être dues à la base génétique de l'introduction initiale dans les oasis. Par exemple, les plantes maternelles qui pourraient être issues de différentes graines, et ensuite suivies d'une pression de sélection par les agriculteurs. De manière égale, l'échange de propagules qui est un mélange de graines et de matériel de multiplication végétative pourrait être une autre explication.

Les accessions des deux sexes étaient caractérisées par différents allèles privés et qui pourraient également être utilisés pour identifier les «Ghars» au stade précoce des semis (Annexe 18).

La PCoA a montré des relations génétiques pour les 50 accessions dont le regroupement était en fonction de l'origine de l'échantillon confirmant celui de UPGMA. En outre, le dendrogramme UPGMA a indiqué que la plupart des pollinisateurs, du même type, étaient regroupés dans les mêmes sous-groupes principaux à l'exception de THRM1, HMM1, ACHM1 et DNM5. Certaines études utilisant des marqueurs SSR ont rapporté un regroupement des géotypes de palmiers dattiers selon un schéma géographique mais avec une base génétique étroite (Papadopoulou et al., 2002; Salhi-Hannachi et al., 2006). Selon le phoeniculteur, ces accessions mâles étaient issues de graines. En effet, comme la propagation par graines donne de nouveaux géotypes, c'est probablement l'une des raisons pour lesquelles ils avaient des profils génétiques différents et n'étaient pas regroupés avec les autres accessions de la même appellation. De plus, les analyses d'empreintes génétiques et la plus grande distance génétique observée entre ces accessions mâles ayant la même dénomination mais des profils génétiques différents, confirment qu'il s'agit d'homonymes. De même, pour d'autres cultures fruitières comme l'olivier et le figuier, des cas d'homonymies utilisant des marqueurs SSR sont souvent rapportés (Noormohammadi et al., 2014; Giraldo et al., 2008; Abdessemed et al., 2015; Boudchicha et al., 2018). Devanand et Chao, (2003) *in* Gros-Balthazad, (2012) a évoqué qu'il existe une variabilité intra-cultivar suite à la présence de mutations somatiques.

L'analyse avec STRUCTURE utilisant l'approche bayésienne a généré un nombre de populations $K = 2$, comme meilleure valeur, et indique deux pools génétiques globalement similaires aux principaux regroupements d'UPGMA et de PCoA. Cependant, cette analyse n'identifie pas les populations en fonction de l'origine géographique des accessions. Le premier pool génétique avait une constitution génétique plus homogène et regroupait tous les

individus femelles et mâles «Deglet-Nour», à l'exception du DNM5. Alors que, le deuxième groupe génétique contenait un mélange de différents génotypes.

Par ailleurs, l'analyse de la structure génétique de la population, sans cultivars femelles, a donné neuf ($K = 9$) pools génétiques selon leur probabilité d'appartenance la plus élevée (Figure 20) et qui ont été subdivisées en fonction de la population de pollinisateurs étudiée. L'analyse AMOVA a montré que 86% de la variabilité se situe au sein des populations, tandis que la variation entre les populations est estimée à 14%, ce qui indique qu'il n'y a pas de variabilité significative qui distingue les différentes populations. La valeur F_{st} moyenne était de 0,317, avec des valeurs F_{st} positives, indiquant une différenciation relativement élevée des accessions mâles (Wright, 1965). Pourtant, ces valeurs F_{st} sont probablement biaisées car deux populations étaient des cultivars femelles.

L'UPGMA et STRUCTURE ont montré une structure génétique conservée principalement pour les génotypes mâles et femelles «Deglet-Nour». Ainsi, nous pouvons supposer, pour cette étude, que les pollinisateurs pourraient être nommés comme le type femelle du cultivar. Ce résultat est conforme au savoir-faire local pour la dénomination des pollinisateurs, accumulé depuis des décennies, que tous les pollinisateurs sont nommés selon le cultivar femelle en fonction des similarités phénotypiques. Toutefois, une enquête plus approfondie devrait être menée pour confirmer cette hypothèse de la lignée parentale pour d'autres types de pollinisateurs.

Il est intéressant de noter que ce regroupement génétique correspond également à un regroupement au niveau phénotypique lors de l'utilisation de descripteurs morphologiques reproductifs principalement ceux de la spathe (Bedjaoui et Benbouza, 2018). Par exemple, toutes les accessions (individus mâles et femelles «Deglet-Nour») du premier pool génétique avaient une forme lancéolée, tandis que le second groupe génétique regroupait des accessions qui avaient des formes gonflées et fusiformes (Tableau 1). En fait, Bedjaoui et Benbouza (2018), ont rapporté que le cultivar «Deglet-Nour» a été reconnu par les agriculteurs en raison de son apparence de spathe allongée, et cette caractéristique est également utilisée par les agriculteurs locaux pour identifier le mâle de ce cultivar commercialement important. L'un des grands défis auxquels sont confrontés les producteurs de plants de palmiers dattiers en Algérie, et dans d'autres pays, est d'identifier génétiquement les pollinisateurs les plus proches du génotype femelle appartenant aux importants cultivars commerciaux du palmiers dattiers, et plus important encore, à un stade précoce de la plantation. Ces marqueurs ADN-

SSR seraient efficaces dans la caractérisation des cultivars, surtout s'ils sont combinés à des marqueurs liés au sexe identifiés dans le palmier dattier (Al-Mahmoud et al., 2012; Solliman et al., 2017; Intha et Chaiprasart, 2018), ils permettraient la sélection de pollinisateurs ciblés au stade précoce du semis. Cette sélection précoce et visée des pollinisateurs, basée sur ces marqueurs moléculaires spécifiques, est cruciale dans tout programme de sélection du palmier dattier.

Conclusion générale

CONCLUSION GENERALE

L'objectif du présent travail est d'enrichir les connaissances sur la diversité génétique des dokkars. En effet, la compréhension de la diversité génétique, l'évaluation et l'identification des cultivars aussi bien mâles que femelles sont des étapes indispensables pour la mise en place des programmes de sélections et d'amélioration. L'un des grands défis auxquels sont confrontés les producteurs de palmier dattier en Algérie, et dans d'autres pays, est d'identifier les pollinisateurs génétiquement les plus proches du génotype femelle appartenant aux importants cultivars commerciaux de palmier dattier, et plus important encore, à un stade précoce de la plante.

Un large spectre des traits morphologiques quantitatifs ; 27 traits végétatifs et 40 traits reproducteurs (répartis en 04 groupes, ceux qui sont relatifs à la spathe, rachis, pédoncule ou épillet), a fait l'objet de l'étude, basée sur des descripteurs d'IPGRI, du protocole MOCAF de l'AMAP-CIRAD, un paramètre évoqué par Babahani (2011) et de quelques autres paramètres quantitatifs proposés par nous-même, au nombre de 12, qui sont utilisés et signalés pour la première fois dans la caractérisation phénotypique des accessions du palmier dattier. Au vu des résultats obtenus, de fortes corrélations, majoritairement positives, entre les caractères utilisés ont été constatées, et ont révélé que l'architecture de la partie végétative et de reproduction de la plante sont bien structurées. La vigueur de la plante est définie par la vigueur du stipe et la vigueur de la palme. Celle de la spathe complète est fortement associée à celle du rachis et du pédoncule.

Les résultats des analyses descriptives des données de la partie végétative et de reproduction, signalent, pour certains paramètres, la présence d'une variation intra-accessions importante pour la majorité ou la totalité des cultivars/dokkars étudiés, et sont donc classés comme descripteurs non discriminants pour cette étude. De même, l'analyse de la variance moyennant l'ANOVA ou le test *Kruskal-Wallis* suivi par le test post-hoc approprié, a permis de sélectionner les variables pour lesquelles les types de dokkars/cultivars ne présentaient pas des différences significatives, et sont donc identifiés comme descripteurs non discriminants. Au total, 12 descripteurs pour la partie végétative et 21 autres pour la partie de reproduction (y compris 07 paramètres parmi ceux proposés par nous-même) ont été retenus comme discriminants. L'analyse multi-variée en composante principale (ACP) et la classification hiérarchique ascendante (CAH) ont indiqué un niveau élevé de diversité génétique et confirment le pouvoir discriminant des descripteurs retenus en nombre de 33.

CONCLUSION GENERALE

Les plans d'ACP et les dendrogrammes basés sur l'étude de la partie végétative et de reproduction illustrent la présence de cas d'homonymies entre les accessions étudiées. En ce qui concerne la partie végétative, toutes les accessions femelles «Deglet-Nour», provenant de différentes oasis, avaient les mêmes profils phénotypiques et étaient regroupées ensemble et séparément des autres accessions. De plus, la majorité des accessions dokkar Deglet-Nour sont les plus proches des accessions femelles Deglet-Nour, par rapport aux autres accessions étudiées.

La caractérisation moléculaire des 50 accessions étudiées (dokkars/cultivars), moyennant 25 microsatellites SSR, a montré une grande variabilité génétique dans cette étude. Le taux de polymorphisme des SSR utilisés était élevé (84%). Le nombre d'allèles amplifiés était de 135, dont 28 sont des allèles privés et 20 sont des allèles uniques, ce qui pourraient être un indicateur de génotypes potentiels avec des caractères intéressants. L'hétérozygotie observée variait entre 0,026 et 1,00 indiquant une grande diversité d'accessions de palmier dattier. Le regroupement UPGMA a mis en évidence des relations génétiques étroites entre les génotypes mâles et femelles pour les accessions "Deglet-Nour" et suggère que les accessions «Deglet-Nour» semblent avoir une base génétique uniforme par rapport aux autres accessions. Tandis que, les individus mâles et femelles «Ghars» n'étaient pas génétiquement proches. De même, cette méthode UPGMA a montré des cas d'homonymies et de présence de clones.

L'analyse des coordonnées principales (PCoA) a montré un modèle qui met en évidence la diversité génétique existante entre les pollinisateurs qui a permis de les distinguer facilement. Globalement, UPGMA et PCoA ont montré que les accessions de même type étaient regroupées selon leur origine (Oasis). Parmi les 28 allèles privés spécifiques amplifiés dans cette étude, neuf étaient spécifiques pour Deglet-Nour".

L'analyse bayésienne a montré une structure génétique conservée principalement pour "Deglet-Nour". Nos résultats suggèrent que le marqueur SSR spécifique (MPDCIR35) qui caractérise à la fois les individus mâles et femelles de "Deglet-Nour", pourrait être utilisé comme marqueur potentiel pour sélectionner, à un stade précoce de la plante, le pollinisateur le plus proche de l'individu femelle de cet important cultivar commercial.

En conclusion, l'étude morphologique et moléculaire suggèrent que les accessions «Deglet-Nour» semblent avoir une base génétique homogène par rapport aux autres accessions. Puisque «Deglet-Nour» a été identifiée par un profil phénotypique et génétique unique, cela

CONCLUSION GENERALE

pourrait être utilisé comme moyen de certification et de contrôle des produits algériens de «Deglet-Nour». La majorité des accessions du dokkar Deglet-Nour semble être les plus proches du cultivar femelle Deglet-Nour, sur le plan morphologique de la partie végétative et moléculaire, par rapport aux autres accessions étudiées (dokkar/cultivar). Tandis que, les individus mâles et femelles «Ghars» n'étaient pas phénotypiquement proches et avaient des profils génétiques différents et ont été classés séparément.

Par ailleurs, la longue histoire de la culture, les échanges larges de matériel génétique, la dioécie et la propagation par graine, sont les raisons de la confusion de la nomenclature des cultivars des dattes et par conséquent rendent le nombre exact des cultivars inconnu. D'où la nécessité de les identifier afin de protéger et de conserver les ressources génétiques du palmier dattier. De même, il est nécessaire d'avoir une compréhension approfondie de la biodiversité et des différents mécanismes de sélection opérés par les phoeniciculteurs et qui pourrait contribuer aux programmes d'amélioration futurs.

Les résultats obtenus ici pourraient contribuer de manière significative à résoudre ce problème. En effet, les marqueurs microsatellites-ADN utilisés dans cette étude ont fourni une variation génétique suffisante pour distinguer les pollinisateurs du palmier dattier, de plus, les résultats ont fourni les premiers marqueurs SSR qui peuvent être utilisés pour identifier les pollinisateurs qui sont génétiquement les plus proches à «Deglet-Nour», ainsi que ceux qui sont spécifiques pour identifier les individus mâles ou femelles «Ghars».

L'incorporation d'un nombre élevé d'accessions, avec d'autres régions géographiques, et d'autres marqueurs SSRs dans les études génétiques élargira la portée des futures études sur les pollinisateurs du palmier dattier pour le génotypage et pour l'établissement des clés d'identification des cultivars, ainsi que l'identification des codes-barres pour l'étiquetage et la certification d'origine.

Références bibliographique

Abdessemed, S., Muzzalupo, I., Benbouza, H., 2015. Assessment of genetic diversity among Algerian olive (*Olea europaea L.*) cultivars using SSR marker. *Sci. Hortic.* 192,10–20. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.05.015>.

Acourene S. Et Tama M., 2002. Effet de quelques opérations culturales (pollinisation, limitation, ciselage et ensachage) sur le rendement et la qualité de la datte de la variété Deglet Nour de palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*). *Rev. semestrielle ,n°11, I.N.R.A.Algérie*, p 27-48.

Adawy, S.S., Hussein, E.H.A., Ismail, S.E.M.E., El-Itriby, H.A., 2005. Genomic diversity in date palm (*Phoenix dactylifera L.*) as revealed by AFLPs in comparison to RAPDs and ISSRs. *Arab J. Biotech* 8 (1), 99–114.

Ahmed, M.M.M., Soliman, S.S., Elsayed, E.H., 2006. Molecular Identification of Some Egyptian Date Palm Males by females varieties (*Phoenix dactylifera L.*) Using DNA Markers. *J. Appl. Sci. Res.* 2 (5), 270–275.

Ahmed, T.A., Al-Qaradawi, A.Y., 2009. Molecular phylogeny of Qatari date palm genotypes using simple sequence repeats markers. *Biotechnology* 8, 126–131.

Aidaoui, S., 1994. Resource en eau et aménagement hydro-agricole: Dans la région de Biskra “Ziban” (Algérie). NANCY II.

Akkak, A., Scariot, V., Marinoni, D.T., Boccacci, P., Beltramo, C., Botta, R., 2009. Development and evaluation of microsatellite markers in *Phoenix dactylifera L.* and their transferability to other Phoenixspecies. *Biol. Plant.* 53, 164–166. <https://doi.org/10.1007/s10535-009-0026-y>.

Al-faifi, S.A., Migdadi, H.M., Algamdi, S.S., Altaf, M., Ammar, M.H., Al-obeed, R.S., Al-thamra, M.I., El-harty, E.H., Jakse, J., 2016. Development , characterization and use of genomic SSR markers for assessment of genetic diversity in some Saudi date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cultivars 21, 18–25. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2016.01.006>

Al-Khalifah, N. S., 2006. Metaxenia: influence of pollen on the maternal tissue of fruits of two cultivars of date palm (*Phoenix dactylifera L.*). *Bangladesh J. Bot*, 35(2), 151-161.

Al-Mahmoud, M.E., Al-Dous, E.K., Al-Azwani, E.K., Malek, J.A., 2012. DNA-based assays to distinguish date palm (*Arecaceae*) gender. *Am. J. Bot.* 99, 7–10. <https://doi.org/10.3732/ajb.1100425>.

Al-Muhtaseb, J. A., & Ghnaim, H. D., 2006. Effect of pollen source on yield, quality and maturity of “*Barhi*” date palm. *Jordan Journal of Agricultural Sciences*, 2(2), 9-14.

Al-Ruqaishi, I.A., Davey, M., Alderson, P., Mayes, S., 2008. Genetic relationships and genotype tracing in date palms (*Phoenix dactylifera L.*) in Oman, based on microsatellite markers. *Plant Genet. Resour. Characterisation Util.* 6 (1), 70–72. <https://doi.org/10.1017/S1479262108923820>.

AMAP-CIRAD, 2013. Protocole de mesures morphologique et architecturales du Palmier Dattier (*Phoenix dactylifera L.*). Formation internationale sur les méthodes de mesures morphologiques et architecturales sur le Palmier Dattier: Modélisation et simulation informatique. Ed CIRAD. 60p.

Amorsi G., 1975. Le palmier dattier en Algérie. *Options Méditerranéennes n°25*, Tlemcen. 126 p.

Arabnezhad, H., Bahar, M., Mohammadi, R.H., Latifian, M., 2012. Development, characterization and use of microsatellite markers for germplasm analysis in date palm (*Phoenix dactylifera L.*). *Sci. Hortic.* 134, 150–156. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.11.032>.

Baaziz, M., Saaidi, M., 1988. Preliminary identification of date palm cultivars by esterase isoenzymes and peroxidase activities. *Can. J. Bot.* 66, 89–93. <https://doi.org/10.1139/b88-013>

Babahani S., 2011. Analyses biologique et agronomique de palmiers mâles et conduite de l'éclaircissage des fruits chez les cultivars Ghars et Deglet Nour. Thèse de Doctorat, ENSA, Alger. 197 p.

Barrow, S.C., 1998. A monograph of *Phoenix L. (Palmae: coryphoideae)*. *Kew Bull.* 53 (3), 513–575. <https://doi.org/10.2307/4110478>.

Bedjaoui, H., Benbouza, H., 2018. Assessment of phenotypic diversity of local Algerian date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cultivars. J. Saudi Soc. Agric. Sci. 19, 65–75. <https://doi.org/10.1016/j.jssas.2018.06.002>.

Belguedj M, 2002. Les ressources génétiques du palmier dattier : Caractéristiques des cultivars dans les palmeraies du Sud-est Algérien. 3D. Dossier n°1, INRAA; Alger. Pp: 9- 10.

Belguedj M., Salhi A., Et Matallah S., 2006. Gestion participative de la lutte biologique contre les ravageurs du palmier dattier dans les oasis Algériennes. I.N.R.A.A..Unité de Biskra, 53 p.

Ben Abdellah, A., Stiti, K., Lepoivre, P., Du Jardin, P., 2000. Identification de cultivars de palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*) par l'amplification aléatoire d'ADN (RAPD).Cah. Agric. 9, 103–107.

Ben Salah, M. 1993. Description phénopomologique de 13 cultivars de palmier dattier des oasis tunisiennes. Rev. Reg. Arid., 5: 3-22.

Ben Salah, M. and R. Hellali. 2004. Description phénopomologique et la distribution des variétés de palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*). Rev. Reg. Arid., Numéro spécial: 64-70.

Benbouza, H., Baudoin, J.P., Mergeai, G., 2006a. Amélioration de la méthode d'extraction d'ADN au CTAB appliquée aux feuilles de cotonnier. Biotechnol. Agron. Soc. Environ. 10 (2), 73–76.

Benbouza, H., Jacquemin, J.M., Baudoin, J.P., Mergeai, G., 2006b. Optimization of a reliable, Fast, Cheap and sensitive silver staining method to detect SSR markers in polyacrylamide gels. Biotechnol. Agron. Soc. Environ. 10 (2), 77–81.

Bendiab K., Baaziz M., Majourhat K., 1998. Preliminary date palm cultivar composition of Moroccan palm groves as revealed by leaf isoenzyme phenotypes. Biochem Syst Ecol 26:71–82

Bennaceur, M., Lanaud, C., Chevallier, M.H., Bounaga, N., 1991. Genetic diversity of the date Palm (*Phoenix dactylifera L.*) from Algeria revealed by Enzyme Markers. Plant Breed. 107, 56–69.

Benouamane O., 2014. Valorisation de quelques dokkars par l'étude de la diversité génétique moyennant les marqueurs morphologiques de l'IPGRI. Mémoire de Magister. Université El- Hadj Lakhdar, Batna, Algérie, p. 144.

Berg, E. E., & Hamrick, J. L., 1997. Quantification of genetic diversity at allozyme loci. *Canadian Journal of Forest Research*, 27(3), 415-424.

Bessaoud, O., 2019. Rapport de synthèse sur l'agriculture en Algérie. Projet d'appui à l'initiative ENPARD Mediterranee.

Billotte, N., Marseillac, N., Brottier, P., Noyer, J.L., Jacquemoud-Collet, J.P., Moreau, C., Couvreur, T., Chevallier, M.H., Pintaud, J.C., Risterucci, A.M., 2004. Nuclear microsatellite markers for the date palm (*Phoenix dactylifera L.*): characterization and utility across the genus Phoenix and in other palm genera. *Mol. Ecol. Notes* 4, 256–258. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00634.x>.

Bird, C., Karl, S., Mouse, P., Toonen, R., 2011. Detecting and measuring genetic differentiation 31–55. <https://doi.org/10.1201/b11113-4>

Bodian, A., El Houmaizi, M.A., Ndoye Ndir, K., 2012. Genetic diversity analysis of date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cultivars from Figuig oasis (Morocco) using SSR markers. *Int. J. Sci. Adv. Technol.* 2, 96–104.

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

Boudchicha, R.H., Hormaza, J.I., Benbouza, H., 2018. Diversity analysis and genetic relationships among local Algerian fig cultivars (*Ficus carica L.*) using SSR markers. *S. Afr. J. Bot.* 116, 207–215. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2018.03.015>.

Boughediri L., 1985. Contribution à la connaissance du palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*). Etude du pollen. Thèse de Magister en biologie végétale. Univ. des sciences et de la technologie « Houari Boumedienne », Algérie, 130 p.

Boughediri L., 1994. Le pollen de palmier dattier (*Phenix dactylifera L.*). Approche multidisciplinaire et modealisation des différents paramètres en vue de créer une banque de pollen. Thèse de doctorat. Univ. Paris 6, 163 p.

Boughediri, L., & Carbonnier-Jarreau, M. C., 1993. Note sur la viabilité du pollen de palmier dattier au cours de sa conservation à long terme. *Revue du réseau pour l'amélioration de la productivité agricole en milieu aride*, 5, 267-278.

Bouguedoura et al., 2015. Date palm status and perspective in Algeria. *In: Al-Khayri, J.M., Jain, S.M., Johnson, D. V. (eds). Date Palm Genetic Resources and Utilization.* <https://doi.org/10.1007/978-94-017-9707-8>

Brac de la Perrière R.A. et Benkhalifa A., 1989. Identification de cultivars de dattiers (*Phoenix dactylifera L.*) du sud-ouest algérien. *Plant Gen Res Newsl FAO/IBPGR*.78/79:13–20.

Cao, B.R., Chao, C.C.T., 2002. Identification of date cultivars in California using AFLP markers. *HortScience* 37 (6), 966–968.

Chaibi, N., Ben Abdallah, A., Harzallah, H., Lepoivre, P., 2002. Potentialités androgénétiques du palmier dattier *Phoenix dactylifera L.* Et culture in vitro d'anthères. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 6 (4), 201–207.

Chaluvadi, S.R., Young, P., Thompson, K., Bahri, B.A., Gajera, B., Narayanan, S., Krueger, R., Bennetzen, J.L., 2019. Phoenix phylogeny, and analysis of genetic variation in a diverse collection of date palm (*Phoenix dactylifera*) and related species. *Plant Divers.* 41, 330–339. <https://doi.org/10.1016/j.pld.2018.11.005>

Chao, C.C.T., Krueger, R.R., 2007. The date palm (*Phoenix dactylifera L.*): Overview of biology, uses, and cultivation. *HortScience* 42(5), 1077–1082.

Chaouch Khouane, A., 2012. Etude de l'effet de la pollinisation de différents pollens et de l'acide gibbérélique (AG3) sur la production et la qualité des dattes produites par le palmier dattier (*Phoenix Dactylifera L.*), variété « Deglet Nour ». Mémoire de Magister. Université de Mohamed Kheider, Biskra, Algérie, p. 124.

Chaouch Khouane, A., Akkak, A., Benbouza, H., 2020. Molecular identification of Date palm (*Phoenix dactylifera L.*) “Deglet noor” pollinator through analysis of genetic diversity of Algerian male and female ecotypes using SSRs markers. *Sci. Hortic.* (Amsterdam). 274. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109668>

Chapuis, M.P., Estoup, A., 2007. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Mol. Biol. Evol.* 24 (3), 621–631. <https://doi.org/10.1093/molbev/msl191>.

Cherif, E., Zehdi-Azouzi, S., Crabos, A., Castillo, K., Chabrillange, N., Pintaud, J.C., Salhi-Hannachi, A., Glémin, S., Aberlenc-Bertossi, F., 2016. Evolution of sex chromosomes prior to speciation in the dioecious Phoenix species. *J. Evol. Biol.* 29 (8), 1513–1522.

Chesnokov, Y.V., Artemyeva, A.M., 2015. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Agric. Biol.* 50, 571–578.
<https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.5.571rus>

D. de vienne, 1998. Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales. INRA éditions. 195p

Djerbi, M., 1994. Précis de phoeniciculture. Ed. FAO, Rome, p. 191.

Dransfield J., Uhl N.W., Asmussen C.B., Baker W.J., Harley M.M. et Lewis C.E., 2008. *Genera Palmarum. The evolution and classification of palms.* Royal Botanic Gardens, Kew, Richmond, U.K, 732 p.

DSA-Biskra, 2018. Direction des services agricole de la wilaya de Biskra.

Earl, D.A., vonHoldt, B.M., 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.* 4, 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>.

El Kadri, N., Ben Mimoun, M., Hormaza, J.I., 2019. Genetic diversity of Tunisian male date palm (*Phoenix dactylifera L.*) genotypes using morphological descriptors and molecular markers. *Sci. Hortic.* 253, 24–34. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.04.026>.

Elhoumaizi, M.A., Saaidi, M., Oihabi, A., Cilas, C., 2002. Phenotypic diversity of date-palm cultivars (*Phoenix dactylifera L.*) from Morocco. *Genet. Resour. Crop Evol.* 49, 483–490. <https://doi.org/10.1023/A:1020968513494>

Elmeer, K., Mattat, I., 2015. Genetic diversity of Qatari date palm using SSR markers. *Genet. Mol. Res.* 14(1), 1624–1635.

Elmeer, K., Sarwath, H., Malek, J., Baum, M., Hamwiah, A., 2011. New microsatellite markers for assessment of genetic diversity in date palm (*Phoenix dactylifera L.*). 3 Biotech 1, 91–97. <https://doi.org/10.1007/s13205-011-0010-z>.

Elsafy, M., Zborowska, A., Bryngelsson, T., Fatih, M., Mujaju, C., Garkava-Gustavsson, L., 2015. Elucidating the genetic diversity of farmer cultivars of female date palms (*Phoenix dactylifera L.*) from Sudan by microsatellite markers. Genet. Resour. Crop Evol. <https://doi.org/10.1007/s10722-015-0294-7>

Elshibli, S., Korpelainen, H., 2008. Microsatellite markers reveal high genetic diversity in date palm (*Phoenix dactylifera L.*) germplasm from Sudan. Genetica 134, 251–260. <https://doi.org/10.1007/s10709-007-9232-8>.

Elshibli, S., Korpelainen, H., 2011. Biodiversity in date Palm: molecular markers as indicators. In: Jain, S., Al-Khayri, J., Johnson, D. (Eds.), Date Palm Biotechnology. Springer, Dordrecht, pp. 371–406.

Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Mol. Ecol. 14, 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>.

FAOSTAT, 2019. Agro-Statistics Database (Viewed: 22/09/2021). Food and Agricultural Organization of the United Nations <http://faostat.fao.org>.

Faqir, N., Muhammad, A., Shehzad, A., Hyder, M.Z., Ali, G.M., 2016. Simple Sequence Repeat (SSR) markers show greater similarity among morphologically diverse Date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cultivars grown in Pakistan 5, 483–498.

Gatin C.L., 1997. Les palmiers. Histoire naturelle et horticole des différents genres. Ed. Chompflour, 238 p.

Ghnaim, H. D., & Al-Muhtaseb, J. A., 2006. Effect of pollen source on yield, quality and maturity of “Mejhool” date palm. Jordan Journal of Agricultural Sciences, 2(1), 8-15.

Giraldo, E., Lopez-Corrales, M., Hormaza, J.I., 2008. Optimization of the management of an ex-situ germplasm bank in common fig with SSRs. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 133, 69–77. <https://doi.org/10.21273/jashs.133.1.69>.

Golzari M., Hassani D., Rahemi M., Vahdati K., 2016. Xenia and metaxenia in persian walnut (*Juglans regia L.*). Journal of nuts (international journal of nuts and related sciences) 2016 , volume 7 , number 2; page(s) 101 to 108.

Gros-Balthazaed, M., 2012. Sur les origines, l'histoire évolutive et biogéographique du palmier-dattier (*Phoenix dactylifera L.*): L'apport de la génétique et de la morphométrie. Université Montpellier II Sciences et techniques du Languedoc.

Hadrami I.E., Hadrami A.E., 2009. Breeding Date Palm. In: Jain S.M., Priyadarshan P.M. (eds) Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species. Springer, New York, NY. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-71201-76>

Hafez, O.M., Saleh, M.A., Mostafa, E.A.M., Naguib, M.M., Ashour, N.E., 2014. Effect of pollen grain sources on yield and fruit quality of Samany date palm. Int. J. Agric. Res. <https://doi.org/10.3923/ijar.2014.164.168>

Haider, M. S., Khan, I. A., Jaskani, M. J., Naqvi, S. A., Hameed, M., Azam, M., KHAN, A.A. et Pintaud, J. C., 2015. Assessment of morphological attributes of date palm accessions of diverse agro-ecological origin. *Pak. J. Bot.* 47(3), 1143-1151.

Halkett, F., Simon, J., 2005. Tackling the population genetics of clonal and partially clonal organisms 20. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.01.001>

Hammadi, H., Mokhtar, R., Mokhtar, E., Ali, F., 2009. New approach for the morphological identification of date palm (*Phoenix dactylifera L.*) Cultivars from Tunisia. *Pak. J. Bot.* 41(6), 2671–2681.

Hammer, Ø., Harper, D.A.T., Ryan, P.D., 2001. Past: paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol. Electronica* 4 (1), 1–9.

Hamwiah, A., Farah, J., Moussally, S., Al-Sham'aa, K., Almer, K., Khierallah, H., Udupa, S., Lababidi, S., Malek, J.A., Aaouine, M., Baum, M., 2010. Development of 1000 microsatellite markers across the date palm (*Phoenix dactylifera L.*) genome. in: IV International Date Palm Conference. *Acta Hort.* 882, 269–277. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2010.882.29>.

Hannachi, S., Benkhalifa, A., Khtiri, D., Brac dela Perriere, R.A., 1998. Inventaire Variétal de la palmeraie Algérienne. Commissariat Au Développement de l'agriculture des

régions sahariennes (CDARS). Unité de Recherche sur les Zones Arides (URZA) de l'Université des Sciences et Technologie Houari Boumedienne, République Algérienne.

He, Z., Zhang, C., Liu, W., Lin, Q., Wei, T., Chen, W., 2017. DRDB : An Online Date Palm Genomic Resource Database 8, 1–9. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01889>

HOUARI O., 1992. Situation du patrimoine phoenicicole et marché de la datte. Symposium de la datte. Biskra.

Intha, N., Chaiprasart, P., 2018. Sex determination in date palm (*Phoenix dactylifera L.*) by PCR based marker analysis. *Sci. Hortic.* 236, 251–255. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.03.039>.

IPGRI., 2005. Descripteur du palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

Iqbal, M., Niamatullah, M., & Munir, M., 2012. Effect of various Dactylifera males pollinizer on pomological traits and economical yield index of cv's Shakri, Zahidi and Dhakki date palm (*Phoenix dactylifera L.*). *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 22(2), 376-383.

Olfati J. A., Sheykhtaher Z., Qamgosar R., Khasmakhi-Sabet A., Peyvast Gh., Samizadeh H. et Rabiee B., 2010. Xenia and Metaxenia on Cucumber Fruit and Seed Characteristics, *International Journal of Vegetable Science*, 16:3, 243-252, DOI: 10.1080/19315260903584167

Jain, S.M., Al-Khayri, J.M., Johnson, D. V., 2011. Date Palm Biotechnology. Springer Netherlands, Dordrecht. <https://doi.org/10.1007/978-94-007-1318-5>

Jamil, S., Shahzad, R., Kanwal, S., Yasmeen, E., Rahman, S.U., Iqbal, M.Z., 2020. DNA Fingerprinting and Population Structure of Date Palm Varieties Grown in Punjab Pakistan using Simple Sequence Repeat Markers 943–950. <https://doi.org/10.17957/IJAB/15.1373>

Jaradat, A.A., Zaid, A., 2004. Quality traits of date palm fruits in a center of origin and center of diversity. *Food, Agric. Environ.* 2, 208–217.

Johnson C., Cullis T.A., Cullis M.A., Cullis C.A., 2009. DNA markers for variety identification in date palm (*Phoenix dactylifera L.*). *J Hort Sci Biotech* 84:591–594

Kalia, R.K., Rai, M.K., Kalia, S., Singh, R., Dhawan, A.K., 2011. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. *Euphytica* 177, 309–334. <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0286-9>.

Khalil A.R. Et Al-Shawaan A.M., 1983. Wheat flour and sugar solution media as carriers of date palm pollen grains. Proceeding of the first Symposium on the date palm in Saudi Arabia. Al-Hassa, Saudi Arabia, King Faisal University, p: 68-71.

Khanam, S., Sham, A., Bennetzen, J.L., Aly, M.A.M., 2012. Analysis of molecular markerbased characterization and genetic variation in date palm (*Phoenix dactylifera L.*). *Aust. J. Crop Sci.* 6 (8), 1236–1244.

Khankahdani, H.H., Bagheri, A., 2019. Identification of genetic variation of male and female date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cultivars using morphological and molecular markers. *Int. J. Hort. Sci. Technol.* 6 (1), 63–76. <https://doi.org/10.22059/ijhst.2019.276013.278>.

Khierallah, H.S.M., 2015. Applications of molecular markers in date palm genome analysis and breeding 661, 47–90.

Lakhous H., 1966. Contribution à l'étude de la métaxénie chez le palmier dattier et son utilisation au Tunisie. *Annales de l'I.N.R.A.T.* Vol. 39, Fasc. 4, Tunisie, 54p.

Liu B.H., 1998. Statistical genomics: linkage, mapping and QTL analysis. CRC Press, Boca Raton.

Liu, K., Muse, S.V., 2005. PowerMaker: an integrated analysis environment for genetic maker analysis. *Bioinforma. Appl. note* 21 (9), 2128–2129. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti282>.

MADR, 2018. Statistique Agricole (viewed: 22/09/2021). Ministère de l'agriculture et du développement rural. <http://madrp.gov.dz/>.

Majourhat K., Medraoui K.B.L. et Baaziz M., 2002. Diversity of leaf peroxidases in date palm (*Phoenix dactylifera L.*) as revealed in an example of marginal (seedling derived) palm groves. *Sci. Hort* 95: 31–38.

Maryam, Jaskani, M.J., Awan, F.S., Ahmad, S., Khan, I.A., 2016. Development of molecular method for sex identification in date palm (*Phoenix dactylifera* L.) plantlets using novel sex-linked microsatellite markers. *3 Biotech* 6, 22. <https://doi.org/10.1007/s13205-015-0321-6>

Mason, S. C., 1915. Botanical characters of the leaves of the date palm used in distinguishing cultivated varieties (No. 223). US Department of Agriculture.

McDonald DB., 2008. Molecular Marker Glossary. Genetic Markers, ZOO 4425/5425, Department of Zoology&Physiology, University of Wyoming, Laramie, WY, U.S.A (<http://www.uwyo.edu/dbmcd/molmark/mcdgloss.html>)

Mohamoud, Y.A., Mathew, L.S., Torres, M.F., Younuskunju, S., Krueger, R., Suhre, K., Malek, J.A., 2019. Novel subpopulations in date palm (*Phoenix dactylifera* L.) identified by population-wide organellar genome sequencing. *BMC Genomics* 20 (1), 498. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5834-7>.

Mokhtar, M.M., Adawy, S.S., El-assal, S.E.S., Ebtissam, H., 2016. Genic and Intergenic SSR Database Generation , SNPs Determination and Pathway Annotations , in Date Palm (*Phoenix dactylifera* L .) 1–19. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0159268>

Moussouni, S., Pintaud, J., Vigouroux, Y., Bouguedoura, N., 2017. Diversity of Algerian oases date palm (*Phoenix dactylifera* L . , *Arecaceae*): Heterozygote excess and cryptic structure suggest farmer management had a major impact on diversity 1–14. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0175232>

Munier P., 1973. Le palmier dattier. Ed. G. –P. Maisonneuve et Larousse- Paris, 209 p.

Naeem, A., Khan, S.H., Khan, I.A., Khan, A.A., 2018. SSR-based genetic diversity of date palm in makran (Pakistan) 55, 863–873. <https://doi.org/10.21162/PAKJAS/18.6838>

Nagy, S., Poczai, P., Cernák, I., Gorji, A.M., Hegedus, G., Taller, J., 2012. PICcalc: An online program to calculate polymorphic information content for molecular genetic studies. *Biochem. Genet.* 50, 670–672. <https://doi.org/10.1007/s10528-012-9509-1>

Nei, M., Li, W.H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 76 (10), 5269–5273. <https://doi.org/10.1073/pnas.76.10.5269>.

Nixon, R.W., 1950. Imported varieties of dates in the United States. USDA Circular No. 834.

Nixon, R.W., 1934. Metaxenia in dates. Proc. Amer. Soc. Hort. Sci. 32, 221–226.

Noormohammadi, Z., Kangarloo-Haghighib, B., Sheidai, M., Farahani, F., Ghasemzadeh- Baraki, S., 2014. Genetic stability versus somaclonal variation in tissue culture regenerated olive plants (*Olea europea* cv. Kroneiki). Eur. J. Exp. Biol. 4, 135–142.

Pérez-Escobar O.A., Bellot S., Przelomska N.A.S., Flowers J.M., Nesbitt M., Ryan P., Gutaker R.M., Gros-Balthazard M., Wells T., Kuhnhäuser B.G., Schley R., Bogarín D., Dodsworth S., Diaz R., Lehmann M., Petoe P., Eiserhardt W.L., Preick M., Hofreiter M., Hajdas I., Purugganan M., Antonelli A., Gravendeel B., Leitch I.J., Torres Jimenez M.F., Papadopulos A.S.T., Chomicki G., Renner S.S., Baker W.J., 2021. Molecular Clocks and Archeogenomics of a Late Period Egyptian Date Palm Leaf Reveal Introgression from Wild Relatives and Add Timestamps on the Domestication, Molecular Biology and Evolution, Volume 38, Issue 10, Pages 4475–4492, <https://doi.org/10.1093/molbev/msab188>

Ould Mohamed Ahmed, M.V.O., Bouna, Z.E., Mohamed Lemine, F.M., Djeh, T.K.O., Mokhtar, T., Ould Mohamed Salem, A., 2011. Use of multivariate analysis to assess phenotypic diversity of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars. Sci. Hort. 127, 367–371. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2010.11.011>.

Ould Mohamed Salem, A., Rhouma, S., Zehdi, S., Marrakchi, M., Trifi, M., 2008. Morphological variability of Mauritanian date-palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars as revealed by vegetative traits. Acta Bot. Croat. 67(1), 81–90.

Ould Mohamed Salem, A., Trifi, M., Sakka, H., Rhouma, A., Marrakchi, M., 2001. Genetic inheritance analysis of four enzymes in date-palm (*Phoenix dactylifera* L.). Genet. Resour. Crop Evol. 48, 361–368. <https://doi.org/10.1023/A:1012097900950>.

Papadopoulou, K., Ehaliotis, C., Tourna, M., Kastanis, P., Karydis, I., Zervakis, G., 2002. Genetic relatedness among dioecious *Ficus carica* L. cultivars by random amplified polymorphic DNA analysis, and evaluation of agronomic and morphological characters. Genetica 114, 183–194. <https://doi.org/10.1023/A:1015126319534>.

Peakall, R., Smouse, P.E., 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes* 6, 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>.

PESSON P., 1984. Transport du pollen par les animaux : Zoogamie. pollinisation et production végétal. I.N.R.A. France, 635 p.

PEYRON G., 2000. Cultiver le palmier dattier. Ed. C.I.R.A.D, 110 p. 64.

Peyron, G. and F. Gay. 1988. Contribution à l'évaluation du patrimoine génétique égyptien- Phénologie de palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*). Centre de coopération internationale en recherche agronomique (CIRAD/DSA), Montpellier. 250 pp.

Pritchard, J.K., Stephens, M.S., Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945–959. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01758.x>.

Racchi, M.L., Bove, A., Turchi, A., Bashir, G., Battaglia, M., Camussi, A., 2014. Genetic characterization of Libyan date palm resources by microsatellite markers. *3 Biotech* 4, 21–32. <https://doi.org/10.1007/s13205-013-0116-6>.

Rekis, A., Laiadi, Z., 2020. Interrelationships between some vegetative components and fruit quality of Algerian date palm. *Agric. Sci. Technol.* 12, 77–81. <https://doi.org/10.15547/ast.2020.01.014>

Rezazadeh, R., Hassanzadeh, H., Hosseini, Y., Karami, Y., Rudolph, R., 2013. *Scientia Horticulturae* Influence of pollen source on fruit production of date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cv . Barhi in humid coastal regions of southern Iran. *Sci. Hortic. (Amsterdam)*. 160, 182–188. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2013.05.038>

Rhouma, A. 1994. Le palmier dattier en Tunisie 1: Le patrimoine genetique. Vol.1 Arabasque, Tunis. 294 pp.

Rhouma, S., Dakhlaoui-dkhil, S., Ould Mohamed Salem, A., Zehdi-azouzi, S., Rhouma, A., Marrakchi, M., Trifi, M., 2008. Genetic diversity and phylogenetic relationships in date-palms (*Phoenix dactylifera L.*) as assessed by random amplified microsatellite polymorphism markers (RAMPOs). *Sci. Hortic.* 117, 53–57. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2008.03.013>.

Rhouma, S., Zehdi-Azouzi, S., Dakhlaoui-Dkhil, S., Ould Mohamed Salem, A., Othmani, A., Cherif, E., Marrakchi M. et Trifi, M., 2010. Genetic variation in the Tunisian date palm (*Phoenix dactylifera L.*). *Desert plants*, 355-370.

Riazi, G., Khanizadeh, A., Rahemi, M., 1995. The effect of various pollen grains on growth and development of P. Vera nuts. *HortScience* 30, 886–887.

Rizk, R.M., El Sharabasy, S.F., 2007. Descriptors for Date palm (*Phoenix dactylifera L.*): characterization and evaluation in genebanks. *Plant Genet Resour News* 150:42-44.

Sabir, J.S.M., Abo-Aba, S., Bafeel, S., Zari, T.A., Edris, S., Shokry, A.M., Atef, A., Gadalla, N.O., Ramadan, A.M., Al-Kordy, M.A., El-Domyati, F.M., Jansen, R.K., Bahieldin, A., 2014. Characterization of ten date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cultivars from Saudi Arabia using AFLP and ISSR markers. *C. R. Seances Soc. Biol. Fil.* 337, 6–18. <https://doi.org/10.1016/j.crv.2013.11.003>.

Salhi-Hannachi, A., Chatti, K., Saddoud, O., Mars, M., Rhouma, A., Marrakchi, M., Trifi, M., 2006. Genetic diversity of different Tunisian fig (*Ficus carica L.*) collections revealed by RAPD fingerprints. *Hereditas* 143, 15–22. <https://doi.org/10.1111/j.2005.0018-0661.01904.x>.

Salman Haider, M., Khan, I.A., Jaskani, M.J., Naqvi, S.A., Hameed, M., Azam, M., Khan, A.A., Pintaud, J.C., 2015. Assessment of morphological attributes of date palm accessions of diverse agro-ecological origin. *Pakistan J. Bot.* 47, 1143–1151.

Salomon-Torres, R., Ortiz-Uribe, N., Villa-Angulo, R., Villa-Angulo, C., Norzagaray-Plasencia, S., García-Verdugo, C.D., 2017. Effect of pollenizers on production and fruit characteristics of date palm (*Phoenix dactylifera L.*) cultivar Medjool in Mexico. *Turkish J. Agric. For.* 41, 338–347. <https://doi.org/10.3906/tar-1704-14>

Sedra, M.H., 2001. Descripteur du Palmier dattier (*Phoenix dactylifera L.*). INRA, Rabat. 195 pp.

Sedra, M.H., Lashermes, P., Trouslot, P., Combes, M., 1998. Identification and genetic diversity analysis of date palm (*Phoenix dactylifera L.*) varieties from Morocco using RAPD markers. *Euphytica* 103, 75–82.

Shafique, M., Khan, A., Malik, A.U., Shahid, M., Rajvana, I.A., Saleem, B.A., Amin, M., Ahmad, E., 2011. Influence of pollen source and pollination frequency on fruit drop, yield and quality of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) CV. Dhakki. Pak. J. Bot. 43, 831–839.

Simozrag, A., Chala, A., Djerouni, A., Bentchikou, M.E., 2016. Phenotypic diversity of date palm cultivars (*Phoenix dactylifera* L.) from Algeria. Gayana - Bot. 73(1), 42–53. <https://doi.org/10.4067/S0717-66432016000100006>

Solliman, M.E.-D., Mohasseb, H.A.A., Al-Khateeb, A.A., Al-Khateeb, S.A., Chowdhury, K., El-Shemy, H.A., Aldaej, M.I., 2017. Identification and sequencing of Date-SRY Gene: a novel tool for sex determination of date palm (*Phoenix dactylifera* L.). Saudi J. Biol. Sci. 26, 514–523. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2017.08.002>.

Swingle, W.T., 1928. Metaxenia in the date palm: Possibly a hormone action by the embryo or endosperm. J. Hered. 19, 257–268. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a102996>

Tessier, C., David, J., This, P., Boursiquot, J.M., Charrier, A., 1999. Optimization of the choice of molecular markers for varietal identification in *Vitis vinifera* L. Theor. Appl. Genet. 98, 171–177.

Toutain, G., 1967. Le Palmier Dattier. Al Awamia. Revue de la recherche agronomique Marocaine, pp. 84–151.

Trifi, M., Rhouma, A., Marrakchi, M., 2000. Phylogenetic relationships in Tunisian date palm (*Phoenix dactylifera* L.) germplasm collection using DNA amplification fingerprinting. Agronomie 20 (6), 665–671. <https://doi.org/10.1051/agro:2000158>.

Wright, S., 1978. Evolution and the Genetics of Populations, Vol. 4: Variability Within and Among Natural Populations. Chicago, IL: The University of Chicago Press.

Wright, S., 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution (N. Y). 19, 395–420 <https://doi.org/10.2307/2406450>.

Yusuf, A.O., Culham, A., Aljuhani, W., Ataga, C.D., Hamza, A.M., Odewale, J.O., Enaberue, L.O., 2015. Genetic diversity of Nigerian date palm (*Phoenix dactylifera*) germplasm based on microsatellite markers. Int. J. Bio-Science Bio-Technology 7,121–132. <https://doi.org/10.14257/ijbsbt.2015.7.1.12>.

Zaid A ., 2002. Date palm cultivation . Ed. FAO, Rome, Italie, 292 p.

Zaid A. et de Wet P.F., 2002. Botanical and systematic description of the date palm. *In:* Zaid A (ed.). Date palm cultivation. Rev. Ed. Plant production and protection paper 156. Food and Agriculture Organisation United Nations, Rome, pp 1–28

Zango, O., Littardi, C., Pintaud, J. C., & Rey, H., 2011. Comparative study of architecture and geometry of the date palm male and females inflorescences. *In:* International Symposium on Date Palm 994 (pp. 175-192).

Zehdi, S., Cherif, E., Rhouma, S., Santoni, S., Hannachi, A.S., Pintaud, J.C., 2012. Molecular polymorphism and genetic relationships in date palm (*Phoenix dactylifera L.*): the utility of nuclear microsatellite markers. *Sci. Hortic.* 148, 255–263.
<https://doi.org/10.1016/j.scienta.2012.10.011>.

Zehdi, S., Trifi, M., Billotte, N., Marrakchi, M., Pintaud, J.C., 2004. Genetic diversity of Tunisian date palm (*Phoenix dactylifera*) revealed by nuclear microsatellite polymorphism. *Hereditas* 141, 278–287.

Zehdi-Azouzi, S., Cherif, E., Guenni, K., Ben Abdelkrim, A., Bermil, A., Rhouma, S., Ben Salah, M., Santoni, S., Pintaud, J.C., Aberlenc-Bertossi, F., Salhi Hannachi, A., 2016. Endemic insular and coastal Tunisian date palm genetic diversity. *Genetica* 144, 181–190. <https://doi.org/10.1007/s10709-016-9888-z>.

Zhang, D., Ihase, L.O., Li, D., Iserhienrhien, A., Emoghene, B.O., 2020. Development of sex-linked SSR marker in the genus *Phoenix* and validation in *P. dactylifera*. <https://doi.org/10.1002/csc2.20187>

Zhao, Y., Williams, R., Prakash, C.S., He, G., 2013. Identification and characterization of gene-based SSR markers in date palm (*Phoenix dactylifera L.*). *BMC Plant Biol.* 12, 237.

ANNEXES

Annexe 1 : Accessions étudiées, leur nomenclature, localisation, type de caractérisation appliquée et autres observations

Accessions	Nomenclature	Localisation	Caractérisation moléculaire	Caractérisation morphologique_ Partie végétative	Caractérisation morphologique- partie de reproduction	Observations
DNM1	Deglet-Nour Mâle 1	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
DNM2	Deglet-Nour Mâle 2	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
DNM3	Deglet-Nour Mâle 3	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
DNM4	Deglet-Nour Mâle 4	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNM5	Deglet-Nour Mâle 5	M'lili	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
DNM6	Deglet-Nour Mâle 6	M'lili	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
DNM7	Deglet-Nour Mâle 7	M'lili	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
DNM8	Deglet-Nour Mâle 8	M'lili	✓	X	X	Irrigué et bien entretenu
GHM1	Ghars Mâle 1	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
GHM2	Ghars Mâle 2	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
GHM3	Ghars Mâle 3	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
MDM1	Mech-Degla Mâle 1	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
MDM2	Mech-Degla Mâle 2	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
MDM3	Mech-Degla Mâle 3	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
TMM1	Itima Mâle 1	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu

TMM2	Itima Mâle 2	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
TMM3	Itima Mâle 3	El-Hadjeb	✓	✓	✓	Irrigué et bien entretenu
SFM1	Safray Mâle 1	M'lili	✓	X	X	En touffe, irrigué
SFM2	Safray Mâle 2	M'lili	✓	X	X	En touffe, irrigué
SFM3	Safray Mâle 3	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
HMM1	Hamray Mâle 1	M'lili	✓	X	X	En touffe, irrigué
HMM2	Hamray Mâle 2	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
HMM3	Hamray Mâle 3	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
ACHM1	Arechti Mâle 1	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
ACHM2	Arechti Mâle 2	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
ACHM3	Arechti Mâle 3	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
HLWM1	Halwa Mâle 1	M'lili	✓	X	X	En touffe, irrigué
HLWM2	Halwa Mâle 2	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
HLWM3	Halwa Mâle 3	M'lili	✓	X	X	En touffe, irrigué
THRM1	Thouri Mâle 1	M'lili	✓	X	X	En touffe, irrigué
THRM2	Thouri Mâle 2	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
THRM3	Thouri Mâle 3	M'lili	✓	X	✓	En touffe, irrigué
HORM1	Horra Mâle 1	M'lili	✓	X	✓	irrigué
UNK	UNKNOWN	M'lili	✓	X	X	Mal entretenu

DNF1	Deglet-Nour femelle 1	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF2	Deglet-Nour femelle 2	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF3	Deglet-Nour femelle 3	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF4	Deglet-Nour femelle 4	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF5	Deglet-Nour femelle 5	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF6	Deglet-Nour femelle 6	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF7	Deglet-Nour femelle 7	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF8	Deglet-Nour femelle 8	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF9	Deglet-Nour femelle 9	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF10	Deglet-Nour femelle 10	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF11	Deglet-Nour femelle 11	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF12	Deglet-Nour femelle 12	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
DNF13	Deglet-Nour femelle 13	M'lili	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
GHF1	Ghars Femelle 1	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
GHF2	Ghars Femelle 2	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu
GHF3	Ghars Femelle 3	El-Hadjeb	✓	✓	X	Irrigué et bien entretenu

Annexe2: Matrice de corrélations des paramètres végétatifs

	V1	V2	V3	V4	V5	V6	V7	V8	V9	V10	V11	V12	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24	V25	V26	V27
V1	1																										
V2	-0,397	1																									
V3	0,005	0,419	1																								
V4	-0,222	0,812	0,303	1																							
V5	0,210	-0,404	-0,052	-0,501	1																						
V6	0,340	-0,279	-0,077	-0,321	0,780	1																					
V7	0,381	-0,259	-0,097	-0,333	0,665	0,593	1																				
V8	-0,165	0,460	0,208	0,692	-0,473	-0,279	-0,279	1																			
V9	-0,242	0,407	-0,064	0,370	-0,569	-0,166	-0,191	0,392	1																		
V10	0,147	0,224	0,186	0,491	-0,123	-0,211	-0,105	0,615	-0,338	1																	
V11	-0,260	0,113	0,219	0,266	-0,141	-0,085	-0,238	0,711	0,085	0,259	1																
V12	0,552	-0,408	-0,006	-0,186	0,458	0,353	0,302	0,033	-0,497	0,445	0,081	1															
V13	0,284	-0,357	-0,165	-0,127	0,281	0,046	0,020	-0,032	-0,479	0,280	0,113	0,553	1														
V14	0,324	-0,285	-0,228	-0,536	0,546	0,527	0,327	-0,622	-0,356	-0,301	-0,423	0,231	0,077	1													
V15	-0,095	0,032	0,011	-0,136	0,424	0,184	0,397	-0,226	-0,058	-0,161	-0,166	0,229	0,106	0,279	1												
V16	0,345	-0,467	0,051	-0,608	0,399	0,234	0,125	-0,717	-0,397	-0,344	-0,491	0,233	0,161	0,366	0,219	1											
V17	-0,312	0,213	-0,107	0,064	-0,120	0,037	-0,109	0,053	0,316	-0,279	0,093	-0,474	-0,401	0,222	-0,082	-0,458	1										
V18	0,370	-0,140	-0,210	-0,151	0,336	0,368	0,268	-0,196	-0,405	0,214	-0,209	0,412	0,258	0,715	0,001	-0,049	-0,044	1									
V19	0,441	-0,359	-0,227	-0,275	0,390	0,363	0,300	-0,071	-0,386	0,234	-0,005	0,524	0,422	0,480	0,016	0,016	-0,309	0,759	1								
V20	0,265	-0,430	-0,103	-0,611	0,498	0,365	0,228	-0,647	-0,444	-0,292	-0,379	0,238	0,215	0,779	0,211	0,558	0,069	0,452	0,255	1							
V21	0,166	0,071	-0,315	-0,071	0,202	0,326	0,210	-0,166	-0,088	-0,020	-0,211	0,086	-0,099	0,684	0,107	-0,195	0,351	0,718	0,505	0,128	1						
V22	0,300	-0,379	-0,043	-0,644	0,596	0,522	0,272	-0,691	-0,347	-0,425	-0,397	0,226	0,101	0,850	0,348	0,632	0,056	0,392	0,254	0,844	0,248	1					
V23	-0,213	0,804	0,624	0,659	-0,382	-0,243	-0,318	0,448	0,296	0,309	0,134	-0,158	-0,295	-0,332	0,033	-0,210	0,011	-0,269	-0,287	-0,310	-0,189	-0,251	1				
V24	0,572	-0,356	0,011	-0,356	0,571	0,572	0,688	-0,281	-0,251	-0,007	-0,275	0,558	0,245	0,324	0,231	0,423	-0,428	0,314	0,488	0,298	0,056	0,400	-0,174	1			
V25	-0,288	0,197	0,152	0,028	-0,196	-0,475	-0,244	-0,274	-0,187	-0,074	-0,234	-0,381	-0,315	-0,089	-0,071	0,008	0,139	-0,195	-0,309	-0,058	-0,006	-0,161	0,100	-0,563	1		
V26	-0,552	0,494	0,109	0,498	-0,385	-0,308	-0,147	0,542	0,390	0,235	0,311	-0,362	-0,245	-0,631	-0,145	-0,538	0,021	-0,360	-0,297	-0,555	-0,280	-0,648	0,460	-0,412	0,140	1	
V27	-0,468	-0,018	-0,219	0,083	-0,094	-0,096	-0,009	0,203	0,216	-0,104	0,319	-0,263	-0,124	-0,531	-0,242	-0,249	-0,140	-0,356	-0,100	-0,479	-0,282	-0,514	-0,101	-0,163	0,070	0,597	1

Les valeurs en gras sont différentes de 0 à un niveau de signification $\alpha=0,05$

Les valeurs en rouge et jaune correspondent aux variables présentant une corrélation significative entre eux
En rouge corrélation $\geq 0,7$ et en jaune corrélation entre 0,5 et 0,7

Annexe 3: Matrice de corrélations des paramètres de reproduction liés à la spathe

	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11
S1	1										
S2	0,202	1									
S3	0,263	0,954	1								
S4	0,298	0,915	0,967	1							
S5	0,137	0,784	0,724	0,764	1						
S6	0,051	0,733	0,693	0,617	0,389	1					
S7	0,216	0,690	0,733	0,653	0,380	0,807	1				
S8	0,368	0,825	0,840	0,833	0,571	0,816	0,799	1			
S9	-0,234	0,425	0,318	0,379	0,736	0,190	0,069	0,248	1		
S10	0,131	-0,601	-0,600	-0,646	-0,446	-0,456	-0,452	-0,606	-0,276	1	
S11	0,662	0,699	0,749	0,801	0,633	0,501	0,548	0,772	0,212	-0,368	1

Les valeurs en gras sont différentes de 0 à un niveau de signification $\alpha=0,05$

Les valeurs en rouge et jaune correspondent aux variables présentant une corrélation significative entre eux

En rouge corrélation $\geq 0,7$ et en jaune corrélation entre 0,5 et 0,7

Annexe 4: Matrice de corrélations des paramètres de reproduction liés au rachis

	R1	R2	R3	R4	R5	R6	R7	R8
R1	1							
R2	0,328	1						
R3	0,495	0,895	1					
R4	-0,378	-0,348	-0,231	1				
R5	0,382	0,700	0,736	-0,227	1			
R6	0,493	0,303	0,633	-0,226	0,489	1		
R7	0,161	0,019	0,137	0,177	-0,013	0,131	1	
R8	0,602	0,793	0,880	-0,403	0,726	0,628	-0,151	1

Les valeurs en gras sont différentes de 0 à un niveau de signification $\alpha=0,05$

Les valeurs en rouge et jaune correspondent aux variables présentant une corrélation significative entre eux

En rouge corrélation $\geq 0,7$ et en jaune corrélation entre 0,5 et 0,7

Annexe 5: Matrice de corrélations des paramètres de reproduction liés au pédoncule

	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7
P1	1						
P2	0,388	1					
P3	0,351	0,994	1				
P4	0,343	0,984	0,991	1			
P5	0,560	0,688	0,657	0,629	1		
P6	0,419	0,707	0,691	0,663	0,969	1	
P7	0,397	0,709	0,707	0,697	0,903	0,942	1

Les valeurs en gras sont différentes de 0 à un niveau de signification $\alpha=0,05$

Les valeurs en rouge et jaune correspondent aux variables présentant une corrélation significative entre eux

En rouge corrélation $\geq 0,7$ et en jaune corrélation entre 0,5 et 0,7

Annexe 6: Matrice de corrélations des paramètres de reproduction liés à l'épillet

	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	E10	E11	E12	E13	E14
E1	1													
E2	0,628	1												
E3	-0,030	0,042	1											
E4	0,421	0,738	-0,266	1										
E5	-0,395	0,019	0,235	0,091	1									
E6	0,721	0,493	0,134	0,227	-0,307	1								
E7	0,363	0,304	0,180	0,253	-0,022	0,495	1							
E8	0,450	0,765	0,132	0,797	0,083	0,448	0,416	1						
E9	0,507	0,876	0,105	0,644	0,031	0,558	0,452	0,871	1					
E10	0,407	0,811	0,149	0,638	0,016	0,428	0,469	0,826	0,850	1				
E11	0,506	0,839	0,082	0,602	0,035	0,565	0,416	0,828	0,984	0,741	1			
E12	-0,035	0,232	0,383	0,021	0,175	0,306	0,455	0,252	0,305	0,557	0,199	1		
E13	0,048	-0,105	0,174	-0,127	0,010	0,339	0,425	-0,073	-0,075	0,099	-0,129	0,737	1	
E14	0,410	0,285	-0,057	0,180	-0,225	0,735	0,580	0,358	0,468	0,396	0,461	0,442	0,587	1

Les valeurs en gras sont différentes de 0 à un niveau de signification $\alpha=0,05$

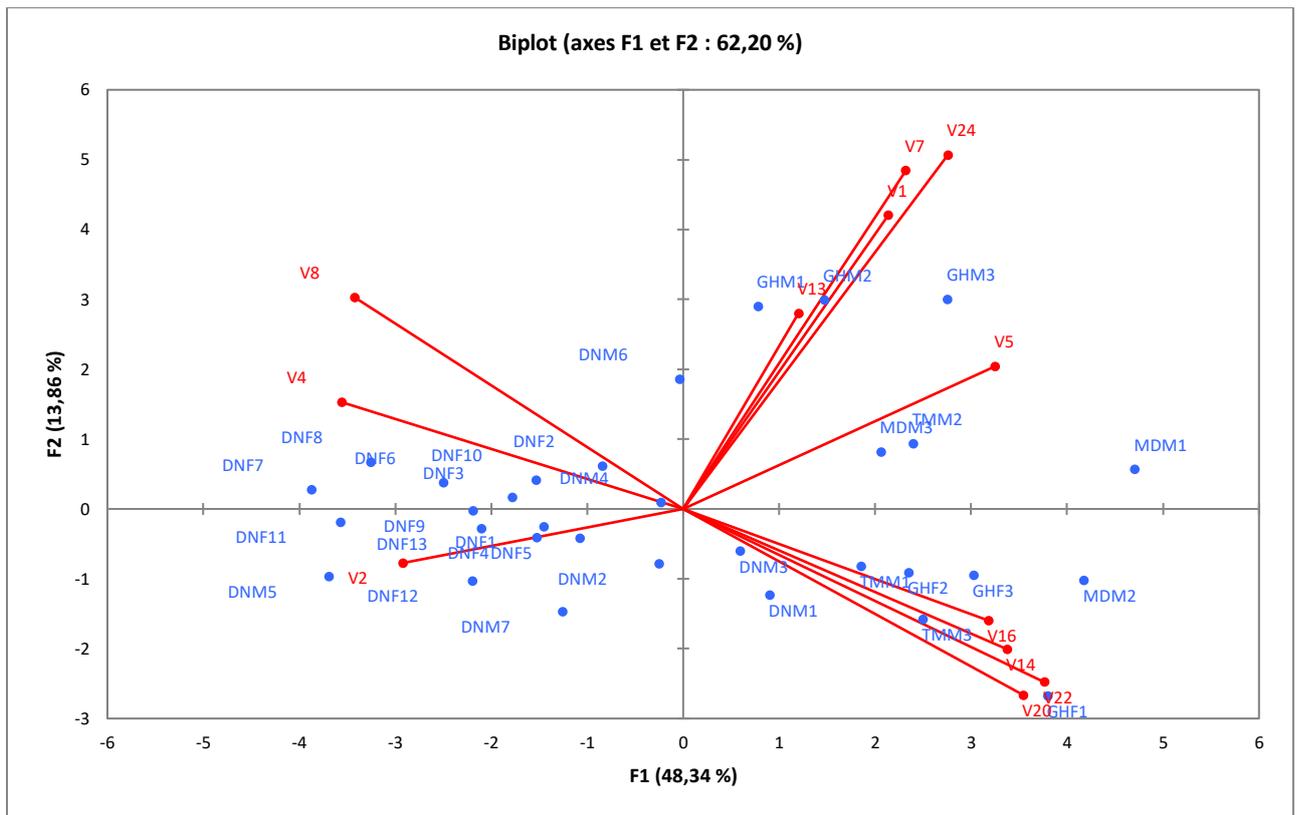
Les valeurs en rouge et jaune correspondent aux variables présentant une corrélation significative entre eux

En rouge corrélation $\geq 0,7$ et en jaune corrélation entre 0,5 et 0,7

Annexe 7: Corrélation des variables de la partie végétative avec les principaux axes

	caractères	F1	F2	F3
V1	Circonférence du stipe	0,489	0,515	0,187
V2	Long. totale de la palme	-0,669	-0,095	-0,530
V4	Long. de la partie épineuse de la palme	-0,815	0,187	-0,206
V5	Larg. du rachis	0,744	0,250	-0,259
V7	Larg. de la palme à la base du pétiole	0,531	0,593	-0,466
V8	Nombre moyen d'épines des 2 côtés	-0,784	0,371	0,035
V13	Long. max. de l'épine du milieu	0,275	0,343	0,622
V14	Nombre moyen de pennes /palme	0,773	-0,246	-0,305
V16	Nombre de pennes groupées en 2	0,728	-0,196	0,243
V20	Nombre de pennes internes	0,811	-0,327	-0,033
V22	Nombre de pennes externes	0,862	-0,304	-0,171
V24	Larg. max. de la penne du milieu	0,631	0,621	-0,134

Annexe 8 : Projection des accessions et des variables végétatives sur le plan F1-F2



Annexe 10: Corrélations des variables de la partie de reproduction avec les principales composantes

Code	Caractère morphologique	F1	F2	F3
S2	Largeur de la spathe à la base d'insertion	0,852	-0,422	-0,012
S3	Largeur de la spathe à la base du renflement	0,915	-0,316	-0,009
S4	Largeur au milieu de la spathe	0,919	-0,340	0,101
S6	Hauteur de la spathe à la base d'insertion	0,701	-0,146	-0,389
S7	Hauteur de la spathe à la base du renflement	0,763	0,025	-0,373
S8	Hauteur au milieu de la spathe	0,916	-0,072	-0,193
S9	Hauteur à l'extrémité de la spathe	0,169	-0,628	0,392
R1	Longueur du rachis	0,562	0,640	0,009
R2	Largeur à la base du rachis	0,800	-0,340	0,248
R8	Poids du rachis	0,901	0,124	0,243
P2	Largeur à la base du pédoncule	0,926	-0,211	0,142
P3	Largeur au milieu du pédoncule	0,913	-0,271	0,130
P4	Largeur à l'extrémité du pédoncule	0,898	-0,302	0,139
P5	Hauteur à la base du pédoncule	0,832	0,240	-0,373
P6	Hauteur au milieu du pédoncule	0,859	0,179	-0,405
P7	Hauteur à l'extrémité du pédoncule	0,841	0,063	-0,371
E2	Longueur de l'épillet le plus long	0,710	0,601	0,228
E6	Nombre de pseudo-verticilles	0,811	0,043	-0,253
E8	Nombre de fleurs par épillet	0,666	0,422	0,470
E9	Longueur totale moyenne de l'épillet	0,799	0,381	0,332
E11	Longueur de la partie fertile de l'épillet	0,797	0,349	0,290

Annexes 12: Cosinus carrés des observations (partie végétative)

	F1	F2	F3	Somme des cos ²
DNM1	0,137	0,256	0,011	0,403
DNM2	0,007	0,069	0,439	0,515
DNM3	0,055	0,058	0,022	0,135
DNM4	0,006	0,001	0,169	0,176
DNM5	0,528	0,036	0,027	0,592
DNM6	0,000	0,530	0,055	0,586
DNM7	0,231	0,313	0,002	0,546
GHM1	0,056	0,769	0,009	0,833
GHM2	0,145	0,597	0,093	0,834
GHM3	0,327	0,387	0,113	0,827
MDM1	0,700	0,010	0,139	0,849
MDM2	0,698	0,042	0,142	0,881
MDM3	0,306	0,048	0,033	0,387
TMM1	0,322	0,063	0,427	0,812
TMM2	0,416	0,063	0,010	0,489
TMM3	0,488	0,197	0,269	0,954
GHF1	0,500	0,249	0,068	0,818
GHF2	0,342	0,052	0,224	0,618
GHF3	0,667	0,066	0,025	0,758
DNF1	0,811	0,025	0,000	0,837
DNF2	0,155	0,082	0,116	0,352
DNF3	0,677	0,006	0,002	0,684
DNF4	0,537	0,039	0,126	0,702
DNF5	0,293	0,044	0,001	0,337
DNF6	0,796	0,018	0,050	0,864
DNF7	0,885	0,004	0,027	0,917
DNF8	0,833	0,035	0,039	0,907
DNF9	0,644	0,000	0,236	0,879
DNF10	0,370	0,027	0,254	0,651
DNF11	0,856	0,002	0,004	0,862
DNF12	0,632	0,139	0,010	0,781
DNF13	0,931	0,017	0,016	0,964

Les valeurs en gras correspondent pour chaque observation au facteur pour lequel le cosinus carré est le plus grand.

Annexes 13: Cosinus carrés des observations (partie reproductrice)

	F1	F2	F3	Somme des cos2
DNM1	0,117	0,369	0,011	0,497
DNM2	0,009	0,169	0,018	0,196
DNM3	0,642	0,257	0,035	0,934
DNM5	0,470	0,256	0,149	0,875
DNM6	0,000	0,078	0,678	0,756
DNM7	0,272	0,107	0,534	0,913
GHM1	0,770	0,186	0,012	0,967
GHM2	0,933	0,040	0,002	0,975
GHM3	0,720	0,181	0,013	0,914
MDM1	0,540	0,223	0,000	0,763
MDM2	0,349	0,345	0,124	0,818
MDM3	0,014	0,067	0,087	0,169
TMM1	0,031	0,261	0,291	0,583
TMM2	0,537	0,053	0,306	0,896
TMM3	0,384	0,234	0,183	0,801
SFM3	0,649	0,008	0,022	0,679
HMM2	0,614	0,179	0,008	0,802
HMM3	0,634	0,054	0,002	0,690
ACHM1	0,829	0,005	0,122	0,956
ACHM2	0,839	0,019	0,019	0,878
ACHM3	0,585	0,019	0,002	0,607
HLWM2	0,942	0,004	0,003	0,950
THRM2	0,465	0,011	0,063	0,540
THRM3	0,791	0,024	0,061	0,876
HORM1	0,765	0,041	0,089	0,895

Les valeurs en gras correspondent pour chaque observation au facteur pour lequel le cosinus carré est le plus grand.

Annexe 14 : Analyse en Composantes Principales et analyse ascendante hiérarchique de la partie végétative des cultivars/dokkars étudiés

Valeurs propres :

	F1	F2	F3
Valeur propre	6,693	2,808	1,479
Variabilité (%)	55,775	23,399	12,326
% cumulé	55,775	79,174	91,500

Corrélations entre les variables et les facteurs :

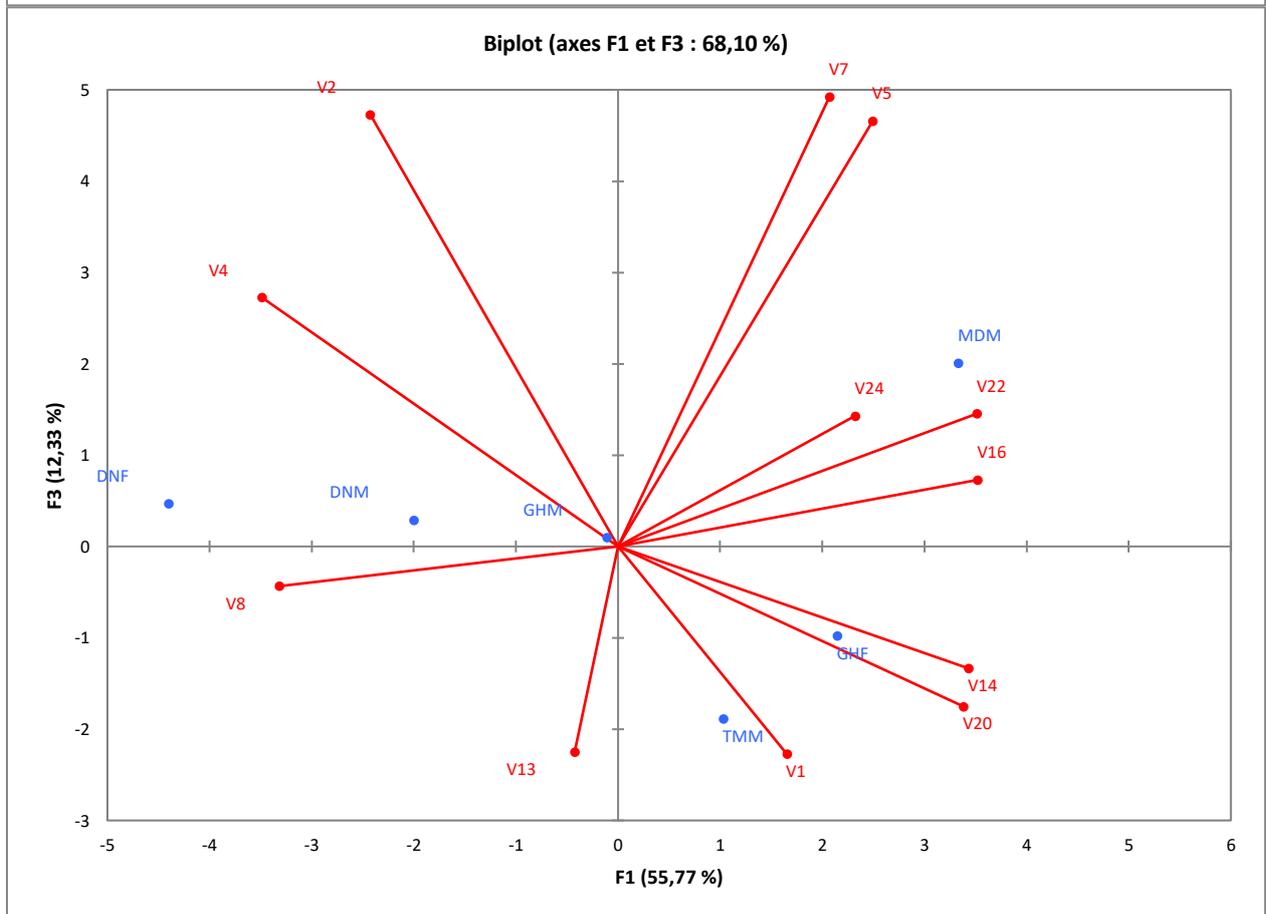
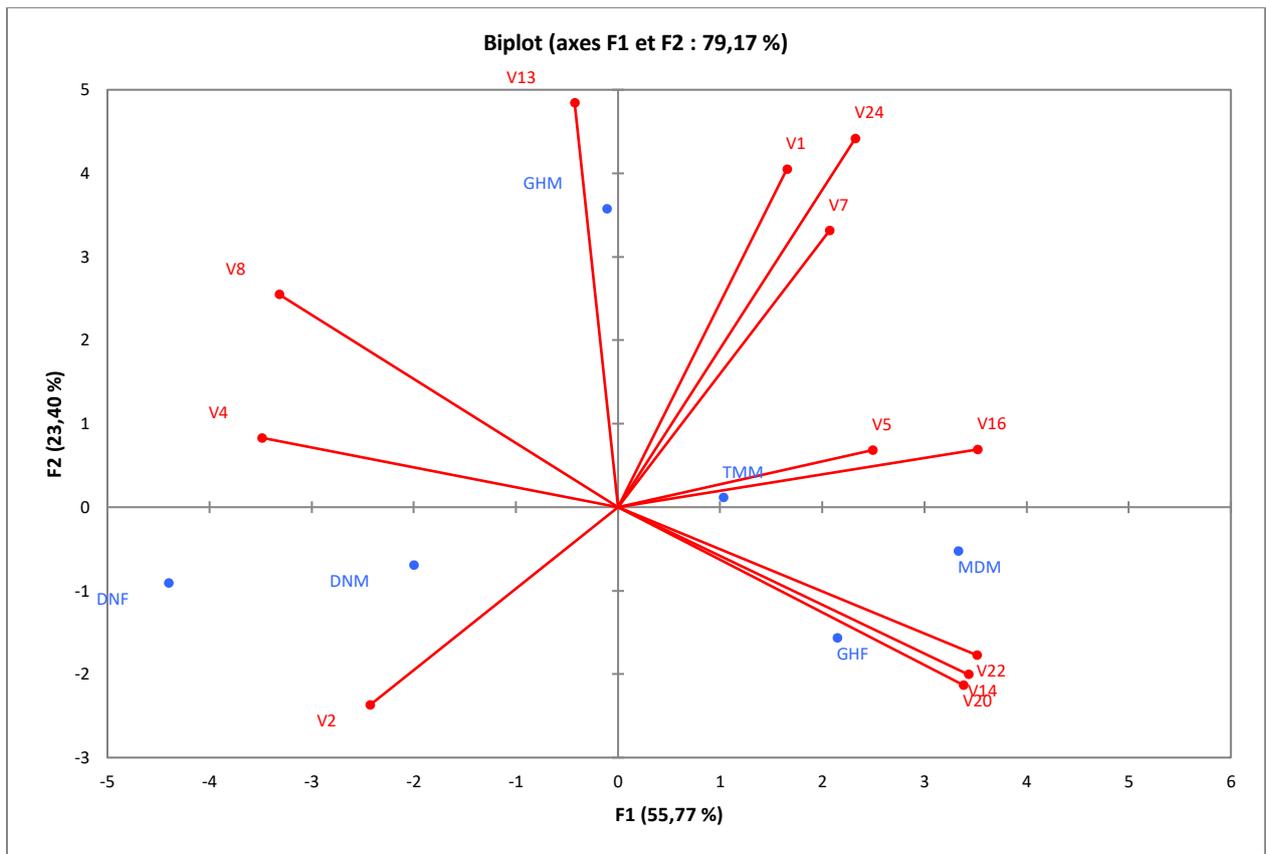
	F1	F2	F3
V1	0,437	0,694	-0,283
V2	-0,641	-0,406	0,588
V4	-0,921	0,142	0,339
V5	0,660	0,117	0,579
V7	0,548	0,567	0,612
V8	-0,876	0,436	-0,054
V13	-0,112	0,829	-0,280
V14	0,907	-0,343	-0,166
V16	0,931	0,118	0,091
V20	0,893	-0,365	-0,218
V22	0,929	-0,304	0,181
V24	0,614	0,756	0,178

Cosinus carrés des observations :

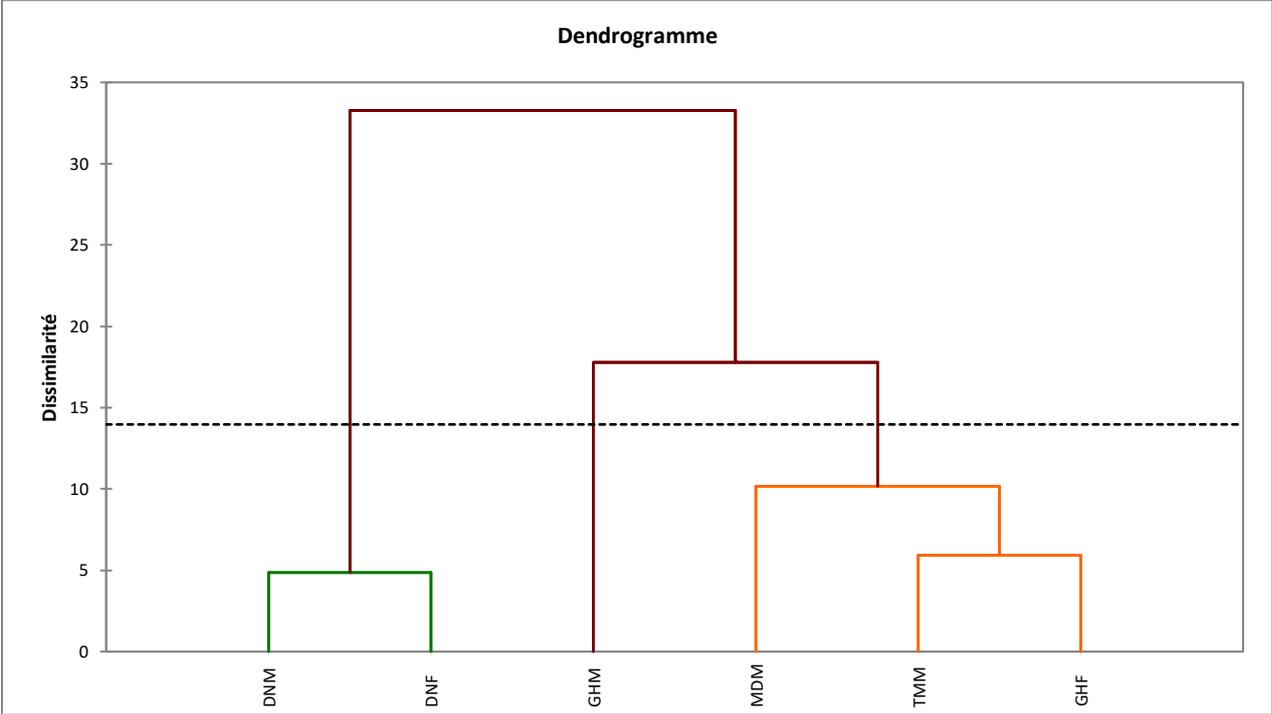
	F1	F2	F3	F4	F5
DNM	0,658	0,078	0,014	0,167	0,083
GHM	0,001	0,974	0,001	0,023	0,001
MDM	0,711	0,018	0,258	0,010	0,004
TMM	0,174	0,002	0,586	0,212	0,025
GHF	0,456	0,243	0,095	0,198	0,007
DNF	0,924	0,039	0,010	0,016	0,010

Les valeurs en gras correspondent pour chaque observation au facteur pour lequel le cosinus carré est le plus grand

Biplots F1-F2 et F1-F3 :



Classification ascendante hiérarchique (CAH) des cultivars/dokkars basée sur les caractères végétatifs :



Annexe 15 : Analyse en Composantes Principales et analyse ascendante hiérarchique de la partie de reproduction des cultivars/dokkars étudiés

Valeurs propres :

	F1	F2	F3
Valeur propre	15,636	2,302	1,165
Variabilité (%)	74,459	10,960	5,546
% cumulé	74,459	85,419	90,965

Corrélations entre les variables et les facteurs :

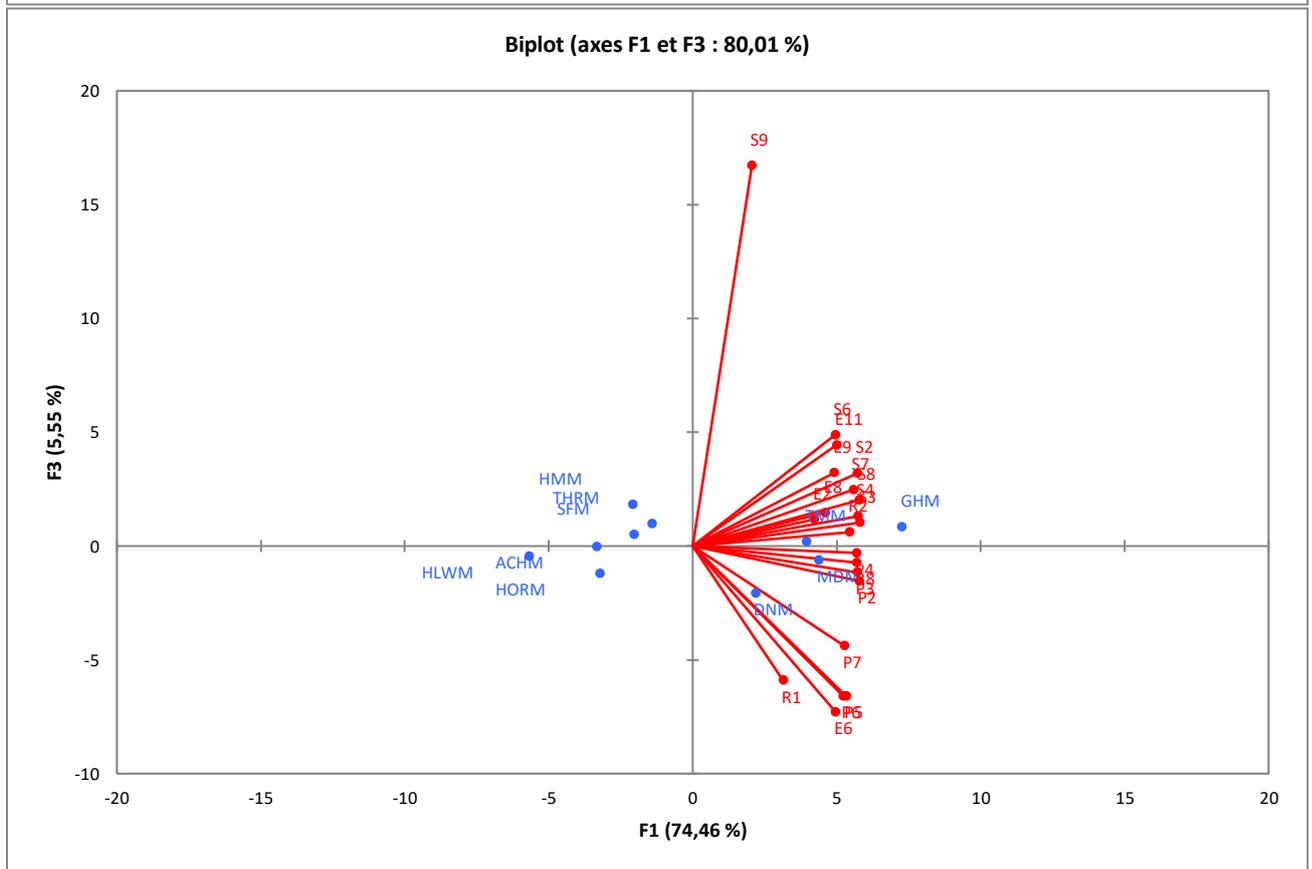
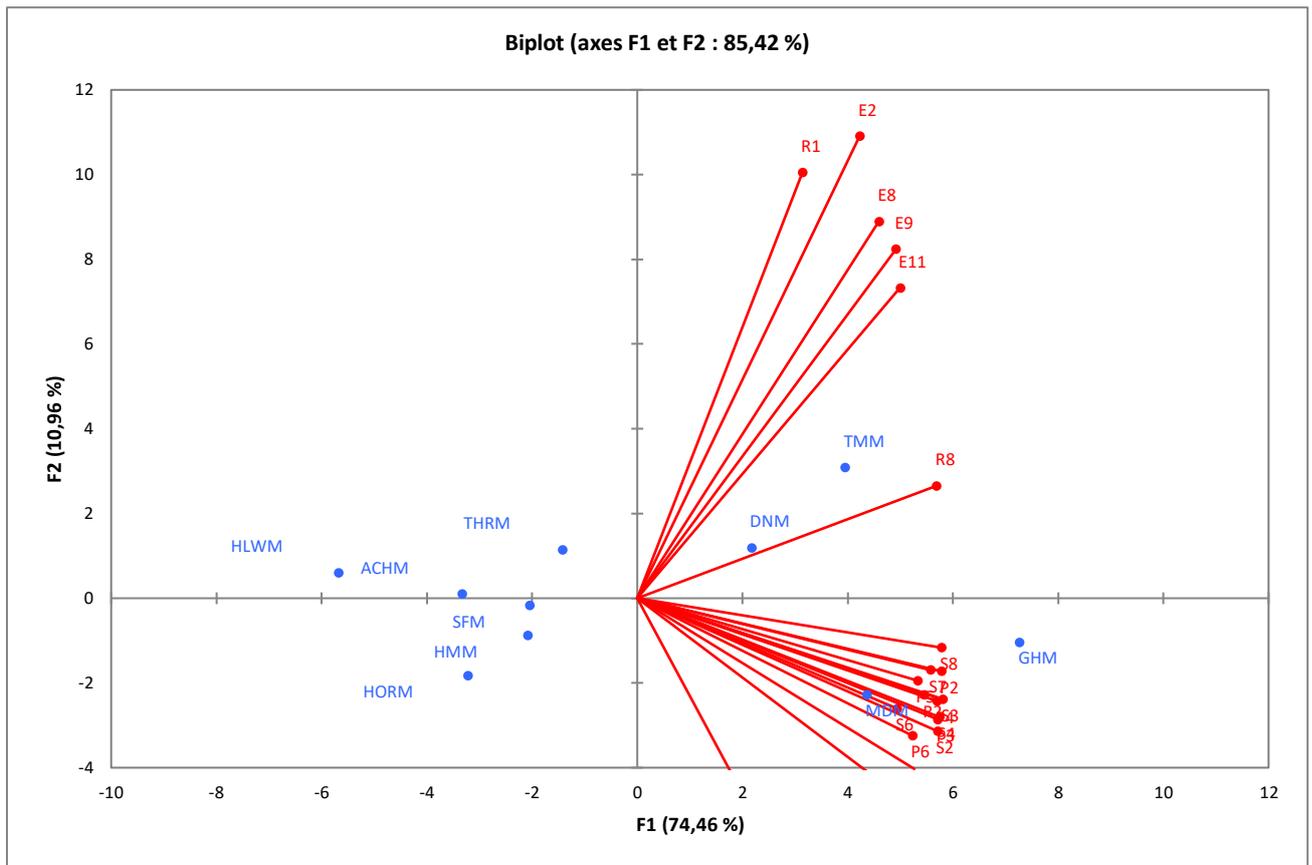
	F1	F2	F3
S2	0,954	-0,201	0,145
S3	0,972	-0,153	0,047
S4	0,960	-0,180	0,060
S6	0,827	-0,167	0,223
S7	0,932	-0,109	0,113
S8	0,967	-0,075	0,092
S9	0,343	-0,304	0,763
R1	0,525	0,645	-0,270
R2	0,912	-0,146	0,028
R8	0,952	0,170	-0,033
P2	0,966	-0,111	-0,070
P3	0,956	-0,184	-0,053
P4	0,952	-0,156	-0,014
P5	0,891	-0,125	-0,301
P6	0,875	-0,208	-0,301
P7	0,881	-0,258	-0,200
E2	0,707	0,700	0,054
E6	0,829	-0,298	-0,332
E8	0,768	0,571	0,067
E9	0,822	0,529	0,147
E11	0,835	0,470	0,203

Cosinus carrés des observations :

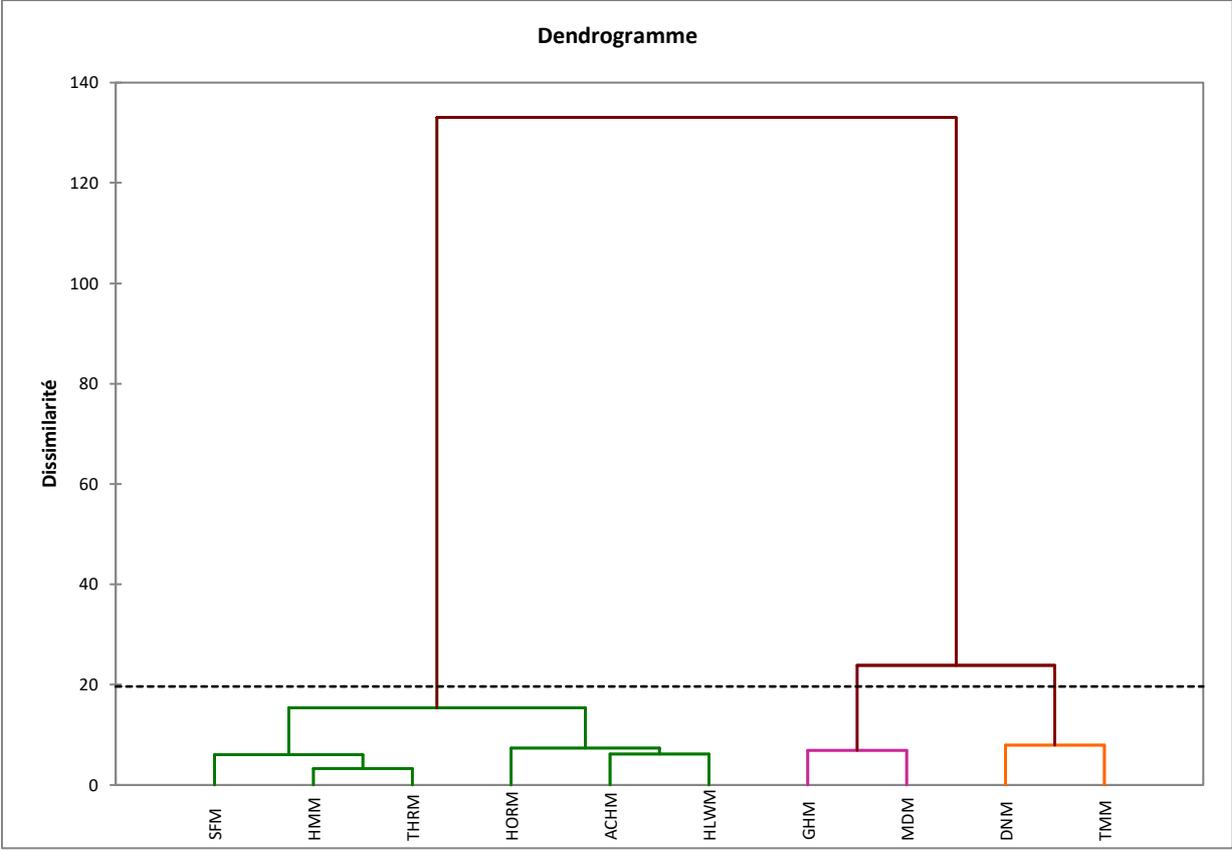
	F1	F2	F3
DNM	0,387	0,118	0,353
GHM	0,956	0,019	0,013
MDM	0,752	0,203	0,015
TMM	0,606	0,371	0,001
SFM	0,418	0,003	0,025
HMM	0,446	0,078	0,345
ACHM	0,724	0,001	0,000
HLWM	0,929	0,011	0,006
THRM	0,368	0,244	0,176
HORM	0,636	0,203	0,089

Les valeurs en gras correspondent pour chaque observation au facteur pour lequel le cosinus carré est le plus grand

Biplots F1-F2 et F1-F3 :



Classification ascendante hiérarchique (CAH) des dokkars basée sur les caractères de reproduction :



Annexe 16: Les caractéristiques phénotypiques des dokkars/cultivars étudiés

Le cultivar Deglet-Nour :

Partie végétative : Ce cultivar est caractérisé par une palme longue et mince (largeurs du rachis et du pétiole sont petites), ce qui lui confère un aspect du port érigé, une partie épineuse bien développée en termes de longueur et du nombre d'épines qu'elle porte. Un nombre réduit des pennes, ces dernières sont étroites, ce qui donne l'aspect aéré de la plante ; un aspect bien perceptible et caractéristique.

Partie reproductive: L'inflorescence a une forme lancéolée.

Le dokkar Deglet-Nour

Partie végétative : Une grande ressemblance est perçue entre le dokkar et le cultivar Deglet-Nour. Une palme longue et mince, une partie épineuse bien développée, des pennes étroites en nombre réduit sur la palme.

Partie reproductive: L'inflorescence a une forme lancéolée. Ayant des largeurs et des hauteurs (à différents niveaux) importantes de la spathe en entier et du pédoncule, ainsi que la largeur de la base du rachis. Le poids du rachis est élevé suite à une longueur importante des épillets et de leurs parties fertiles qui portent un nombre élevé des fleurs.

Le cultivar Ghars

Partie végétative : Ce cultivar est caractérisé par une palme très dense suite à un nombre élevé des pennes qui sont large et une courte partie épineuse avec un faible nombre d'épines. Ces caractéristiques donnent un certain poids à la palme. Celle-ci qui nécessite un large rachis et pétiole pour bien la maintenir, en conférant un aspect retombant à la plante.

Partie reproductive: L'inflorescence a une forme gonflée.

Le dokkar Ghars

Partie végétative : Ce type de dokkar est caractérisé par un stipe vigoureux, insérant des palmes avec des larges bases pétiolaires et des large pennes, ainsi que des longues épines.

Partie reproductive: L'inflorescence a une forme gonflée, ayant des largeurs et des hauteurs (à différents niveaux) importantes de la spathe en entier et du pédoncule, ainsi que la largeur de la base du rachis. Le poids du rachis est élevé suite à une longueur importante des épillets et de leurs parties fertiles qui portent un nombre élevé des fleurs.

Le dokkar Itima

Partie végétative : Ce type de dokkar est caractérisé par une palme moins longue avec un rachis et une base pétiolaire minces.

Partie reproductive : L'inflorescence a une forme gonflée, ayant des largeurs et des hauteurs (à différents niveaux) importantes de la spathe en entier et du pédoncule, ainsi que la largeur de la base du rachis. Le poids du rachis est élevé suite à une longueur importante des épillets et de leurs parties fertiles qui portent un nombre élevé des fleurs.

Le dokkar Mech-degla

Partie végétative : Ce dokkar est caractérisé par une palme très dense suite à un nombre élevé des pennes qui sont large et une courte partie épineuse avec un faible nombre d'épines. Ces caractéristiques donnent un certain poids à la palme. Celle-ci qui nécessite un large rachis et pétiole pour bien la maintenir, en conférant un aspect retombant à la plante.

Partie reproductive: L'inflorescence a une forme gonflée, ayant des largeurs et des hauteurs (à différents niveaux) importantes de la spathe en entier et du pédoncule, ainsi que la largeur de la base du rachis. Le poids du rachis est élevé suite à une longueur importante des épillets et de leurs parties fertiles qui portent un nombre élevé des fleurs.

Les dokkars : Haloua, Hamray, Arehti, Thouri, Horra

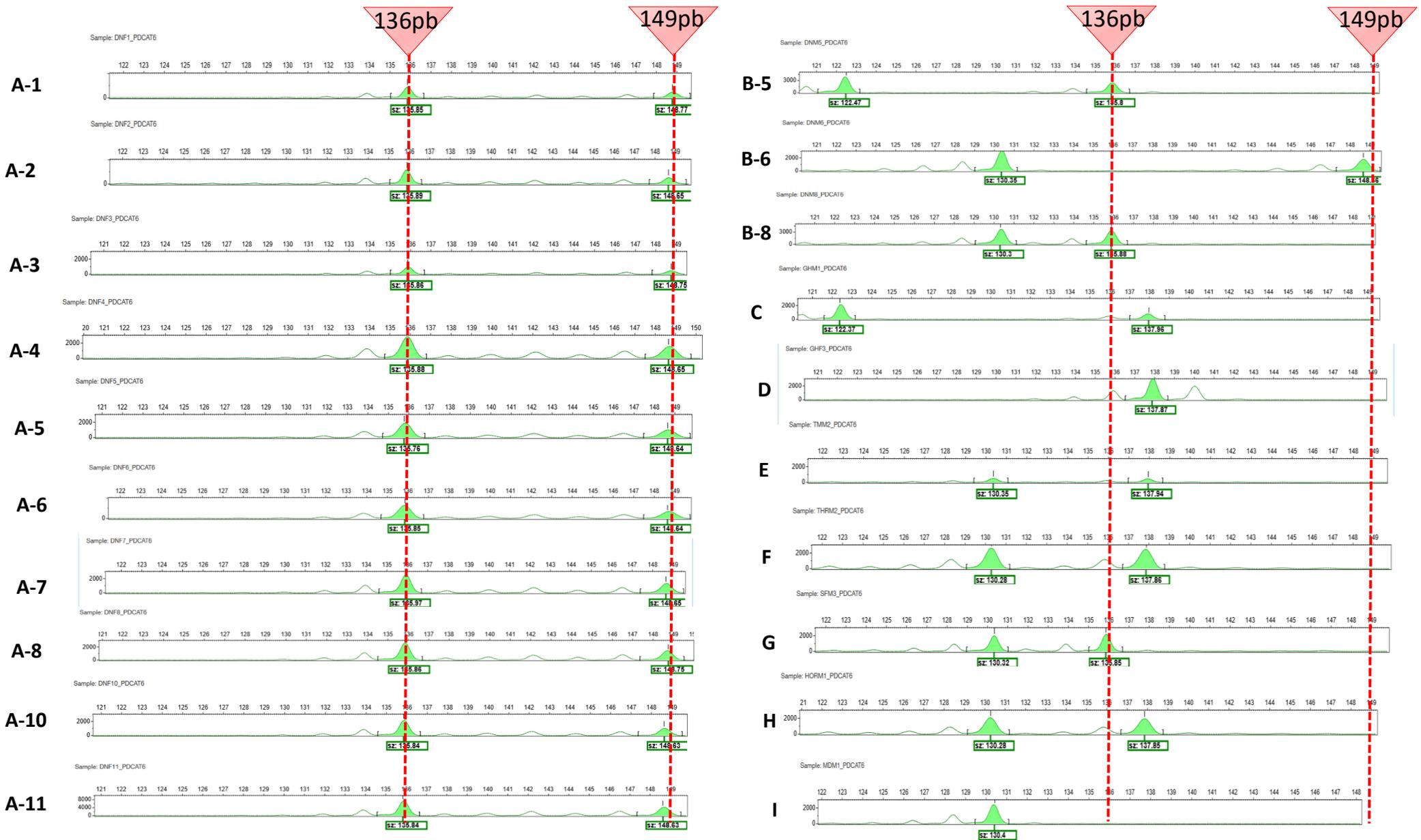
Partie végétative : Ces dokkars se trouvent sous forme de « laâchach », et sont issus de graines et non subis de sélection.

Partie reproductive: Les inflorescences ont un aspect fusiforme, ayant des largeurs et des hauteurs (à différents niveaux) faibles de la spathe et du pédoncule, une base du rachis mince, un poids du rachis faible, ce dernier porte des courts épillets avec des courtes parties fertiles qui portent un faible nombre de fleurs.

Annexe 18: Liste des accessions avec un ou plusieurs allèles privés

Accessions	SSR	Allèle	Fréquence
DNM5	MPdCIR50	198	0,063
DNM5	MPdCIR50	206	0,063
DNM4	DP159	147	0,063
DNM4	DP159	156	0,063
DNM5	DP170	205	0,063
DNM8	DP170	211	0,063
DNM8	DP170	215	0,063
DNM4	PDCAT 2	145	0,063
DNM5	PDCAT18	117	0,063
GHM (1,2,3)	MPdCIR25	235	0,500
MDM2	MPdCIR25	225	0,167
MDM (1,2)	MPdCIR93	173	0,333
MDM2	PDCAT 10	93	0,167
TMM1	PDCAT14	144	0,167
TMM3	PDCAT 12	132	0,167
TMM3	PDCAT 12	141	0,167
TMM (2,3)	PDCAT 17	125	0,333
TMM2	PDCAT 8	223	0,333
ACHM2	PDCAT 1	79	0,333
HLWM2	MPdCIR50	159	0,167
HLWM3	PDCAT 2	165	0,167
HLWM2	PDCAT 2	171	0,167
THRM1	DP159	112	0,167
THRM1	DP159	122	0,167
HORM1	PDCAT 18	101	0,500
GHF (1,2,3)	DP169	227	1,000
GHF (1,2,3)	DP171	242	0,500
GHF (1,2,3)	PDCAT 2	183	0,500

Annexe 19: Profils d'amplifications générés avec l'amorce SSR (PDCAT6) en utilisant l'ADN génomique de certains palmiers dattiers mâles et femelles. Un profil similaire est observé pour les individus femelles 'Deglet-Nour' et des différents profils chez d'autres accessions. **A-1,2,3,4,5,6,7,8,10,11** : DNF1,2,3,4,5,6,7,8,10,11 ; **B-5,6,8** : DNM 5,6,8 ; **C** :GHM1; **D**: GHF3; **E**:TMM2; **F**: THRM2 ; **G**: SFM3 , **H**: HORM1; **I**: MDM1.



Résumé:

L'étude de la diversité génétique du palmier dattier aussi bien mâles que femelles est une étape indispensable pour la mise en place des programmes de sélections et d'amélioration. Pour ce travail, en plus de l'étude de la diversité génétique des dokkars, notre étude vise à identifier les pollinisateurs génétiquement les plus proches des génotypes femelles appartenant aux importants cultivars commerciaux, principalement 'Deglet-Nour' et 'Ghars'. Dix types de dokkars du palmier dattier nommés selon leurs ressemblances extérieures à des cultivars femelles, un pollinisateur inconnu et deux importants cultivars femelles «Deglet-Nour» et «Ghars» de la région des Zibans ont été caractérisés moyennant des descripteurs morphologiques et des microsattellites. Au total 67 descripteurs de l'IPGRI, du protocole MOCAF de l'AMAP-CIRAD et quelques autres descripteurs de traits quantitatifs proposés par nous-même ont été utilisés pour la caractérisation phénotypique, dont 12 descripteurs pour la partie végétative et 21 pour la partie de reproduction ce sont avérés très discriminants. La caractérisation moléculaire, moyennant 25 microsattellites, a montré une grande variabilité génétique. Le nombre moyen d'allèles amplifiés (135) est élevé avec une hétérozygotie moyenne des loci SSRs ($H_o = 0.688$, $H_e = 0.436$). Sur les 25 SSR utilisés, la combinaison de deux paires d'amorces ont efficacement séparé six accessions. Nos résultats suggèrent que le marqueur SSR spécifique (MPDCIR35) qui caractérise à la fois les individus mâles et femelles de "Deglet-Nour", pourrait être utilisé comme marqueur potentiel pour sélectionner, à un stade précoce de la plante, le pollinisateur le plus proche de l'individu femelle de ce cultivar. De plus, MPdCIR25 représente un marqueur potentiel pour identifier les accessions de dokkar "Ghars".

La caractérisation morphologique et moléculaire suggèrent que les accessions «Deglet-Nour» semblent avoir une base génétique homogène par rapport aux autres accessions, cela pourrait être utilisé comme moyen de certification et de contrôle des produits algériens «Deglet-Nour». La majorité des accessions du dokkar Deglet-Nour semblent être les plus proches du cultivar femelle Deglet-Nour, sur le plan morphologique de la partie végétative et moléculaire, par rapport aux autres accessions étudiées (dokkar/cultivar). Tandis que, les individus mâles et femelles «Ghars» n'étaient pas phénotypiquement proches et avaient des profils génétiques différents et ont été classés séparément. Des cas d'homonymies entre quelques accessions étudiées ont été révélés. Le niveau de similarité obtenu par le dendrogramme UPGMA était compris entre 0.176 à 1, révélant des groupements d'accessions selon l'origine. L'incorporation d'un nombre élevé d'accessions, avec d'autres régions géographiques, et d'autres marqueurs SSRs dans les études génétiques élargira la portée des futures études sur les pollinisateurs du palmier dattier.

Mots clés : palmier dattier, diversité génétique, descripteurs morphologiques, microsattellites, UPGMA, STRUCTURE, dokkar.

Abstract :

The study of the genetic diversity of the date palm, both male and female, is an essential step in setting up breeding and improvement programs. For this work, in addition to studying the genetic diversity of dokkars, our study aims to identify the pollinators genetically closest to female genotypes belonging to important commercial cultivars, mainly Deglet-Nour 'and Ghars'. Ten types of date palm dokkars named after their external resemblances to female cultivars, an unknown pollinator and two important female cultivars "Deglet-Nour" and "Ghars" from the Zibans region were characterized using morphological descriptors and microsatellites. A total of 67 descriptors of IPGRI, of the MOCAF protocol of AMAP-CIRAD and some other descriptors of quantitative traits proposed by us were used for the phenotypic characterization, including 12 descriptors for the vegetative part and 21 for the part. of reproduction they have proved to be very discriminating. Molecular characterization, using 25 microsatellites, has shown great genetic variability. The average number of amplified alleles (135) is high with an average heterozygosity of the SSRs loci ($H_o = 0.688$, $H_e = 0.436$). Of the 25 SSRs used, the combination of two primer pairs effectively separated six accessions. Our results suggest that the specific SSR marker (MPDCIR35) which characterizes both male and female individuals of "Deglet-Nour", could be used as a potential marker to select, at an early stage of the plant, the closest pollinator. of the female individual of this cultivar. In addition, MPdCIR25 represents a potential marker to identify accessions of dokkar "Ghars". The morphological and molecular characterization suggest that the "Deglet-Nour" accessions seem to have a homogeneous genetic basis compared to the other accessions., This could be used as a means of certification and control of Algerian "Deglet-Nour" products. The majority of accessions of the dokkar Deglet-Nour seem to be the closest to the female cultivar Deglet-Nour, in terms of the vegetative and molecular part, compared to the other accessions studied (dokkar / cultivar). Whereas, the male and female "Ghars" were not phenotypically similar and had different genetic profiles and were classified separately. Cases of disambiguation between some of the accessions studied have been revealed. The level of similarity obtained by the UPGMA dendrogram ranged from 0.176 to 1, revealing groupings of accessions according to origin. Incorporating a high number of accessions, along with other geographic regions, and other SSR markers into genetic studies will broaden the scope of future date palm pollinator studies.

Keywords: date palm, genetic diversity, morphological descriptors, microsatellites, UPGMA, STRUCTURE, dokkar.

تعتبر دراسة التنوع الوراثي لنخيل التمر ، ذكورا وإناثا ، خطوة أساسية في وضع برامج الاختيار والتحسين. من أجل هذا العمل ، بالإضافة إلى دراسة التنوع الجيني للذكار ، تهدف دراستنا إلى تحديد الملقحات الأقرب وراثيًا للأنماط الجينية الأنثوية التي تنتمي إلى أصناف تجارية مهمة ، خاصة دقلة نور وغرس. عشرة أنواع من ذكارات النخيل سميت بعد تشابهها الخارجي مع الأصناف الأنثوية، نكار غير معروف ، وصنفان أنثويان مهمان "دقلة نور" و "غرس" من منطقة الزيبان ، تم تمييزهما باستخدام الواصفات المورفولوجية والميكروسات. تم استخدام 67 واصفًا لـ IPGRI ، وبروتوكول MOCAF الخاص بـ AMAP-CIRAD وبعض الواصفات الأخرى للسمات الكمية التي اقترحناها لتوصيف النمط الظاهري ، بما في ذلك 12 واصفًا للجزء النباتي و 21 للجزء التكاثري أظهروا قدرة عالية على التمييز. أظهر التوصيف الجزيئي ، باستخدام 25 ميكروساتا ، تنوعًا جينيًا كبيرًا. متوسط عدد الأليلات المتضخمة (135) مرتفع بمتوسط تغاير الزيغوت ($H_o = 0.688$ ، $H_e = 0.436$). من بين 25 SSRs المستخدمة ، فصل الجمع بين اثنين منهم على ستة أنواع بشكل فعال. تشير نتائجنا إلى أن علامة SSR المحددة (MPDCIR35) التي تميز كل من الذكور والإناث من أفراد "دقلة نور" ، يمكن استخدامها كعلامة محتملة لاختيار أقرب ملقح للإناث، في مرحلة مبكرة من النبات. بالإضافة إلى ذلك ، يمثل MPdCIR25 علامة محتملة لتحديد نكار "الغرس". يشير التوصيف المورفولوجي والجزيئي إلى أن أفراد "دقلة نور" يبدو أن لها أساسًا وراثيًا متجانسًا مقارنة بالأنواع الأخرى. ويمكن استخدام هذا كوسيلة لإصدار الشهادات والتحكم في منتجات "دقلة نور" الجزائرية. يبدو أن غالبية ذكار دقلة نور هي الأقرب إلى الصنف الأنثوي دقلة نور ، من حيث الجزء الخضري والجزيئي ، مقارنة بالأفراد الأخرى التي تمت دراستها. في حين أن ذكور وإناث "الغرس" لم يكونوا متشابهين ظاهريًا ولديهم ملامح وراثية مختلفة وتم تصنيفهم بشكل منفصل. تم الكشف عن حالات المشتركة اللفظية بين بعض الأنواع المدروسة. تراوح مستوى التشابه الذي حصل عليه UPGMA dendrogram من 0.176 إلى 1 ، مما يكشف عن تجمعات الأفراد وفقًا للمنشأ. إن دمج عدد كبير من الأفراد، جنبًا إلى جنب مع المناطق الجغرافية الأخرى ، وعلامات SSR الأخرى في الدراسات الجينية سوف يوسع نطاق دراسات ملقحات نخيل التمر المستقبلية.

الكلمات المفتاحية: نخيل التمر ، التنوع الوراثي ، الواصفات المورفولوجية ، الميكروسات ، UPGMA،STRUCTURE ، الذكار.