



Université Constantine 1- Frères Mentouri
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie
Département de Biochimie et de
Biologie Cellulaire et Moléculaire



N° de série:71/D3C/2024

N° d'ordre: 04/BioCH/2024

**ÉTUDE DES DÉTERMINANTS GÉNÉTIQUES ET MOLÉCULAIRES
DES CARACTÈRES INFLUENCÉS PAR LE CHANGEMENT
CLIMATIQUE CHEZ L'ABRICOTIER (*Prunus armeniaca*) CULTIVÉ
DANS L'EST ALGÉRIEN**

THÈSE

Présentée pour l'Obtention du Diplôme de

Doctorat Troisième cycle en Biochimie

Par

Kaouther BOUTITI

Devant le jury composé de :

Youcef NECIB	Président	Professeur	Université	Constantine 1	Frères Mentouri
Douadi KHELIFI	Directeur	Professeur	Ecole Nationale Supérieure de Biotechnologie		
Inès BELLIL	Co-Directrice	Professeur	Université	Constantine 1	Frères Mentouri
M ^{ed} Abdelhafid HAMIDECHI	Examineur	Professeur	Université	Abbes Laghrour	Khenchla
Sihem TELLAH	Examinatrice	Professeur	Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie,		Alger
Sakina BECHKRI	Examinatrice	MCA	Université	Constantine 1	Frères Mentouri

Soutenue publiquement

Le : 20/11/ 2024

REMERCIEMENTS

D'abord, je voudrais remercier Allah pour m'avoir donné la force, le courage et la patience nécessaires pour mener à bien ce travail et le compléter, ainsi que pour avoir mis sur ma route de nombreuses personnes qui m'ont aidé à commencer et à terminer ce travail. Je commence par le professeur KHELIFI Douadi, qui m'a fourni l'équipement nécessaire et un lieu de travail.

Ensuite, je voudrais remercier le professeur BELLIL Inès pour sa présence, son soutien moral, ses bons conseils au cours de ces années et sa disponibilité malgré ses nombreuses occupations.

Je voudrais également remercier le président du jury, NECIB Youcef professeur à l'université Frères Mentouri Constantine 1 d'avoir accepté de présider cette thèse, ainsi que les membres du jury HAMIDECHI Mohamed Abdelhafid professeur à l'université Abbes Laghrour Khenchla, aussi TELLAH Sihem professeur à l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique et BECHKRI Sakina maitre de conférences (A) à l'université Frères Mentouri Constantine 1.

Je tiens également à remercier les membres des équipes du laboratoire de Biochimie, Génétique et Biotechnologie végétale : le Dr. Mouhamed BOUZIANI, Mr. Nadir BELBEKRI, le Dr. BAZZIZ Karim, Mme BOULDJAJE Rima et Mme DJERRAR Radia pour leur aide dans la réalisation de certaines parties de ma thèse.

Je remercie également le chef d'équipe, Pr. CIRILLI Marco, et son équipe du laboratoire Italien avec lesquels j'ai réalisé la partie moléculaire. Je remercie aussi Dr. Liliana MARUM et son équipe du laboratoire portugais CEBAL avec qui j'ai réalisé la partie de l'expression des gènes.

DEDICACE

Je dédie ce travail à mon père qui sans lui ce travail n'aurait jamais commencé, il m'a offert son temps de repos pour collecter les échantillons dans différentes régions du pays.

A ma mère, mes frères pour leur soutien et à ma belle-sœur qui m'a ménagé du temps pour me concentrer sur la rédaction.

A tous les agriculteurs qui m'ont permis de ravager leur champ durant mes prélèvements nombreux au cours de ces années et spécialement ceux de la wilaya de M'sila et Biskra.

Enfin, un dernier remerciement pour ceux qui m'ont aidé de près ou de loin

Kaouther

TABLE DES MATIERES

LISTE DES FIGURES.....	vii
LISTE DES TABLEAUX	ix
LISTE DES ABREVIATIONS.....	x
PRODUCTIONS SCIENTIFIQUES.....	xi
RESUME	xiii
SUMMARY	xiv
ملخص	xv
INTRODUCTION GENERALE.....	1

PARTIE I : RECHERCHE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE 1 : *Prunus armeniaca*

1 Généralités	4
2 Historique.....	4
3 Description morphologique de <i>Prunus armeniaca</i>	6
4 Classification de <i>Prunus armeniaca</i>	7
5 Conditions de culture de <i>Prunus armeniaca</i>	8
6 Stade phénologique de <i>Prunus armeniaca</i>	8
7 Mesures des exigences en froid et en chaleur.....	12
7.1 Méthodes expérimentales	12
7.1.1 Méthode des conditions contrôlées	12
7.1.2 Méthodes d'analyse statistique.....	13
8 Modèle de calcul des besoins en froid et en chaleur.....	14
8.1 Modèle d'estimation des besoins en froid	15
8.1.1 Heure de froid.....	15
8.1.2 Modèle Utah.....	15
8.1.3 Modèle dynamique.....	16
8.1.4 Modèle positif	17
8.1.5 Modèle Utah modifié	18
8.1.6 Modèle North Carolina.....	18
8.2 Modèle d'estimation des besoins en chaleur	19
8.2.1 Growing Degree Hours (GDH).....	20
8.2.2 Growing Degree Hours ASYMCUR	20

9	Maladies de <i>Prunus armeniaca</i> : ravageur, bactérie, champignons et virus	21
10	Importance nutritionnelle de <i>Prunus armeniaca</i>	22
11	Importance économique de <i>Prunus armeniaca</i>	24
11.1	Production Mondiale	24
11.2	Production en Algérie.....	26
11.3	Développement de la culture de l'abricotier en Algérie	27

CHAPITRE 2: STRESS ABIOTIQUE

1.	Généralités	29
2.	Réchauffement climatique dans le monde.....	29
3.	Réchauffement climatique futur dans le monde et en Algérie.....	34
4.	Effet du réchauffement climatique sur l'abricotier	35
5.	Stratégie de lutte contre le changement climatique	37

CHAPITRE 3: TECHNIQUES D'ANALYSE GENOMIQUE

1	Généralités	39
2	Programme de sélection variétale	39
2.1	Plantes conventionnelles	40
2.2	Plantes non conventionnelles.....	40
3	Marqueurs Moléculaires	40
3.1	Morphologiques.....	40
3.2	Biochimiques	41
3.3	Cytologiques.....	41
3.4	Moléculaires (ADN).....	41
3.4.1	Marqueurs basés sur l'hybridation (RFLP)	42
3.4.2	Marqueurs basés sur la réaction en chaîne de la polymérase (PCR).....	42
3.4.3	Marqueurs basés sur la séquence	45
4	Usage des marqueurs moléculaires chez les plantes.....	46
4.1	Évaluation de la diversité génétique.....	46
4.2	Cartographie QTL.....	47
4.3	Cartographie d'association (AM).....	48
4.3.1	Cartographie d'association basée sur les gènes candidats	48
4.3.2	Étude d'association à l'échelle du génome	49
4.4	Sélection assistée par marqueur (MAS)	49

PARTIE II : MATERIEL ET METHODES

1	Matériel Végétal.....	51
2	Étude de la diversité génétique	52

2.1	Étude Morphologique	52
2.2	Étude biochimique.....	57
2.2.1	Taux de matière sèche du fruit (%)	58
2.2.2	Détermination du pH.....	58
2.2.3	Dosage des protéines totales et Electrophorèse SDS-PAGE	58
2.2.4	Détermination du solide soluble total (SST).....	59
2.2.5	Détermination de l'acidité du fruit	59
2.3	Étude des caractères liés à la floraison	59
2.3.1	Besoin en froid	61
2.3.2	Besoin en chaleur et date de floraison.....	62
2.4	Étude moléculaire	63
2.4.1	Extraction d'ADN	63
2.4.2	Amplification par PCR.....	64
2.4.3	Vérification de la qualité et de la quantité des ADN extraits.....	65
2.4.4	Discrimination allélique sur gel polyacrylamide	65
3	Étude du génotype.....	66
3.1	Étude de l'expression des gènes candidats liés aux caractères d'intérêt.....	66
3.1	Choix et synthèse des amorces	67
3.2	Extraction des ARN _{totaux}	68
3.3	Transcription inverse	69
3.4	Étude de l'association.....	69
2.	Analyses statistiques des résultats	70

PARTIE III : RESULTATS

1	Diversité génétique	72
1.1	Diversité morphologique	72
1.1.1	Caractères morphologiques	72
1.1.2	Analyse de la corrélation de Pearson	78
1.1.3	Analyse en Composante Principale (ACP)	86
1.1.4	Classification hiérarchique	88
1.2	Diversité biochimique	89
1.3	Étude Phénotypique liée à la date de floraison.....	95
1.3.1	Besoins en froid.....	95
1.4	Besoins en chaleur	96
1.5	Dates de floraison	97
1.6	Diversité moléculaire.....	100

1.6.1	Diversité allélique des accessions	100
1.6.2	Analyse Bayésienne de regroupement	103
2	Étude du génotype.....	105
2.1	Étude de l'association phénotype-Génotype	105
2.2	Étude de l'expression des gènes d'intérêts	107

PARTIE IV : DISCUSSIONS

1	Diversité génétique	111
1.1	Diversité morphologique	111
1.2	Diversité biochimique	115
1.2.1	Poids du fruit et de la graine.....	116
1.2.2	Solide soluble total du fruit	116
1.2.3	Acidité du fruit	117
1.2.4	pH du fruit	117
1.2.5	Protéines totales de la graine	118
1.2.6	Taux de matière sèche des abricots	118
1.2.7	Electrophorèse SDS-PAGE.....	119
1.3	Étude de caractères liés à la floraison.....	121
1.3.1	Besoins en froid.....	121
1.3.2	Besoins en chaleur.....	123
1.3.3	Dates de floraison.....	124
1.4	Diversité moléculaire.....	125
1.4.1	Diversité allélique des accessions	125
1.4.2	Classification hiérarchique	127
1.4.3	Analyse Bayésienne de regroupement	128
2	Étude génotypique	130
2.1	Étude de l'association phénotype - génotype	130
2.2	Étude de l'expression des gènes d'intérêts	132
	CONCLUSION	134
	REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	136
	ANNEXES.....	162

LISTE DES FIGURES

Figure 1.1: Carte du monde de l'histoire de distribution de <i>Prunus armeniaca</i>	6
Figure 1.2: Morphologie de l'abricotier : Feuilles, fleurs et fruits	7
Figure 1.3: Stades repères de l'abricotier.....	10
Figure 1.4: Différentes maladies d'abricotier.....	22
Figure 1.5: Production mondiale moyenne des différents pays producteurs d'abricot (1994-2021).....	25
Figure 1.6: Capacité de production d'abricot des différents continents.....	26
Figure 1.7: Taux de production d'abricot en Algérie.....	27
Figure 1.8: Taux d'augmentation des températures moyennes au cours d'une année météorologique.....	30
Figure 1.9: Pourcentage de GES émis par chaque secteur en Algérie	31
Figure 1.10: Taux de variation de la température au cours d'une année météorologique depuis 1961-2021.....	32
Figure 1.11: Baisse de rendement et de superficie de production d'abricot dans le monde et en Algérie.....	33
Figure 1.12: Etape d'identification et validation de QTL.	47
Figure 1.13: Etape de sélection de marqueurs liée à des traits d'intérêt.	50
Figure 2.1 : Sites de prélèvement des 57 accessions d'abricotier.	51
Figure 2.2 : Schéma représentatif de l'abricotier (feuilles, tiges, fleurs).....	53
Figure 2.3 : Température moyenne pour les saisons d'hivers 2020/2021 et 2021-2022 des régions d'étude.....	60
Figure 2.4 : Début de la dormance déterminé (chute des feuilles).....	60
Figure 2.5 : Position des variétés étudiées dans les différentes régions climatiques de l'Algérie.	61
Figure 2.6 : Stades B et C de Baggiolini.....	62
Figure 2.7: Forçages des branches dans la chambre de culture après prélèvement sur le champ.	62
Figure 2.8 : Phénomène de pleine floraison.....	63
Figure 2.9 : Localisation de chaque amorce sur le chromosome.	64
Figure 2.10 : Cycle de polymérisation des fragments d'ADN par PCR.	66
Figure 3.1 : Fruits de différents cultivars.	78
Figure 3.2 : Facteurs des deux composants principaux (PC) pour 57 accessions d'abricotiers (PC).	87
Figure 3.3 : Dendrogramme de 57 accessions d'abricot basé sur les données morphologiques et pomologiques.	89
Figure 3.4 : Classification hiérarchique des 57 accession de l'abricotier basée sur les paramètres biochimiques.....	91
Figure 3.5 Profil électrophorétique de l'extrait protéique de 16 variétés d'abricots.....	93
Figure 3.6 : Dendrogramme des 57 accessions d'abricotier basée sur le calcul de la distance euclidienne et la méthode Ward en fonction des profils électrophorétiques obtenus par électrophorèse SDS-PAGE.	94
Figure 3.7: Besoins en froid estimés pour 18 cultivars d'abricotiers utilisant l'heure de froid (CH), l'unité de froid (CU) et la portion de froid (CP).....	96
Figure 3.8 : Degrés-heures de croissance (GDH) pour les besoins en chaleur.	97

Figure 3.9 : Dendrogramme avec la méthode de Ward basé sur la caractérisation SSR des cultivars d'abricotiers testés.....	102
Figure 3.10 : Valeurs Delta K pour chaque valeur K testée.....	104
Figure 3.11 : Structure de la population estimée des variétés d'abricotiers (A) K=4, (B) K=3 et (C) K=5.	104
Figure 3.12 : Passage théorique des variétés Louzi et Monte sur les différentes phases de dormance.	108
Figure 3.13 : (A) Amplification de l'ADNc de la variété Louzi avec les amorces des gènes candidats, (B) : amplification de l'ADNc de la variété Monte avec les amorces des gènes candidats.....	109
Figure 3.14 : Amplification de l'ADNc avec le gène de référence <i>TUBULINE</i> et <i>ACTINE</i> . Lo : Louzi, L1 : Monte 1, L2 : Monte 2 et (-) : Contrôle négatif.	110

Annexe 3

Figure 4.1 : Gamme d'étalonnage d'une solution mère de BSA à 2 mg/ml.....	163
Figure 4.2 : Profils électrophorétiques des 57 accessions.	169
Figure 4.3 : Qualité qualitative des accessions sur gel d'agarose avec 10 marqueurs.	170
Figure 4.4 : Profil des 45 accessions sur gel de polyacrylamide avec 10 marqueurs.	171
Figure 4.5 : Qualité qualitative des accessions sur gel d'agarose de l'ADN.	172
Figure 4.6 : Qualité qualitative des accessions sur gel d'agarose de l'ARN.....	172

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 1.1: Estimation des heures de froid et chaleur des différentes espèces avec différentes méthodes et dans différentes régions.	12
Tableau 1.2: Évaluations comparatives des modèles de froid des cultures horticoles.....	18
Tableau 1.3: Valeur nutritionnelle du fruit et l'amande d'abricot.....	23
Tableau 2.1 : Caractéristiques géographiques et bioclimatiques des sites de prospection (V : Verger)..	52
Tableau 2.2: Caractères morphologiques utilisés dans l'étude des cultivars d'abricotier.....	53
Tableau 2.3 : Les amorces SSR utilisées pour l'étude de la diversité allélique des 57 accessions.	66
Tableau 2.4: Amorces synthétisées à partir de gène candidats	67
Tableau 3.1 : Statistiques descriptives de 56 caractères morphologiques pour 57 cultivars Algériens.	73
Tableau 3.2 : Stade phénologique des 57 accessions.	74
Tableau 3.3 : 57 accessions algériennes avec les caractères les plus étudiés.	76
Tableau 3.4: Corrélations de Pearson des 56 caractéristiques étudiées.....	80
Tableau 3.5 : Pourcentage de variance, cumulatif et pourcentage de variance des neuf composantes (PCs).	87
Tableau 3.6 : Corrélations des variables des neuf composantes avec les caractères testés.....	87
Tableau 3.7: Données sur la qualité biochimique de 57 accessions d'abricotier.	92
Tableau 3.8 : Corrélations des caractères biochimiques.....	94
Tableau 3.9: Valeur des besoins en froid par trois modèles : le nombre d'heures de froid en dessous de 7 degrés, le modèle dynamique et le modèle de l'Utah. Estimation des besoins en chaleur par le modèle GDH, ainsi que la date de sortie de dormance et la date de 50 % de floraison.	98
Tableau 3.10: Corrélations de Pearson entre les besoins en froid, besoins en chaleur, la date de floraison (FD 50%), la date de levée de dormance (BD).	100
Tableau 3.11 : Nombre d'allèles (Na), nombre d'allèles effectifs (Ne), indice d'information (I), hétérozygotie observée (Ho), hétérozygotie attendue (He), indice de fixation (F), le contenu des informations polymorphes (PIC) et Shanon index (ShanonI) des 10 SSR avec 45 accessions.	101
Tableau 3.12 : Analyse de l'association GLM et MLM des marqueurs SSR avec les traits phénotypiques analysés.	105

Annexe 1

Tableau 4.1: Gamme d'étalonnage	164
--	-----

Annexe 2

Tableau 4.2: Résultat au Nanodrop des échantillons d'ARN avant et après précipitation. ..	165
Tableau 4.3: Résultat au Nanodrop des échantillons d'ADN.	166
Tableau 4.4 : Abréviations des variétés et des sites de prélèvement	167

LISTE DES ABREVIATIONS

ACP : Analyse en composantes principales.
ADNc : ADN complémentaire.
AFC : Analyse factorielle des correspondances.
AFLP : Amplified fragment length polymorphism.
AgNO₃ : Nitrate d'argent.
AM : Association mapping.
BBCH : Bundessortenamt et Chemische Industrie.
CAPS : Cleaved Amplified Polymorphie Sequence.
CH : Chill Hours.
CP : Chill Portion.
CU : Chill Unit.
DAM : *Dormance-associated MADS-box*.
DL : Déséquilibre de liaison.
EVG : *Evergrowing*.
F50% : 50 % des fleurs sont ouvertes sur l'arbre.
FAOSTAT : Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database.
FMs: Functional Markers.
GBS : Genotyping by Sequencing.
GDH : Growing Hours Degree.
GES : Gaz à effet de serre.
GIEC : Groupe intergouvernemental de l'évolution du climat.
GS : Genome-wide selection.
GWAS : Genome-wide association.
ISSR : Inter-séquence simple répétée.
MAGIC : Multi-parent advanced generation inter-cross.
NGS : Next-generation sequencing.
PAGE : Polyacrylamide gel electrophoresis.
PCU : Positive chill unit.
PLS : Partial Least Squares regression.
PNDAR : Plan national de développement agricole et rural.
QTL : Quantitative Trait Loci.

RAMP : Randomly amplified microsatellite polymorphisms.
RAPD : Randomly amplified polymorphic DNA.
RFLP : Restriction Fragment Length Polymorphism.
SAM : Sélection assistée par marqueur.
SDS : Sodium dodecyl sulfate.
SNP : Single-nucleotide polymorphism.
SRAP : Sequence-related amplified polymorphism.
SSR : Simple Sequence Repeats.
TBE : Tris-Borate-EDTA.

PRODUCTIONS SCIENTIFIQUES

PUBLICATIONS INTERNATIONALES

1. Boutiti K, Ali A, Bellil I, Khelifi D (2024) Morpho-biochemical evaluation and biodiversity assessment of multi-origin apricot cultivars using SDS-polyacrylamide gel electrophoresis, *Physiology and Molecular Biology of Plants*, **Soumis**.
2. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D (2024) Study of chill and heat requirements of apricot's (*Prunus armeniaca*) resilient varieties in response to climate change, *international journal of horticultural science and technology*: Vol. 13: Iss 1, pp 23-34.
3. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D (2022) Characterization of Algerian apricots (*Prunus armeniaca*) using morphological and pomological markers, *Karbala International Journal of Modern Science*: Vol. 8: Iss. 4, Article 6. <https://doi.org/10.33640/2405-609X.3263>

COMMUNICATIONS INTERNATIONALES

1. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2024. Identification of perspective climate-resilient cultivars of Algerian fruiting trees through evaluation of traits influenced by climate change in *Prunus armeniaca*. First conference on plant Biotechnology and Breeding (FCPBB24), May 6 and 7th, Constantine, Algeria.
2. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2023. Characterization of Algerian cultivars (*Prunus Armeniaca*) using morphological and pomological markers. 1st International Webinar Biodiversity Roles in Plants Protection in Arid Regions (BRPP.AR -2023/ Online), 18-19 October, Biskra, Algeria.
3. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2023. Characterization of Algerian cultivars (*Prunus Armeniaca*) using morphological and pomological markers. 1st International Conference on Natural Bio-Resources (IC NBR -2023/ Online), 24-26 September, Tebessa, Algeria.
4. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2021. Environmental factors effect on flower biodiversity of wild apricot (*Prunus armeniaca*) found in arid and semi-arid areas. 1st International Conference on environmental biotechnology and biodiversity (ICEBB/ Online), 14-16 December, Kouba, Algeria.
5. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2021. Effect of environmental factors on wild apricot flowers found in arid and semi-arid areas. 1st international Webinar on biological and chemical engineering (2021/ Online), 10-11 November, Blida, Algeria.

COMMUNICATIONS NATIONALES

1. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2022. Biodiversity of wild apricot (*Prunus armeniaca*) found in arid and semi-arid areas. Séminaire national sur la valorisation des ressources naturelles et de l'environnement (VRNE, en ligne), 30 Mars, Sétif, Algérie.
2. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2021. Biodiversité des fleurs d'abricot sauvages trouvé dans différents régions Algériennes. Séminaire national sur la biodiversité végétale et animale environnement et santé (en ligne), 20 Mai, Mila, Algérie.
3. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2021. Effect of environmental factors on wild apricot flowers found in arid and semi-arid areas. Séminaire national en biologie végétale et environnement 1st workshop national sur l'écologie et l'environnement saharien : potentialité et perspectives/ (SNBVE, en ligne), 08-09 Décembre, Ouargla, Algérie.

4. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2021. Effet des facteurs environnementaux sur la biodiversité florale de l'abricot sauvage (*Prunus armeniaca*) trouver dans des zones aride et semi-aride. Premier séminaire national en biologie végétale et environnement (SNBVE)/ en ligne), 24-25 Novembre Souk-Ahras, Algérie.
5. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2021. Effet des facteurs environnementaux sur la biodiversité florale de l'abricot sauvage (*Prunus armeniaca*) trouver dans des zones aride et semi-aride. 1ère Web conférence nationale sur la gestion des écosystèmes naturels face aux changements globaux (en ligne), 11 Novembre, Tlemcen, Algérie.
6. Boutiti K, Bellil I, Khelifi D. 2021. Effect of environmental factors on the biodiversity of wild apricot found in arid and semi-arid areas. Séminaire National sur les Applications Biotechnologiques en Agriculture (en ligne), 10 Novembre 2021, Mila, Algérie.

RESUME

Le changement climatique peut perturber les cycles des arbres fruitiers, affectant la floraison et la production de fruits. Les températures élevées pendant la dormance peuvent influencer les besoins de refroidissement, en particulier pour les abricotiers. Ce processus, finement régulé par de nombreux facteurs génétiques et environnementaux, est encore peu connu. La qualité des fruits est une préoccupation importante pour les consommateurs, les producteurs et les distributeurs. Le développement des espèces cultivées de *Prunus*, comme les abricotiers, est influencé par ces facteurs. La perturbation des populations d'abricotiers peut entraîner une perte dans la diversité génétique, car seules les populations qui peuvent résister au climat peuvent y survivre. Le principal objectif de ce travail de thèse est l'évaluation de la diversité génétique et l'analyse de l'association et l'expression génétique des caractères liés à la floraison, les besoins en froid, les besoins en chaleur et les date de floraison. L'étude du phénotype de floraison implique l'évaluation des besoins en froid et en chaleur à l'aide de modèles mathématiques tels que le modèle dynamique, le modèle de Weinberger, le modèle d'Utah et les degrés-heures de croissance. Le génotype consiste en une corrélation entre les caractères étudiés et des amorces SSR liés audits caractères. La diversité génétique a été appréciée par la caractérisation morphologique (56 caractères qualitatifs et quantitatifs), biochimique (le pH, le solide soluble total et l'acidité titrable) et moléculaire (10 SSR). Les résultats phénotypiques ont permis de déterminer que le modèle de calcul dynamique est le plus adapté pour mesurer les besoins en froid dans le climat algérien et d'identifier les variétés candidates à l'adaptation au réchauffement climatique. L'étude de la diversité morphologique et biochimique a révélé une variabilité importante et significative. En général, la majorité des abricotiers cultivés en Algérie se caractérisent par une peau jaune verdâtre, une couleur de fond rouge et une chaire orange claire. L'analyse de la qualité biochimique des accessions a montré la présence de variétés présentant des taux de solides solubles totaux supérieurs à 12°Brix, une acidité titrable inférieure à 0,90 % et un pH supérieur à 3, indiquant une haute qualité gustative. Cela suggère un potentiel pour des propriétés fonctionnelles améliorées et des avantages nutritionnels. L'analyse de la diversité moléculaire par SSR, qui s'est avérée polymorphe dans cette étude, a permis de distinguer entre les variétés clones (synonymes et homonymes) ainsi que de différencier les variétés locales des variétés introduites, bien qu'elle ait révélé une faible diversité parmi les variétés locales algériennes. Les résultats de l'expression génétique des caractères d'intérêt n'ont pas confirmé l'hypothèse initiale. L'étude de l'association génétique utilisant les méthodes GLM et MLM entre les traits de caractères étudiés et les 10 marqueurs SSR a révélé des associations significatives entre les traits biochimiques et morphologiques, mais aucune association avec les besoins en froid et en chaleur. Les futurs programmes d'amélioration devraient tenir compte de ces résultats. Des recherches supplémentaires à plus grande échelle sont nécessaires pour explorer la variation des traits analysés entre les accessions d'abricotiers cultivés.

Mot clés : changement climatique, floraison, SSR, diversité génétique, phénotype, abricotier.

SUMMARY

Climate change can disrupt fruit tree cycles, affecting flowering and fruit production. High temperatures during dormancy can influence chill requirements, particularly for apricot trees, which is a complex process influenced by genetic and environmental factors, but it is not well understood. Fruit quality is a major concern for consumers, producers, and distributors. The development of cultivated *Prunus* species, such as apricots, is influenced by these factors where disruption in apricot populations can lead to loss of genetic diversity, excluding the populations that can withstand the worst climatic variations. The main objective of this thesis work is to evaluate genetic diversity and analyze the association and genetic expression of traits related to flowering, cold requirements, heat requirements and flowering dates. Phenotypic analysis involved the evaluation of chill and heat requirements for flowering using mathematical models such as the dynamic model, the Weinberger model, the Utah model, and growing degree hours. The genotype involves a correlation between the studied traits and SSR markers linked to these traits. Genetic diversity was assessed through morphological characterization (56 qualitative and quantitative traits), biochemical analysis (pH, total soluble solids, and titratable acidity), and molecular analysis (10 SSR markers). The phenotypic results determined that the dynamic calculation model is the most suitable for measuring chilling requirements in the Algerian climate and identified candidate varieties for adaptation to climate warming. The study of morphological and biochemical diversity revealed significant and substantial variability. In general, most apricot trees cultivated in Algeria are characterized by greenish-yellow skin, a red background color, and light orange flesh. The analysis of the biochemical quality of the accessions showed the presence of varieties with total soluble solids levels above 12°Brix, titratable acidity below 0.90%, and pH above 3, indicating high taste quality. This suggests potential for enhanced functional properties and nutritional benefits. The analysis of molecular diversity using SSR markers, which proved to be polymorphic in this study, allowed for distinguishing between clone varieties (synonyms and homonyms) as well as differentiating local varieties from introduced ones, although it revealed low diversity among Algerian local varieties. The results of gene expression for the traits of interest did not confirm the initial hypothesis. The study of genetic association using GLM and MLM methods between the studied traits and the 10 SSR markers revealed significant associations between biochemical and morphological traits but no association with chilling and heat requirements. Future breeding programs should take these results into account. Further large-scale research is needed to explore the variation of the analyzed traits among cultivated apricot accessions.

Keywords: climate change, flowering, SSR, genetic diversity, phenotype, apricot tree.

ملخص

يمكن لتغير المناخ أن يعطل دورة أشجار الفاكهة، مما يؤثر على مرحلة الإزهار وإنتاج الفاكهة. حيث يمكن أن تؤثر درجات الحرارة العالية أثناء مرحله السبات على احتياجات النبات للتبريد، خاصة بالنسبة لأشجار المشمش. عملية التبريد لدى هذه الأشجار التي تتم تنظيمها بشكل دقيق بواسطة العديد من العوامل الوراثية والبيئية، لا تزال غير مفهومة. تعد جودة الفاكهة مصدر قلق كبير للمستهلكين، المنتجين والموزعين. يتأثر تطور أصناف *Prunus* المزروعة، مثل المشمش، بتلك العوامل، يمكن أن تؤدي هذه الاضطرابات إلى فقدان التنوع الوراثي، فضل فقط الاصناف التي تستطيع تحمل هذا المناخ. الهدف الرئيسي من هذه الأطروحة هو تقييم التنوع الوراثي وتحليل الارتباط والتعبير الوراثي للصفات المرتبطة بالإزهار ومتطلبات البرودة ومتطلبات الحرارة ومواعيد الإزهار. الدراسة المورفولوجية لعملية الإزهار تتضمن تقييم الاحتياجات للبرد وللحرارة باستخدام النماذج الرياضية مثل النموذج الديناميكي، ونموذج وينبيرغر، نموذج يوتا، ودرجات الحرارة المتزايدة خلال ساعات النمو. يتكون النمط الجيني من علاقة بين الخصائص المدروسة وSSR المرتبطة بالخصائص المذكورة. تمت دراسة التنوع الوراثي من خلال الخصائص المورفولوجية (56 خاصية نوعية وكمية)، والكيميائية (pH، درجة السكر، والحموضة)، والجينية (10 SSR). أظهرت النتائج المورفولوجية أن النموذج الحسابي الديناميكي هو الأكثر ملاءمة لقياس احتياج البرودة في مناخ جزائري وتحديد الاصناف الأكثر تعايشا مع الاحتباس الحراري. كشف تحليل التنوع المورفولوجي والكيميائي عن تباين مهم ومعنوي. بشكل عام، تتميز غالبية ثمار أشجار المشمش المزروعة في الجزائر بقشرة صفراء مخضرة، لون الأساس أحمر ولب ذو لون برتقالي فاتح أظهر تحليل الجودة الكيميائية وجود أصناف تتمتع بمستويات صلابة مذاقة إجمالية تزيد عن 12 درجة بريكس، وحموضة أقل من 0.90%، والرقم الهيدروجيني أعلى من 3، مما يشير إلى جودة طعم عالية وبالتالي وجود احتماليه تحسين الخصائص الوظيفية والفوائد الغذائية لثمار المشمش. بين التحليل الجيني للمجموعات المدروسة باستخدام SSR وجود تنوع جيني وبالتالي القدرة على التمييز بين الأصناف المنسوخة (المترادفة والمتشابهة الاسم)، بالإضافة إلى التقريب بين الأصناف المحلية والأصناف الغير محلية، مع وجود تنوع ضعيف بين الأصناف المحلية الجزائرية. لم تؤكد نتائج التعبير الجيني للصفات محل الاهتمام الفرضية الأولية. أظهرت دراسة الارتباط الجيني باستخدام أساليب GLM وMLM بين الصفات المدروسة وSSR العشرة ارتباطات معنوية بين الصفات الكيميائية الحيوية والمورفولوجية، ولكن لم يظهر أي ارتباط مع احتياجات البرودة والحرارة. ينبغي على البرامج القادمة للتحسين أخذ هذه النتائج في الاعتبار. مع ضرورة وجود أبحاث إضافية على نطاق أوسع لاكتشاف التباين في السمات المدروسة أنفا بين مختلف اصناف.

الكلمات الرئيسية: تغير المناخ، الإزهار، SSR، التنوع الوراثي، النمط الظاهري، شجرة المشمش.

INTRODUCTION GENERALE

INTRODUCTION GENERALE

Les arbres fruitiers sont cultivés pour leurs fruits. Parmi ces arbres, les fruits à noyaux occupent une place de choix en raison de leur importance économique et nutritionnelle [1]. Ils appartiennent au genre *Prunus*, comprenant des espèces telles que l'abricotier (*Prunus armeniaca*), le prunier (*Prunus domestica*), le pêcher (*Prunus persica*), le cerisier (*Prunus avium*), et l'amandier (*Prunus dulcis*) [2]. L'abricotier est originaire de Chine et d'Asie centrale. Il revêt une grande importance économique, étant cultivé dans plusieurs pays du monde, notamment en Asie, en Europe, en Océanie, en Afrique, en Amérique du Nord et en Amérique du Sud [3], il est l'arbre fruitier le plus cultivé parmi les autres espèces du genre *Prunus* [4]. L'Algérie est classée dans le top dix des pays les plus producteurs d'abricots, avec une production annuelle de 189 724 tonnes [5]. Les régions les plus productrices en Algérie sont Khenchela, Biskra, Tiaret, Batna et M'sila [6]. Il a également une importance nutritionnelle, le fruit étant consommé frais, confit, sec ou sous forme de jus. Il est riche en vitamines, minéraux, sucres et antioxydants. L'amande du fruit est riche en huile essentielle et en acides gras insaturés, et est utilisée dans plusieurs domaines grâce à ses vertus (médicales, pharmaceutiques et industrielles) [1].

Les variétés d'abricotiers en Algérie comprennent des arbres indigènes issus de semis ou greffés localement, ainsi que des accessions exotiques principalement d'origine européenne (France, Espagne) [7]. La culture se concentre sur la production de fruits pour la consommation fraîche et l'industrie de transformation [8]. Cependant, des pratiques culturelles inadéquates, une faible durée de conservation, une sensibilisation limitée à la qualité des variétés et des opportunités de marché restreintes ont contribué à un déclin de la diversité génétique des variétés locales [6]. Cela menace des géotypes uniques possédant des traits précieux tels que la couleur, la saveur, la résistance aux maladies et un rendement élevé. L'étude de la diversité génétique, impliquant l'analyse morphologique, biochimique et moléculaire, est cruciale pour la conservation, l'amélioration génétique et l'adaptation des cultures aux facteurs de stress environnementaux [6]. En identifiant et en exploitant cette diversité, les chercheurs peuvent optimiser les ressources, préserver les variétés traditionnelles et contribuer à la sécurité alimentaire mondiale [9].

L'abricotier est adapté à un climat méditerranéen [10], il peut également résister à des températures hivernales froides [11]. Cependant, il a aussi besoin d'un hiver froid pour sortir de sa période de dormance (endo-dormance, para-dormance et éco-dormance) [12], qui est une période de repos pour supporter les agressions externes qui peuvent survenir lors des cycles hivernaux [13], induite par plusieurs facteurs tels qu'une photopériode courte et des baisses de température qui vont conduire à une inactivation du méristème [14]. De plus, l'abricotier a besoin de chaleur pour sa floraison (période végétative) [13]. Il a été observé une corrélation étroite entre la dormance et les exigences en froid, particulièrement dans certaines circonstances climatiques, ainsi qu'au niveau des espèces [15], comme l'abricot [16], la pomme et l'amande [17], la cerise douce [18] et la grenade [19]. L'abricotier est très

INTRODUCTION GENERALE

exigeant en conditions climatiques, qui varient d'un cultivar à un autre. Il est donc cultivé dans les régions qui correspondent à ses besoins climatiques [20]. Les besoins de froid et de chaleur sont estimés par des modèles de calcul tels que le modèle dynamique [21], qui est plus adapté pour la mesure des besoins de froid dans des hivers doux [22], et le Growing Hours Degree (GDH) pour l'estimation des exigences en chaleur [21]. L'estimation des besoins des arbres fruitiers est nécessaire pour faciliter aux agriculteurs à définir la variété appropriée pour leurs vergers [23].

La baisse mondiale de la production d'abricots résulte principalement des stress biotiques (maladies, ravageurs, mauvaises herbes) et abiotiques (sécheresse, inondations, chaleur, salinité) [24]. En Algérie, cette diminution est amplifiée par la sensibilité élevée de l'abricotier aux maladies, la réduction des superficies cultivées (remplacement par des oliviers) et les impacts du changement climatique. Située dans une région méditerranéenne chaude, l'Algérie subit des sécheresses accrues, une réduction des précipitations, et une hausse des températures [25]. Le réchauffement climatique, causé par les activités humaines, perturbe les écosystèmes et menace la biodiversité mondiale [26, 27]. Chez les arbres fruitiers, il entraîne des déséquilibres phénologiques, tels que des floraisons précoces exposées aux gels, une synchronisation difficile avec les pollinisateurs, et des changements dans les relations hôte-pathogène [28–32]. Pour atténuer ces impacts, l'Algérie engagé auprès de la Convention Cadre des Nations Unies sur les Changements Climatiques dans des stratégies d'adaptation, notamment un inventaire national des émissions de gaz à effet de serre et des plans visant à limiter les effets climatiques [26].

La sélection de cultivars à floraison tardive, avec de faibles exigences en froid et des besoins élevés en chaleur, peut réduire les risques liés au changement climatique, bien que le contrôle génétique de ces caractéristiques reste peu clair [33]. Des études sur l'amandier et le pêcher montrent un potentiel de contrôle génétique pour ces traits [34]. Comprendre la base génétique des besoins en froid et en chaleur pourrait guider le développement de cultivars adaptés aux nouvelles conditions climatiques. Les phénotypes résultant des interactions entre génomes et environnement permettent, grâce à des analyses, de distinguer les composantes génotypiques, environnementales et leurs interactions [35]. L'association marqueur-caractère et les technologies de séquençage de nouvelle génération ont révolutionné la sélection assistée par marqueur, facilitant des approches telles que les GWAS et la GS pour analyser des caractères complexes [36–40]. Ces outils soutiennent l'amélioration génétique et la durabilité des systèmes agricoles. Cependant, la sélection pour la résilience au stress abiotique reste limitée par le manque de données génétiques et phénotypiques [41].

Les outils génomiques, tels que la sélection assistée par marqueurs, la sélection génomique et l'étude de l'expression, offrent des solutions prometteuses pour renforcer la résilience des plantes face aux stress environnementaux [21,42–44]. Comprendre la diversité génétique et identifier les gènes liés

INTRODUCTION GENERALE

aux caractères d'intérêt est crucial pour développer des variétés adaptées au climat méditerranéen [45]. Les programmes de sélection doivent intégrer les interactions génotype-environnement et les mécanismes moléculaires pour optimiser l'adaptation des cultures [12]. En région méditerranéenne, il est essentiel de valoriser la diversité génétique pour créer des arbres fruitiers résilients, bien que les efforts sur des espèces comme l'abricotier restent limités. Les recherches actuelles cherchent à combler cette lacune et à promouvoir des systèmes agricoles durables [46].

Dans cette même optique, ce travail de thèse s'inscrit dans le cadre d'un projet international PRIMA « FREECLIMB : Fruit Crops Resilience to Climate Change in the Mediterranean Basin » portant sur le développement de systèmes agricoles intelligents et durables dans les pays méditerranéens, pour préserver les ressources naturelles en augmentant l'efficacité de la production, tout en faisant progresser la compréhension des mécanismes par lesquels les plantes s'adaptent à leur environnement et renforcent leur résiliences aux stress biotiques/abiotiques. Dans ce contexte, le travail de thèse cible une des principales espèces d'arbres fruitiers en l'occurrence *Prunus armeniaca* dans le but d'améliorer la disponibilité d'un matériel génétique et un génotype adapté aux ressources externes limitées et aux scénarios climatiques futurs prévus pour la région méditerranéenne dont l'Algérie, grâce à l'exploitation de la biodiversité locale. Le principal objectif de ce travail de thèse est de procéder à l'étude des déterminants génétiques et moléculaires des caractères influencés par le changement climatique chez l'abricotier. Les objectifs spécifiques étant : i) l'analyse de la diversité génétique en utilisant des marqueurs morphologique, biochimique et moléculaire de type SSR ii) l'évaluation de l'association et l'expression génétique des caractères liés à la floraison, les exigences en froid, besoin en chaleur et date de floraison.

PARTIE I : RECHERCHE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE 1 : *Prunus armeniaca*

1 Généralités

L'abricotier est un arbre fruitier méditerranéen [47]. Selon le système de classification, il appartient à la famille des *Rosaceae*, au genre *Prunus* L., au sous-genre *Prunophora* Focke, et à la section *Armeniaca* (Lam) Koch [48,49]. Il revêt une importance économique et nutritionnelle [50], étant disséminé et cultivé dans différentes parties du monde (80% des zones de culture sont situées dans le bassin méditerranéen) [51]. Il est cultivé dans des conditions climatiques appropriées (dans des sites frais et isolés du gel) [52]. Il s'adapte à des climats où les heures de froid hivernal sont entre 700 et 1000 heures, avec une température d'environ 7,2°C [47]. Il existe plusieurs milliers de variétés d'abricotier dans le monde, les abricotiers sauvages étant petits et acides mais consommables [53].

2 Historique

Prunus armeniaca est un terme latin qui signifie pomme d'Arménie ou pomme d'or (appellation grecque) [54]. Il est communément appelé abricotier, albicocco ou albericocco. Ces termes dérivent du mot arabe al-barquq (prunes), lui-même issu de la combinaison des deux mots latins arborprecox (précoce) signifiant maturation précoce [55].

Jadis, l'abricotier était considéré comme originaire d'Arménie en raison de sa découverte par les Romains en Arménie, qui sont également responsables de sa diffusion en Europe. Cependant, selon Vavilov et al (1992) [56], les principaux centres d'origine de l'espèce sont, en premier lieu, la Chine (Chine centrale et occidentale) où sa domestication a eu lieu [57]. L'abricotier a également été mentionné dans leur culture il y a trois mille ans avant J.-C., puis introduit mille ans plus tard en Asie centrale, le groupe le plus ancien et le plus diversifié (Afghanistan, nord-ouest de l'Inde, Pakistan, Cachemire, Tadjikistan, Ouzbékistan, province de Xinjiang en Chine et Tien-shan occidental) et près de l'Est central (Iran, Caucase, Turquie) (**Figure 1.1**) [48,49].

Kostina (1946) [58] a identifié quatre grands groupes éco-géographiques et treize sous-groupes régionaux au sein de ces groupes après des études approfondies sur les caractéristiques

morphologiques, pomologiques et biologiques de plusieurs abricotiers provenant de différentes régions géographiques, six-cents formes et variétés différentes issues de 7 espèces [49]:

- **Le groupe d'Asie centrale** : représente le groupe le plus diversifié et le plus ancien. Il regroupe les abricots autochtones du nord de l'Inde du Pakistan, l'Asie centrale (Chine) de l'Afghanistan, et du Sinkiang. Ce groupe se caractérise par des cultivars auto-fertiles. Les arbres sont vigoureux avec une bonne longévité et résistent aux fructifications de température en fin d'hiver. La fructification, qui se situe entre Mai et Septembre, donne des fruits de petite à moyenne taille avec une teneur élevée en sucre. L'inconvénient de ces cultivars est leur sensibilité au climat humide.
- **Le groupe Irano-caucasien** : regroupe les variétés d'Arménie, de Géorgie, d'Azerbaïdjan, de Daghestan, d'Iran, de Syrie, de Turquie jusqu'au Nord de l'Afrique ainsi qu'en Espagne et en Italie [48]. Contrairement au premier groupe, ces cultivars sont caractérisés par des arbres peu vigoureux avec une longévité réduite, sensibles aux hivers (croissance plus tôt au printemps) et auto-incompatibles avec des gros fruits.
- **Groupe d'Europe** : formé par des abricotiers provenant d'Arménie, d'Iran, de Turquie et des nations du Moyen-Orient. Les abricotiers de ce groupe sont auto-compatibles, les fruits sont plus précoces et peu riches en sucre, et les arbres sont exigeants en froid.
- **Groupe Dzhungar-Zailig** : les fruits sont principalement de petites tailles et proviennent des régions de Dzharskent, Taldy-Kurgan, Kazakhstan et Xinjiang. Les variétés de ce groupe peuvent survivre à des températures inférieures à -30°C.

Plus tard, d'autres grands groupes sont proposés, tels que la Chine du Nord (*Prunus mandshurica* et *Prunus sibirica*), la Chine de l'Est (*Prunus ansu*), le Tibet (*Prunus armeniaca* var. *holosericea*) [59]. L'abricotier est introduit dans le bassin méditerranéen à partir de l'Iran ou l'Arménie par des Arabes [51]. Il est également introduit en Afrique du Nord par les Phéniciens, les Romains et les Arabes [48], et en Algérie plus précisément, grâce à l'expansion de l'Islam [54]. L'abricotier s'est également répandu en Amérique du Sud et en Australie, faisant partie du groupe d'Europe qui constitue le pool le plus récent (Europe du Sud, Italie, Grèce), lié à la Turquie, à l'Arménie, à l'Iran et à quelques pays arabes [48]. La culture de l'abricotier a débuté au 12^{ème} siècle dans les régions du Maghreb (Maroc, Tunisie, Algérie). En 1993, l'ITAF a divisé les variétés algériennes en 2 catégories (groupe d'Afrique du Nord

(algériennes et tunisiennes) et groupe européennes) [59]. Selon les travaux de Bourguiba [10], les abricotiers du Maghreb appartiennent au groupe Irano-caucasien [48].



Figure 1.1: Carte du monde de l'histoire de distribution de *Prunus armeniaca* [60].

3 Description morphologique de *Prunus armeniaca*

L'abricotier est un arbre, avec un tronc robuste, à port assez étalé ou dressé, de 3 à 8 m de haut, et une écorce brun rougeâtre à gris-brun, et des jeunes rameaux rougeâtres [55]. Ces derniers ont un port érigé ou semi-horizontale et sont courts et raides. Un nœud peut porter des yeux à bois solitaires, des boutons à fleurs isolés (bourgeon), des doubles boutons à fleurs ou des doubles boutons à fleurs accompagnés d'un œil à bois. Les petits renflements sur lesquels s'insèrent les feuilles sont appelés nœuds [59].

Les feuilles sont caduques, simples, alternes, ovales ou arrondies, le limbe est de forme elliptique cordiforme, et denté dont les dents sont obtuses, avec une longueur de 5 à 10 cm (**Figure 1.2**). Elles sont lisses, d'un vert gai et lumineux à pétioles glanduleux (2 à 3 cm) et tronquée (le limbe a une terminaison horizontale) ou subcordée (la base est échancrée en forme de cœur) à la base [53,54].

Les fleurs sont hermaphrodites, sessiles ou presque, restant épanouies très peu de temps, de 2 à 3 cm, avec 5 pétales blancs ou rose blanchâtre, d'une longueur d'environ 10 à 15 mm, 5 sépales rougeâtres, et de nombreuses étamines et un ovaire périgé. Elles apparaissent avant les feuilles et sont, selon les variétés, auto-fertiles ou nécessitent une pollinisation croisée. La floraison a lieu au début du printemps, de début Mars à début Avril (**Figure 1.2**) [53,54].

Le fruit est une drupe presque globuleuse à peau veloutée, divisée en deux par un sillon ventral, de couleur jaune orangé, nuancée de rouge dans la partie la plus exposée au soleil, à un goût sucré et est agréablement parfumé. Les fruits ont besoin d'environ 3 à 6 mois pour arriver à maturité, selon le cultivar. Le noyau, non adhérent à la chair, contient une amande douce ou amère selon le cas [53–55]. La durée de vie de l'abricotier est assez longue ; l'arbre peut vivre entre 25 et 40 ans, et la production ne commence qu'à partir de la troisième à la quatrième année après la plantation (**Figure 1.2**) [61].

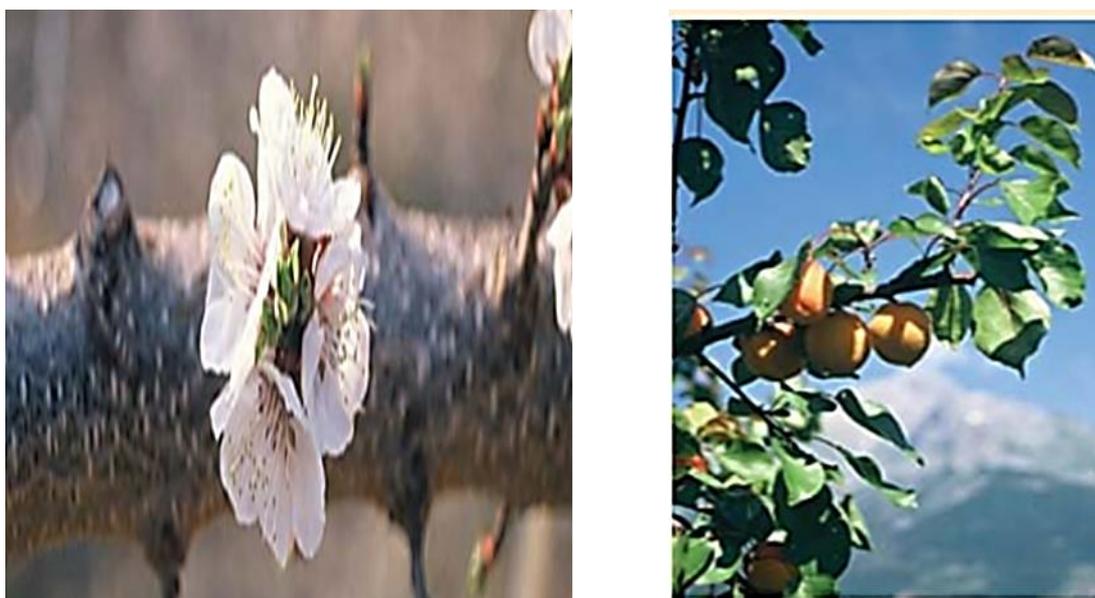


Figure 1.2: Morphologie de l'abricotier : Feuilles, fleurs et fruits [53].

4 Classification de *Prunus armeniaca*

Il y a plus de 200 espèces regroupées sous le genre *Prunus*, parmi lesquelles l'abricotier, qui à son tour regroupe entre 3 et 12 espèces appartenant à la section *Armeniaca*. Six ont été identifiées : l'Abricotier de Briançon ou Prune d'Alpe (*P. bringantina* Vill.), l'Abricotier du

Tibet (*P. holosericeae* Batal.), l'Abricotier commun (*P. armeniaca* L.), l'Abricotier de Mandchourie (Maxim), l'Abricotier de Sibérie (*P. siberica* L.), l'Abricotier du Japon (*P. mume* Sieb. Succ). Il y a également trois autres espèces d'origine hybride : *Prunus x dasycarpa* Ehrh., *P. armeniaca* Var *ansu* (Maxim) Kost. et *Prunus siberica* Var *damidiana* (Carrière) [49]. À ce jour, l'espèce la mieux connue au niveau génomique est *Prunus persica* (pêcher) [48]. *Prunus armeniaca* L., dans la classification officielle de Carl von Linné, est organisé comme suit [54]:

Règne : Plantae, **Sous-règne** : Tracheobionta, **Division** : Magnoliophyta, **Classe** : Magnoliopsida, **Sous-classe** : Rosidae, **Ordre** : Rosales, **Famille** : Rosaceae, **Sous-famille** : Amygdaloideae, **Tribu** : Prunées, **Genre** : *Prunus*, **Nom binomial** : *Prunus armeniaca*, **Nom commun** : Abricotier.

5 Conditions de culture de *Prunus armeniaca*

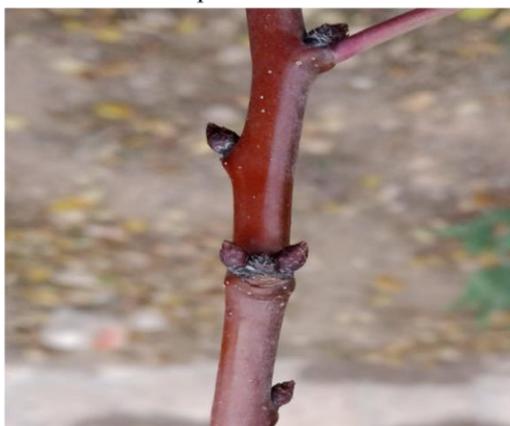
L'abricotier est propagé par semis ou greffage, en utilisant des porte-greffes du genre *Prunus*, qui permettent une meilleure adaptabilité aux différents types de sols, au stress, et d'homogénéiser la vigueur en verger [48]. Il est cultivé dans des sols profonds et bien drainés qui donnent un bon rendement par rapport à un sol peu profond ou marginal (les sols sableux limoneux, limoneux sableux, limoneux et limono-argileux sont utilisés avec succès). Le chancre bactérien peut poser problème dans les sols argileux et limoneux ou dans les anciens lits de ruisseaux granuleux. Les abricotiers ne tolèrent pas des niveaux élevés de sels ou d'éléments toxiques comme le bore et le chlorure de sodium. Le système d'irrigation utilisé n'est pas critique [47]. Les colonies d'abeilles domestiques s'avèrent nécessaires pour la pollinisation, surtout que la durée de floraison est courte (ce qui augmente le nombre de fruits) [52].

6 Stade phénologique de *Prunus armeniaca*

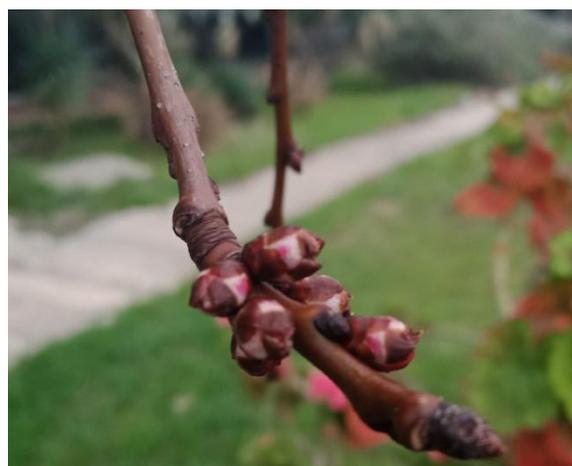
La phénologie est un comportement périodique annuel d'une plante caduque ou persistante (la germination, débourrement, floraison, chute ou apparition des feuilles, maturation des fruits) (**Figure 1.3**). La phénologie est considérée comme un indicateur

important du changement climatique, car la progression de chaque étape est influencée par les conditions climatiques variées de l'environnement [62]. L'abricotier traverse deux cycles distincts mais interconnectés, incluant les cycles végétatifs et reproducteurs. La première phase est celle de la dormance, ayant plusieurs définitions et synonymes, caractérisée par une période d'inactivité de croissance, comportant plusieurs étapes de repos intense ou de dormance [63], Les bourgeons de l'abricotier entrent en dormance après leur développement en été, ce qui permet à l'arbre de supporter des températures hivernales basses, des photopériodes sélectives et une réduction de la disponibilité de l'eau [64]. Les bourgeons entrent en phase de dormance quand les nuits automnales sont froides [62]. Elle est divisée en quatre phases :

Repos hivernal



Bourgeon d'hiver Stade (A) Dormance (00)

Code BBCH**Code Boggiolini****00****(A)****51-59****B-E****61-69****F-G****71-77****H-J****81-89**

Gonflement des bourgeons 51 (B)



Début de floraison 61 (B)



Nouaison 71 (H)



Récolte maturité gustative 87-89

Figure 1.3: Stades repères de l'abricotier.

- **Phase de para-dormance** : induite lorsque des facteurs physiologiques à l'intérieur de la plante, mais à l'écart du tissu dormant, régulent la croissance (dominance apicale, réponses photopériodiques) [13,63,64].
- **Induction de la dormance** : la dormance est induite par des signaux envoyés par des facteurs physiologiques (phytochrome, sucre, phytohormone), environnementaux (température, lumière, sécheresse, latitude) et de développement tels que la lumière, la sécheresse et la température [63]. Chez les plantes ligneuses, la dormance est induite par une photopériode avec la température comme médiateur qui influence sur la dormance, la croissance et le développement du bourgeon. L'induction de la dormance est accélérée dans des climats tempérés plus que dans des régions tropicales et subtropicales. Les jours courts avec lumière altérée affectent la croissance apicale, la résistance au froid et la dormance des bourgeons. Donc, l'induction de la dormance est régie par des : jours courts et basse température (accélération de l'endo-dormance), arrêt de croissance, jours longs et basse température et jours longs et haute température [63], mais cette interaction entre la photopériode et la température

agit différemment d'une espèce à une autre. Des jours très courts avec des températures élevées à la fin de l'été peuvent induire un arrêt de la croissance et une dormance profonde chez de nombreuses espèces, mais d'autres espèces peuvent retarder la dormance. Par contre, chez les espèces de la famille des rosacées, ces interactions n'affectent pas leur période de dormance, le seul inducteur est la température basse dans les périodes nocturnes [23].

- **Phase d'endo-dormance** : c'est une phase qui débute à la fin de l'été ou après deux mois de la fin de l'équinoxe de l'automne, mais le début varie selon les espèces, les variétés au sein d'une même espèce et des conditions météorologiques [14]. Elle est caractérisée par un repos véritable (même en présence de conditions favorables). Contrairement à la phase d'induction, cette phase est contrôlée par des facteurs physiologiques intrinsèques qui régulent la croissance (réponses au froid, réponses photopériodiques) [62].
- **Phase d'éco-dormance** : dans cette phase, les bourgeons ont accumulé suffisamment de froid et ont retrouvé leur capacité de croissance, mais l'extérieur ne change pas à cause d'un milieu non favorable, lorsque la croissance est régulée par les conditions environnementales (températures extrêmes, carences en éléments minéraux, stress hydrique). Contrairement à l'induction de dormance, la levée de dormance est influencée que par les basses températures (la présence de photorécepteurs dans les feuilles) [23]. Selon l'espèce et le cultivar, les premiers changements phénologiques apparents se produisent à la fin de l'hiver ou au début du printemps. Avant le débourrement, les arbres se désacclimatent lentement au froid et deviennent plus sensibles aux températures glaciales. La phase de dormance est rompue quand les bourgeons ont accumulé suffisamment de froid hivernal, les besoins de froid de l'abricotier en général sont compris entre 800 à 1200 unités de froid (CU) (cela dépend de la variété). Ils accumulent les heures de froid en dessous de 7.2 °C, puis entrent dans une saison végétative définie avec une floraison et croissance sous l'effet des températures élevées. Les exigences en chaleur changent en fonction des cultivars. Les températures sont de : 4078 à 5879 heures de croissance pour le développement du bourgeon. Les bourgeons resteront partiellement dormants au printemps s'ils n'ont pas suffisamment accumulé de froid en raison de stress abiotique (changement climatique), qui est un phénomène rencontré chez les variétés tardives qui nécessiteront plus de temps thermique pour se débarrasser. La durée du sommeil peut être prolongée, ce qui entraîne une accumulation complète tardive des besoins en froid [23].

7 Mesures des exigences en froid et en chaleur

7.1 Méthodes expérimentales

Il y a plusieurs méthodes de mesures des exigences en froid et en chaleur, qui diffèrent d'une espèce à une autre, mais les méthodes les plus utilisées sont la méthode des conditions contrôlées, qui consiste à transférer des branches dans un milieu favorable et contrôlé pour éviter les complications du champ, et l'analyse statistique qui comprend deux méthodes : la régression de Moindres Carrés Partiels (PLS) et la méthode d'Alonso et al (2005) [65] (**Tableau 1.1**).

Tableau 1.1 : Estimation des heures de froid et de chaleur des différentes espèces avec différentes méthodes et dans différentes régions.

Espèces	Heures de froid			Heures de chaleur	Méthode	Région d'étude
	CH	CU	CP			
Abricotier	711–1105	1176	61.7-45	4526-5150	Expérimentale	Espagne
	1237	621–1296	40.4	4680-2490	Expérimentale	Italie
	710-1130	652-826		2987-3465	Expérimentale	Iran
		834–1224			Expérimentale	Serbie
	188-488	304	29.8		Expérimentale	Afrique du Sud
					Expérimentale	Chine
	875	857-910		2712-2206	Expérimentale	USA
Amandier	151-408	444-463	17-21	8725 -6444	Statistique	Espagne
	Août-61	-284 /-53	4.6-3.4	6206 - 8703	Statistique	Tunisie
		514-266		6681-7577	Expérimentale	Espagne

7.1.1 Méthode des conditions contrôlées

7.1.1.1 Branches soumises à un froid artificiel contrôlé

Des branches ou des plantes entières sont exposées au froid (4 -5°C) dans des chambres à température contrôlée pendant une longue période (200, 400, 600, 800, 1000, 1200, 1400 et 1600 heures). Après avoir terminé le cycle de froid, les branches sont placées dans une chambre de culture (20-25°C) avec leurs extrémités basales dans une solution (le saccharose à 5% ou

dans de l'eau). Chaque semaine, le développement des branches est surveillé jusqu'à ce que l'émergence des bourgeons floraux soit constante, et le pourcentage de rupture des bourgeons est évalué pour chaque traitement [63].

7.1.1.2 Branches soumises à un froid naturel

Des branches d'arbres (amandier, abricotier, cerisier, pistachier) sont prélevées durant leur dormance, après accumulation de froid, jusqu'à la levée de dormance des bourgeons au stade B-C de Fleckinger ou de Baggiolini (1952) [66] ou au stade de croissance phénologique 55 sur l'échelle BBCH. Les branches, mesurant 25 à 40 cm de long et 5 mm de diamètre, sont placées dans une chambre de culture sous des conditions contrôlées, dans une solution de saccharose à 5 % ou dans de l'eau. La levée de dormance est indiquée par une augmentation de 30 % du poids des bourgeons floraux [11]. Les besoins en froid sont déterminés par différents modèles, mais les températures artificielles peuvent affecter la levée de dormance [65], [67]. La précision de l'évaluation des besoins en froid est limitée en conditions naturelles et la prudence est de mise en laboratoire [68].

7.1.2 Méthodes d'analyse statistique

7.1.2.1 Méthode d'Alonso et al (2005)

Cette méthode détermine la date de passage de l'endo-dormance à l'éco-dormance, initialement utilisée pour l'amandier, puis pour le pêcher et les nectarines. La transition est liée aux températures moyennes journalières durant la dormance et aux dates de floraison des variétés. Une matrice de dates de floraison et matrices de températures (moyennes de différentes températures journalières : moyenne, minimum, maximum) pour des périodes de longueurs variées ont été conçues [69]. La corrélation de Pearson est réalisée, et le passage des coefficients de corrélation de valeurs positives à des valeurs négatives est l'indicateur de la transition entre l'endo-dormance et l'éco-dormance. Les besoins en froid ont été calculés par le modèle Utah (CU) sur au moins deux saisons successives [65].

7.1.2.2 Méthode de régression PLS

La méthode de régression des moindres carrés partiels (PLS), développée par [70], est utilisée pour estimer les besoins en froid des arbres fruitiers [71–74]. Elle vise à déterminer

l'effet des conditions météorologiques sur les phénomènes biologiques, en identifiant les variables prédictives sans recourir à d'autres modèles linéaires. Les données nécessaires incluent de longues séries de dates de floraison des variétés et de températures journalières minimales et maximales, converties en températures horaires selon une courbe idéale [75,76] et en fonction des temps de lever et coucher du soleil, ainsi que des longueurs des jours [71–74,77,78]. La quantification des besoins en froid est basée sur les résultats de PLS, et les dates de début et de fin de l'accumulation de froid sont extraites des résultats PLS.

Cependant, les estimations des besoins en froid varient selon les régions géographiques, car les températures et l'accumulation de froid diffèrent [79]. Cette variabilité est accentuée par l'utilisation des modèles des Heures de froid et Utah, contrairement au modèle Dynamique, plus précis dans divers climats [42].

8 Modèle de calcul des besoins en froid et en chaleur

Les modèles de calcul sont des équations mathématiques mises au point en fonction des connaissances sur le phénomène de dormance des arbres fruitiers et également en fonction de la nature du climat de la région [20]. Le calcul commence généralement lorsque l'arbre commence à accumuler du froid, à l'automne, le jour qui suit l'accumulation négative maximale. D'autres propositions soulignent que le début de l'accumulation de froid pour la levée de la dormance devrait commencer lorsque 50 % de la défoliation a eu lieu ou lorsque l'accumulation de froid se produit de manière persistante [14].

La connaissance des besoins en froid est liée à des intérêts économiques, il est donc crucial de connaître l'exact moment du début de l'accumulation et de la fin de la dormance. L'utilisation des modèles thermiques est compliquée en raison de l'absence d'un trait phénologique permettant de distinguer l'endo-dormance de l'éco-dormance. Après que le bourgeon a accumulé une certaine quantité de chaleur, le premier signe visible de croissance se produit. Il peut donc être inexact d'utiliser un modèle conçu pour des étapes clairement définies. Cependant, ce point de transition peut être mesuré expérimentalement en évaluant la croissance des bourgeons dans des chambres de croissance dans des conditions contrôlées.

Une période de chaleur prolongée ou intense peut parfois compenser un manque de froid. De même, une exposition prolongée ou intense au froid peut compenser un manque de chaleur. Il existe deux étapes à suivre pour déterminer les exigences en matière de froid d'un cultivar spécifique. Établir une phase de dormance est la première étape, qui peut être accomplie par des expériences ou des analyses statistiques. La deuxième étape consiste à calculer les besoins en froid en utilisant des modèles basés sur la température [20].

8.1 Modèle d'estimation des besoins en froid

Les chercheurs et les agriculteurs utilisent des modèles de calcul basés sur les températures pour estimer la quantité de froid à laquelle l'arbre a été exposé, nécessaire à la levée de l'endo-dormance. Ces modèles sont également utilisés pour prédire la date de floraison. Au lieu de les considérer séparément, ces modèles tiennent compte des relations entre la photopériode et la température, voire permettent même de quantifier l'interaction des facteurs physiologiques et environnementaux [23].

8.1.1 Heure de froid

Le modèle développé par [80] et adopté par [81] (**Tableau 1.2**) est largement utilisé, surtout par les agriculteurs, pour sa simplicité. Ce modèle considère que toute température comprise entre 0 et 7,2 °C est efficace pour la levée de l'endo-dormance. La quantité d'heures de froid à un moment t est calculée selon l'équation suivante :

$$CHt = \sum_{i=1}^t T_{7,2} \quad \text{Avec } T_{7,2} = \begin{cases} 0^{\circ}\text{C} < T < 7.2^{\circ}\text{C} = 1 \\ \text{Si non} = 0 \end{cases}$$

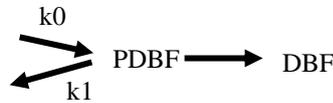
8.1.2 Modèle Utah

Le modèle Utah, développé par [82], remédie à l'insuffisance de l'accumulation des heures de froid en ajoutant les températures de toutes les heures moins ou égale à 7°C du début jusqu'à la fin de dormance [81] (**Tableau 1.2**). Il quantifie le froid en utilisant des heures de froid pondérées [83]. Le nombre d'unités de froid Utah à l'instant t est calculé selon ce modèle.

$$UCU_t = \sum_{i=1}^t T_U \text{ Avec } \begin{cases} T < 1.4^{\circ}\text{C} & : 0 \\ 1.5^{\circ}\text{C} < T \leq 2.4^{\circ}\text{C} & : 0.5 \\ 2.5^{\circ}\text{C} < T \leq 9.1^{\circ}\text{C} & : 1 \\ 9.2^{\circ}\text{C} < T \leq 12.4^{\circ}\text{C} & : 0.5 \\ 12.5^{\circ}\text{C} < T \leq 15.9^{\circ}\text{C} & : 0 \\ 16^{\circ}\text{C} < T \leq 18^{\circ}\text{C} & : -0.5 \\ T \geq 18^{\circ}\text{C} & : -1 \end{cases}$$

8.1.3 Modèle dynamique

Le modèle développé par [84,85] ajuste les estimations en tenant compte des températures hivernales élevées [86]. Il postule que les basses températures stimulent la production d'un composé précurseur de refroidissement (PDBF), qui doit être converti en une "portion de refroidissement" (DBF) permanente, quantifiant ainsi la durée des températures de refroidissement effectives (**Tableau 1.2**). La dynamique d'accumulation suit le processus coopératif où, lorsque la quantité de PDBF atteint un niveau critique, elle subit une transition irréversible en DBF. Les constantes de vitesse k_0 et k_1 régissent la formation et la destruction de PDBF. Les températures sont converties en portions de froid, et le nombre de portions de froid à l'instant t est calculé par ce modèle.



Avec ce modèle, les températures sont converties en portions de froid. Les équations du nombre des portions de froid à l'instant t sont :

$$x_i = \frac{e^{\text{slp.tetmlt} \cdot \frac{(T_k - \text{tetmlt})}{T_k}}}{1 + e^{\text{slp.tetmlt} \cdot \frac{(T_k - \text{tetmlt})}{T_k}}}$$

$$x_s = \frac{a_0}{a_1} \cdot e^{\frac{e_1 - e_0}{T_k}}$$

$$a_{k_1} = a_1 \cdot e^{-\frac{e_1}{T_k}}$$

$$\text{inter}_E = X_s - (X_s - \text{inter}_s) \cdot e^{-ak_1}$$

$$\text{inter}_s = \begin{cases} t = t_0 & : 0 \\ t > t_0 \wedge \text{inter}_E t - 1 < 1 & : \text{inter}_E t - 1 \\ t > t_0 \wedge \text{inter}_E t - 1 \geq 1 & : \text{inter}_E t - 1(1 - x_i) \end{cases}$$

$$\text{delt} = \begin{cases} t = t_0 & : 0 \\ t > t_0 \wedge \text{intr}_E < 1 & : 0 \\ t > t_0 \wedge \text{intr}_E \geq 1 & : x_i - \text{intr}_E \end{cases}$$

$$CPt \begin{cases} t = t_0 & : \text{delt} \\ t \geq t_0 & : \text{delt} + CP t - 1 \end{cases}$$

Avec: slp = 1.6, tetmlt = 277, a₀ = 4.15e3, a₁ = 1.29e4, e₀ = 1.4e5 et e₁ = 2.57e18.

8.1.4 Modèle positif

Le modèle Utah Positif, dérivé du modèle Utah, a été développé pour prédire la fin de la dormance des variétés de nectarine en Afrique du Sud [87,88]. Il ajuste les prévisions en prenant en compte le temps d'exposition aux températures dans un cycle (**Tableau 1.2**) et en éliminant les contributions négatives des températures chaudes de l'équation originale [87,89,90]. Ce modèle améliore la précision du modèle Utah, particulièrement dans les régions où les températures hivernales élevées (>16 °C) sont fréquentes, évitant ainsi des valeurs finales négatives [86,91]. La fonction totale de PCU (Positive chill unit) est la suivante :

$$PCU_{totale} = \sum_{i=1}^t PCU$$

Avec :

$$PCU = \begin{cases} T < 1.4^\circ\text{C} & : 0 \\ 1.4^\circ\text{C} < T \leq 2.4^\circ\text{C} & : 0.5 \\ 2.4^\circ\text{C} < T \leq 9.1^\circ\text{C} & : 1 \\ 9.1^\circ\text{C} < T \leq 12.4^\circ\text{C} & : 0.5 \\ T \geq 12.4^\circ\text{C} & : 0 \end{cases}$$

8.1.5 Modèle Utah modifié

Une version modifiée du modèle Utah a été développée par [75], basée sur le modèle initial de [69], utilisant une fonction sinusoïdale avec des points de coupure pour simplifier les calculs (**Tableau 1.2**). Ce modèle Utah modifié a été employé par [92] pour étudier les tendances du froid hivernal chez les arbres fruitiers à feuilles caduques en Australie. Le modèle présente la fonction suivante :

$$UC = \sum_{i=1}^t T$$

Avec :

$$T = \begin{cases} T < 0 : 0 \\ 0 < T \leq 25 : \sin\left(\frac{2\pi}{28} \times T\right) \\ T > 25 : -1 \end{cases}$$

8.1.6 Modèle North Carolina

Le modèle de Caroline du Nord, développé par [93] dérivé du modèle de l'Utah, prédit la fin de la dormance des pommiers 'Starkinson Delicious' en Caroline du Nord, aux États-Unis (**Tableau 1.2**). Il calcule les unités de refroidissement efficaces en utilisant les températures de l'air, avec une plage de températures plus large et un effet négatif accru lorsque les températures dépassent 21°C pour la dormance. Ce modèle montre un pic optimal d'accumulation de froid à 7,2°C (contre 6,1°C dans le modèle de l'Utah) et une annulation maximale du froid à -2,0 UC à 23,3°C. La principale distinction réside dans la plage de température critique de 7,2°C à 19,5°C, particulièrement significative dans les climats chauds. De plus, le modèle de Caroline du Nord a un seuil de température plus bas pour l'accumulation de CU (-1,1°C) par rapport au modèle de l'Utah (+1,4°C) [93]. Malgré l'évaluation des performances des modèles horticoles de froid, le modèle dynamique demeure le plus adapté pour les régions chaudes, bien que la précision de tous ces modèles reste insuffisante et ne puisse toujours pas expliquer certains aspects de la levée de la dormance dans les zones à climat chaud [42,63].

Tableau 1.2: Évaluations comparatives des modèles de froid des cultures horticoles [42].

Modèles Testés	Meilleur modèle	Espèces utilisées	Approche utilisée	Emplacement étudié
----------------	-----------------	-------------------	-------------------	--------------------

Utah	Modèle Dynamique	<ul style="list-style-type: none"> • Nectarines • Pêcher • Eucalyptus • Abricotier • Noyer • Pistachier 	<ul style="list-style-type: none"> • Essais de forçage contrôlés • Essais de terrain sur plusieurs sites • Évaluation statistique des données de phénologie 	<ul style="list-style-type: none"> • Afrique du Sud • Ile de la Réunion • France • Espagne • Allemagne • Californie • Chili • Italie • Tunisie
Dynamique		<ul style="list-style-type: none"> • Nectarines • Pêcher • Eucalyptus • Abricotier • Noyer • Pistachier 	<ul style="list-style-type: none"> • Essais de forçage contrôlés • Essais de terrain sur plusieurs sites • Évaluation statistique des données de phénologie 	<ul style="list-style-type: none"> • Afrique du Sud • Ile de la Réunion • France, • Allemagne • Californie • Chili • Italie • Australie • Espagne • Tunisie
Heures de froid		<ul style="list-style-type: none"> • Abricotier • Noyer • Pistachier • Pêcher 	<ul style="list-style-type: none"> • Essais de forçage contrôlés, • Évaluation statistique des données de phénologie 	<ul style="list-style-type: none"> • Afrique du Sud • Espagne • Californie • Chili • Australie • Allemagne • Tunisie
Utah positif		<ul style="list-style-type: none"> • Eucalyptus • Noyer 	<ul style="list-style-type: none"> • Essais de terrain sur plusieurs sites • Évaluation statistique des données de phénologie 	<ul style="list-style-type: none"> • Afrique du Sud • Allemagne • Californie • Chilli • Australie

8.2 Modèle d'estimation des besoins en chaleur

La chaleur est indispensable pour le développement de la phase de l'éco-dormance, qui permet le développement des fleurs, des feuilles et des fruits. La chaleur nécessaire est estimée en heures ou en jours. Les besoins en chaleur sont spécifiques d'une espèce à une autre et

dépendent également des régions de culture [23]. Le kaki, le raisin muscadine, le noyer et le pacanier ont une floraison tardive (besoin élevé en chaleur) car ils sont originaires de régions de faibles altitudes. L'abricotier a une faible demande en chaleur, tout comme l'amandier et le prunier en comparaison au pêcher, qui exige une quantité de chaleur plus élevée pour la floraison [94].

Les chercheurs ont créé des modèles mathématiques qui établissent une corrélation entre les températures et les transitions d'un stade phénologique donné au suivant afin de quantifier la chaleur nécessaire. En horticulture, l'estimation des besoins en chaleur est indispensable pour comprendre comment la chaleur s'implique dans le développement des différents stades phénologiques de la plante et ainsi faire face aux différents problèmes auxquels on fait face lors de la culture. La température de base pour qu'une espèce accumule de la température a été estimée à 2-4,5°C. Ces réflexions ont permis de développer des modèles d'estimation de la chaleur en se basant sur les températures seuil ou optimales des espèces [95].

8.2.1 Growing Degree Hours (GDH)

Le modèle Growing Degree Hours (GDH) évalue les températures de croissance à partir d'un seuil de base de 4,5°C. Utilisé initialement pour le développement des bourgeons d'arbres fruitiers, il mesure l'accumulation de chaleur en GDH, calculée comme les heures au-dessus de 4,4°C depuis la dormance jusqu'à la pleine floraison. Les températures excédant 25°C sont plafonnées à 25°C, chaque unité GDH représentant une heure à une température supérieure de 1°C au seuil de base [69]. Ce modèle GDH-Utah repose donc sur la formule suivante :

$$GDH = \sum(T_m - 4.5^{\circ}C), \text{ si } 4.5^{\circ}C \leq T \leq 25^{\circ}C \quad GDH = 1$$

$$\text{si } T \leq 4.5^{\circ}C, \quad GDH = 0$$

T_m : est la température horaire journalière et 4.5°C est la température de base.

8.2.2 Growing Degree Hours ASYMCUR

Le modèle ASYMCUR prédit les stades de floraison de la variété de cerise 'Montmorency' dans l'Utah en utilisant trois températures cardinales : une température de base de 4°C, une température optimale de 25°C et une température critique de 36°C. L'accumulation de chaleur se fait entre la température de base et la température critique, avec un pic d'accumulation à la température optimale. Les degrés-heures de croissance (GDH) sont calculés

à l'aide d'une formule de courbe en cosinus modifiée [96]. Le calcul de la GDH se fait selon la fonction suivante :

$$GDH = \begin{cases} F \left(\frac{T_u - T_b}{2} \right) \left(1 + \cos \left(\pi + \pi \frac{T_i - T_b}{T_u - T_b} \right) \right), & T_b < T_i < T_u \\ F(T_u - T_b) \left(1 + \cos \left(\frac{\pi}{2} + \frac{\pi}{2} \frac{T_i - T_u}{T_c - T_u} \right) \right), & T_u < T_i < T_c \\ 0, & T_i > T_c \quad \text{ou} \quad T_i < T_b, \quad 1 \end{cases}$$

Avec :

(Tc) = température critique.

(F) = facteur de stress (F = 1 plante non stressée).

(Tu-Tb = A) = et correspond à l'amplitude de la courbe de la croissance.

(Ti) = température horaire.

(Tu) = Température optimale.

(Tb) = température de base.

9 Maladies de *Prunus armeniaca* : ravageur, bactérie, champignons et virus

Les abricotiers peuvent être affectés par diverses maladies causées par des parasites, des bactéries, des champignons et des virus. Les pucerons farineux du prunier affaiblissent les arbres fruitiers en se nourrissant d'eux, réduisant ainsi leur vigueur. Le miellat qu'ils sécrètent attire les champignons, qui peuvent recouvrir les feuilles et les fruits. La gommose est un exsudat de gomme se développe fréquemment à l'aisselle des rameaux ou autour des bourgeons sur la plupart des arbres à noyau. Le stress, comme celui des jeunes plants lors de la transplantation, les problèmes de déséquilibre nutritionnel (excès ou manque de fertilisants) ou le vieillissement des arbres sont généralement à l'origine (**Figure 1.4**) [53,97]. L'abricotier est touché par différentes attaques d'acariens, qui se traduisent par une couleur grisâtre des feuilles qui peuvent tomber prématurément. Des acariens sont visibles à l'œil nu sur la face inférieure des feuilles (**Figure 1.4**). Les fruits sont endommagés par la cératite, une mouche polyphage

qui pond ses œufs par une piqûre. Les larves qui en sortent s'installent alors dans la pulpe, qui s'en décompose rapidement. Les fruits touchés s'effondrent ensuite de l'arbre (**Figure 1.4**). Le champignon *Monilia laxa* (Moniliose) provoque une grave maladie chez les abricotiers, ainsi que chez les pruniers, les cerisiers et d'autres arbres rosacés ; la maladie commence par les fleurs d'abricotier et se propage aux feuilles et aux rameaux [53,97]. La sharka est une maladie causée par le *Plum Pox virus* (PPV), qui affecte sévèrement les arbres fruitiers à noyau du genre *Prunus*, et qui est répandue en Europe de l'Est et dans les régions méditerranéennes [98]. Il n'y a aucun signe de cette maladie sur les abricotiers cultivés en Algérie. Parmi les maladies observées dans les cultures d'abricotiers algériennes (**Figure 1.4**), la plus répandue est la moniliose.



Figure 1.4: Différentes maladies d'abricotier.

10 Importance nutritionnelle de *Prunus armeniaca*

L'abricot est un fruit à saveur et arôme agréables, attrayants, délicieux et très nutritifs. Il est consommé frais, confit, sec, ou sous forme de jus [53]. L'abricot frais constitue une bonne source de vitamines (A, C, E, et provitamine A), d'ions potassium, de caroténoïdes (le bêta-carotène) qui confèrent à la fleur et au fruit des couleurs jaune, orange et rouge [52,55,99]. La quantité de bêta-carotène est proportionnelle à la couleur du fruit ; la couleur blanchâtre contient moins de bêta-carotène que le fruit avec une couleur de peau orange ou jaunâtre [3]. Il contient également des sucres (le plus dominant est le saccharose, mais il contient aussi du glucose, du fructose, du sorbitol), des composés phénoliques (catéchine, épicatechine, acide chlorogénique et l'acide néo-chlorogénique), des acides organiques dont les plus abondants sont l'acide malique et l'acide citrique. Les acides aminés les plus présents sont l'asparagine, l'acide

aspartique, la sérine, l'alanine, et l'acide glutamique [55]. Il contient également des minéraux tels que le calcium, le phosphate, le magnésium, le fer et le cuivre (**Tableau 1.3**) [50].

Son huile est utilisée comme produit cosmétique, constituée à 90% d'acides gras insaturés et de vitamine F (oméga 3) qui ont pour rôle la défense, la préservation et la réparation vitale de l'organisme [53]. Elle est également utilisée pour le traitement des muscles tendus et des courbatures [100]. L'amande du fruit est douce ou amère (selon la variété), elle constitue une source de protéines diététiques, d'huile et de fibres. Sa riche composition affiche un pouvoir antioxydant et antimicrobien élevé. Elle est utilisée également dans la production de produits cosmétiques, de produits organiques (benzaldéhyde), de produits pharmaceutiques, et aussi dans la médecine traditionnelle (la pâte d'amande est utilisée pour guérir les infections vaginales). Le cyanure d'hydrogène, présent dans les amandes amères, est utilisé pour traiter l'asthme, la toux et la constipation [50].

Les bienfaits de l'abricot incluent sa capacité à traiter l'indigestion, la constipation, l'anémie et les fièvres [100]. Les différentes parties de l'abricotier (les amandes qui sont amères, froides et toxiques, les fleurs, les fruits et les racines) sont largement utilisés dans la médecine traditionnelle chinoise pour soulager la toux et l'asthme, hydrater les poumons et atténuer la douleur [3].

Tableau 1.3: Valeur nutritionnelle du fruit et l'amande d'abricot [3].

Composés	La quantité en % et mg
La teneur en eau	78.3-89.4 %
Les Protéines	1.1-1.6 %
Les Fibre	2.00-3.00 %
Teneur en solide soluble totale	6-20.7 %
Le fructose	0.3-0.5 %
Le glucose	1.1-2.7 %
Le sucrose	4.4-5.1 %
La teneur en acide titrable	0.7-3.2 %
Les acides Organiques	2.60%
L'acide malique	0.40%

L'acide citrique	2.10%
Le calcium dans 100g de chair	11-16 mg
Le phosphore dans 100g de chair	9mg
Le potassium dans 100g de chair	320-350mg
Le sodium dans 100g de chair	1mg
Le magnésium dans 100g de chair	9mg
Le fer dans 100g de chair	0.3mg
Le zinc dans 100g de chair	0.1mg
La Vitamine C dans 100g de chair	2.10-14.60mg
La Vitamine B1 dans 100g de chair	0.01-0.03mg
La Vitamine B2 dans 100g de chair	0.03-0.23mg
La Vitamine B6 dans 100g de chair	0.01-0.04mg
La Vitamine E dans 100g de chair	0.022-1.16mg
Le β -carotène dans 100g de chair	0.07-7.82 mg

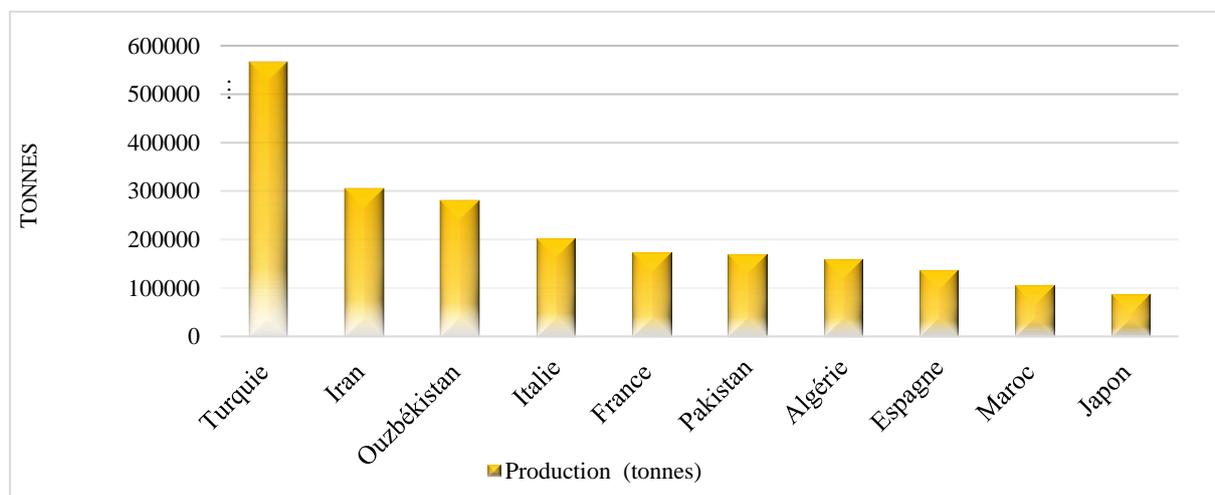
11 Importance économique de *Prunus armeniaca*

11.1 Production Mondiale

Les abricotiers sont la deuxième espèce de fruits à noyaux la plus importante au monde, avec la septième production mondiale de fruits tempérés. L'abricot est commercialisé dans le monde entier (**Figure 1.5**) sous différentes formes selon le pays (compote, confiture, tarte, fruit sec, jus, conserves et nectars).



(A)



(B)

Figure 1.5: Production mondiale moyenne des différents pays producteurs d'abricot (1994-2021) [5].

En 2021 la production mondiale d'abricots est d'environ 3 578 412,14 tonnes sur une superficie de 551 874 hectares, localisée à 56% en Asie et 40% dans le Bassin méditerranéen, dont 26,2% en Europe et 13,4% en Afrique (**Figure 1.6**). L'abricotier est une espèce soumise à l'alternance, c'est-à-dire qu'après une année de forte production, succède une année de faible production [5].

Les abricots ont une capacité de stockage limitée, ce qui entraîne des échanges localisés sur le marché, principalement dans les pays méditerranéens. Le commerce mondial des abricots

frais s'élève à 492 017 tonnes, la majorité étant transformée en produits. Le premier exportateur d'abricots frais est l'Espagne, tandis que la Turquie est en tête des exportations d'abricots secs. D'autres pays se concentrent sur des produits spécialisés comme les abricots au sirop de Grèce et les produits semi-finis pour desserts du Maroc.

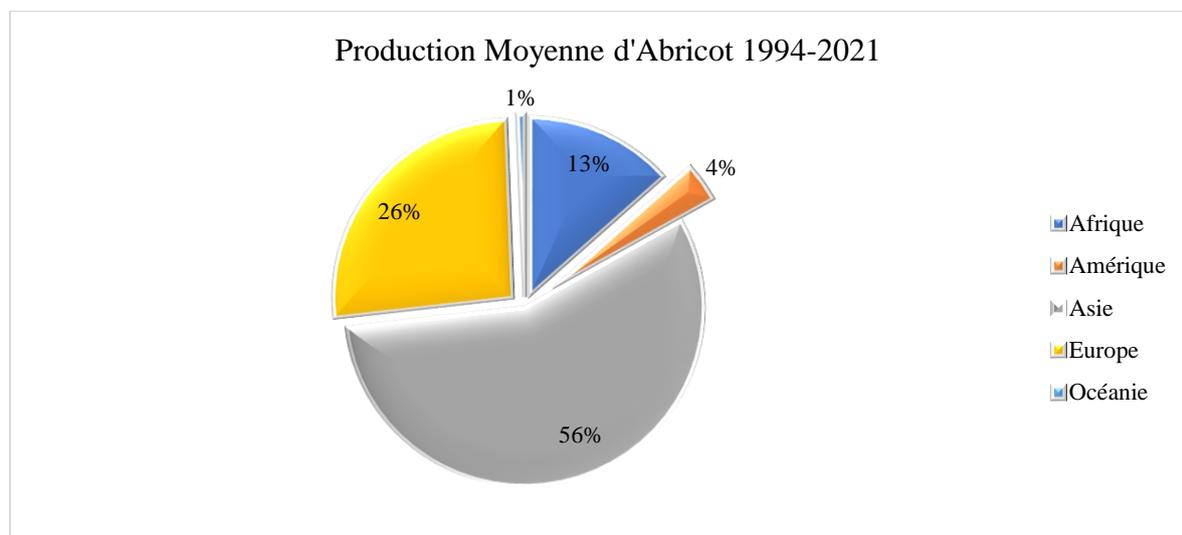


Figure 1.6: Capacité de production d'abricot des différents continents [5].

11.2 Production en Algérie

En 2021, l'Algérie a connu une croissance économique remarquable, devenant le premier pays africain producteur d'abricots avec une production de 189 724 tonnes sur une superficie de 27 185 hectares [5]. Le secteur de l'agriculture est l'un de ceux qui ont connu le plus de changements, avec des avancées significatives dans la production de nombreux aliments et produits. L'abricot, ce fruit délicieux tant apprécié par les Algériens, se positionne en tête de la production nationale. Selon les dernières données disponibles de la FAOSTAT [5], nous occupons la 7ème place mondiale parmi les plus grands producteurs d'abricots, juste derrière la Turquie, l'Ouzbékistan, l'Iran, l'Italie, la France et le Pakistan. L'Algérie se distingue non seulement par l'abondance des vergers à l'échelle internationale, mais établit également des records sur le continent africain. Les statistiques les plus récentes révèlent que l'Algérie est le premier producteur d'abricots en Afrique, surpassant largement les productions du Maroc et de l'Égypte. Les abricots sont commercialisés sous forme de fruits frais, secs, en compote, ou en

jus. Les régions les plus productrices d'abricots en Algérie sont Khenchela, Biskra, Tiaret, Batna et M'sila, avec une production de 7809.5, 6890.6, 6061, 25463.7, 29400 tonnes sur une superficie de 1 293, 1665, 1102, 4225, 4567 ha respectivement (**Figure 1.7**). Les variétés les plus cultivées en grande quantité sont Boulida Tounsi (M'sila), Louzi, Rosi (Batna), Bish, Khadromia (Biskra). La majorité est consommée frais pour son goût délicieux, et les autres sont transformées en jus ou séchées (Fermasse) [6].

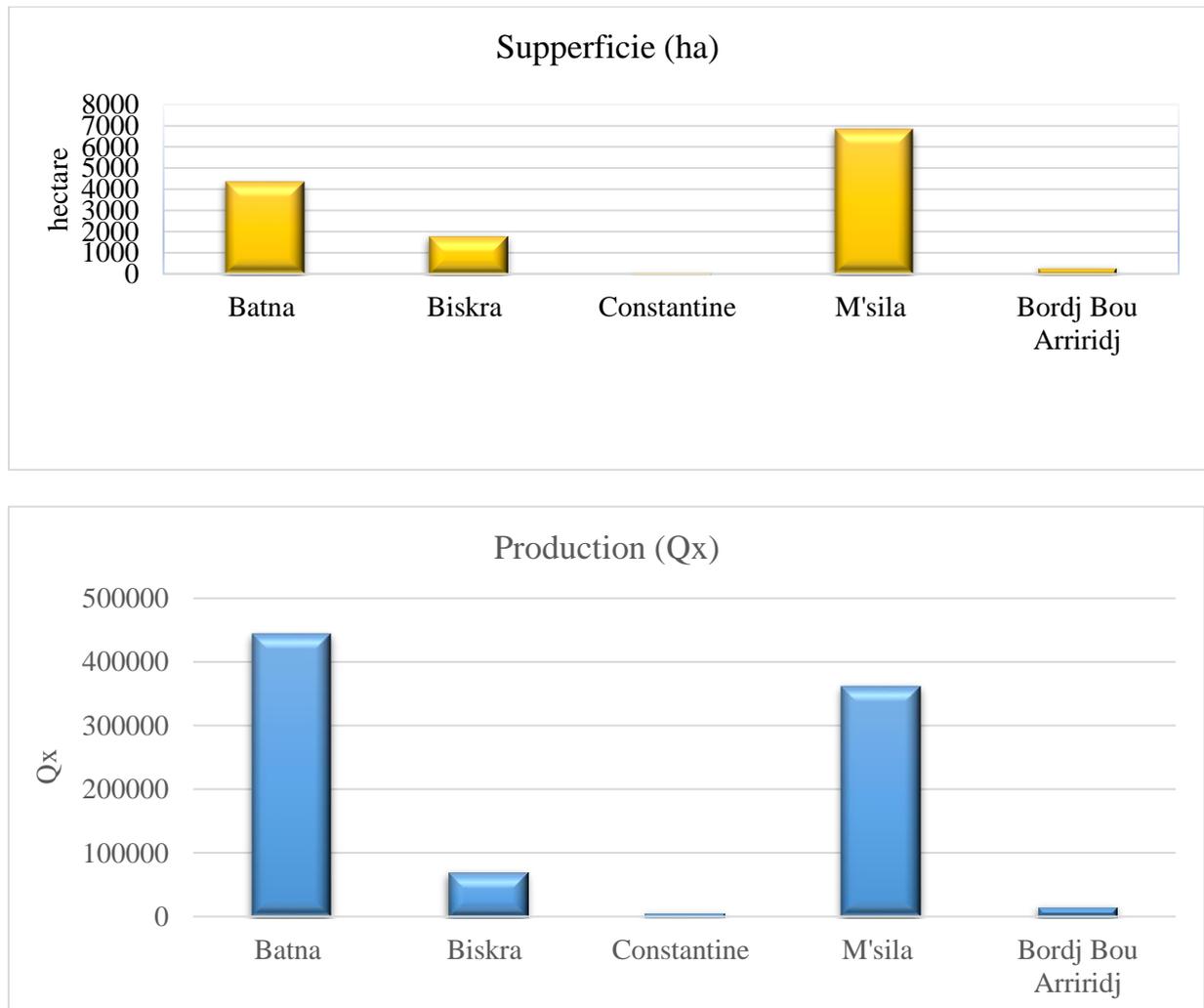


Figure 1.7: Taux de production d'abricot en Algérie [6]

11.3 Développement de la culture de l'abricotier en Algérie

Elle a connu une croissance importante entre 2000 et 2013, la superficie passant de 13 390 hectares en 2000 à 49 495 hectares en 2010, dont une augmentation de 72,90 %, qui est

associée à une augmentation annuelle moyenne de 7,30 % au cours de cette période. La production a également augmenté au cours de cette période, atteignant un pic de 319 784 tonnes en 2013 contre 56 354 tonnes en 2000, ce qui représente une augmentation de 82,40 %. La progression annuelle moyenne de la production entre 2000 et 2010 a été de 6,3 %. Ces progrès sont dus à la mise en œuvre du Plan national de développement agricole et rural (PNDAR) en 2000, qui visait à stimuler la production, à étendre les terres agricoles, à réduire les importations de semences, à adapter les systèmes de production et à introduire de nouvelles techniques d'irrigation. Cependant, de 2014 à 2019, la production d'abricots devrait augmenter de plus de 50 %. Cependant, de 2014 à 2019, la production d'abricots et les superficies récoltées ont fluctué, la superficie passant de 49 495 hectares en 2010 à 30 861 hectares en 2014, soit une réduction de 37,60 %. De même, la production a atteint son point le plus bas en 2019 avec 209 204 tonnes contre 319 784 tonnes en 2013, soit une baisse de 34,60 %. Ces baisses peuvent être attribuées à des facteurs tels que le changement climatique, notamment les vagues de chaleur et les sécheresses, la diminution des précipitations entraînant la désertification et le stress hydrique, le vieillissement des vergers, le manque d'entretien et les traitements phytosanitaires inadéquats, qui peuvent exacerber les problèmes de parasites dans les vergers affaiblis [6]

CHAPITRE 2 : STRESS *ABIOTIQUE*

1. Généralités

Chaque culture est soumise à une forme de stress pendant son développement [101]. Lorsque le stress est causé par un organisme vivant, comme des champignons ou des insectes, on parle de stress biotique [102]. Les stress abiotiques sont des conditions de croissance sous-optimales telles que la sécheresse, les carences en minéraux, le ralentissement de la croissance ou les dommages résultant d'une pulvérisation de produits phytosanitaires, les variations fortes de température, le gel, le vent, la grêle, l'excès d'eau et un fort taux de salinité, qui peuvent provoquer des stress abiotiques [103]. L'environnement des cultures est déstabilisé par ces variations climatiques, provoquant des stress qui ont un impact sur la productivité des plantes, principalement pendant les périodes sensibles telles que la floraison et la nouaison [104,105]. En général, les cultures supportent bien le stress tant qu'il ne dure pas longtemps, mais en cas de stress structurel ou continu, la culture réagit par une réaction de stress [106]. Malgré l'efficacité de ce mécanisme de survie, il nécessite une grande quantité d'énergie de la part de la culture, ce qui peut entraîner une perte de rendement et de qualité [107]. Ainsi, en cas de stress persistant, il est essentiel de soutenir la culture autant que possible.

2. Réchauffement climatique dans le monde

Les changements climatiques sont une question qui touche tout le monde avec une progression continue [108]. Des rapports scientifiques, d'experts et d'organisations internationales soutiennent cette affirmation [63,109–112]. Le réchauffement climatique est un changement inhabituel du climat et de l'atmosphère terrestre [113], les gaz à effet de serre émis par les industries et les usines polluantes sont la principale cause de ce problème, qui a commencé avec la révolution industrielle [114]. Selon les experts du Groupe Intergouvernemental de l'Évolution du Climat (GIEC), la température moyenne de l'Europe augmentera de 2 à 6 °C d'ici la fin du XXI^e siècle en fonction des régions, des modèles climatiques et des scénarios socio-économiques [115]. De plus, les sécheresses d'été seront plus sévères [116]. Le nord de l'Algérie a un climat méditerranéen, tandis que la plupart du pays est désertique [117]. Des hivers humides et doux ainsi que des étés chauds et secs caractérisent le climat méditerranéen subhumide sur la côte et dans les montagnes du Tell Atlas [118–120],

avec des températures moyennes saisonnières d'hiver de 12°C à 23°C et d'été de 38°C à 48°C (**Figure 1.8**) [121].

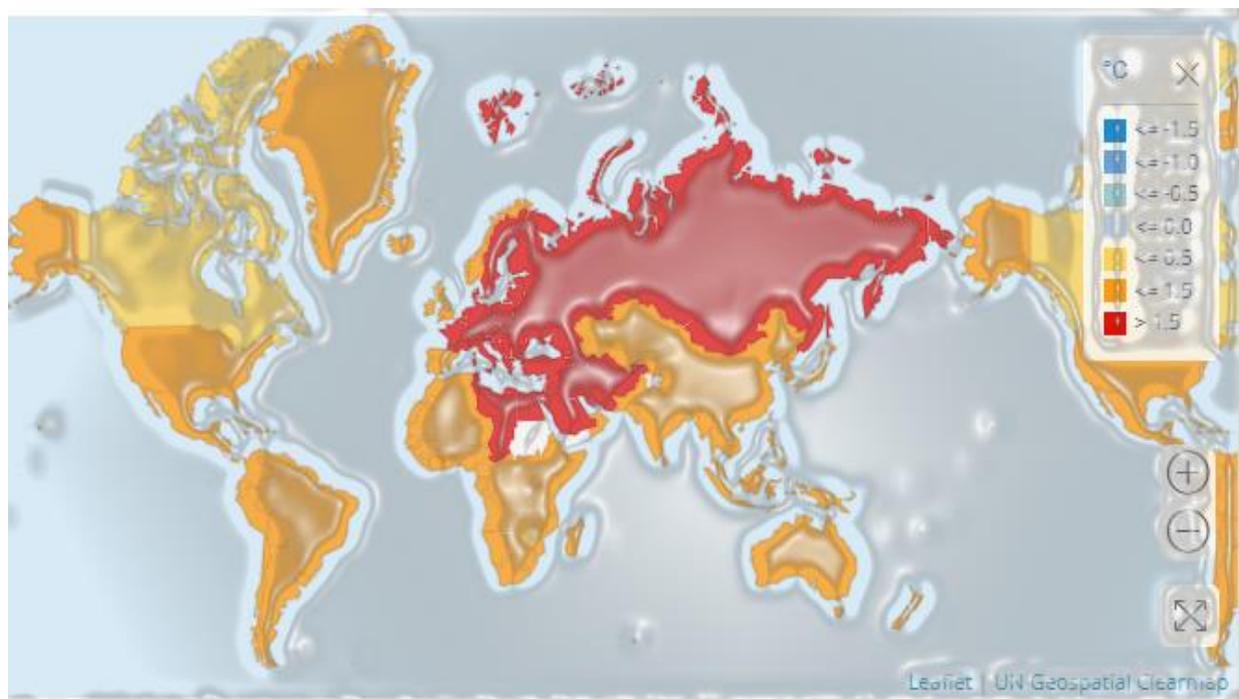


Figure 1.8: Taux d'augmentation des températures moyennes au cours d'une année météorologique.

L'Algérie n'est pas à l'abri du réchauffement climatique et subit ses conséquences nuisibles ; les conditions météorologiques extrêmes ou non saisonnières ont touché l'Algérie [111], tout comme de nombreux autres pays africains [122]. La région est bien connue pour son climat aride et semi-aride, mais elle est particulièrement exposée aux changements climatiques. Les phénomènes météorologiques extrêmes ont augmenté au cours des 50 dernières années [110]. Le GIEC a classé l'Algérie parmi les 24 « hot spots » les plus vulnérables au changement climatique en région méditerranéenne [123].

L'Algérie est l'un des pays en développement dont l'économie est principalement basée sur le secteur pétrolier et gazier [124], qui produit la plus grande part des émissions de GES [125,126]. Sur la base des données de 2000, la consommation d'énergie est la première source d'émissions de GES de l'Algérie, responsable de 75 % des émissions totales du pays [111]. Les émissions liées à la consommation d'énergie comprennent celles provenant de la production, du transport, de la construction et de la fabrication (environ 46 % des émissions liées à la consommation d'énergie), de la production, de la transformation et du transport des

hydrocarbures (environ 20 %), et de la liquéfaction du gaz naturel (environ 8 %) (**Figure 1.9**). Le secteur agricole, le changement d'affectation des terres et la sylviculture sont responsables de 11 % des émissions totales de GES. La gestion des déchets et les activités industrielles sont responsables de 10 % des émissions totales : les décharges émettent 95 % de méthane (CH₄) et l'industrie du ciment 5 % de CO₂ [111].

La stratégie algérienne est basée sur trois piliers, car elle est fortement exposée au changement climatique d'un point de vue naturel et économique : assurer le développement durable de la nation en atteignant l'adaptation au changement climatique, et diminuer les émissions de gaz à effet de serre [127].

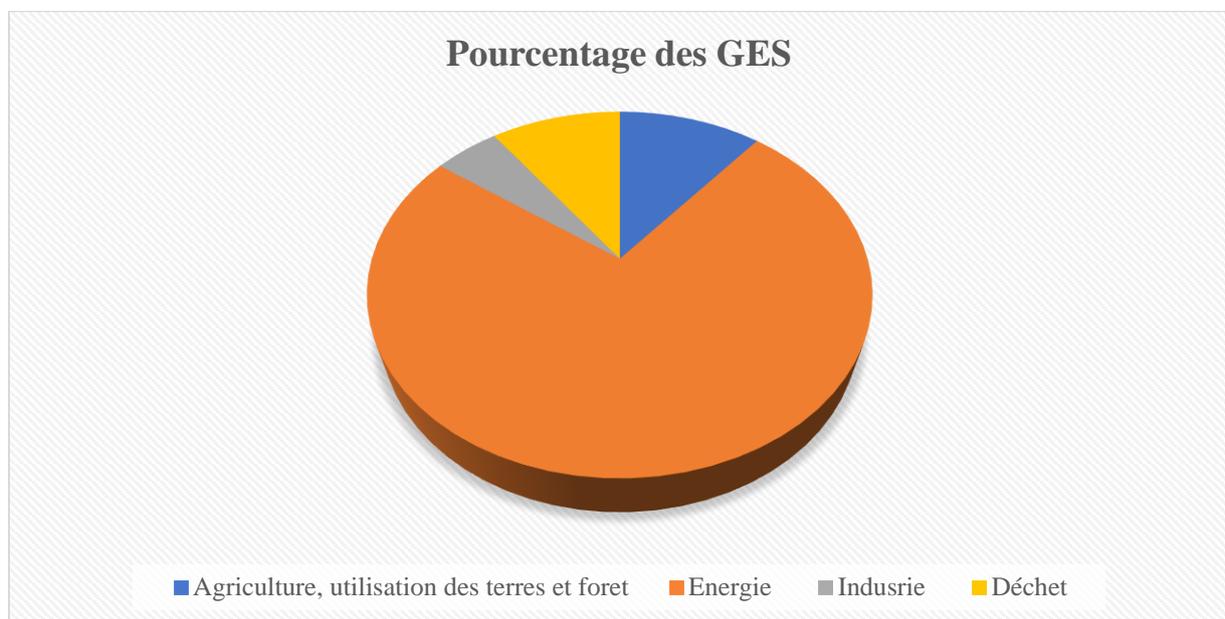


Figure 1.9: Pourcentage de GES émis par chaque secteur en Algérie [111].

L'Algérie a été affectée par des événements climatiques extrêmes réguliers, tels que les inondations, les sécheresses et les incendies de forêts, et a rapidement pris des mesures d'adaptation pour protéger ses populations et ses infrastructures [128]. Selon les scientifiques, les chutes de pluie vont diminuer d'environ 20 % dans les années à venir [129]. Les experts de l'Institut hydrométéorologique de Formation et de Recherche ont prévu un raccourcissement de la saison des pluies et une augmentation des températures d'environ 1 à 1,5 °C en 2020, ce qui aurait des conséquences fatales pour la flore et la faune terrestres et marines qui ont été

grandement touchées par cette augmentation (**Figure 1.10**) [110]. Plusieurs régions d'Algérie, telles que Tlemcen, Ouarsenis et Djurdjura, ont vu une baisse de 40 % des chutes de neige [109,110]. La raréfaction et/ou la disparition des espèces au détriment d'autres, la désertification et la pollution, qui entraînent la dégradation de l'environnement (**Figure 1.11**), sont tous des signes du changement climatique [130].

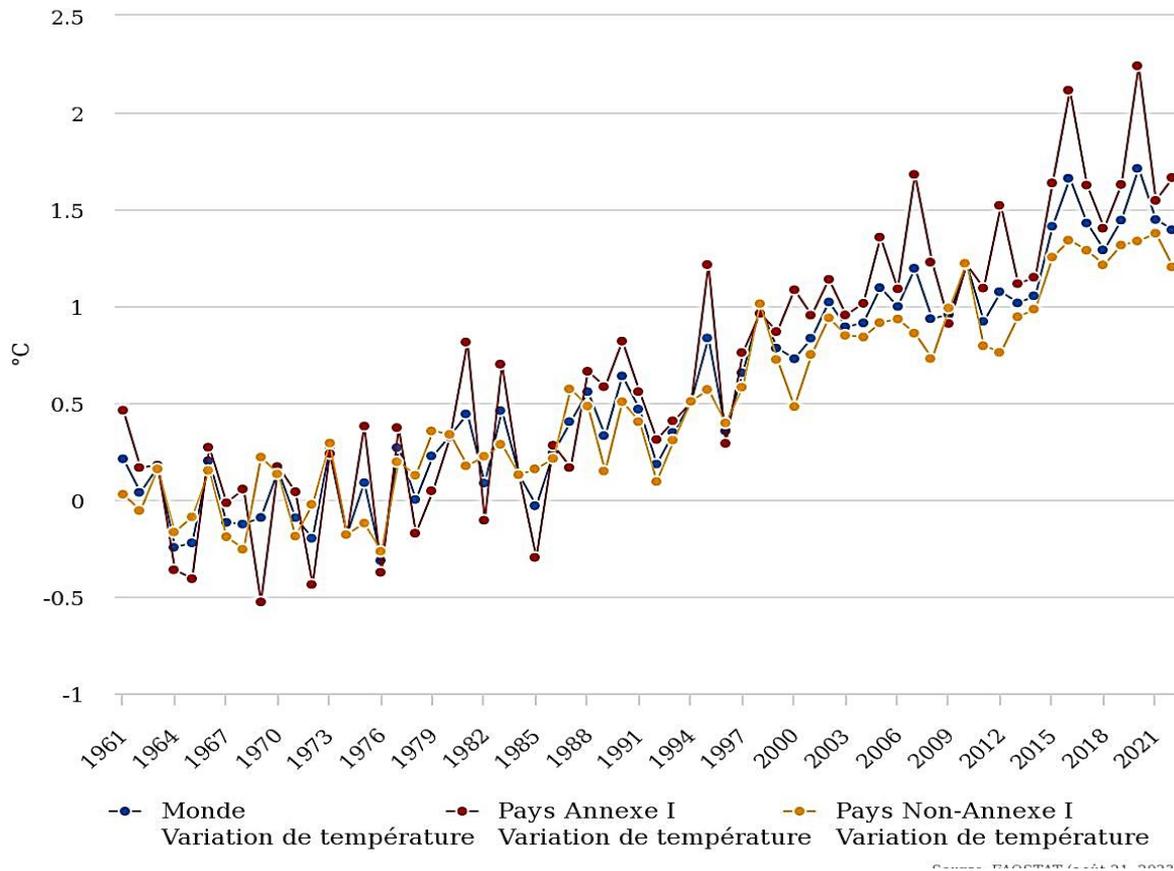


Figure 1.10: Taux de variation de la température au cours d'une année météorologique depuis 1961-2021.

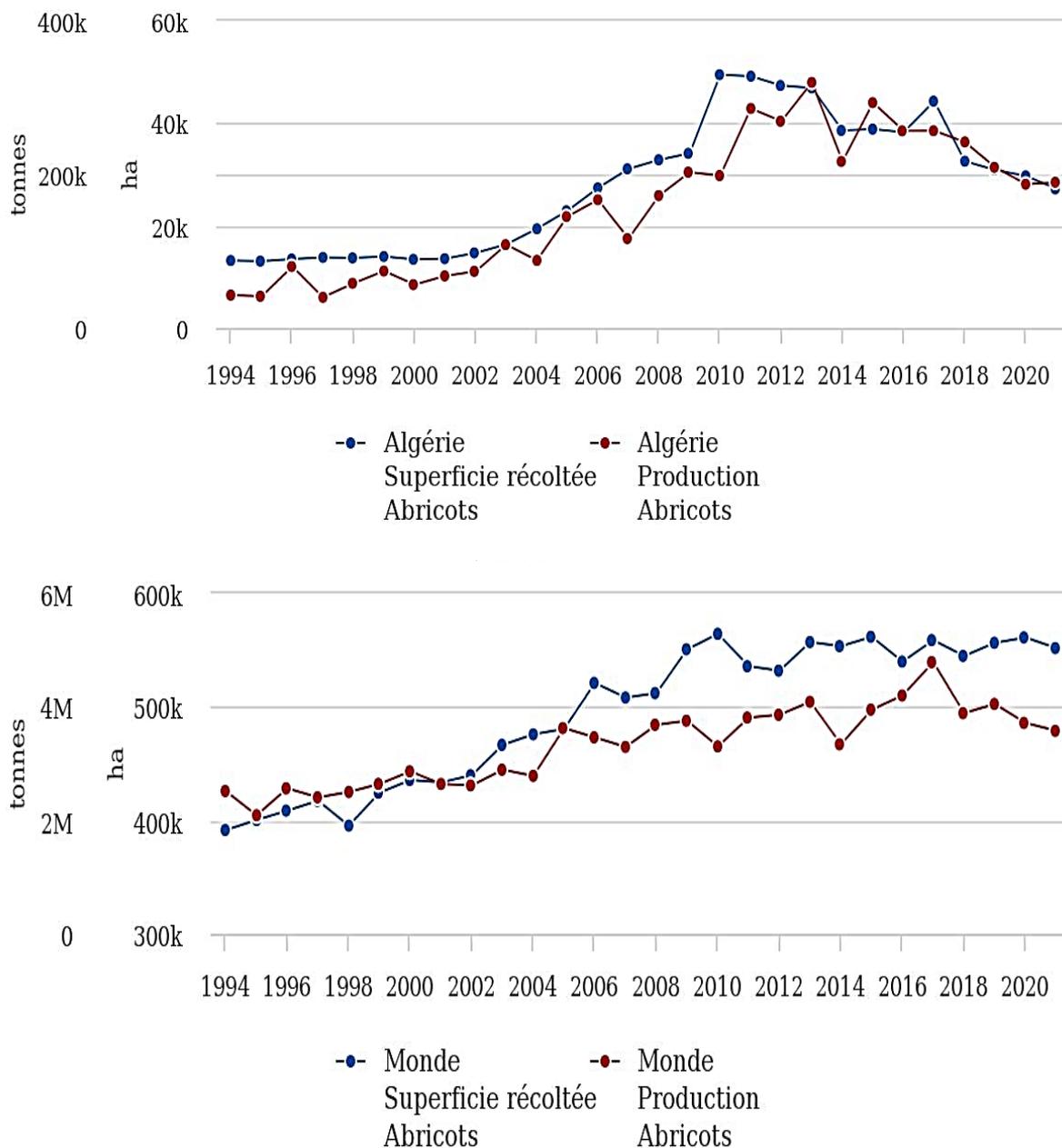


Figure 1.11: Baisse de rendement et de superficie de production d’abricot dans le monde et en Algérie.

En Algérie, le réchauffement climatique est une préoccupation depuis 1993, où le pays s'est engagé auprès de la Convention-Cadre des Nations Unies sur les Changements climatiques, visant à stabiliser les émissions de gaz à effet de serre afin d'éviter que l'activité humaine ne perturbe le système climatique. Cela a conduit à la réalisation de l'inventaire national des émissions de gaz à effet de serre, conformément au guide méthodologique (version

1996) du GIEC, ainsi qu'à l'élaboration d'une stratégie visant à atténuer les effets du réchauffement climatique sur les secteurs socio-économique et nutritionnel [131].

Les risques majeurs liés au changement climatique incluent la menace de catastrophes naturelles telles que la désertification, la sécheresse, la dégradation des oasis, les tempêtes, les inondations et les invasions acridiennes, qui menacent la sécurité du pays, en particulier dans la partie nord où la population est plus dense [5].

3. Réchauffement climatique futur dans le monde et en Algérie

L'augmentation de la température devrait atteindre 1,5 °C ou plus d'ici 2050, comme prévu. Les changements au niveau de CO₂, de la température, des précipitations, de l'élévation du niveau de la mer, des tempêtes et de la variabilité peuvent provoquer [108] :

- Baisse de la consommation d'eau due à l'augmentation de la concentration en CO₂ de 360 ppm à 450-600 ppm.
- Augmentation de la température de 1 à 2°C, vagues de chaleur plus fréquentes, et réchauffement hivernal dépassant celui des étés, entraînant un stress thermique, une évapotranspiration accrue, des saisons de croissance plus courtes et des changements dans la répartition géographique.
- Changements saisonniers de ±10% provoquant des stress de sécheresse et des inondations, affectant le travail du sol, l'irrigation et la transpiration.
- Hausse du niveau de la mer de 10 à 15 cm dans le sud, compensée par un affaissement naturel dans le nord, entraînant des inondations, une érosion côtière, une perte de terres, une salinité du sol et une salinisation des eaux souterraines.
- Gel des cultures, érosion du sol et infiltration réduite des précipitations en raison de précipitations intenses et de vents forts, surtout dans le nord.
- Risque changeant d'événements dommageables tels que les sécheresses, les inondations, les vagues de chaleur et les gelées impactant les cultures et les opérations agricoles en raison de l'augmentation des variables climatiques avec des prévisions incertaines.
- Futurs défis agricoles liés au changement climatique.
- Problèmes de sécheresse.
- Préoccupations concernant l'érosion des sols.
- Baisse de la productivité due aux perturbations du cycle végétal.

- Pénurie de ressources productives telles que le sol et l'eau, entraînant une réduction des terres agricoles et aggravant les problèmes d'irrigation.
- Diminution de la sécurité alimentaire due à la baisse des rendements agricoles (**Figure 1.11**), nécessitant un développement stratégique pour une croissance économique durable et une utilisation rationnelle des ressources grâce à des investissements technologiques.

4. Effet du réchauffement climatique sur l'abricotier

Il est essentiel de comprendre que les éléments climatiques tels que la température, l'humidité, le dioxyde de carbone atmosphérique, les précipitations, la vitesse du vent, la lumière du soleil et l'indice ultraviolet contrôlent le rendement des arbres fruitiers tempérés, comme celui d'autres cultures horticoles. Pour les cultures d'arbres tempérés, la température et le CO₂ atmosphérique sont les éléments climatiques les plus importants [20]. Un changement dans ces éléments climatiques va influencer le nombre d'heures de refroidissement nécessaires à la levée de la dormance ainsi que le rendement et la qualité des fruits des cultures fruitières tempérées [20,132–134]. Les modifications du climat affectent la durée de la saison de végétation et le cycle phénologique de la plante, en particulier par une augmentation des températures moyennes et des épisodes de stress thermiques [108]. L'influence du réchauffement climatique sur les arbres fruitiers est étudiée sur le terrain depuis plusieurs années. Des changements ont été observés dans le calendrier des étapes phénologiques importantes telles que la floraison, le débourrement, la dormance, la maturation et la durée totale du cycle de développement et de croissance, sont observés en arboriculture. Le risque de dommages printaniers augmente lorsque la floraison progresse et que les gels nocturnes sont plus fréquents à certaines périodes. Selon les stades de développement des cultures, les changements de température peuvent affecter les processus de l'arbre et du fruit, influençant le rendement et la qualité des fruits au cours des différentes saisons. [62].

Le changement climatique affecte considérablement l'horticulture en perturbant le calendrier et la durée des phases phénologiques des arbres fruitiers, ce qui peut avoir un impact sur le développement du rendement et la production finale. Les événements climatiques peuvent avoir un impact économique important sur la production horticole, avec la période de floraison comme moment critique. Le risque de dommages printaniers augmente lorsque la floraison progresse pendant les périodes de gel nocturne. D'autres effets sont également prévus, tels que

la modification de la qualité du fruit, la coloration, la dynamique de croissance reproductive et végétative, et le rapport sucres/acides [62]. Paradoxalement, les gelées ne diminueront pas. L'hiver sera moins chaud que l'été, ce qui signifie que l'hiver qui se réchauffe moins aura toujours des risques de gels printaniers. Par conséquent, le gel printanier ne diminuera pas de 86 % les productions de fruits. L'abricot et la pomme sont parmi les fruits les plus touchés. Le climat affectera 20 % de la production de pommes et 60 % de celle des abricots. L'abricotier n'est pas aussi adaptable aux conditions climatiques que d'autres fruits à noyau. Une variété qui produit correctement dans une région est souvent improductive dans une autre. L'abricotier a des besoins d'une saison hivernale froide et humide pour la sortie de dormance, et un été chaud et sec pour le développement du fruit ; un temps humide provoque l'éclatement du fruit, une période de gel printanier est un risque pour les variétés qui fleurissent tôt. Il est résistant à la sécheresse, mais une irrigation est nécessaire lors du développement du fruit, sensible au vent du nord. La température a une grande importance dans les différents cycles de développement de l'arbre et du fruit. Donc, une perturbation de cette dernière entraîne forcément des changements. Beaucoup d'études sont portées sur l'effet de la variation de la température dans le secteur agricole, qui présente une sensibilité face au changement climatique en raison des difficultés d'adaptation au phénomène, telles que la sécheresse, les inondations et le stress thermique qui peuvent se répercuter sur le cycle phénologique de la plante. Des phénomènes d'effet du changement climatique sur le terrain sont constatés, avec des changements dans la phénologie, les dates de floraison (étape la plus critique), de dormance, de débourrement, de maturation, le cycle de développement et de croissance, des pertes importantes sur le rendement en raison de la prolifération des maladies (risque économique), des risques de dégât printanier (gel précoce) pour les variétés à floraison précoce, et des modifications de la qualité du fruit, de la dynamique de la croissance reproductive et végétative [62]. Le réchauffement climatique entraîne généralement une diminution de la vigueur des plantes et une baisse du rendement, de la taille, de la couleur, de la teneur en jus et de la durée de conservation, ainsi qu'une augmentation de l'infestation par les ravageurs [20]. Depuis le début du siècle, la production agricole est affectée par des stress biotiques. Le changement climatique peut avoir un impact plus favorable sur les ravageurs et les maladies en leur permettant de s'installer dans des endroits où ils ne pouvaient pas le faire auparavant ou en leur permettant d'arriver plus tôt dans la saison en raison des hautes températures [108].

5. Stratégie de lutte contre le changement climatique

Le changement climatique suscite des préoccupations mondiales et a un impact sur l'agriculture et ses produits. Le stress abiotique est le type de stress le plus important pour les plantes. Surmonter le déséquilibre agricole causé par le changement climatique représente un défi majeur. La manière de relever ce défi et les stratégies à appliquer ne sont pas encore claires. Les chercheurs doivent donc se concentrer sur l'optimisation de la croissance et du développement des plantes soumises à un stress abiotique. Pour permettre aux plantes de résister aux stress biotiques et abiotiques, de nouvelles méthodes de culture doivent être développées. Il existe de nombreuses approches utiles utilisées par les agriculteurs, y compris des facteurs abiotiques tels que la modification des périodes de plantation et de récolte, un mélange de cultures de courte durée, la rotation des cultures, les techniques d'irrigation et différents schémas de culture. La mise en œuvre de différents modèles de culture et de différentes approches, qu'elles soient conventionnelles ou non conventionnelles, est essentielle pour sauver l'agriculture à l'avenir. Les méthodes de sélection contribueront au développement de cultures résistantes au climat, mieux adaptées à la sécheresse et à la chaleur. Les études d'association à l'échelle du génome (GWAS), la sélection génomique (GS) avec des stratégies de phénotypage et de génotypage à haut débit sont importantes pour identifier les gènes individuels en vue de l'amélioration des cultures dans le contexte du changement climatique. Les approches de génie génétique sont largement utilisées pour développer des plantes transgéniques présentant une résistance accrue à divers facteurs de stress biotiques et abiotiques. À l'avenir, nous devons recourir à l'édition du génome CRISPR/Cas9 pour produire des cultures respectueuses de l'environnement afin de lutter contre le changement climatique [135].

Les dommages causés par les températures basses sur les bourgeons floraux en raison des gelées printanières tardives constituent l'un des risques les plus sérieux pour la production de fruits à noyau, en particulier l'amande et l'abricot. Chez les arbres pérennes tempérés, les bourgeons latéraux passent progressivement à un état de dormance en automne pour se protéger contre les températures hivernales basses. La dormance endogène se caractérise par une inhibition de la croissance après l'arrêt de la croissance des pousses et l'établissement des bourgeons terminaux. Après avoir été exposés à une certaine quantité de froid, les bourgeons endogènes passent à un état d'éco dormance et sont capables d'éclater en réponse à des facteurs

favorisant la croissance, tels que les températures chaudes. Les changements climatiques prévus pour la région méditerranéenne vont fortement affecter la phénologie et la physiologie des arbres, en particulier l'augmentation des températures et des événements météorologiques extrêmes. Le réchauffement hivernal entraîne déjà un avancement de la date de floraison et une accélération des processus de développement (date de feuillaison et maturité des fruits). Les fruits à noyau renferment une gamme de besoins en froid. Cependant, l'introduction de cultivars à faible besoin en froid est particulièrement problématique pour les espèces à floraison précoce, telles que l'abricot et l'amande, exposant les fleurs au risque de dommages causés par les gelées tardives, un problème majeur dans les pays du nord de la Méditerranée. La sélection de cultivars à floraison tardive combinant des besoins en froid faibles et des besoins en chaleur élevés pour surmonter l'éco dormance est l'une des stratégies d'évasion les plus prometteuses. Contrairement au composant génétique bien établi des besoins en froid et à sa relation bien connue avec le moment de la floraison, le contrôle génétique des besoins en chaleur a été controversé chez les espèces de fruits à noyau. Cependant, l'existence d'une contribution potentielle de facteurs génétiques au trait de besoins en chaleur a été suggérée. Chez l'amande, un QTL majeur régulant le moment de la floraison (le locus Lb) explique une partie de la variabilité des besoins en froid. Dans d'autres *Prunus*, l'héritabilité quantitative des besoins en froid pour la sortie de la dormance a également été observée chez la pêche et l'abricot. Chez la pêche, un mutant non dormant lié à un gène récessif unique appelé EVERGROWING (EVG) a été cartographié dans une région contenant six gènes DAM (dormance-associated MADS-box) en tandem, représentant des candidats principaux pour réguler l'arrêt de la croissance et la formation des bourgeons terminaux. L'expression saisonnière des gènes DAM dans les bourgeons latéraux des pêcheurs à besoins élevés et à besoins faibles en froid dans des conditions de champ a indiqué que ces gènes étaient régulés de manière différentielle pendant la libération de la dormance [17,34].

CHAPITRE 3 : TECHNIQUES D'ANALYSE
GENOMIQUE

1 Généralités

L'abricotier est un arbre fruitier entomophile et diploïde ($2n=16$) avec un génome de petite taille (220.36 - 220.56 mégabases), ce qui est caractéristique des *Rosaceae* [3]. La majorité des variétés cultivées sont autofertiles [47]. L'abricotier est considéré comme l'espèce la plus polymorphe parmi les autres arbres fruitiers à noyaux [50].

L'Algérie est un pays menacé par l'érosion génétique, expliquée par la perte de gènes ou de combinaisons de gènes tels que ceux des variétés de terroir adaptées aux conditions locales. Cette menace pèse sur la diversité végétale, causée notamment par la substitution des variétés locales par des variétés plus modernes, qui est l'une des principales causes de l'érosion génétique. D'autres facteurs tels que la détérioration de l'environnement, l'urbanisation, la déforestation et les incendies forestiers contribuent également à cette érosion génétique au niveau de l'abricotier, notamment dans les Aurès.

Plusieurs méthodes statistiques sont utilisées pour déterminer la structure génétique d'une population, en identifiant les différents groupes au sein de cette population, telles que l'AFC (Analyse Factorielle des Correspondances) ou l'établissement d'arbres phylogénétiques par l'application de méthodes telles que Neighbor-Joining. De nombreuses méthodes actuelles sont basées sur le modèle bayésien de regroupement implémenté dans le programme STRUCTURE. Ce programme permet d'estimer conjointement les fréquences alléliques au sein des différentes populations et les coefficients d'appartenance des individus à chaque groupe. D'autres méthodes permettent de mettre en évidence la génétique d'association (étude de la relation génotype-phénotype), qui est en relation avec le déséquilibre de liaison (DL) définissant la relation entre des allèles situés sur différents locus [136].

2 Programme de sélection variétale

La sélection variétale est définie comme la création de nouvelles variétés avec de meilleurs phénotypes pour satisfaire les besoins des consommateurs et des agriculteurs [137], à partir du pool variétal présent au sein de l'espèce et provenant de différentes origines [138]. Elle vise à augmenter la production, à accroître la résistance aux maladies et aux ravageurs, à améliorer la qualité, la résistance au stress abiotique, la photosensibilité, à éliminer les

substances toxiques, et à assurer une maturation synchronisée [139]. Le programme de sélection variétale utilise des méthodes pour créer de nouvelles variétés plus performantes. Ces nouvelles variétés sont divisées en deux types en fonction de la méthode d'utilisation : plantes conventionnelles et non conventionnelles, ou méthodes classiques et modernes respectivement [137].

2.1 Plantes conventionnelles

La sélection conventionnelle permet le développement de nouvelles variétés en utilisant des méthodes naturelles [140]. Les caractéristiques souhaitables sont réunies à partir de pools génétiques différents mais étroitement liés par un processus de croisement, dont le produit est celui dans lequel des traits préexistants sont incorporés à des variétés existantes pour donner naissance à des cultures souhaitables. La sélection variétale implique plusieurs méthodes telles que la sélection, la pollinisation artificielle, l'hybridation, les croisements larges, les cultures embryonnaires, le doublement des chromosomes, les haploïdes doublés, le croisement en pont, et la fusion des protoplastes [137].

2.2 Plantes non conventionnelles

Les plantes issues de méthodes non conventionnelles comprennent la génomique, la phéno-mique et l'enviromique [141]. Elles utilisent des méthodes basées sur la génétique, qui consistent à identifier le phénotype et le génotype des différentes variétés. Les méthodes classiques ont été remplacées pour gagner du temps, car elles peuvent prendre beaucoup de temps, nécessiter plus de main-d'œuvre et être également plus difficiles à mettre en œuvre. De plus, cela permet d'éviter des inconvénients majeurs tels que l'incompatibilité sexuelle et les barrières sexuelles sous forme de pré et post-fécondation [142]. À l'aide d'outils bio-informatiques, les marqueurs génotypiques sont utilisés pour déterminer les marqueurs phénotypiques responsables du caractère souhaité dans la sélection assistée par marqueurs [143].

3 Marqueurs Moléculaires

3.1 Morphologiques

Les marqueurs morphologiques sont généralement des indicateurs visuels de caractères phénotypiquement différents, tels que la couleur, la forme et la taille des fleurs, des graines ou

des feuilles, le type de développement des plantes, les inflorescences, le système racinaire, la pigmentation ou le port [144].

3.2 Biochimiques

Les protéines et les enzymes sont des marqueurs biochimiques informatifs couramment utilisés dans les études sur les plantes [145]. Ils permettent d'identifier efficacement la diversité génétique, la structure des populations, les flux de gènes et la subdivision des populations [141]. Ces marqueurs, co-dominants, sont faciles à utiliser et économiques, comprenant des variantes alléliques d'enzymes connues sous le nom d'iso-enzymes [146]. Les marqueurs iso-enzymes sont des variations dans les enzymes détectées par électrophorèse et une coloration spécifique [147]. Les inconvénients majeurs des marqueurs morphologiques et biochimiques résident dans leur nombre limité et leur sensibilité aux facteurs environnementaux ainsi qu'au stade de développement de la plante [148].

3.3 Cytologiques

Les marqueurs cytologiques sont des indicateurs qui décrivent les changements dans le nombre, les bandes, la taille, la forme, l'ordre et la position des chromosomes. Ces variations reflètent des différences dans la répartition de l'euchromatine et de l'hétérochromatine [149,150].

3.4 Moléculaires (ADN)

Un marqueur moléculaire ou d'ADN est la différence de séquence de nucléotides d'ADN entre des organismes individuels ou des espèces qui est à proximité ou étroitement liée à un gène cible qui exprime un caractère [151]. Les marqueurs moléculaires sont des séquences de nucléotides qui peuvent être étudiées en raison du polymorphisme dans les séquences de nucléotides de différents individus [141,152]. L'insertion, la suppression, les mutations ponctuelles, la duplication et la translocation sont à la base de ces polymorphismes [20,151,153,154]; toutefois, ils n'affectent pas nécessairement l'activité des gènes [155]. Un marqueur d'ADN idéal doit être co-dominant, réparti uniformément dans le génome, hautement reproductible et capable de détecter un niveau élevé de polymorphisme [156,157]. Différents types de marqueurs moléculaires d'ADN ont été mis au point et appliqués avec succès aux activités de génétique et de sélection de diverses cultures agricoles. Les marqueurs moléculaires sont classés en plusieurs groupes sur la base des éléments suivants [141,152] :

- Mode d'action du gène (marqueurs co-dominants ou dominants).

- Méthode de détection (marqueurs moléculaires basés sur l'hybridation ou marqueurs basés sur la réaction en chaîne de la polymérase (PCR)).
- Mode de transmission (héritage paternel de l'organite, héritage maternel de l'organite, héritage nucléaire biparental ou héritage nucléaire maternel).

3.4.1 Marqueurs basés sur l'hybridation (RFLP)

Le polymorphisme de longueur des fragments de restriction (RFLP) a été le premier système de marquage basé sur l'hybridation. Après l'isolement de l'ADN pur, il est ensuite mélangé à des enzymes de restriction (telles que des endonucléases) isolées de bactéries. Ces enzymes de restriction ne couperont pas le fragment si une variation d'une seule paire de bases se produit dans le site de reconnaissance. Elles sont utilisées pour couper l'ADN à des endroits particuliers, connus sous le nom de sites de reconnaissance. Le polymorphisme rencontré au sein des individus d'une même espèce, résultant d'insertions/délétions (appelées InDels), de mutations ponctuelles, de translocations, de duplications et d'inversions, sont les principales causes de la variation du motif RFLP. Le choix de l'une ou l'autre enzyme dépend de la résolution nécessaire, ce qui entraîne un grand nombre de fragments de longueurs différentes. L'électrophorèse sur gel d'agarose ou de polyacrylamide (PAGE) est utilisée pour séparer ces fragments en produisant une série de bandes de longueurs différentes. On parle d'hétérozygotie si cette mutation ponctuelle se produit dans un chromosome mais pas dans l'autre [151,158].

3.4.2 Marqueurs basés sur la réaction en chaîne de la polymérase (PCR)

Cary Mullis a créé la technique PCR en 1983 pour amplifier une petite quantité d'ADN sans utiliser d'organismes vivants [159]. Les étapes les plus cruciales des réactions PCR sont la dénaturation, hybridation et élongation [160,161]. Les amorces PCR sont de courts morceaux d'ADN ou d'ARN simple brin, d'une longueur de quelques nucléotides. Deux amorces sont utilisées dans chaque réaction PCR, et elles sont conçues de manière à encadrer la région cible (région qui doit être copiée). Pour la réussite d'une PCR, l'efficacité d'une amorce est essentielle, dépendant des principaux facteurs suivants : l'association, la dissociation et la stabilité du complexe amorce-modèle-nucléotides non appariés, ainsi que l'efficacité de la polymérase, la longueur de l'amorce, le GC% (45%-60%) [162], la température de fusion (52 et 58 °C) et d'élongation (72 °C) où l'ADN s'allonge sous l'effet de l'ADN polymérase. La spécificité de l'extrémité 3' et la stabilité de l'extrémité 5' sont des caractéristiques importantes qui jouent un rôle majeur dans l'efficacité d'une amorce [163–165]. La longueur de l'amorce est

également cruciale pour la réussite de la PCR (18 à 30 nucléotides). Les amorces utilisées dans ces méthodes sont : le Polymorphisme Amplifié Aléatoirement (RAPD), le Polymorphisme de Longueur de Fragment Amplifié (AFLP), les SSR ou microsatellites, les Microsatellites du chloroplaste, les Microsatellites mitochondriaux, le RAMP (polymorphismes microsatellites aléatoirement amplifiés), le Polymorphisme Amplifié Lié à la Séquence (SRAP), l'Inter-séquence Simple Répétée (ISSR). Après une PCR, la révélation des produits est effectuée en utilisant une technique appelée électrophorèse sur gel et en utilisant des produits chimiques (bromure d'éthidium ou d'argent), ou en les détectant à l'aide de sondes radioactives ou colorimétriques. Les marqueurs d'ADN peuvent révéler des différences génétiques qui peuvent être visualisées en couleurs [151,166,167].

3.4.2.1 ADN polymorphe amplifié au hasard (RAPD)

Cette technique a été mise au point par Welsh and McClelland (1991) [168] ainsi que par Williams et al. (2001) [169], indépendamment l'un de l'autre. L'amplification de l'ADN génomique est réalisée par PCR à l'aide d'une amorce unique, courte (10 nucléotides) et aléatoire. Au cours de la PCR, l'amplification a lieu lorsque deux sites d'hybridation sont similaires l'un à l'autre et dans une direction opposée. Les fragments amplifiés dépendent totalement de la longueur et de la taille du génome cible et de l'amorce. Pour la visualisation, le produit de la PCR est ensuite séparé dans un gel d'agarose coloré au bromure d'éthidium. Le polymorphisme présent sur ou entre les sites de liaison des amorces peut être détecté dans l'électrophorèse en confirmant la présence ou l'absence de bandes spécifiques [170–172].

3.4.2.2 Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP)

Les marqueurs AFLP combinent la technologie RFLP et PCR, dans laquelle la digestion de l'ADN est effectuée, puis la PCR. Les marqueurs AFLP sont rentables et ne nécessitent pas d'informations préalables sur les séquences. En AFLP, il est possible d'utiliser de l'ADN de bonne qualité ou partiellement dégradé ; cependant, cet ADN ne doit pas contenir d'enzymes de restriction ni d'inhibiteurs de PCR. Dans l'AFLP, deux enzymes de restriction (un coupeur fréquent et un coupeur rare) sont utilisées pour couper l'ADN. Chaque extrémité des fragments obtenus est ligaturée avec les oligonucléotides. Les oligonucléotides sont de courts fragments d'acide nucléique utilisés pour la ligature dans la PCR. L'une des extrémités est spécifique du coupeur rare (site de reconnaissance de 6 pb) et l'autre du coupeur fréquent (site de reconnaissance de 3 pb). Cela conduira à l'amplification des seuls fragments qui ont été coupés

par ces coupeurs. Pour le développement des amorces, des séquences connues d'adaptateurs sont utilisées. Les adaptateurs sont en fait de courtes séquences d'ADN spécifiques d'une enzyme, généralement utilisées pour pêcher une séquence d'ADN inconnue. Après avoir effectué la PCR, la visualisation se fait soit dans un gel d'agarose, soit dans un gel de polyacrylamide coloré avec de l'AgNO₃, soit par autoradiographie [173–177].

3.4.2.3 Microsatellites ou séquences simples répétées (SSR)

Les microsatellites sont également appelés SSR (courtes répétitions en tandem) et polymorphismes de longueur de séquence simple. Les SSR sont des motifs répétés en tandem de 1 à 6 nucléotides qui sont présents en abondance dans le génome de divers taxons, d'où résulte un polymorphisme plus élevé, qui est détecté facilement avec la PCR dans les séquences codantes ou non codantes, ainsi que dans les chloroplastes et les mitochondries. Les microsatellites peuvent être mononucléotidiques (A), dinucléotidiques (GT), trinucléotidiques (ATT), tétranucléotidiques (ATCG), pentanucléotidiques (TAATC) et hexanucléotidiques (TGTGCA). Les séquences qui encadrent les SSR sont principalement conservées et sont utilisées dans le développement d'amorces. Les marqueurs SSR sont appréciés pour leur codominance, ainsi qu'une reproductibilité élevée et une plus grande abondance génomique, et ils peuvent être utilisés efficacement dans les études de cartographie des plantes [179–182].

3.4.2.4 Polymorphisme amplifié lié à la séquence (SRAP)

Ce système de marquage est basé sur l'amplification à l'aide de deux amorces d'une longueur de 17 à 18 nucléotides. Elles utilisent la séquence CCGG dans l'amorce avant et AATT dans l'amorce arrière, et la température d'hybridation des cinq premiers cycles est fixée à 35 °C pendant la PCR. Les 35 cycles suivants sont effectués à une température d'hybridation de 50 °C. Le produit amplifié par PCR est ensuite chargé sur un gel d'électrophorèse et les bandes d'ADN sont visualisées par autoradiographie. Les polymorphismes amplifiés liés à la séquence (SRAP) sont de nature dominante et les fragments d'ADN sont évalués par l'absence ou la présence d'une bande. Il s'agit d'un système de marquage simple et efficace qui est largement utilisé dans toute une série de domaines, notamment la construction de cartes, l'empreinte génomique et l'empreinte ADNc [167,178–182].

3.4.2.5 Inter-séquence simple répétée (ISSR)

Cette technique a été mise au point par [183]. Elle repose sur l'amplification de segments d'ADN situés entre deux régions microsatellites identiques mais orientées de manière opposée,

à une distance permettant l'amplification. Les amorces utilisées dans cette technique sont également connues sous le nom de microsatellites et peuvent être des répétitions di-, tri-, tétra- ou penta-nucléotides. Normalement, des amorces longues de 15 à 30 bases sont utilisées dans cette technique [184]. Les amorces utilisées dans la répétition de séquences simples (ISSR) peuvent être non ancrées ou, plus généralement, elles sont ancrées à l'extrémité 3' ou 5' avec 1 à 4 bases dégénérées, qui sont étendues dans les séquences flanquantes. L'ISSR permet d'utiliser avec succès une température d'hybridation élevée (environ 45-60 °C) ; les produits amplifiés ont une longueur de 200 à 2000 pb et peuvent être visualisés par agarose ou PAGE [151,185–189]. Les ISSR, ségrégeant selon les lois simples de l'hérédité mendélienne, sont caractérisés comme des marqueurs dominants. Les ISSR sont simples, faciles à comprendre par rapport aux RAPD et il n'est pas nécessaire d'avoir des connaissances préalables sur les séquences d'ADN. Toutefois, il s'agit de marqueurs dominants et leur reproductibilité est moindre en raison de l'homologie des produits d'amplification qui migrent ensemble [190,191].

3.4.3 Marqueurs basés sur la séquence

Le séquençage est une technique qui permet d'identifier les bases nucléotidiques et leur ordre le long du brin d'ADN, et les marqueurs moléculaires qui sont basés sur l'identification d'une séquence particulière d'ADN dans un pool d'ADN inconnu sont connus sous le nom de marqueurs basés sur la séquence [192]. Le développement de cette technologie résulte du fait que les marqueurs basés sur l'hybridation sont moins fiables et polymorphes. L'avènement des techniques de séquençage comme le NGS (le séquençage de nouvelle génération) et le génotypage par séquençage (GBS) a révolutionné l'amélioration des plantes grâce au développement de SNP entraînant un polymorphisme élevé [193–195]. Différents types de techniques de séquençage ont été développés jusqu'à présent (méthode de séquençage Sanger, pyroséquençage, NGS, GBS, polymorphisme mononucléotidique (SNP), technologie des réseaux de diversité (DArT Seq) [196,197].

3.4.3.1 Polymorphisme mononucléotidique (SNP)

Les changements d'une seule paire de bases présents dans la séquence du génome d'un individu sont connus sous le nom de SNP. Les SNP peuvent être des transitions (C/T ou G/A) ou des transversions (C/G, A/T, C/A ou T/G) en fonction de la substitution des nucléotides. Normalement, dans l'ARNm, des changements de base unique sont présents, y compris des SNP qui sont des insertions/délétions (InDel) dans une base unique. Une base d'un seul nucléotide

est la plus petite unité d'hérédité, et les SNP peuvent fournir le nombre le plus simple et le plus élevé de marqueurs. Les SNP sont présents en abondance chez les plantes et les animaux, et la fréquence des SNP chez les plantes varie entre 1 SNP pour 100 à 300 pb. Les SNP sont largement distribués dans le génome et peuvent se trouver dans les régions non codantes ou entre deux gènes (région intergénique) ou régions codantes des gènes avec des fréquences différentes. Pour le génotypage des SNP, plusieurs méthodes sont utilisées (la RLFP (SNP-RFLP), la technique du marqueur CAPS (Cleaved Amplified Polymorphie Sequence), le génotypage à haut débit (GBS et la NGS), PCR allèle-spécifique), faisant des SNP les marqueurs les plus attractifs pour le génotypage [198–200].

4 Usage des marqueurs moléculaires chez les plantes

Les marqueurs moléculaires sont un outil utile et précis. Les méthodes basées sur leur utilisation, en complément des méthodes traditionnelles et classiques, jouent un rôle important dans l'accélération des programmes de sélection, l'augmentation de la précision, et l'économie de main-d'œuvre et de coûts. Ils sont utilisés pour servir plusieurs et différents intérêts tels que l'évolution et la phylogénie, l'étude de l'hétérosis, l'identification des plantes et des cultivars haploïdes/diploïdes, le génotypage, l'évaluation de la diversité génétique, les rétrocroisements pour un gène d'intérêt, la cartographie génétique, la cartographie d'association (AM), la construction de cartes génétiques/de liaison, la détection de QTL, les facteurs affectant la détection de QTL, la validation de QTL, le clonage de QTL, la marche sur les chromosomes, l'inter-croisement multi-parents de génération avancée (MAGIC), la sélection assistée par marqueurs (MAS), les marqueurs fonctionnels/de diagnostic (FMs) [152,201–203].

4.1 Évaluation de la diversité génétique

Les progrès récents en matière de marqueurs moléculaires et de séquençage du génome offrent de grandes possibilités d'étudier la diversité génétique dans un très grand germoplasme. L'évaluation de la diversité génétique est très utile dans l'étude de l'évolution des plantes et de leur génomique comparative, car elle permet de comprendre la structure des différentes populations. Les marqueurs génétiques ont été utilisés avec succès dans la détermination de la diversité génétique et la classification du matériel génétique. Les marqueurs DArT et les marqueurs SNP sont couramment utilisés pour la détermination de la variabilité génétique dans diverses cultures [152,201–204].

4.2 Cartographie QTL

La plupart des caractères agricoles d'intérêt économique sont de nature polygénique et quantitative, contrôlés par de nombreux gènes sur le même chromosome ou sur des chromosomes différents. Les régions chromosomiques comportant des gènes pour ces caractères quantitatifs sont appelées QTL [205,206]. La cartographie des QTL est une méthode dans laquelle des marqueurs moléculaires sont utilisés pour localiser les gènes qui affectent les caractères d'intérêt. Ces critères sont groupés en deux groupes : les critères quantitatifs et les caractères qualitatifs [207–209]. Les variations discontinues peuvent être mises en évidence par les caractères qualitatifs, tandis que les variations continues se produisent dans les caractères quantitatifs. Pour l'étude des QTL, les marqueurs moléculaires sont très importants et considérés comme un outil idéal à cette fin ; ils peuvent également être utilisés pour les SAM [210–212]. Certaines étapes importantes de la cartographie des QTL comprennent la sélection des populations de cartographie QTL, la sélection de marqueurs pour la cartographie QTL, la construction de cartes génétiques/de liaison, la détection QTL, la validation QTL, le clonage QTL, la marche des chromosomes, les avantages et inconvénients de la cartographie QTL [141,213,214]. La cartographie commence par la sélection de deux parents différents présentant des variations alléliques qui affectent le caractère étudié. Après le phénotypage de la population de cartographie, des marqueurs polymorphes sont utilisés pour obtenir les données génétiques. Ensuite, la carte génétique est construite et certains programmes statistiques sont appliqués pour identifier les marqueurs moléculaires liés au caractère considéré [207,215,216] (**Figure 1.12**).

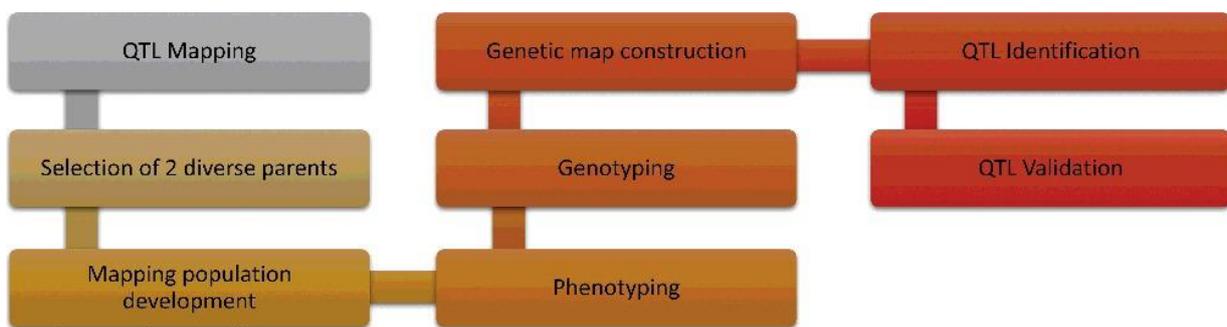


Figure 1.12: Etape d'identification et validation de QTL.

4.3 Cartographie d'association (AM)

La cartographie d'association (AM) correspond à une association significative de marqueurs moléculaires avec un trait phénotypique. Statistiquement, l'AM est la covariance entre le polymorphisme présent dans le marqueur et le trait d'intérêt. Elle permet de gagner du temps par rapport à la cartographie de liaison et offre une plus grande résolution de cartographie avec un plus grand nombre d'événements de recombinaison. La génétique d'association (GA) facilite l'identification d'un plus grand nombre d'allèles en raison de la disponibilité d'un plus grand nombre de variations génétiques avec un arrière-plan plus important ; les données phénotypiques mesurées historiquement peuvent également être utilisées pour la GA [217]. L'AM implique la sélection d'individus à partir d'une population naturelle présentant une grande diversité génétique. Un phénotypage complet et précis est effectué pour divers caractères d'intérêt, de préférence dans des lieux et des environnements différents pendant de nombreuses années. Après le génotypage à l'aide de marqueurs favorables, la structure des populations et leurs liens de parenté sont déterminés. Enfin, les données de phénotypage et de génotypage sont associées à l'aide de logiciels statistiques. TASSEL est le logiciel le plus utilisé pour l'AM. Il y a deux types de cartographie d'association : la cartographie d'association basée sur les gènes candidats et l'étude d'association à l'échelle du génome [218].

4.3.1 Cartographie d'association basée sur les gènes candidats

Il s'agit d'une technique très utile qui permet aux scientifiques d'étudier la corrélation entre un trait d'intérêt et le polymorphisme de l'ADN dans un gène. Les gènes candidats sont généralement ceux qui ont un effet direct ou indirect sur le caractère considéré et dont les fonctions biologiques sont connues. Les candidats biologiquement pertinents sont sélectionnés sur la base de la dissection des caractères et classés en fonction de leurs données évolutives provenant d'études physiologiques, chimiques et génétiques. Cette technique nécessite la détection des SNP présents entre les lignées et au sein de gènes spécifiques. La méthode la plus simple pour étudier les gènes candidats est basée sur le reséquençage d'amplicons. L'exon, le promoteur et les introns avec les régions 5'/3' non traduites sont des facteurs importants dans l'étude des SNP dans les gènes candidats. Le nombre de SNP par unité de longueur est nécessaire pour détecter une association significative, qui peut être décrite par le taux de décroissance du déséquilibre de Liaison (DL) pour un locus de gène candidat donné. La technique des gènes candidats a été utilisée avec succès pour la caractérisation et le clonage des

QTL au cours des dernières années. Cette technique a déjà été utilisée avec succès pour transformer de nombreux gènes étroitement liés en marqueurs fonctionnels (FM) [141].

4.3.2 Étude d'association à l'échelle du génome

Les progrès récents dans le domaine du séquençage et du génotypage ont rendu possible l'étude d'association pangénomique (GWAS) chez diverses espèces. Il s'agit d'une technique puissante principalement utilisée pour étudier la génétique des variations naturelles et des traits d'intérêt. Aujourd'hui, plusieurs organisations ont développé des plateformes GWAS à des fins commerciales. Normalement, des lignées consanguines sont utilisées pour l'étude d'association pangénomique, et après le génotypage de ces lignées, plusieurs phénotypages sont effectués. Pour la détection des QTL, une population de grande taille (jusqu'à des dizaines de milliers d'individus) est utilisée pour obtenir une résolution élevée. Des millions de SNP sont produits par le GWAS, et le nombre de SNP augmente également au fur et à mesure des progrès technologiques. Cette technique permet d'obtenir une plus grande résolution, d'étudier les blocs d'haplotypes de petite taille qui sont significativement corrélés avec les variations des caractères quantitatifs, et constitue une méthode très rentable à haut débit. L'étude d'association pangénomique a été réalisée dans presque toutes les cultures économiquement importantes, telles que le maïs, le sorgho, le millet et le riz [40,218–221].

4.4 Sélection assistée par marqueur (SAM)

La SAM est une technique dans laquelle la sélection phénotypique est effectuée sur la base du génotype d'un marqueur. La SAM est une technique de sélection moléculaire qui permet d'éviter les difficultés liées à la sélection végétale conventionnelle. Elle a totalement modifié les normes de sélection. Les sélectionneurs de plantes utilisent principalement la SAM pour l'identification d'allèles dominants ou récessifs appropriés au cours d'une génération et pour l'identification des individus les plus favorables dans la descendance en ségrégation (**Figure 1.13**) [222–224].

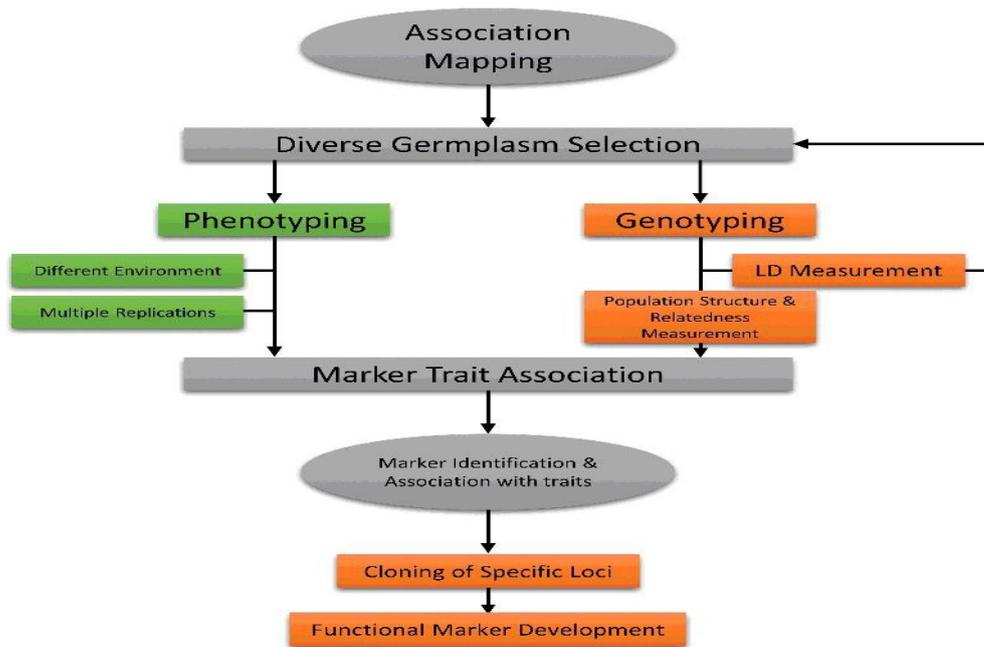


Figure 1.13: Etape de sélection de marqueurs liée à des traits d'intérêt.

MATERIEL ET METHODES

1 Matériel Végétal

L'échantillonnage a été réalisé dans différentes régions écogéographiques de l'Est algérien (**Figure 2.1**). Les différentes parties de l'abricotier en l'occurrence les feuilles, les fleurs, les fruits et les graines ont été prélevés de 57 accessions issues de 16 variétés de l'espèce *Prunus armeniaca* situées dans 27 sites différents (vergers privés distincts) répartis sur cinq wilayas de l'Est algérien : Biskra, Constantine, Batna, M'sila et Bordj Bou Arreridj et ce, pendant la saison 2019-2020. Les coordonnées GPS de chaque site ont été notées (**Tableau 2.1**). Les études morphologique, biochimique et moléculaire ont été réalisées sur les 57 accessions, alors que l'étude phénotypique des caractères cibles a été effectuée sur les 18 variétés d'abricotier.

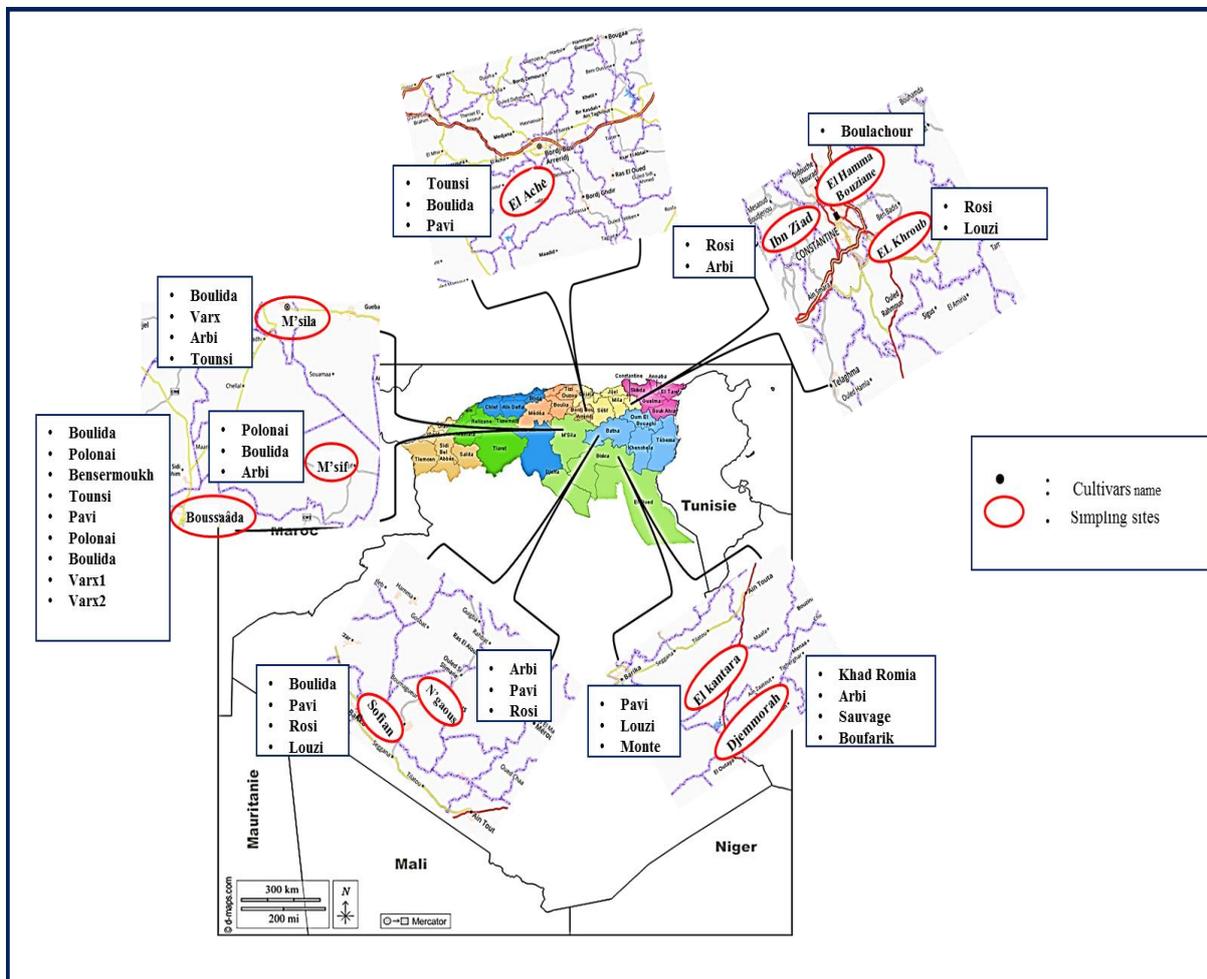


Figure 2.1 : Sites de prélèvement des 57 accessions d'abricotier.

Tableau 2.1 : Caractéristiques géographiques et bioclimatiques des sites de prospection (V : Verger).

Province	Étage bioclimatique	Sites	Latitude N	Longitude E	Altitude
Biskra	Saharien	Djemorah	35°04'46.0''N	5°50'15.0''E	495 m
		El Kantara	35°15'48.0''N	5°43'21.0''E	573 m
M'sila	Aride	M'Cif V1	35°17'45.0''N	4°46'28.0''E	425 m
		M'Cif V3	35°18'41.0''N	4°46'43.0''E	418 m
		M'Cif V2	35°17'39.0''N	4°46'28.0''E	427 m
		Sadlaksab V3	35°48'45.0''N	4°33'20.0''E	549 m
		Sadlaksab V1	35°48'43.0''N	4°33'12.0''E	543 m
		Sadlaksab V4	35°48'44.0''N	4°33'30.0''E	549 m
		Sadlaksab V5	35°49'03.0''N	4°33'56.0''E	554 m
		Sadlaksab V2	35°48'46.0''N	4°33'14.0''E	549 m
		Sadlaksab V7	35°48'53.0''N	4°33'31.0''E	554 m
		Sadlaksab V8	35°49'19.0''N	4°34'03.0''E	562 m
		Bousaâda (EL Maader) V4	35°20'14.0''N	4°19'04.0''E	439 m
		Bousaâda (EL Maader) V3	35°19'48.0''N	4°18'24.0''E	442 m
		Bousaâda (EL Maader) V1	35°18'42.0''N	4°17'11.0''E	452 m
		Bousaâda (EL Maader) V2	35°19'42.0''N	4°17'56.0''E	444 m
		Bousaâda (EL Maader) V5	35°20'11.0''N	4°19'18.0''E	439 m
Bordj Bou Arreridj	Semi-aride	EL Mdjaz V4	35°53'30.0''N	4°37'03.0''E	652 m
		EL Mdjaz V3	35°53'16.0''N	4°37'07.0''E	645 m
Batna	Semi-aride	Sefiane V2	35°25'26.0''N	5°35'12.0''E	679 m
		Sefiane V3	35°24'43.0''N	5°33'43.0''E	644 m
		Sefiane V1	35°26'38.0''N	5°33'19.0''E	622 m
		N'Gaous V1	35°34'03.0''N	5°42'08.0''E	859 m
Constantine	Semi-aride	Hamma Bouziane	36°24'45.0''N	6°33'48.0''E	381 m
		El Khroub	36°17'57.0''N	6°43'49.0''E	696 m
		Ibn Ziad	36°24'01.0''N	6°34'12.0''E	338 m

2 Étude de la diversité génétique

2.1 Étude Morphologique

L'étude morphologique était basée sur l'analyse des caractéristiques morphologiques de 57 accessions de *Prunus armeniaca* selon la méthode de [225,226]. Cinquante-six paramètres

morphologiques et pomologiques ont été évalués à l'aide d'un pied à coulisse d'un calibre de 0 à 200 mm avec une précision de 0,02 mm pour les caractères quantitatifs, cependant les caractères qualitatifs ont été évalués en fonction de la notation et du codage. La mesure des différentes parties de la plante était basée sur 50 répétitions (**Tableau 2.3**).

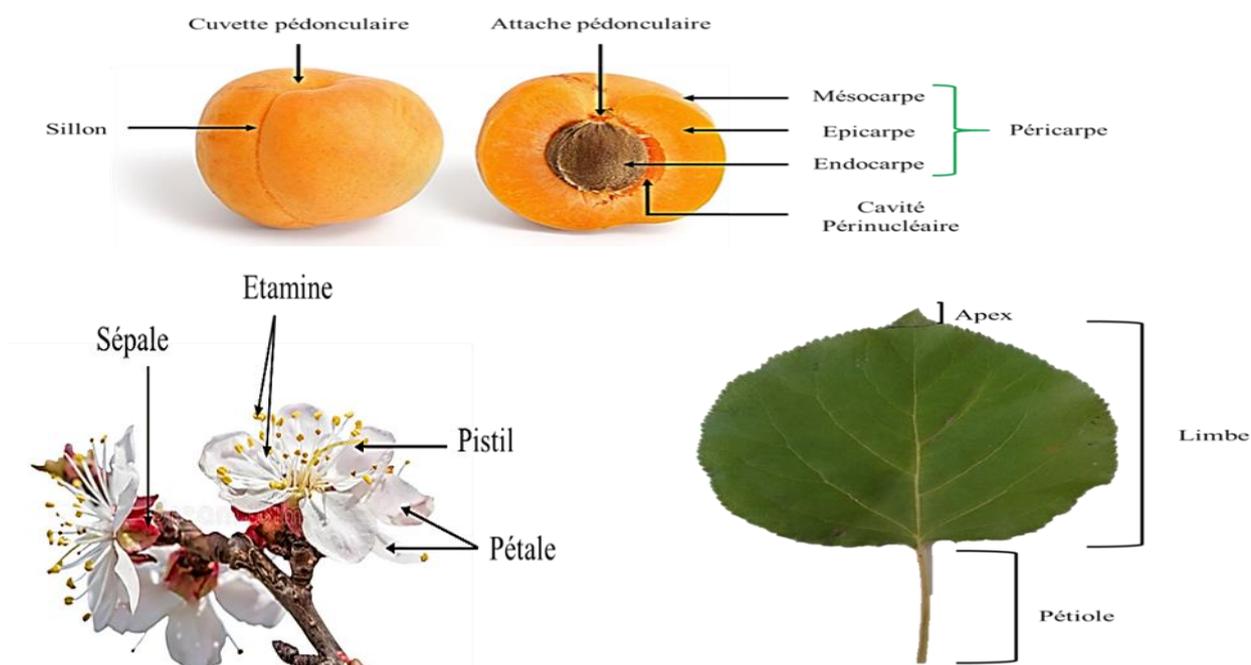


Figure 2.1 : Schéma représentatif de l'abricotier (feuilles, tiges, fleurs).

Tableau 2.3: Caractères morphologiques utilisés dans l'étude des cultivars d'abricotier.

Partie Etudiée	N°	Traits	Abréviation	Unit (Code)	Fréquence (Géotype numéro)
Stage phénologique	1	Temps de Floraison	FD	Mi-Février (1)	(3)
				Fin- Février (2)	(13)
				Début-Mars (3)	(19)
				Mi-Mars (4)	(7)
				Fin Mars (5)	(12)
	2	Temps de récolte	RT	Début May (1)	(3)
				Mi May (2)	(9)
				Fin Mai (3)	(28)
				Début Juin (4)	(6)
				Mi-Juin (5)	(6)
Fleur	3	Fleur :Diamètre	DiFL	Cm	cm
	4		PS	Absente (0)	(0)

		Fleur :Position du stigmate par rapport aux anthères		En dessous (1)	(12)
				Au même niveau (2)	(13)
				Au-dessus (3)	(8)
	5	Pétale : Forme	FrP	Elliptique (1)	(0)
				Circulaire (2)	(13)
				Oblat (3)	(20)
	6	Pétale : Couleur sur la face inférieure	CP	Blanc (1)	(22)
				Rose clair (2)	(11)
				Rose foncé (3)	(0)
	7	Sépale : attitude	SA	Vers le haut (1)	(0)
				Vers l'extérieur (2)	(6)
				Vers le bas (3)	(27)
	8	Longueurs du pistil	LnPs	cm	cm
	9	Nombre d'étamine	NE	Nbr	Nbr
	10	Nombre de pétales	NP	Nbr	Nbr
	11	Largeurs des pétales	LrP	cm	cm
	12	Longueurs des pétales	LnP	cm	cm
	13	Nombre de pistils	NPs	Nbr	Nbr
Fruit	14	Fruit : forme en vue latérale	FrFL	Triangulaire (1)	(0)
				Ovale (2)	(4)
				Oblat (3)	(9)
				Circulaire (4)	(23)
				Oblong (5)	(13)
				Elliptique (6)	(5)
				Rhombique oblique (7)	(0)
				Obové (8)	(0)
	15	Fruit : Forme en vue ventrale	FrFV	Triangulaire (1)	(1)
				Ovale (2)	(40)
				Oblat (3)	(13)
				Circulaire (4)	(0)
				Oblong (5)	(0)
				Elliptique (6)	(0)
				Obové (7)	(0)
	16	Longueur du fruit	HF	cm	cm
	17	Largeur du fruit en vue latérale	LrFL	cm	cm
	18	Largeur du fruit en vue ventrale	LrFV	cm	cm
	19	Symétrie du fruit en vue ventrale	SyFV	Symétrique (1)	(2)
				Légèrement asymétrique (2)	(48)
Clairement asymétrique (3)				(4)	
20	Fruit : suture	StF	Relevé (1)	(0)	

				Légèrement enfoncé (2)	(27)
				Modérément enfoncé (3)	(27)
				Profondément enfoncé (4)	(0)
	21	Fruit : Profondeur de la cavité du pédoncule	PrCvT	Peu profond (1)	(3)
				Moyen (2)	(40)
				Profond (3)	(11)
	22	Fruit : Forme de l'apex	FrF	Aigu (1)	(1)
				Arrondi (2)	(21)
				Tronqué (3)	(32)
	23	Fruit : présence du mucron	M	Absente (0)	(26)
				Présente (1)	(28)
	24	Fruit : surface	SrF	Lisse (1)	(31)
				Légèrement bosselé (2)	(20)
				Modérément bosselé (3)	(3)
				Très bosselé (4)	(0)
	25	Fruit : couleur de fond de la peau	CPf	Non visible (1)	(1)
				Blanc (2)	(3)
				Jaunâtre (3)	(11)
				Vert jaunâtre (4)	(28)
				Orange clair (5)	(11)
				Orange moyen (6)	(0)
				Orange foncé (7)	(0)
	26	Fruit : Surface relative de la couleur sur-couleur	ScF	Absent ou très petit (1)	(6)
				Petit (2)	(33)
				Moyen (3)	(14)
				Grand (4)	(1)
				Très grand (5)	(0)
	27	Fruit : teinte de la couleur sur-couleur	TF	Absent (0)	(1)
				Rouge orangé (1)	(9)
				Rouge (2)	(43)
				Rose (3)	(1)
				Violet (4)	(0)
	28	Fruit : intensité de la couleur sur-couleur	InC	Absent (0)	(3)
				Léger (1)	(35)
				Moyen (2)	(14)
				Foncé (3)	(2)
	29	Fruit : motif de la couleur sur-couleur	MfF	Absent (0)	(1)
				Taches isolées (1)	(29)
				Couvert partout (2)	(19)

				avec des taches très petites (3)	(5)
	30	Fruit : couleur de la chair	CChF	Blanc (1)	(5)
				Vert blanchâtre (2)	(0)
				Jaune blanchâtre (3)	(21)
				Orange clair (4)	(27)
				Orange moyen (5)	(1)
				Orange foncé (6)	(0)
				Rouge (7)	(0)
	31	Fruit : fermeté de la chair	FtF	Très doux (1)	(8)
				Doux (2)	(34)
				Moyen (3)	(9)
				Ferme (4)	(3)
				Très ferme (5)	(0)
	32	Fruit : adhérence du noyau à la chair	APrr	Absent ou très faible (1)	(35)
				Faible (2)	(14)
				Moyen (3)	(5)
				Fort (4)	(0)
Noyau	33	Noyau : forme en vue latérale	FrPrr	Ovale (1)	(2)
				Circulaire (2)	(8)
				Elliptique (3)	(35)
				Oblong (4)	(9)
				Obovale (5)	(0)
	34	Noyau : longueur	LnPrr	cm	cm
	35	Noyau : largeurs en vue latérale	LrPrrL	cm	cm
	36	Noyau : largeurs en vue ventrale	LrPrrV	cm	cm
	37	Noyau : longueur	LgG	cm	cm
	38	Noyau : largeurs en vue ventrale	LrNyV	cm	cm
	39	Noyau : largeurs en vue latérale	LrNyL	cm	cm
Feuille	40	Limbe de la feuille : longueur	LnLm	cm	cm
	41	Limbe de la feuille : largeur	LrLm	cm	cm
	42	Limbe de la feuille : intensité de la couleur verte du côté supérieur	ICLm	Clair (1)	(2)
				Moyen (2)	(39)
				Foncé (3)	(13)
				Très foncé (4)	(0)
	43	Limbe de la feuille : forme de la base	FrBLm	Aigu (1)	(0)
				Obtus (2)	(27)
				Tronqué (3)	(17)
				Cordé (4)	(9)
	44	Limbe de la feuille : angle de l'apex	AxLm	Aigu (1)	(0)

				Droit (2)	(0)
				Modérément obtus (3)	(30)
				Fortement obtus (4)	(23)
	45	Limbe : longueur de la pointe	LnPoLm	cm	cm
	46	Limbe de la feuille : incisions de la marge	IBLm	Crénelé (1)	(0)
				Bicrénelé (2)	(7)
				Bidenté (3)	(9)
				Serré (4)	(19)
				Biserré (5)	(18)
	47	Limbe de la feuille : ondulation de la marge	OdLm	Faible (1)	(0)
				Moyen (2)	(11)
				Fort (3)	(42)
	48	Pétiole : longueur	LnPt	cm	cm
	49	Pétiole : épaisseur	EpPt	Mince (1)	(50)
				Moyen (2)	(3)
				Épais (3)	(0)
	50	Pétiole : intensité de la coloration anthocyanique	PgPt	Absent (0)	(4)
				Faible (1)	(23)
				Moyen (2)	(23)
				Fort (3)	(3)
	51	Pétiole : nombre de nectaires	NNcPt	Aucun ou un (1)	(8)
				Deux ou trois (2)	(26)
				Plus de trois (3)	(19)
	52	Pétiole : taille des nectaires	TlINc	Petit (1)	(48)
				Moyen (2)	(5)
				Grand (3)	(0)
Ratio	53	Limbe de la feuille : ratio longueur/largeur	LnLm/LrLm	Ratio	
	54	Feuille : ratio longueur de la lame / longueur du pétiole	LnLm/LnPt	Ratio	
	55	Fruit : ratio largeur latérale/largeur ventrale	LrFl/LrFv	Ratio	
	56	Fruit : ratio hauteur/largeur ventrale	HF/LrFv	Ratio	

2.2 Étude biochimique

Un échantillon de 50 fruits de tailles variées a été collecté, parmi lesquels au moins 10 fruits sains ont été sélectionnés pour l'extraction du jus. Ce dernier a été centrifugé pendant 7 minutes à une force de 12 000 g. Les analyses ont inclus la mesure du pH, des solides solubles totaux et de l'acidité du fruit. Par ailleurs, la poudre d'amande d'abricot, obtenue par broyage fin, a servi à déterminer la teneur en protéines et à effectuer une électrophorèse SDS-PAGE.

2.2.1 Taux de matière sèche du fruit (%)

Une prise d'essai de 10 g de chaque échantillon est déshydratée à l'étuve (Memmert one 14L), jusqu'à stabilisation du poids final, la matière sèche est ensuite pesée par différence avec la masse initiale, la quantité d'eau évaporée est ainsi déduite. La matière sèche du fruit est exprimée en (%) [227]. La matière sèche (MS) de l'échantillon est calculée par l'expression suivante : $MS (\%) = (Masse (\text{échantillon initial}) - Masse (\text{échantillon final})) * 100$.

2.2.2 Détermination du pH

La mesure du pH du fruit d'abricot se fait à travers son jus en le plaçant dans un bécher et en ajoutant cinq fois son volume d'eau distillée, puis déterminer le pH avec un pH mètre (Thermo Scientific™ Orion™ 3-Star Benchtop) en s'assurant que l'électrode est complètement immergée dans la solution. Ensuite lecture directe de la valeur du pH : valeur affichée sur la carte de l'instrument en unités de pH [227].

2.2.3 Dosage des protéines totales et Electrophorèse SDS-PAGE

Le dosage des protéines par méthode de Bradford (**Annexe 1**) est effectué par la préparation des échantillons : 200 µl de la solution d'extraction des protéines sans SDS ont été ajoutés à 20 mg de poudre d'amande, puis incubés pendant 30 minutes à 65 °C. Une centrifugation à 10 000 rpm pendant 1 minute à température ambiante a été réalisée. 50 µl de chaque échantillon sont mélangés avec 1,5 ml de solution de Bradford. Une lecture à 595 nm après 10 minutes d'incubation est effectuée par un spectrophotomètre (WPA Biowave visible spectrophotomètre). Les résultats sont ensuite calculés en se basant sur la gamme d'étalonnage mesurée à partir de 5 solutions étalons préparées à partir d'une solution mère de BSA à 2 mg/ml (**Figure 2.2**).

Pour l'électrophorèse des protéines, 20 mg de poudre d'amande ont été mélangés avec 200 µl de solution d'extraction SDS et incubés à 65°C pendant 30 minutes. Le mélange a ensuite été centrifugé à 10 000 rpm pendant 1 minute. 10 µl des protéines extraites ont été chargés sur un gel vertical de polyacrylamide à 12% et séparés dans des conditions dénaturantes à un courant constant de 45 mA/gel pendant 6 heures. Après la migration, les gels ont été colorés pendant la nuit avec 125 ml de solution de coloration contenant 6,25 ml de bleu de Coomassie et 15 g d'acide trichloracétique (TCA). L'excès de colorant a été éliminé avec de l'eau, puis les gels ont été scannés et analysés. Un marqueur de taille de référence a été utilisé pour estimer l'intensité des bandes et déterminer le poids moléculaire [228,229].

2.2.4 Détermination du solide soluble total (SST)

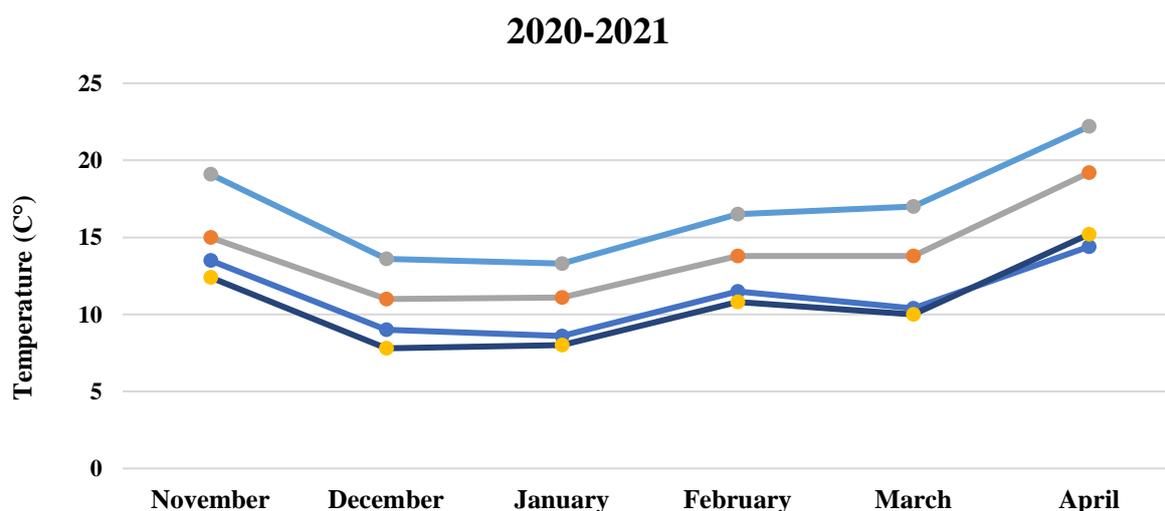
De chaque lot de jus, quelques gouttes ont été mises sur le prisme du réfractomètre puis la lecture du taux de °Brix a été effectuée. Trois répétitions sont effectuées pour chaque variété [227].

2.2.5 Détermination de l'acidité du fruit

Dans un bécher, 10 ml de jus avec 40 ml d'eau distillée ont été mélangés, puis la solution a été titrée avec une solution de NaOH 0.1 M goutte à goutte jusqu'à la neutralité qui était à un pH de 8.1 sous agitation. Les résultats sont calculés selon l'équation suivante [227] : Pourcentage d'acide (%) = volume de titrage x facteur d'acidité (acide malique = 0.065) x 100/ 10 ml de jus.

2.3 Étude des caractères liés à la floraison

Les températures horaires ont été collectées à partir d'un site météorologique (<https://weatherspark.com/>) (Figure 2.3). Les dates ont été choisies pour représenter le début de la collecte des branches des deux saisons froides, c'est-à-dire le moment où les feuilles tombent des arbres (Figure 2.4) (27 Novembre 2022 / 19 Novembre 2021) jusqu'à la fin de la dormance. L'évaluation du froid et de la chaleur pour les cultivars d'abricot en Algérie a été étudiée pour la première fois, donc le moment de la chute des feuilles n'était pas encore connu. Comme l'étude a été menée dans différentes zones climatiques, une différence de deux semaines a été observée entre Biskra et les autres zones d'échantillonnage.



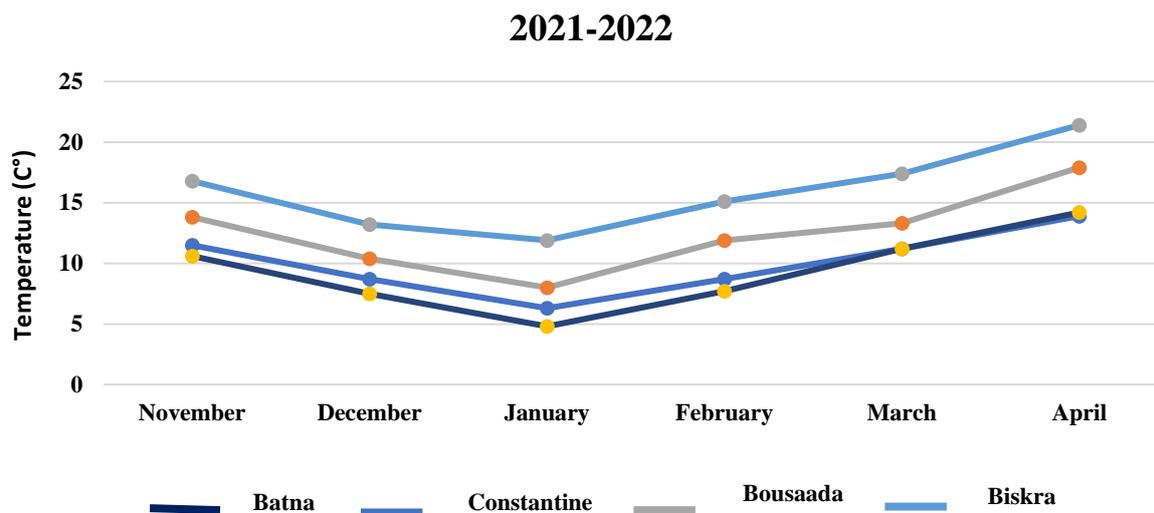


Figure 2.3 : Température moyenne pour les saisons d'hivers 2020/2021 et 2021-2022 des régions d'étude.



Figure 2.4 : Début de la dormance déterminé (chute des feuilles).

2.3.1 Besoin en froid

Le prélèvement de 3 branches de 1 à 30 individus des 18 variétés a été effectué. Les branches mesuraient environ 40 à 60 cm de longueur et 0,8 à 1,5 cm de diamètre et ont été échantillonnées de manière aléatoire deux fois par mois pendant deux années successives (2020-2021 et 2021-2022) dans les champs de différents sites d'échantillonnage (**Figure 2.5**). Les branches ont été placées dans une solution d'eau dans une chambre de croissance sous une photopériode de 16 heures de lumière et 8 heures d'obscurité et l'eau a été changée deux fois par semaine. L'observation des différents stades phénologiques a été possible après 20 jours, au-delà de cette période aucun changement n'aurait été observé. La date de fin de dormance a été enregistrée quand 30% des bourgeons ont été au stade B-C de Baggiolini (**Figure 2.6**) [66] dans la chambre de culture (**Figure 2.7**). Les heures de froid sont calculées par trois modèles universels, le modèle dynamique, le modèle Utah et le modèle des heures en dessous de 7 C°.

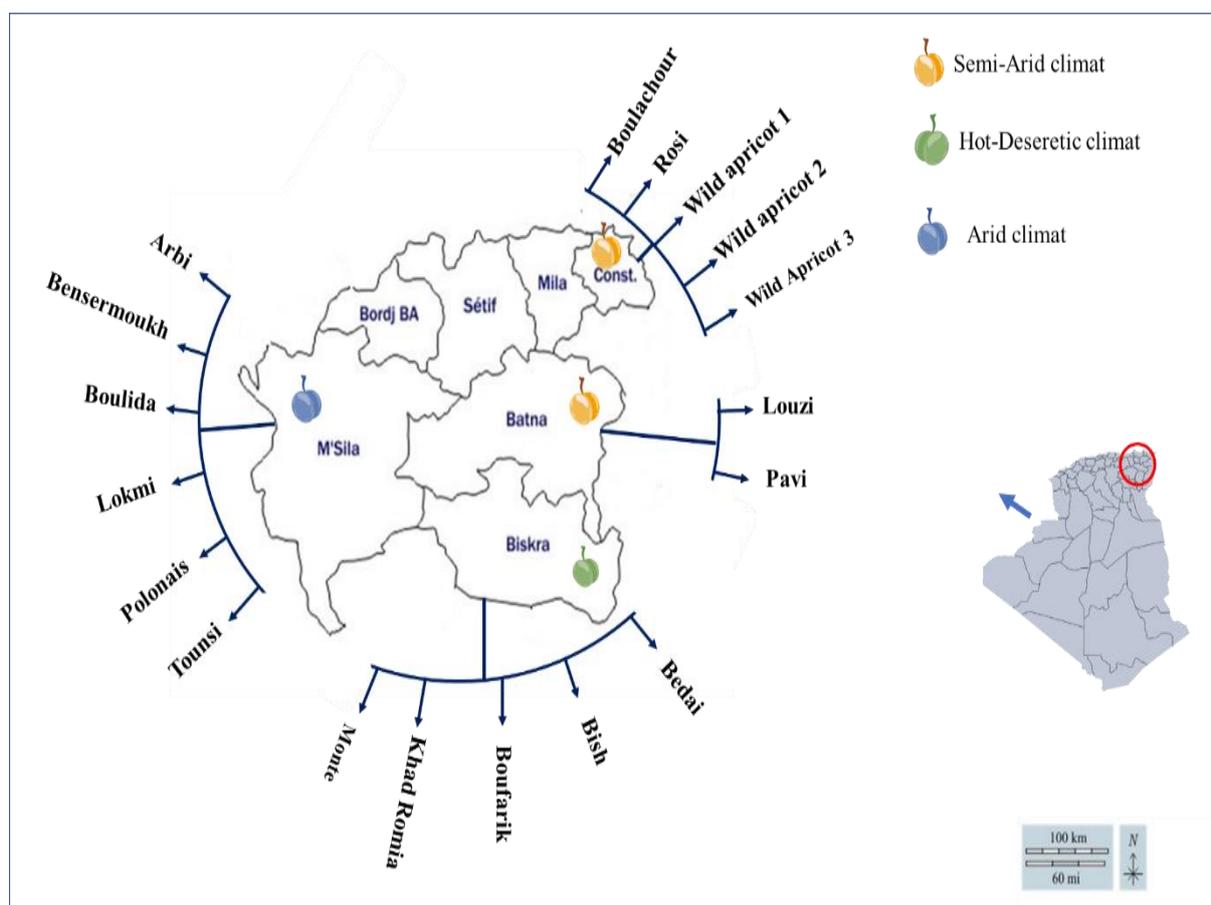


Figure 2.5 : Position des variétés étudiées dans les différentes régions climatiques de l'Algérie.

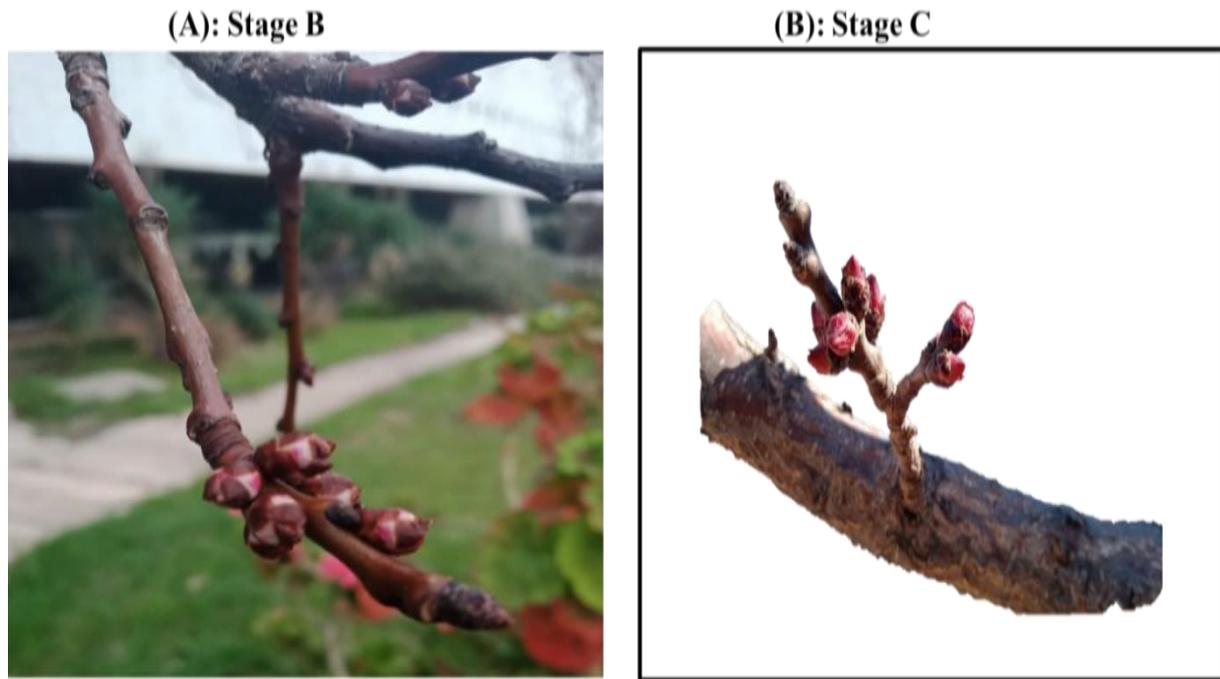


Figure 2.6 : Stades B et C de Baggiolini.



Figure 2.7: Forçages des branches dans la chambre de culture après prélèvement sur le champ.

2.3.2 Besoin en chaleur et date de floraison

La date de fin de dormance jusqu'à une floraison de 50 % a été enregistrée pour effectuer des calculs avec des modèles d'estimation de la chaleur tels que le Growing Degree hours (GDH) (Figure 2.8).



Figure 2.8 : Phénomène de pleine floraison.

2.4 Étude moléculaire

2.4.1 Extraction d'ADN

Une quantité approximative de 250 mg de feuilles jeunes a été broyée avec de l'azote liquide. Le tampon CTAB 2x avec 2% de bêta-mercaptoéthanol a été préchauffé dans un bain marie à 65°C pendant 10 min avant de rajouter 900 µl du mélange à chaque échantillon. Le tout est homogénéisé au vortex, puis incubé 60 min dans le bain marie avec agitation, suivie d'une centrifugation à 10 000 rpm 15 min à 4°C. 800 µl de chloroforme isoamyle (24 :1) sont rajoutés au surnageant, qui a été agité pendant 45 min ensuite une autre centrifugation à 10 000 rpm (15 min à 4°C) est réalisée. 3 à 5 µl d'ARNase (10mg/ml) ont été ajoutés, suivis d'une agitation et une incubation durant 30 minutes à 37 °C. Cinq cent quarante µl d'alcool isopropylique (-20°C) ont été ajoutés, les tubes ont été mélangés jusqu'à l'observation d'un culot blanc. Les échantillons ont été précipités à moins -20°C pendant 5 à 10 min, ensuite centrifugés (10 min à 10 000 rpm à 4°C). 500 µl de solution de lavage 1 après élimination du surnageant ont été ajoutés avec une incubation de 15 minutes à température ambiante et une centrifugation (5 min à 10 000 rpm à 4°C). Cinq cent µl de solution de lavage 2 ont été ajoutés, ensuite une incubation pendant 5 minutes à température ambiante et une centrifugation à 5 min à 10 000 rpm à 4°C. L'ADN est alors séché à l'air libre puis le culot a été suspendu dans 100µl d'eau distillée stérile. L'ADN extrait a été stocké pendant une nuit à 4°C puis la qualité quantitative (**Annexe 2**) (en

utilisant le Nano Drop) et qualitative (**Annexe 3**) (électrophorèse sur gel agarose 0.8%) a été déterminée [230].

2.4.2 Amplification par PCR

Un total de 57 d'ADN extraits des différentes accessions de *P. armeniaca* a été utilisé pour une amplification par PCR en utilisant 10 paires SSR sélectionnées hautement polymorphes et reproductible (**Tableau 2.4**). Le thermocycleur a été utilisé pour réaliser une amplification, dont le mélange réactionnel contient 15 µl avec 0,1 µg d'ADN, 0,125 µmol/L de chaque amorce (**Figure 2.9**), 10 µl de mélange master mix. Le protocole d'amplification comprenait une dénaturation à 95 °C pendant 3 min, suivie de 35 cycles de dénaturation à 94 °C pendant 30 s, une phase d'hybridation spécifique pendant 30 s, et une phase d'élongation à 72 °C pendant 30 s, avec une extension finale à 72 °C pendant 10 min (**Figure 2.10**). Le spectrophotomètre Nanodrop 8000 (Thermo Fisher) a permis l'évaluation de la qualité quantitative de l'ADN extrait (**Annexe 2**) et qualitative sur un gel d'agarose à 1 % (**Annexe 3**). La discrimination allélique a été réalisée sur un gel de polyacrylamide avec un marqueur de taille 10pb pour déterminer la taille des bandes (**Annexe 3**).

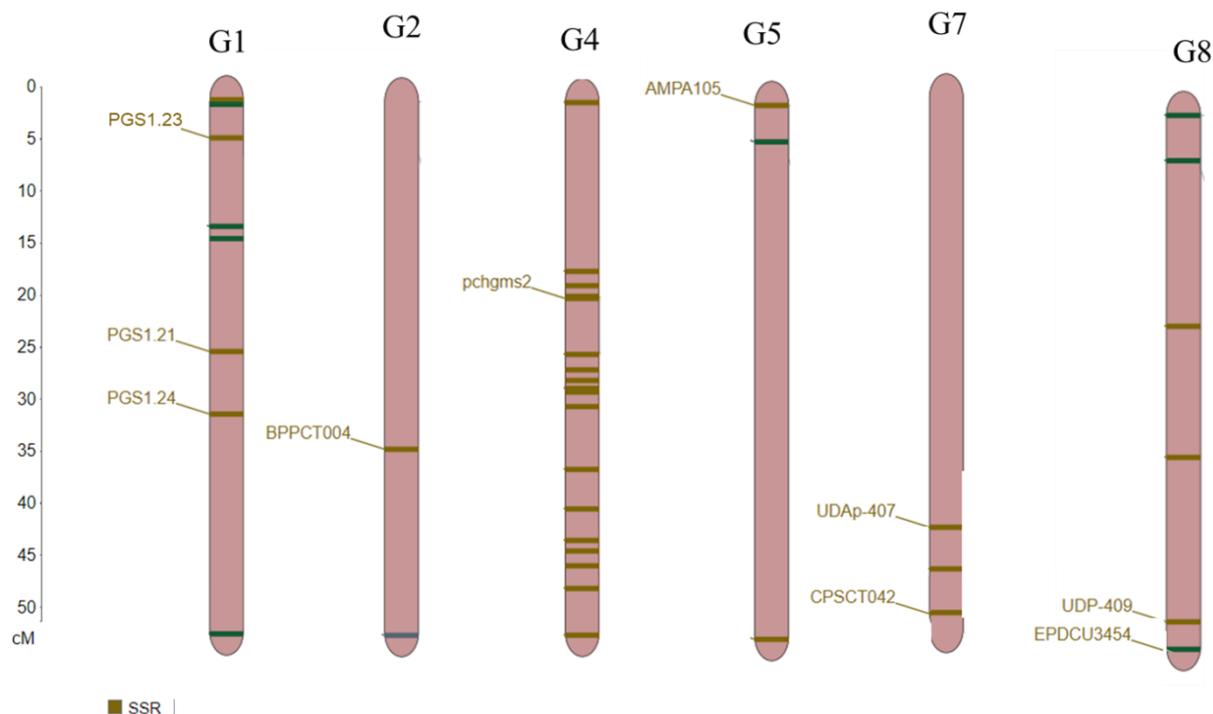


Figure 2.9 : Localisation de chaque amorce sur le chromosome.

2.4.3 Vérification de la qualité et de la quantité des ADN extraits

La qualité de l'ADN extrait ont été évaluées sur gel d'agarose. Les échantillons d'ADN mélangés à un tampon de charge ont été chargés sur un gel d'agarose à 0.8 % et passés à 100 V dans un tampon TBE 1X. Les gels ont été visualisés sous lumière UV. En outre, les extraits d'ADN ont été analysés à l'aide d'un spectrophotomètre Nanodrop 8000 afin de déterminer la concentration et de vérifier la contamination par le sel et l'ARN (**Annexe 2**).

2.4.4 Discrimination allélique sur gel polyacrylamide

Les produits PCR ont été séparés sur une électrophorèse (S2 Sequencing) sur un gel de polyacrylamide à 6 % et révélés avec du nitrate d'argent. La migration a été effectuée dans un tampon de borate de sodium (1X).

La solution à 6 % d'acrylamide/bis-acrylamide 19 :1 a été préparée en mélangeant 150 ml de solution d'acrylamide/bis-acrylamide 19 :1 à 40 % avec 50 ml de tampon sodium borate et 420g d'urée, puis en complétant jusqu'à 1 litre. Ensuite, 60 ml de la solution mère d'acrylamide/bis-acrylamide 19 :1 sont mélangés avec 500 microlitres d'APS à 10 % et 50 microlitres de TEMED. Le mélange est ensuite déversé entre deux plaques de verre séparées par un espaceur de 0.4 mm. Après la polymérisation du gel, le dépôt des échantillons (3 microlitres) est effectué, puis la migration est réalisée avec le tampon sodium borate, qui a été préparé en mélangeant 4,8 g de NaOH et 34 g d'acide borique, en complétant jusqu'à 1 litre.

La révélation des bandes d'ADN sur un gel de polyacrylamide à 6 % est effectuée avec une coloration au nitrate d'argent (Silver Staining). Les solutions de coloration sont au nombre de trois : la solution A, B et C. La solution A est constituée de 9,5 % d'éthanol (95 ml/l) et de 0,5 % d'acide acétique (5 ml/l). Elle est déversée sur le gel, puis une agitation est effectuée pendant 30 minutes (minimum 15 minutes). La solution A est ensuite éliminée. La solution B, qui contient 0,1 % de nitrate d'argent (AgNO_3) (1 g/l), est ajoutée sur le gel, puis une agitation est effectuée pendant 45 minutes (minimum 30 minutes). La solution B est ensuite éliminée. Enfin, la solution C, qui est composée de 1,5 % d'hydroxyde de sodium (NaOH) (15 g/l), 0,0165 % de borohydrure de sodium (NaBH_4) (0,165 g/l) et de 0,15 % de formaldéhyde (4 ml/l), est déversée sur le gel. Elle est agitée jusqu'à apparition des bandes, puis le gel est lavé avec de l'eau du robinet.

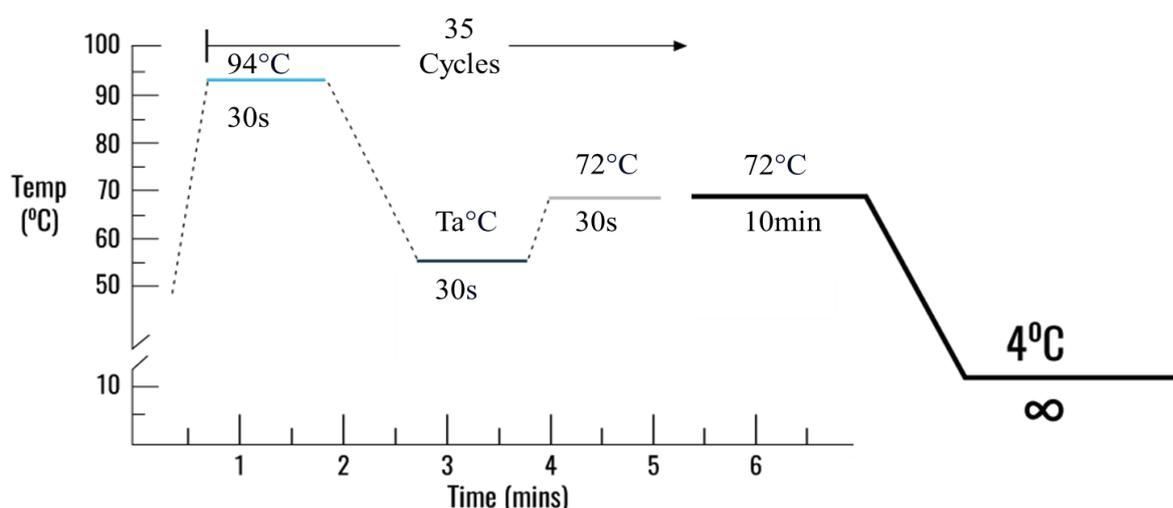


Figure 2.10 : Cycle de polymérisation des fragments d'ADN par PCR.

Tableau 2.4 : Les amorces SSR utilisées pour l'étude de la diversité allélique des 57 accessions.

Amorces SSR	Chromosome	Espèces d'origine	Taille de référence (pb)	Ta
UDAp-407	7	Abricotier	118/ 162	58
UDP98-409	8	Pêcher	122–164	53
Pchgms-2	4	Pêcher	155, 157, 163	57
PGS1.21	1	Abricotier	205	55
PGS1.24	1	Abricotier	121/149	55
PGS1.23	1	Abricotier	235	55
BPPCT004	2	Pêcher	193–209	57
CPSCT042	7	Abricot japonais	194	57
EPDCU3454	8	Amandier	122	57
AMPA105	5	Abricotier	182–214	55

3 Étude du génotype

3.1 Étude de l'expression des gènes candidats liés aux caractères d'intérêt

Pour l'étude de l'expression des caractères cibles (Besoin en froid), les bourgeons floraux de 5 variétés d'abricots dont les caractères de besoin en froid sont avérés génétiquement éloignés

sont récoltés du mois de Novembre/Décembre au mois de Février pendant la période de dormance. Ensuite préservés à -80°C pour l'extraction de l'ARN.

3.1 Choix et synthèse des amorces

Les données du transcriptome de l'abricotier se trouvent dans la base de données GDR (Genome Database for Rosaceae) à l'adresse <http://www.rosaceae.org/>. Des séquences de gènes candidats ont été recherchées dans la base de données NCBI (National Center for Biotechnology Information) chez les espèces de *Prunus*. Les séquences des gènes candidats ont ensuite été comparées aux données du transcriptome de l'abricotier *Prunus armeniaca* Sungold genome v1.0 Transcripts, du cultivars "Sungold" à l'aide des algorithmes nucléotidiques BLAST. Les séquences présentant une homologie avec les gènes candidats d'autres espèces ont été utilisées pour concevoir des amorces.

Pour l'étude d'expression, les amorces sont conçues à l'aide de Primer3Plus (<http://www.https://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>) (Tableau 2.5). Les amorces ont été conçues avec un T_m compris entre 60°C et 63°C , en veillant à ce que la différence de T_m ne soit pas supérieure à 10°C . La rigueur a été appliquée pour éviter la formation de dimères d'amorces, et l'appariement 3' entre amorces a été évité. Le pourcentage de GC des amorces était compris entre 50 et 60 %, avec une taille comprise entre 18 et 22 pb. Dans la mesure du possible, des amorces se chevauchant ou encadrant des exons ont été utilisées. La taille du produit d'amplification visé était comprise entre 150 et 200 pb, et les amorces ont été commandées auprès d'InvitrogenTM.

Tableau 2.5: Amorces synthétisées à partir de gène candidats

Référence NCBI Séquence	Nom du Primer synthétisé	Séquence	Espèce identifiée
Gène candidat lié au début de la dormance			
XR_002271626.1	DAM5-F	TGGAACAACCTGGTGGGAAGCA	<i>Prunus persica</i>
	DAM5-R	GAAATACTGGACCTGCGCTT	
XM_007227500.2	DAM6-F	TGAGCTGGTAGAAGCCAACA	
	DAM6-R	ATCTGCCCAAATTGCCACCT	
NM_001293267.1	DAM4-F	AACAACCAGCTAAGGCAGAC	<i>Prunus mume</i>
	DAM4-R	AGGCATGTCATCTGAATCTGC	
Gène candidat lié à la transition entre l'endo dormance et l'Eco dormance			

XM_020562736.1	NCED5-F	TTTTACGCACGTGGGGTTTT	<i>Prunus persica</i>
	NCED5-R	ACGGTCGGTCGTTACGATTT	
XM_007202534.2	CS66-F	AGGGTACGGCACTCATACAA	
	CS66-R	TTACTAGGCCAACTCCAGGA	
Gène candidat lié à l'Eco dormance			
XM_008221047.2	DAM1-F	TGAGTTGCAGCCAGAGAATGA	<i>Prunus mume</i>
	DAM1-R	AACTGGTGGATGCAAGCCTT	
NM_001328882.1	DAM3-F	ACAGCAACTACTCTGCGTTGA	<i>Prunus domestica</i>
	DAM3-R	AGCGATCTCGAAAGCAATGC	
XM_034359899.1	LEAFY-F	TTTGCTTGTGGGTGAGAGGT	<i>Prunus dulcis</i>
	LEAFY-R	AACAAGAGAAGGAGATGGTGGG	

3.2 Extraction des ARN_{totaux}

Les bourgeons ont été broyés en une fine poudre à l'aide d'azote liquide. 1 ml de tampon d'extraction (300mM, pH=8 Tris-HCl, 25mM EDTA, 2M, NaCl, 2% CTAB, 2% PVP, 0.05%, 2% β-mercaptoethanol) (préchauffé à 65°C) contenant 2% de bêta-mercaptoéthanol a été ajouté à 100 mg de tissu (20 ml/g ; pour les tissus à forte teneur en eau comme les baies, ajouter 10-15 ml/g). Après agitation, les tubes ont été incubés dans une étuve à 65°C pendant 10 minutes, avec agitation toutes les deux minutes. 1 ml de chloroforme a été ajouté, suivi d'une centrifugation à 12000 tr/min pendant 15 min à 4°C. Un volume (vol) de 0,6 d'isopropanol et 0,1 vol de NaOAc 3M (pH 5,2) ont été ajoutés au surnageant, soigneusement mélangés, et conservés à -80°C pendant 30 minutes. Les échantillons ont ensuite été centrifugés à 12000 rcf pendant 30 min à 4°C. 1 ml de TE (pH 7,5) a été ajouté au culot d'acides nucléiques. 0,3 vol de LiCl 8M a été ajouté pour précipiter l'ARN. Les échantillons ont été conservés toute la nuit à 4°C, puis centrifugés à 20 000 g pendant 30 minutes à 4°C pour précipiter l'ARN. Le culot a été lavé avec de l'éthanol froid à 70%, séché à l'air, et dissout dans 30 µl d'eau préparée au diéthylpyrocarbonate (DEPC).

Pour éliminer l'ADN, la TURBO DNase I a été utilisée. L'échantillon d'ARN a été mélangé avec 0.1 volume de tampon TURBO DNase 10X et 1 µl de DNase, puis incubé à 37 °C pendant 30 minutes. Après l'ajout de 0.1 volume de réactif de désactivation de la DNase, suivie d'une incubation à température ambiante pendant 5 minutes, l'échantillon a été centrifugé à 10 000 tr/min pendant 1,5 minute. Le surnageant a été transféré dans un nouveau tube.

Un protocole de précipitation a été utilisé pour le transport des échantillons à l'étranger. Pour précipiter l'ADN, 0,1 volume de NaOAc 3M et 3 volumes d'éthanol à 100 % froid ont été ajoutés aux échantillons. Le mélange a été vortexé soigneusement et conservé à -80°C pendant la nuit avant d'être transporté à 4°C.

La concentration en ARN total est mesurée à l'aide d'un spectrophotomètre (NanoDrop) (**Annexe 2**). L'électrophorèse sur un gel d'agarose à 2 % permet d'évaluer la qualité de l'ARN. La pureté de l'échantillon est déterminée par les rapports entre 260 nm et 280 nm qui déterminent la présence de protéines et à 260 nm et 230 nm pour une présence des polyphénols et les polysaccharides. Les solutions mères sont conservées à -80°C.

3.3 Transcription inverse

Cette étape est cruciale dans la conversion de l'ARN en ADNc stable à l'aide d'amorces spécifiques. Le kit de synthèse d'ADNc SensiFAST™ de Meridian Bioscience Inc. est utilisé pour ce processus, en suivant le protocole du fabricant.

1 µg d'ARN_{total} extrait est ajouté au mélange réactionnel contenant 4 µl du Tampon "5x TransAmp Buffer", 1 µl de transcriptase inverse et de l'eau sans DNase/RNase, dans un volume total de 20 µl. Le mélange est incubé sur un thermocycleur avec le programme suivant : 25°C pendant 10 minutes (annihilation des amorces), 42°C pendant 15 minutes (Fonction de la transcription inverse), une étape optionnelle à 48°C pendant 15 minutes pour les ARN hautement structurés, et une étape finale d'inactivation à 85°C pendant 5 minutes.

Une amplification par PCR est ensuite réalisée pour évaluer la qualité de l'ADNc avec des amorces universelles de l'actine et la tubuline, et les produits d'amplification sont visualisés par électrophorèse sur un gel d'agarose à 2 %. Les solutions de stock d'ADNc sont diluées au 1 :10 et conservées à -20°C (**Annexe 3**).

3.4 Étude de l'association

L'étude du génotype a été appréciée à travers l'étude des associations entre les marqueurs moléculaires et les caractères d'intérêt. Cette méthode est plus rapide et plus rentable que les études d'expression génétique. Ces associations contribuent également à la sélection assistée par marqueurs dans l'amélioration des plantes, accélérant l'amélioration de caractères tels que le rendement, la résistance aux maladies et la tolérance au stress. Les études d'association permettent d'examiner plusieurs caractères simultanément, ce qui permet de comprendre en

profondeur les relations et les interactions entre différents caractères. L'association sera déterminée par des modèles GLM et MLM.

L'hypothèse liant chaque marqueur moléculaire au trait d'intérêt a été testée à l'aide du logiciel TASSEL. Divers modèles statistiques ont été utilisés pour calculer les valeurs $p < 0.05$ tout en tenant compte de la parenté afin d'éviter les fausses associations. Deux modèles, dont des modèles linéaires généraux (GLM) et des modèles linéaires mixtes (MLM), ont été utilisés pour évaluer les associations marqueur-caractère. Les modèles testés étaient les suivants : i) Modèle naïf : GLM sans correction de la structure de la population ; ii) modèle K : MLM avec correction de la matrice K pour la parenté. Les marqueurs significatifs obtenus par GLM ont été corrigés à l'aide de la correction de Bonferroni. Les valeurs $p < 0.05$ critiques ont été déterminées sur la base du contrôle du taux de fausse découverte. L'analyse d'association a été réalisée à l'aide de 10 marqueurs SSR.

2. Analyses statistiques des résultats

A l'aide du logiciel SPSS. 26v et Excel, le calcul de la moyenne, le minimum, le maximum, la marge d'erreur (SD), coefficient de variation (cv), l'ANOVA, analyse en composante principale, classification hiérarchique, corrélation de Pearson ont été calculés.

L'étude de la fréquence des allèles pour les marqueurs codominants a été effectuée avec une matrice de données des tailles d'allèles utilisée pour estimer la diversité génétique à l'aide du logiciel GenAlEx. Ces paramètres incluent :

- ✓ Le nombre moyen d'allèles (N_a) et de génotypes par locus,
- ✓ Hétérozygotie observée (H_o) : fréquence moyenne des hétérozygotes.
- ✓ Hétérozygotie attendue (H_e) : probabilité que deux allèles choisis au hasard soient différents.
- ✓ Les indices de fixation de Wright (F).
- ✓ L'indice de diversité de Shannon (I) qui mesure la diversité des populations.
- ✓ le nombre effectif d'allèles (N_e).
- ✓ Le contenu en information polymorphique (PIC) de chaque marqueur a été déterminé à l'aide du logiciel Cervus pour décrire son informativité.

Pour inférer la structure du matériel génétique étudié, l'algorithme de regroupement bayésien, implémenté dans le logiciel STRUCTURE a été utilisé. Le nombre de clusters génétiques supposés (K) a été fixé de 2 à 10, et 10 exécutions indépendantes avec 50 000 itérations de Monte Carlo par chaîne de Markov pour chaque K ont été réalisées après une période de chauffe de 500 000 itérations. Le programme STRUCTURE SELECTOR a été utilisé pour calculer la valeur idéale de K basée sur le test K. Enfin, le programme DARWIN a produit un dendrogramme de regroupement pondéré avec un Bootstrap de 30 000 pour la construction de l'arbre.

Partie III : Résultats

1 Diversité génétique

1.1 Diversité morphologique

1.1.1 Caractères morphologiques

56 caractéristiques morphologiques et pomologiques ont été étudiées pour les 57 accessions, les caractères des variétés d'abricotier étudiés correspondaient à la majorité des unités de description observées par l'UPOV et l'IBPGR. Sur la base des caractéristiques quantitatives et qualitatives évaluées, il y avait des différences significatives entre les génotypes examinés (test de Kruskal-Wallis, $P < 0,001$) (**Tableau 3.1**). Vingt-six des 56 caractères examinés indiquaient un indice de variabilité supérieur à 20 %, montrant une variabilité entre les accessions, la plupart d'entre eux étaient des caractères de fruits et de feuilles. Les diamètres des fleurs allaient de 3.1 cm (BL3Borj) à 3.96 cm (P11Sif). Les pétales étaient principalement blancs (22) et rose clair (11). La période de floraison était mi-Février (3), fin-Février (13), début Mars (19), mi-Mars (7), et douze à la fin-Mars (**Tableau 3.2**).

Les fruits des accessions algériennes étudiées étaient caractérisés par une couleur de fond rouge et une chair jaunâtre ou orange clair. Les motifs de la couleur de fond étaient soit des taches solides soit des points isolés (**Figure 3.1**). La longueur des fruits variait de 2.38 cm (SauvageDjmorah) à 5.1 cm (Lokmi). La forme latérale des fruits était ronde ou aplatie, et les fruits étaient ovales ou aplatis en vue ventrale. Les largeurs latérales des fruits variaient de 2.18 cm (VR-11) à 4.84 cm (PvKantra) et les largeurs ventrales allaient de 2.17 cm (SauvageDjmorah) à 4.88 cm (Lokmi). Ils étaient caractérisés par une petite zone de couleur de fond, et une absence totale d'adhésion du noyau à la chair. De plus, la couleur de fond de la peau du fruit était principalement vert jaunâtre, tandis que la fermeté de la chair du fruit était douce. La majorité des fruits présentaient des surfaces lisses ou légèrement bosselées, le rapport entre la largeur latérale du fruit et la largeur ventrale du fruit variait de 0.98 (Ts5Sila) à 2.27 (Ts5Sila, Vx3Sila) (**Tableau 3.3**). De plus, une variation a été observée dans le moment de la maturation du fruit : début-Mai (3), mi-Mai (9), fin-Mai (28), début Juin (6), mi-Juin (6) et fin-Juin (2). La plupart des génotypes avaient un noyau avec une forme elliptique. Les dimensions du noyau, du fruit et des graines présentaient un faible coefficient de variabilité (**Tableau 3.1**).

La longueur du limbe de la feuille variait de 7.12 cm (Pv4Borj) à 9.99 cm (Bouchaour), tandis que la largeur variait de 5.64 cm (BL4Borj) à 10.06 cm (PvKantra). La majorité des accessions avaient une couleur vert moyen sur le dessus du limbe et une forme obtuse à la base.

La longueur de la pointe variait de 0.8 cm (BLRofk) à 1.54 cm (Bouchaour) avec une incision dentée de la marge de la lame foliaire. Cependant, la longueur du pétiole allait de 2.02 cm (Monte) à 5.93 cm (Lz2Sof) avec une intensité moyenne de sa coloration anthocyanique sur le dessus (23) contenant deux ou trois nectaires, de petite taille.

Tableau 3.1 : Statistiques descriptives de 56 caractères morphologiques pour 57 cultivars Algériens.

Variables	Min	Max	Moyenne	Sd	CV%	ANOVA
DiFL	3.1	3.96	3.51	0.18	5.22	p <0.001
PS	1	3	1.85	0.51	27.83	p <0.001
FrP	2	3	2.59	0.32	12.39	p <0.001
CP	1	2	1.41	0.29	20.29	p <0.001
SA	2	3	2.83	0.24	8.4	p <0.001
LnPs	1.01	2.03	1.66	0.18	11	p <0.001
NE	25	34	30.35	1.37	4.52	p <0.001
NP	5	6	5.23	0.12	2.21	p <0.001
LrP	1.31	1.89	1.59	0.1	6.1	p <0.001
LnP	1.28	1.67	1.69	0.88	8.45	p <0.001
NPs	1	1	1.02	0.07	7.04	p <0.001
TF	0	3	1.71	0.4	23.26	p <0.001
InC	0	3	1.32	0.51	39.04	p <0.001
CChF	1	5	3.36	0.85	25.31	p <0.001
MfF	0	3	1.49	0.64	42.84	p <0.001
M	0	1	0.58	0.34	57.71	p <0.001
HF	2.38	4.96	3.66	0.52	14.3	p <0.001
FrFl	2	6	4.12	1	24.35	p <0.001
FrFv	1	3	2.27	0.4	17.56	p <0.001
LrFl	2.18	4.84	3.68	0.52	14.18	p <0.001
LrFv	2.17	4.47	3.42	0.45	13.23	p <0.001
SyFv	1	3	2.04	0.28	13.74	p <0.001
StF	2	3	2.44	0.36	14.54	p <0.001
PrCvT	1	3	2.18	0.43	19.68	p <0.001
FrF	1	3	2.51	0.49	19.38	p <0.001
ScF	1	4	2.16	0.61	28.4	p <0.001
APrr	1	3	1.46	0.59	40.5	p <0.001
CPf	1	5	3.79	0.81	21.35	p <0.001
FtF	1	4	2.14	0.6	27.91	p <0.001
SrF	1	3	1.52	0.56	36.97	p <0.001
HF/LrFv	0.89	1.64	1.09	0.12	10.62	p <0.001

LrFl/LrFv	0.98	3.21	1.14	0.33	29.22	p <0.001
FrPrr	1	4	2.96	0.67	22.5	p <0.001
LnPrr	1.61	2.97	2.32	0.31	13.22	p <0.001
LrPrrl	1	2.39	1.82	0.27	14.9	p <0.001
LrPrrv	0.82	1.4	1.13	0.11	10.08	p <0.001
LgG	1.05	1.98	1.57	0.18	11.52	p <0.001
LrNyl	0.75	1.33	1.08	0.14	12.82	p <0.001
LrNyv	0.35	0.68	0.48	0.07	13.53	p <0.001
LnLm	6.01	9.99	8.33	0.91	10.96	p <0.001
LrLm	5.64	10.18	7.64	1.1	14.46	p <0.001
ICLm	1	3	2.18	0.48	22.25	p <0.001
FrBLm	2	4	2.66	0.75	28.2	p <0.001
LnPoLm	0.65	4.6	1.17	0.52	44.17	p <0.001
IBLm	2	5	3.84	0.95	24.8	p <0.001
OdLm	2	3	2.77	0.27	9.91	p <0.001
LnPt	2.02	5.93	3.74	0.95	25.38	p <0.001
EpPt	1	2	1.15	0.22	18.81	p <0.001
PgPt	0	3	1.46	0.66	45.16	p <0.001
NNcPt	1	3	2	0.7	32.5	p <0.001
TlINc	1	2	1.12	0.28	24.96	p <0.001
AxLm	3	4	3.47	0.32	9.22	p <0.001
LnLm/LnPt	1.55	3.07	2.35	0.42	17.93	p <0.001
LnLm/LrLm	0.88	1.24	1.1	0.09	8.24	p <0.001
FD	1	5	3	1.208	37.52	p <0.001
RT	1	6	3	1.129	35.62	p <0.001

Tableau 3.2 : Stade phénologique des 57 accessions.

Cultivars	Date de floraison	Date de maturation
LzKh	23/03/2020	16/06/2020
RsKh	23/03/2020	24/06/2020
Bouchaour	17/03/2020	18/06/2020
VxRof	11/03/2020	06/06/2020
RsRof	24/03/2020	24/06/2020
BL4Brdj	21/02/2020	22/05/2020
BL3Brdj	21/02/2020	22/05/2020
Ts3Bordj	14/02/2020	09/05/2020
Pv4Brdj	28/02/2020	27/05/2020
BL4M	/	22/05/2020

BL1M	/	22/05/2020
BL3M	/	22/05/2020
Ts4M	/	11/05/2020
Pv2M	07/03/2020	27/05/2020
Pv3M	07/03/2020	27/05/2020
Pv4M	07/03/2020	27/05/2020
Vx1M	/	27/05/2020
Vx3Sila	20/03/2020	27/05/2020
PI3M	07/03/2020	27/05/2020
Bensermoukh	/	27/05/2020
BL2Sif	02/03/2020	22/05/2020
BL1Sif	02/03/2020	22/05/2020
Ar2Sif	02/03/2020	15/05/2020
Pv2Sif	/	27/05/2020
Vx1Sif	20/03/2020	27/05/2020
PI3Sif	02/03/2020	27/05/2020
BL1Sila	21/02/2020	22/05/2020
BL4Sila	21/02/2020	22/05/2020
BL2Sila	21/02/2020	22/05/2020
BL3Sila	21/02/2020	22/05/2020
BL5Sila	21/02/2020	22/05/2020
BL8Sila	21/02/2020	22/05/2020
Arb7Sila	28/02/2020	27/05/2020
Ar5Sila	28/02/2020	15/05/2020
Ts8Sila	14/02/2020	02/05/2020
Ts5Sila	14/02/2020	02/05/2020
Vx2M	28/02/2020	13/05/2020
PvKnttr	12/03/2020	29/05/2020
LzKantr	/	05/06/2020
MonteKnttr	12/03/2020	13/05/2020
RomiaJmoura	/	13/05/2020
Boufarik	/	13/05/2020
SauvageJmoura	/	13/05/2020
ArJmoura	/	13/05/2020
AadiNgous	21/03/2020	12/06/2020
PvNgous	14/03/2020	02/06/2020
RsNga	21/03/2020	19/06/2020
BL2Sof	12/03/2020	29/05/2020
Lz2Sof	22/03/2020	06/06/2020
Ts1Sof	/	24/05/2020
Lz3Sof	23/03/2020	07/06/2020

Pv2Sof	15/03/2020	12/06/2020
RsBat	21/03/2020	12/06/2020
Lz1Sof	21/03/2020	05/06/2020
Lokmi	12/03/2021	11/06/2021
Bedai	26/02/2021	20/05/2021
Bish	12/3/2021	27/05/2021

Tableau 3.3 : 57 accessions algériennes avec les caractères les plus étudiés.

Cultivars	Largeur du fruit en vue latérale	Largeur du fruit en vue ventrale	La teinte de sur couleur	Couleur de la chair	Couleur de la peau	Forme en vue latérale	Forme en vue ventrale	Longueur du fruit
VxRof	4.23	3.72	Rouge	White	Vert jaunâtre	Circulaire	Oblat	4.02
BL2Sof	4.6	4.28	Rouge	Orange clair	Orange clair	Circulaire	Ovale	4.51
BL4M	4.04	3.7	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Oblong	Ovale	3.56
BL4Brdj	3.71	3.47	Rouge	Orange clair	Light Orange	Oblong	Oblat	3.51
BL1Sila	3.91	3.68	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	3.65
BL2Sif	3.29	3.29	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Circulaire	Ovale	3.23
BL1M	3.7	3.49	Rouge orange	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Circulaire	Oblat	3.48
BL4Sila	4.27	3.95	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Oblong	Ovale	3.97
BL2Sila	3.67	3.5	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	3.57
BL1Sif	3.56	3.36	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Oblat	Ovale	3.44
BL5Sila	3.87	3.6	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	3.65
BL3Sila	4.12	3.9	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Oblong	Ovale	3.98
BL3M	3.67	3.49	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Oblong	Oblat	3.52
BL8Sila	3.37	3.23	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Circulaire	Oblat	3.27
BL3Brdj	4.09	3.68	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Oblong	Oblat	3.78
RomiaDjmoura	3.86	3.79	Rouge	Blanc	White	Circulaire	Ovale	3.37
AadiNgous	4.09	3.82	Rouge	Orange clair	Orange clair	Circulaire	Ovale	4.24
Ar7Sila	3.48	3.12	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Elliptique	Ovale	3.31
Ar2Sif	3.15	3.05	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Circulaire	Ovale	2.85
ArDjmoura	3.15	2.91	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Circulaire	Oblat	3.46
Ar5Sila	2.97	2.87	Rouge	Blanc jaunâtre	Blanc	Elliptique	Oblat	2.98
BoufarikDjmoura	3.51	3.21	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	3.53

Monte	2.54	2.53	Rouge orange	Orange clair	Orange clair	Elliptique	Ovale	2.55
SauvageDjmoura	2.18	2.17	Rose	Orange clair	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	2.38
Ts1Sof	3.21	3.1	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	3.09
Ts3Bordj	2.92	2.84	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Elliptique	Ovale	3.59
Ts4M	3.12	3.07	Rouge	Blanc	White	Circulaire	Triangulaire	3.01
Ts8Sila	3.19	3.06	Rouge	Blanc	Jaunâtre	Circulaire	Ovale	3.2
Ts5Sila	3.03	3.1	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Oblong	Oblat	2.9
PvNgous	3.67	3.46	Rouge	Orange clair	Orange clair	Oblong	Ovale	3.84
Pv2Sof	4.21	3.78	Rouge	Blanc	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	4.3
PvKnttr	4.84	4.47	Rouge	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Oblat	Ovale	4.96
Pv2Sif	3.72	3.36	Rouge	Light Orange	Vert jaunâtre	Oblong	Ovale	3.59
Pv4Brdj	3.01	2.68	Rouge	Orange clair	Orange clair	Oblat	Ovale	3.11
Pv2M	4.25	3.75	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Oblong	Oblat	3.92
Pv3M	3.75	3.47	Rouge orange	Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	Oblong	Ovale	3.53
Pav4M	4.32	4.05	Rouge orange	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Circulaire	Ovale	4
Vx2M	3.3	3.03	Rouge	Orange clair	Jaunâtre	Circulaire	Oblat	3.1
Vx1M	4.25	3.82	Rouge orange	Orange clair	Vert jaunâtre	Oblong	Ovale	4.19
Vx3Sila	4.01	4.3	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Oblat	Ovale	4.23
Vx1Sif	3.31	3.04	Rouge	Orange clair	Orange clair	Oblat	Oblat	3.61
PI3M	4.3	3.82	Rouge orange	Orange clair	Vert jaunâtre	Oblat	Ovale	4.32
PI3Sif	3.44	3.13	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Ovate	Ovale	3.53
Bensermoukh	3.93	3.23	Absent	Orange clair	Vert jaunâtre	Circulaire	Oblat	3.56
LzKhr	4.12	3.7	Rouge orange	Medium Orange	Orange clair	Oblat	Ovale	4.37
LzKantr	3.66	3.45	Rouge orange	Orange clair	Orange clair	Ovale	Ovale	3.93
Lz1Sof	3.86	3.75	Rouge	Orange clair	Orange clair	Oblat	Ovale	4.15
Lz2Sof	3.92	3.71	Rouge	Orange clair	Orange clair	Ovale	Ovale	4.15
Lz3Sof	3.14	2.99	Rouge	Orange clair	Vert jaunâtre	Ovale	Ovale	3.27
RsRof	4.23	3.59	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Circulaire	Ovale	4.22
RsKh	3.77	3.2	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Circulaire	Ovale	4.07
RsNgous	3.73	3.22	Rouge	Blanc jaunâtre	Jaunâtre	Oblong	Ovale	4
RsBat20	3.27	2.94	Rouge orange	Blanc	Jaunâtre	Oblat	Ovale	3.6
Bouchaour	4.26	3.99	Rouge	Orange claire	Vert jaunâtre	Circulaire	Ovale	4.68

Lokmi	4.73	4.88	Rouge orange	Blanc	Vert jaunâtre	Elliptic	Triangular	5.10
Bedai	3.04	3.33	Red	Blanc	Blanc	Ovale	Ovale	2.76
Bish	3.27	3.34		Blanc jaunâtre	Vert jaunâtre	circular	Oblate	3.48



Figure 3.1 : Fruits de différents cultivars.

1.1.2 Analyse de la corrélation de Pearson

Des corrélations positives et négatives entre les caractères morphologiques ont été démontrées grâce à une analyse de corrélation de Pearson. La corrélation était significative aux niveaux de 0.05 (*) et 0.01 (**). (Tableau 3.4). Le diamètre de la fleur était significativement et positivement corrélé à la largeur des pétales ($r = 0.581$). De plus, la couleur des pétales était positivement corrélée au nombre de pétales ($r = 0.384$) et au motif de couleur de fond des fruits ($r = 0.354$), mais négativement à la largeur du limbe ($r = -0.385$). La date de floraison était également corrélée négativement à l'intensité de la couleur de fond des fruits ($r = -0.505$), à la

forme latérale des fruits ($r = -0.450$), à l'adhérence du noyau à la chair ($r = -0.504$), à la fermeté des fruits ($r = -0.373$), mais positivement à la longueur du noyau ($r = 0.596$).

La teinte de la sur-couleur du fruit était positivement et significativement corrélée à l'intensité de la sur-couleur des fruits ($r = 0.489$) et négativement à la largeur du noyau en vue ventrale ($r = -0.363$). De plus, la couleur de la chair du fruit était significativement corrélée à la fermeté des fruits ($r = 0.564$). Les motifs de sur-couleur des fruits étaient fortement corrélés à zone relative de la sur-couleur du fruit ($r = 0.743$). La longueur des fruits était positivement et significativement corrélée à la largeur des fruits en vue latérale et ventrale ($r = 0.891$ et $r = 0.838$) respectivement, à la longueur du noyau ($r = 0.777$), à la largeur du noyau en vue latérale et ventrale ($r = 0.675$ et $r = 0.711$) consécutivement, à la largeur du noyau en vue latérale ($r = 0.790$), à la longueur et à la largeur du limbe ($r = 0.705$ et $r = 0.512$) respectivement, et à la longueur du pétiole ($r = 0.591$). La forme latérale des fruits était significativement et négativement corrélée à la longueur du limbe ($r = -0.415$) et positivement corrélée à la forme des fruits au sommet ($r = 0.358$). De plus, la forme des fruits en vue ventrale présentait des corrélations extrêmement positives avec la largeur des fruits en vue ventrale ($r = 0.941$), la longueur du noyau ($r = 0.570$), la largeur du noyau en vue latérale et ventrale ($r = 0.817$ et $r = 0.767$) respectivement, la longueur du noyau en vue latérale ($r = 0.644$), la largeur du noyau en vue latérale ($r = 0.781$), et la longueur de la lame foliaire ($r = 0.564$). L'intensité de la sur-couleur des fruits était significativement corrélée à la zone relative de la sur-couleur de fond du fruit ($r = 0.383$). La couleur de fond de la peau du fruit était corrélée à la longueur du noyau ($r = 0.426$). La fermeté de la chair des fruits était également positivement corrélée à la surface du fruit ($r = 0.369$) et à l'adhérence du noyau à la chair ($r = 0.464$).

Tableau 3.4: Corrélation de Pearson des 56 caractéristiques étudiées.

Variables	LnPs	ni	LrP	LnP	HF	LrFl	LrFv	HFLrFv	LrFILrFv	LnPrr	LrPrrl	LrPrrv	LgG	LrNyl	LrNyv	LnLm	LrLm	LnPoLm	LnPt
LnPs	1																		
ni	-0.154	1																	
LrP	-0.145	0.069	1																
LnP	-0.070	,370**	0.074	1															
HF	0.118	0.093	0.110	,339*	1														
LrFl	0.020	0.062	0.212	,317*	,891**	1													
LrFv	-0.002	0.106	0.211	,340*	,838**	,941**	1												
HFLrFv	0.122	-0.097	-0.227	-0.034	0.216	-0.044	-0.162	1											
LrFILrFv	-0.007	0.082	0.066	0.031	0.005	-0.075	0.042	,285*	1										
LnPrr	0.217	0.202	0.061	,277*	,777**	,570**	,487**	,281*	-0.073	1									
LrPrrl	0.037	0.045	0.187	,275*	,842**	,817**	,720**	0.167	0.001	,675**	1								
LrPrrv	-0.147	-0.167	,342*	0.083	,675**	,767**	,719**	0.035	0.030	,440**	,795**	1							
LgG	,338*	-0.008	-0.016	0.101	,711**	,644**	,560**	0.178	0.083	,654**	,592**	,476**	1						
LrNyl	0.111	0.084	0.110	0.221	,790**	,781**	,664**	0.212	0.052	,695**	,843**	,703**	,755**	1					
LrNyv	0.034	-0.006	-0.046	-0.142	0.006	0.043	-0.018	,298*	0.266	0.093	-0.028	0.113	0.177	0.199	1				
LnLm	0.125	-0.004	0.210	0.154	,705**	,564**	,531**	,278*	-0.037	,535**	,639**	,597**	,446**	,531**	0.153	1			
LrLm	-0.162	0.051	0.194	0.081	,512**	,499**	,450**	0.086	-0.094	,274*	,606**	,671**	0.133	,457**	0.111	,779**	1		
LnPoLm	-0.308*	0.023	0.168	0.028	0.018	0.034	0.005	-0.002	0.063	-0.079	-0.108	-0.173	0.062	0.019	0.062	-0.110	-0.225	1	
LnPt	0.125	0.187	0.013	0.099	,591**	,358**	,310*	,328*	-0.131	,534**	,559**	,373**	,302*	,458**	0.011	,749**	,703**	-0.239	1
LnLmLnPt	-0.120	-0.233	0.055	-0.068	-0.443**	-0.217	-0.159	-0.313*	0.152	-0.407**	-0.473**	-0.254	-0.210	-0.378**	0.063	-0.515**	-0.587**	,360**	-0.929**

LnLmLrLm	,418**	0.038	-	0.049	0.016	-	-	0.146	0.107	0.147	-0.228	-,341*	,316*	-0.094	-0.017	-0.049	-	0.213	-0.262
			0.033			0.110	0.061										,654**		
PS	,577**	-	-	-	-	-	-	0.102	0.044	-0.022	-0.020	-0.117	0.225	0.043	0.025	-0.085	-0.217	-0.097	-0.247
		,281*	0.216	0.024	0.021	0.025	0.075												
FrP	-	-	,531**	0.112	-	0.065	0.050	-,383**	-0.031	-0.095	-0.018	0.164	0.030	-0.018	0.029	-0.029	-0.003	-0.200	-
	0.026	0.028		0.126															,358**
CP	-	0.112	0.178	-	-	-	-	-0.084	-0.094	-0.021	-0.141	-0.130	-	-0.081	0.005	-,342*	-	0.245	-,334*
	0.029			0.136	0.207	0.183	0.154						0.020				,385**		
SA	,335*	,471**	-	0.076	-	-	-	-0.004	0.047	0.044	-,324*	-,488**	0.120	-0.151	0.266	-0.153	-	0.169	-0.121
			,285*		0.176	0.210	0.165										,443**		
NP	0.034	0.107	-	-	0.078	0.068	0.201	-0.008	-0.033	0.045	0.128	0.139	0.151	0.124	-0.125	-0.011	-0.122	0.028	-0.083
			0.064	0.069															
TF	0.140	-	-	0.050	-	-	-	-0.008	0.027	-0.239	-0.241	-,363**	-	-0.181	-0.055	-0.021	-0.111	0.139	-0.161
		0.049	0.139		0.156	0.210	0.115						0.089						
InC	0.210	-	-	-	-	-	-	-0.064	0.170	-,323*	-,494**	-,352**	-	-	-0.145	-0.246	-	0.108	-
		0.217	0.062	0.059	,309*	0.260	0.194						0.083	,418**				,410**	,481**
CChF	0.058	0.026	-	-	0.113	0.070	0.066	0.144	0.146	0.173	0.048	0.017	0.173	0.187	0.026	-0.069	-0.160	0.054	0.095
			0.085	0.058															
MfF	,291*	-	0.050	0.259	0.037	-	-	0.205	0.121	0.219	0.006	-0.044	0.081	-0.057	0.148	-0.097	-,284*	-0.074	-0.190
		0.103			0.065	0.047													
M	-	-	0.188	-	-	-	-	0.097	-0.104	-,282*	-0.249	-0.129	-	-,324*	0.129	-0.005	0.006	-0.163	-0.095
	0.012	0.168		0.147	,336*	,418**	,352**						,304*						
FrFl	-	-	-	-	-	-	-	-0.247	-0.039	-0.259	-0.236	-0.180	-	-0.212	0.032	-,415**	-0.258	,316*	-
	0.093	0.244	0.195	0.173	,301*	0.148	0.159						0.215						,531**
FrFv	-	-	-	-	-	-	-	0.093	0.073	-0.171	-0.102	-0.006	-	-0.035	0.018	-0.163	-0.103	-0.014	-0.152
	0.028	0.189	0.099	0.084	0.145	0.045	0.104						0.015						
SyFv	-	0.258	0.164	,386**	0.235	0.231	0.223	0.000	-0.014	,428**	,297*	0.183	0.105	,302*	0.068	0.052	0.131	-0.027	0.118
	0.114																		
StF	-	0.208	0.165	0.154	0.237	,334*	,379**	-,297*	0.036	0.107	0.048	0.175	0.113	0.158	0.032	-0.067	0.090	-0.090	0.010
	0.099																		
PrCvT	-	0.140	-	-	0.060	0.016	0.051	-0.012	-0.073	0.014	0.006	-0.066	0.009	-0.040	0.037	0.048	0.109	0.168	0.122
	0.050		,328*	0.054															
FrF	-	-	0.093	0.090	-	0.161	0.104	-0.258	0.168	-0.197	-0.084	0.036	0.032	0.049	0.163	-,364**	-0.111	0.173	-
	0.123	0.046		0.124															,414**
ScF	0.157	-	-	0.146	0.030	-	-	0.236	0.031	0.128	-0.043	-0.032	0.048	-0.112	0.130	0.017	-0.121	0.017	-0.147
		0.167	0.094		0.075	0.047													
APrr	0.051	-	-	0.132	-	-	-	-0.008	0.026	-0.259	-,281*	-0.212	-	-,272*	-0.049	-0.222	-	0.041	-
		0.125	0.159		0.187	0.099	0.011						0.036					,371**	,414**
CPf	0.028	,341*	0.088	0.057	,282*	0.172	0.191	-0.187	-0.191	,426**	0.215	0.054	0.162	0.210	-,276*	0.049	-0.011	-0.111	,269*
FtF	-	-	0.003	-	-	0.061	0.076	0.027	0.128	-0.254	-0.079	0.067	-	-0.133	-0.011	-0.131	0.000	0.182	-0.243
	0.243	0.209		0.192	0.068								0.184						
SrF	0.157	0.026	-	-	-	-	-	0.113	0.165	0.013	-0.082	-0.180	0.096	0.040	0.113	0.011	-0.061	0.187	-0.136
			0.219	0.115	0.009	0.010	0.044												

FrPrr	0.074	0.032	-	0.025	0.111	-	-	0.259	0.019	-0.008	-0.107	-0.218	0.225	-0.141	-0.101	0.133	-0.187	,338*	0.066
ICLm	0.105	0.041	-	0.215	-	-	-	0.125	-0.050	0.054	-0.063	-0.158	0.168	0.058	,324*	0.081	0.009	0.205	0.105
FrBLm	-	0.106	0.137	-	0.064	0.005	-	0.207	-0.042	0.156	0.242	0.262	-	0.249	0.147	0.160	,543**	-,271*	,451**
IBLm	0.164	-	0.156	0.015	-	-	-	-0.164	0.111	-,275*	-,399**	-,420**	-	-	-,273*	-,541**	-	-0.057	-
OdLm	0.103	-	0.027	0.052	-	-	-	,294*	-0.189	-0.010	-0.014	-0.088	-	-0.091	-0.005	0.156	0.174	-0.096	,287*
EpPt	0.000	-	-	0.000	-	0.049	0.077	-0.219	-0.060	-0.219	-0.047	0.046	-	-0.080	0.082	0.117	0.231	0.000	-0.004
PgPt	-	0.208	-	-	0.006	-	-	0.055	-0.154	0.128	-0.034	-0.157	-	-0.132	-0.076	-0.040	0.028	-0.008	0.236
NNcPt	-	-	0.045	-	0.140	0.231	0.247	-0.264	-0.138	-0.144	0.246	,338*	-	0.181	-0.205	0.111	,535**	-,280*	,277*
TiINc	-	-	0.141	-	0.109	0.147	0.108	-0.048	-0.045	-0.028	0.216	0.253	0.018	0.244	0.103	0.210	,475**	-0.031	0.190
AxLm	-	-	0.020	-	-	0.088	0.127	-,452**	0.056	-,374**	-0.121	0.068	-	-0.089	-0.086	-0.196	0.149	-0.098	-,272*
DiFL	-	0.142	,581**	0.055	,298*	0.256	,301*	-0.196	-0.144	0.268	,288*	,323*	0.019	0.188	-0.087	,445**	,356**	-0.141	,399**
FD	,268*	0.221	0.043	0.064	,474**	,281*	0.233	,272*	-0.141	,652**	,498**	,283*	,295*	,535**	0.110	,476**	,386**	-0.223	,650**
RF	,334*	0.186	0.066	-	,607**	,469**	,329*	,282*	-0.007	,654**	,490**	,272*	,596**	,665**	0.255	,443**	,311*	0.009	,556**
Atl	,310*	,347*	-	0.008	0.141	-	-	0.238	-0.003	,292*	0.057	-0.206	0.037	0.044	-0.124	0.031	-0.071	0.019	0.216

Variables	LnLmLnPt	LnLmLrLm	PS	FrP	CP	SA	NP	TF	InC	CChF	Mff	M	FrFl	FrFv	SyFv	StF	PrCvT
LnLmLnPt	1																
LnLmLrLm	,363**	1															
PS	0.177	,269*	1														
FrP	,392**	0.013	,290*	1													
CP	,290*	0.190	-0.012	0.189	1												

SA	0.150	,485**	0.052	-0.070	0.180	1											
NP	0.081	0.213	0.188	0.118	,384**	0.071	1										
TF	0.208	0.192	0.078	-0.143	0.108	0.231	0.077	1									
InC	,517**	,410**	,306*	0.059	0.061	0.163	0.070	,489**	1								
CChF	-0.099	0.163	-,297*	-,286*	0.173	0.065	0.140	-0.064	-0.009	1							
MfF	0.193	,308*	,268*	0.101	,354**	0.184	0.132	0.135	0.215	-0.095	1						
M	0.051	-0.014	0.081	0.124	0.172	-0.081	-0.015	0.107	-0.003	-0.172	0.131	1					
FrFl	,461**	-0.078	,337*	0.047	0.077	-0.132	-0.021	0.080	,270*	-0.141	-0.006	0.100	1				
FrFv	0.103	0.034	0.131	0.007	-0.054	-0.081	0.119	-0.066	0.239	0.213	-0.026	-0.117	0.183	1			
SyFv	-0.139	-0.171	-0.078	0.067	0.080	0.041	-0.022	-0.192	-0.230	-0.043	,320*	-0.008	0.042	0.068	1		
StF	0.007	-0.169	-0.236	0.079	-0.065	-0.108	0.000	-0.078	0.030	0.225	-0.189	-0.260	-0.036	0.081	0.112	1	
PrCvT	-0.123	-0.139	-0.158	-,389**	0.069	0.090	-0.060	0.199	-0.014	0.176	-0.183	-0.099	0.041	0.018	-0.034	0.152	1
FrF	,348**	-0.213	0.192	,371**	0.125	-0.051	-0.027	-0.019	0.134	-0.073	0.120	-0.185	,358**	0.237	,300*	,314*	-0.186
ScF	0.163	0.186	,270*	-0.058	0.165	0.089	-0.057	,296*	,383**	-0.240	,743**	0.152	0.193	0.049	0.230	-0.173	0.031
APrr	,441**	,369**	0.136	0.142	-0.075	0.156	0.017	0.205	,378**	-0.200	0.087	-0.050	0.146	0.225	0.009	0.113	0.026
CPf	-0.252	0.056	-,345*	-0.085	0.069	0.121	0.149	-0.119	-0.187	,564**	-0.128	-0.219	-,287*	0.000	0.213	,401**	0.145
FtF	,303*	-0.127	-0.238	-0.098	-0.131	-0.194	-0.171	0.124	0.209	-0.070	-0.215	-0.039	0.080	0.025	-0.098	0.231	0.209
SrF	0.188	0.135	,310*	0.048	-0.191	0.194	0.006	0.248	,287*	-0.243	-0.088	-0.245	0.123	-0.052	0.003	0.000	0.073
FrPrr	-0.009	,452**	0.086	-0.215	-0.093	0.231	0.016	0.198	0.256	0.032	0.064	0.033	-0.177	-0.079	-0.238	-0.082	-0.031
ICLm	-0.077	0.079	0.192	0.025	-0.074	0.177	-0.084	0.006	-0.117	-0.073	0.010	0.091	-0.002	-0.107	-0.048	-0.122	-0.208
FrBLm	-,541**	-,692**	-,336*	-0.109	-0.095	-,390**	-0.174	-0.178	-,411**	0.086	-0.199	0.175	-0.152	-0.069	,276*	0.158	0.037
IBLm	,456**	,316*	0.227	0.184	0.141	0.024	-0.079	0.079	,394**	-0.068	0.124	-0.125	0.186	0.160	-0.212	0.095	-0.160
OdLm	-,317*	-0.141	-0.045	-0.114	-0.005	-0.016	-0.143	-0.105	-,379**	-0.167	-0.013	,351**	-0.223	-0.174	0.058	-,312*	-0.032
EpPt	0.035	-0.222	0.034	0.153	-0.133	0.093	-0.050	0.099	0.035	-0.086	-0.064	0.074	0.062	-0.098	-0.028	0.231	0.089
PgPt	-0.268	-0.138	-,271*	-,448**	0.261	0.144	0.146	0.204	-0.110	0.130	0.144	0.198	-0.085	-0.239	0.083	-0.038	,334*

NNcPt	-.363**	-.678**	-0.246	-0.029	-0.251	-.421**	-0.077	0.042	-0.226	-0.031	-.380**	0.047	-0.072	-0.026	0.009	,279*	0.098
TIINc	-0.186	-.456**	-0.169	0.047	-0.172	-.288*	-0.064	0.128	-0.134	0.023	-0.152	0.176	0.096	0.137	0.156	0.184	-0.100
AxLm	0.210	-.424**	-0.027	0.193	-0.238	-0.179	-0.174	0.187	0.240	0.009	-.337*	-0.161	0.215	0.186	-0.099	,397**	,273*
DiFL	-.276*	-0.019	-.512**	-0.046	-.297*	-0.184	-0.094	-0.148	-0.240	0.053	-0.123	-0.002	-.294*	-0.215	0.124	0.152	-0.158
FD	-.587**	-0.090	-0.159	-0.230	-0.043	0.010	0.046	-0.123	-.507**	0.099	0.058	-0.169	-.471**	-0.225	0.119	-0.062	0.007
RF	-.483**	0.021	0.047	-0.105	-0.037	0.107	-0.029	-0.116	-.360**	0.088	0.028	-.327*	-.338*	-0.181	0.133	0.149	-0.045
Atl	-0.250	0.116	0.180	-.316*	-0.007	0.240	0.011	0.102	0.071	0.054	0.102	-0.243	-0.007	-0.142	0.194	0.078	0.228

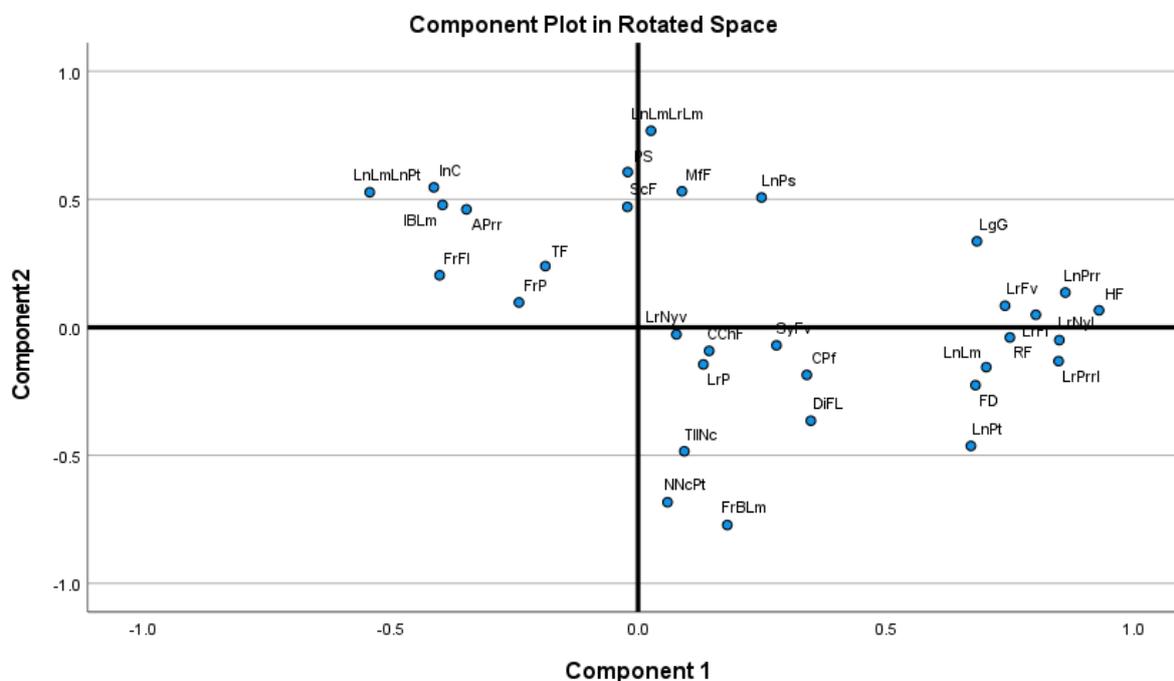
Variables	FrF	ScF	APrr	CPf	FtF	SrF	FrPrr	ICLm	FrBLm	IBLm	OdLm	EpPt	PgPt	NNcPt	TIINc	AxLm	DiFL	FD	RF	Atl
FrF	1																			
ScF	0.014	1																		
APrr	0.171	0.244	1																	
CPf	-0.232	-.275*	-0.225	1																
FtF	0.096	-0.012	,464**	-0.024	1															
SrF	0.179	0.057	,302*	-0.059	,369**	1														
FrPrr	-0.169	0.194	0.097	0.047	0.053	0.157	1													
ICLm	0.127	-0.112	-0.219	-0.223	-.341*	0.051	,328*	1												
FrBLm	0.056	-0.153	-.462**	0.169	0.082	-0.021	-.270*	-0.014	1											
IBLm	0.201	-0.006	,312*	-0.081	0.068	0.041	0.069	-0.112	-.463**	1										
OdLm	-0.242	-0.083	-0.157	-0.151	-0.226	-0.140	0.010	0.217	0.264	-0.185	1									
EpPt	0.204	0.071	0.092	-0.136	-0.046	-0.050	-0.081	-0.104	0.002	-.299*	0.125	1								
PgPt	-.401**	0.152	-.352**	,305*	-0.047	-0.252	-0.044	-0.225	0.263	-.276*	0.077	-0.047	1							
NNcPt	0.083	-0.245	-0.260	0.075	0.175	-0.220	-0.222	-0.167	,583**	-.387**	-0.063	0.212	0.240	1						
TIINc	0.142	0.017	-0.210	-0.011	0.118	-0.037	-0.056	0.127	,490**	-.352**	0.006	0.201	-0.032	,546**	1					

AxLm	,426**	-0.169	0.060	0.039	,311*	0.136	-0.235	-0.216	0.092	0.119	-,397**	,280*	-0.258	,450**	0.238	1				
DiFL	-,290*	-0.219	-0.261	,305*	0.001	-0.158	-0.074	-0.083	0.215	-0.207	0.066	0.000	0.072	0.161	0.209	-0.093	1			
FD	-,318*	-0.102	-,502**	0.265	-,377**	-0.097	-0.190	0.067	,349**	-,347*	0.268	-0.134	0.249	0.007	0.033	-,352**	,361**	1		
RF	0.026	-0.147	-,428**	0.236	-0.256	0.211	0.037	0.196	,284*	-0.228	0.014	-0.131	0.020	-0.020	0.109	-0.231	0.211	,706**	1	
Atl	-0.108	0.204	-0.101	0.257	-0.078	,335*	0.266	-0.048	0.039	0.103	0.043	-0.105	0.260	-0.230	-,269*	-0.168	-0.014	0.182	,295*	1

* La corrélation est significative à 0.05. **. La corrélation est significative à 0.01.

1.1.3 Analyse en Composante Principale (ACP)

Les résultats de l'ACP ont montré que 9 composantes expliquaient 79.44 % des variations observées (**Tableau 3.5**). 31.73 % de la variance totale était expliquée par les deux premières valeurs propres de chaque PC, PC1 (18.42 %) et PC2 (13.31 %). PC1 était significativement et positivement corrélé avec la hauteur du fruit, la largeur du fruit en vue latérale et ventrale, la longueur du noyau, la largeur du noyau en vue latérale et ventrale, la longueur et largeur du limbe, la longueur du pétiole, le rapport longueur du limbe / longueur du pétiole. PC1 était corrélé négativement avec l'intensité de la sur-couleur du fruit la forme du fruit en vue latérale, l'adhérence du noyau à la chair du fruit, l'incision de la marge du limbe, la date de floraison, et le temps de maturation. PC2 était corrélé avec la longueur du pistil, le rapport entre la longueur de la lame foliaire / longueur du pistil (**Tableau 3.6**). Lorsque le nuage de points a été mis en place, en utilisant uniquement les deux premières valeurs propres pour représenter et montrer la variabilité parmi les 57 cultivars, nous avons pu observer que les cultivars étaient dispersés sur les quatre côtés du graphique indiquant la formation de deux groupes distincts (**Figure 3.2**).



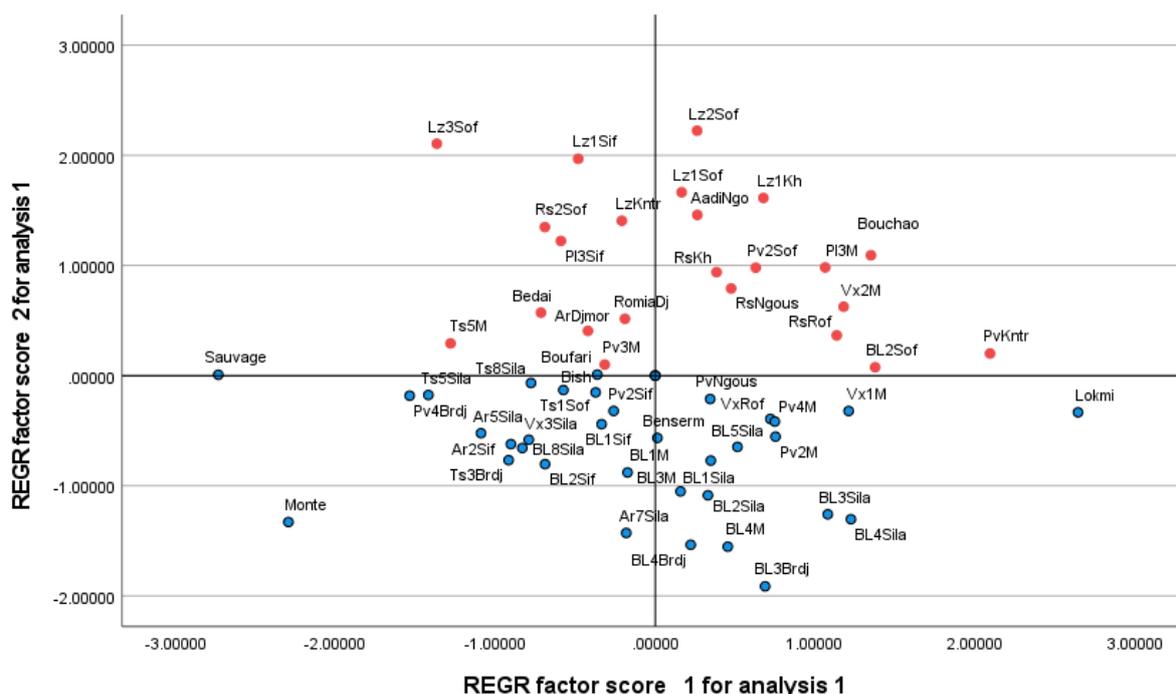


Figure 3.2 : Facteurs des deux composants principaux (PC) pour 57 accessions d'abricotiers (PC).

Tableau 3.5 : Pourcentage de variance, cumulatif et pourcentage de variance des neuf composantes (PCs).

	Total	% of Variance	Cumulative %
1	5.89	18.42	18.42
2	4.26	13.31	31.73
3	3.51	10.96	42.70
4	2.10	6.55	49.25
5	2.07	6.47	55.71
6	2.00	6.26	61.97
7	1.96	6.11	68.08
8	1.91	5.97	74.06
9	1.72	5.38	79.44

Tableau 3.6 : Corrélation des variables des neuf composantes avec les caractères testés.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
RF	0.713	0.237	-0.273	0.142	0.044	-0.077	-0.214	0.280	0.076
FD	0.717	0.038	-0.438	0.127	0.197	0.019	-0.097	0.045	0.018
TlINc	0.263	-0.416	0.379	0.276	-0.041	0.108	0.257	0.298	0.300
DiFL	0.458	-0.212	0.024	-0.390	0.460	0.264	0.177	0.159	-0.075

NNcPt	0.304	-0.614	0.357	0.114	-0.302	0.190	0.123	0.038	0.239
IBLm	-0.542	0.301	-0.019	-0.341	0.072	-0.083	-0.174	0.098	0.137
FrBLm	0.449	-0.653	-0.010	0.312	0.115	-0.139	0.060	0.028	0.205
CPf	0.385	-0.049	-0.252	-0.464	-0.015	-0.330	0.326	0.030	0.311
APrr	-0.491	0.303	0.249	-0.072	-0.049	0.197	0.099	-0.286	-0.254
ScF	-0.192	0.430	0.145	0.556	0.288	0.018	0.439	-0.154	-0.003
SyFv	0.286	0.037	0.287	0.187	0.412	-0.442	0.211	-0.333	0.132
FrFl	-0.447	0.043	0.384	0.239	-0.240	-0.346	-0.035	0.119	0.092
MfF	-0.111	0.527	-0.024	0.392	0.511	-0.178	0.250	-0.070	0.041
CChF	0.167	-0.033	-0.345	-0.408	-0.235	-0.336	0.383	0.155	0.218
InC	-0.583	0.359	0.076	-0.008	-0.098	0.234	0.376	0.218	0.168
TF	-0.262	0.155	-0.034	0.250	-0.160	0.366	0.507	0.385	-0.031
FrP	-0.259	0.003	0.414	-0.174	0.381	0.182	-0.366	-0.018	0.400
PS	-0.240	0.557	0.063	0.408	-0.175	0.073	-0.424	0.023	0.366
LnLmLrLm	-0.256	0.724	-0.313	-0.305	0.098	0.102	0.114	0.081	-0.070
LnLmLnPt	-0.697	0.294	0.352	-0.201	0.051	-0.213	0.020	0.282	-0.112
LnPt	0.795	-0.186	-0.309	0.131	0.006	0.324	0.034	-0.205	-0.015
LnLm	0.711	0.112	0.051	0.083	0.107	0.504	0.008	0.022	-0.161
LrNyl	0.810	0.264	0.150	0.072	-0.138	-0.234	-0.094	0.253	-0.020
LrNyv	0.082	0.003	-0.157	0.376	0.192	-0.284	-0.190	0.557	-0.391
LgG	0.515	0.562	0.135	-0.134	-0.245	0.077	0.002	-0.126	0.233
LrPrrl	0.839	0.187	0.239	0.080	-0.037	-0.106	-0.090	0.068	-0.100
LnPrr	0.754	0.441	-0.056	-0.026	0.085	-0.206	0.108	-0.171	0.083
LrFv	0.659	0.349	0.469	-0.200	-0.184	0.015	0.070	0.035	-0.184
LrFl	0.730	0.339	0.474	-0.165	-0.182	-0.012	-0.040	0.029	-0.086
HF	0.842	0.401	0.204	-0.065	-0.141	0.026	0.075	-0.047	-0.088
LrP	0.175	-0.086	0.352	-0.387	0.665	0.164	-0.085	0.272	0.140
LnPs	0.047	0.563	-0.395	0.171	-0.035	0.255	-0.136	0.103	0.420

1.1.4 Classification hiérarchique

Une classification hiérarchique a été réalisée en utilisant la technique de Ward et la distance euclidienne. Elle a catégorisé les 57 accessions en deux groupes principaux, qui ont ensuite été subdivisés en fonction de leurs données morphologiques et pomologiques (**Figure 3.3**). Le groupe I a classé 26 accessions et le groupe II comprenait les accessions restantes (31), ce dernier étant divisé en deux sous-groupes (II-1, II-2). Le sous-groupe II-1 ne contenait que 8 accessions par rapport au groupe II-2. Le niveau de dissimilarité variait entre 3.490 et 179.093, indiquant une grande distance entre les accessions.

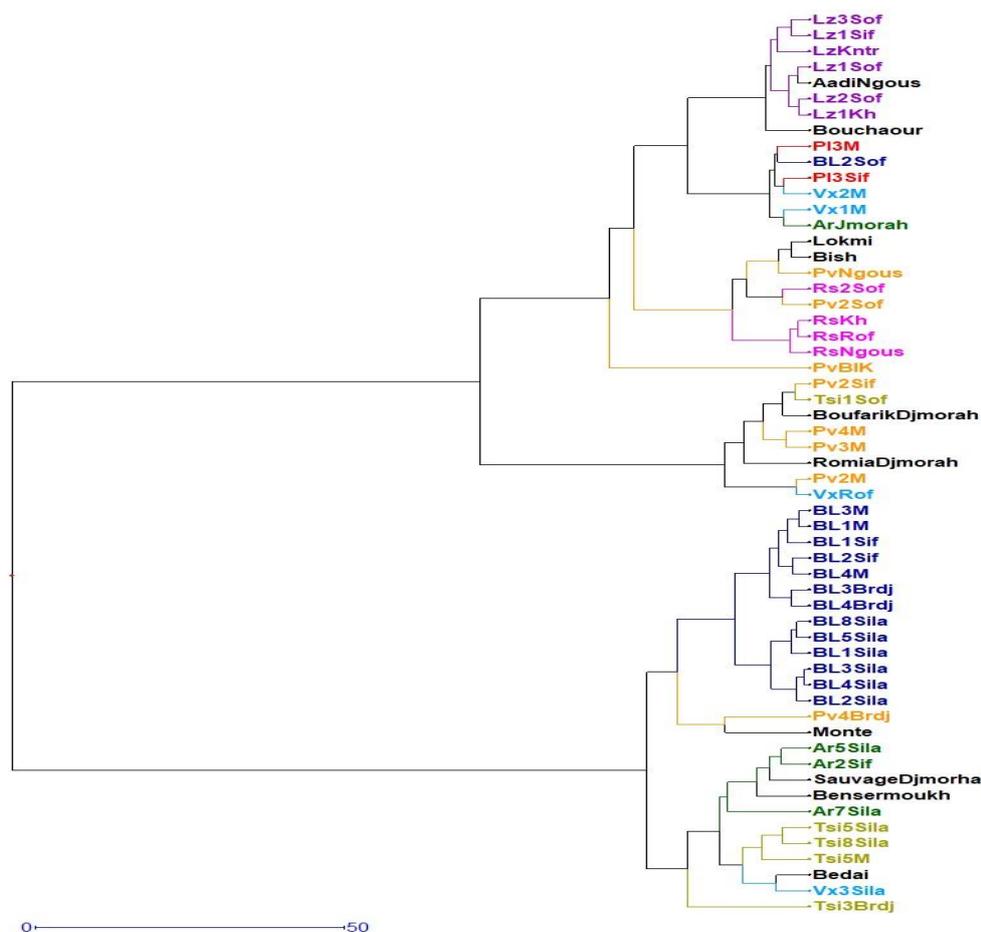


Figure 3.3 : Dendrogramme de 57 accessions d'abricot basé sur les données morphologiques et pomologiques.

1.2 Diversité biochimique

La diversité biochimique des fruits et des graines a été évaluée pour 57 variétés. La qualité des fruits d'abricot a été évaluée en mesurant les solides solubles totaux (SST), l'acidité titrable (AT), le pH, le poids du fruit et de la graine et du noyau (Pf, Pp, Pg), la matière sèche du fruit (DryF), et les protéines totales (ProtG) ainsi une évaluation des profils protéiques électrophorétiques. Cette étude visait à évaluer la diversité biochimique et les propriétés gustatives des différentes variétés.

L'analyse de 57 accessions d'abricotier a montré une large gamme de poids de fruits (12.16 g à 68.58 g), de poids de noyaux (0.69 g à 2.95 g), et de poids de graines (0.15 g à 0.80 g) (**Tableau 3.7**). Des différences significatives (< 0.001) ont été observées entre les accessions

en termes des caractéristiques de qualité biochimique (**Tableau 3.7**). La teneur en solides solubles totaux (SST) est un paramètre de qualité clé qui influe significativement sur le goût du fruit. Le coefficient de variabilité était supérieur à 20 % pour la plupart des variables analysées, y compris le poids du fruit, de la graine et du noyau, la matière sèche du fruit et l'acidité titrable du fruit. L'analyse de 57 accessions d'abricotier a montré une large gamme de solides solubles totaux (10.53 à 18.82 degrés Brix), d'acidité titrable (0.21 à 2.68 %), de matière sèche du fruit (8.38 % à 20.61 %), de contenu en graines (88.61 % à 99.19 %), de protéines totales des graines (3.20 à 4.81 mg/ml) et de pH du fruit (2.68 à 3.88).

L'analyse des corrélations de Pearson a montré des corrélations positives et négatives significatives entre les variables. Le poids du noyau, des graines et du fruit avait une corrélation positive significative entre eux et aussi avec le pH ($r = 0.420$, $r = 0.389$, $r = 0.399$.) et la teneur en eau du fruit ($r = 0.423$, $r = 0.461$, $r = 0.3294$) respectivement. L'acidité du fruit était positivement corrélée aux protéines totales ($r = 0.363$), et négativement corrélée aux SST ($r = -0.261$), à la teneur en eau du fruit ($r = -0.444$), au pH du fruit ($r = -0.441$), au poids des graines ($r = -0.263$) et au poids des noyaux ($r = -0.440$). Le pH du fruit était en corrélation positive avec la teneur en eau du fruit ($r = 0.424$) (**Tableau 3.8**).

Un dendrogramme a été créé en utilisant la méthode de Ward et la distance euclidienne pour analyser les caractères de qualité des fruits dans 57 accessions d'abricotiers. Le dendrogramme a regroupé les accessions en deux groupes principaux : CH-I avec un seul génotype (Bish) et l'autre divisé en deux cluster hiérarchique (CH) (CH-II avec 19 accessions et CH-I avec 37 accessions). Les accessions ont été principalement regroupées sur la base des attributs physiques (poids du fruit, graine et noyau), avec d'autres sous-classes basées sur les variables présentant la plus grande variabilité (l'acidité titrable et la teneur en eau du fruit). Cette méthode de classification a permis de regrouper la plupart des accessions portant le même nom (**Figure 3.4**).

L'électrophorèse SDS-PAGE a été réalisée sur 57 échantillons de poudre de graines d'abricot pour analyser la diversité protéique. Les profils électrophorétiques révèlent une diversité protéique importante entre les différentes accessions sur le plan qualitatif que quantitatif (**Annexe 3**). Les profils protéiques présentaient environ 34 bandes allant de 30 à 350 kDa dans toutes les accessions. Le nombre maximum de bandes protéiques (34 bandes) a été observé dans Pv4Bordj et Pv2Sif, tandis que le minimum (21) l'a été dans PvKnt. Des

variations ont également été observées dans la densité et la netteté de certaines bandes, les bandes entre 130 kDa et 72 kDa dans RsKh et Rs2Sof étant plus nettes que les autres (**Figure 3.5**). Ces deux accessions avaient un contenu de protéines de stockage des graines élevé (3.87, 4.28mg/ml), ce qui pourrait être lié à la teneur et à l'expression des protéines. Les résultats des gels d'électrophorèse des protéines des échantillons analysés (**Annexe 3**). Les résultats ont été convertis en code binaire (1,0) et utilisés pour une classification hiérarchique. Cette classification, basée sur le calcul de la distance euclidienne et la méthode de Ward, a regroupé les accessions en deux groupes principaux : le Groupe I (21 accessions) et le Groupe II (36 accessions). Ensuite, les Groupes I et II ont été divisés en sous-groupes. Les accessions ont été classifiées en se basant sur les similarités dans les profils protéiques et non pas selon leur origine géographique (**Figure 3.6**).

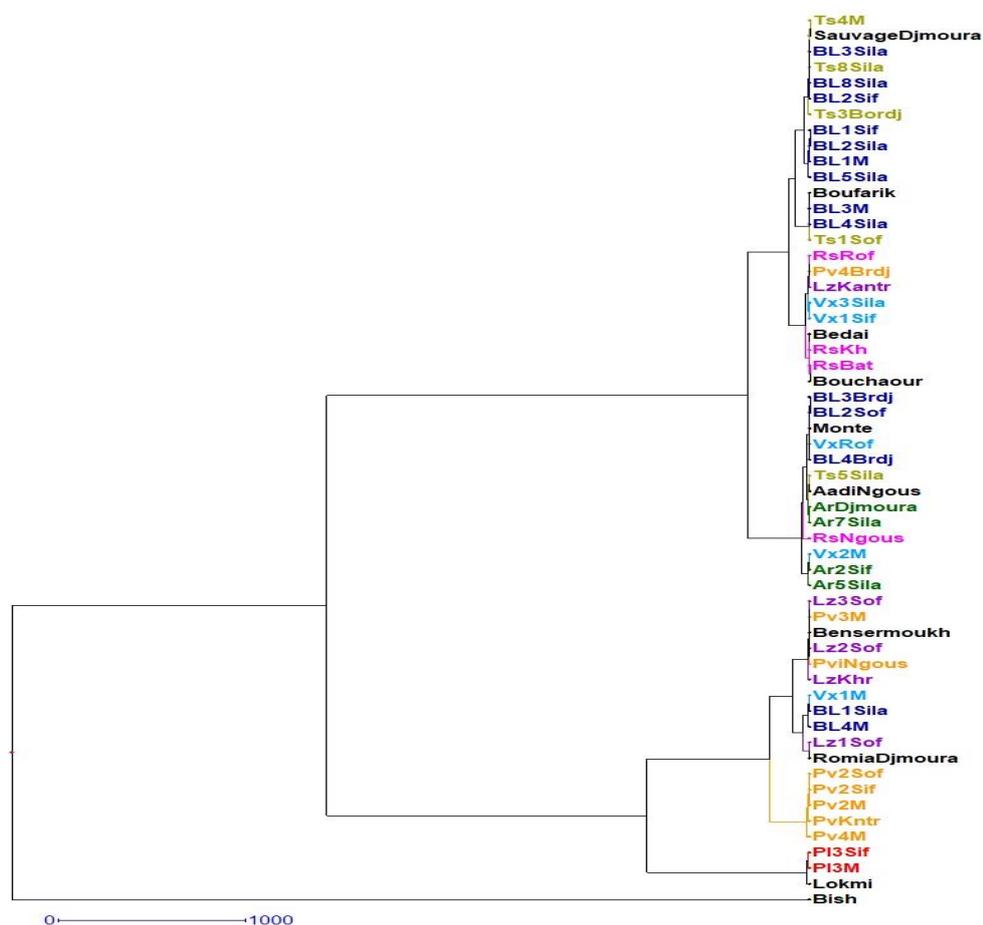


Figure 3.4 : Classification hiérarchique des 57 accessions de l'abricotier basée sur les paramètres biochimiques.

Tableau 3.7: Données sur la qualité biochimique de 57 accessions d'abricotier.

Variétés	Pf (g)	Pp (g)	Pg (g)	SST F (Brix)	ATF (%)	pHF	ProtG (mg/ml)	DryF (%)
BL4M	35.75	1.53	0.47	13.03	1.88	2.82	4.34	12.25
BL1Sila	36.30	1.60	0.34	13.13	1.98	2.74	4.17	10.19
BL5Sila	27.84	1.37	0.41	10.63	2.10	2.73	4.22	11.82
BL3Sila	25.48	0.76	0.33	15.63	1.89	2.71	4.39	12.96
BL2Sila	23.05	1.58	0.28	11.03	2.34	2.69	4.60	10.28
BL1M	24.47	0.76	0.25	10.53	1.68	2.93	3.93	9.77
BL2Sif	23.80	1.20	0.31	17.08	2.19	2.73	4.52	8.38
BL8Sila	25.69	1.63	0.45	14.52	1.71	2.82	4.17	10.02
BL1Sif	22.65	1.50	0.27	11.63	1.71	2.85	4.13	9.39
BL2Sof	20.50	1.00	0.37	11.63	1.83	2.83	4.56	12.93
BL3Brdj	19.62	0.89	0.27	12.53	1.84	2.81	4.45	13.05
BL4Sila	33.17	1.05	0.19	13.28	1.59	3.85	4.03	10.93
BL4Brdj	18.61	0.98	0.45	13.18	1.88	3.16	4.34	16.69
BL3M	32.57	0.81	0.50	15.68	2.04	3.12	4.01	11.31
RomiaDjmoura	39.76	1.42	0.31	14.91	0.99	3.38	4.11	16.69
AadiNgous	17.63	1.60	0.45	16.68	2.08	3.01	3.90	9.39
Lokmi	62.12	2.66	0.62	14.02	0.75	3.85	4.23	17.42
Boufarik	31.18	1.27	0.16	15.05	1.56	2.88	4.03	9.39
Bensermoukh	31.98	2.24	0.45	13.79	2.00	3.10	4.26	17.99
Bouchaour	25.43	1.68	0.55	17.12	1.21	3.38	4.18	17.99
SauvageDjmoura	23.93	0.82	0.17	16.28	2.68	2.90	4.06	12.93
Monte	18.75	1.11	0.32	14.95	1.63	3.19	3.86	12.93
Ts5Sila	19.17	0.89	0.15	13.51	2.10	3.63	4.48	9.70
Ts1Sof	29.43	0.83	0.26	16.76	2.41	2.69	4.78	12.60
Ts4M	23.62	0.86	0.20	15.82	1.95	3.69	4.36	11.83
Ts3Bordj	23.10	0.93	0.23	16.24	1.78	2.74	4.10	13.25
Ts8Sila	24.07	0.76	0.23	13.64	2.38	2.69	4.38	11.15
Ar2Sif	12.77	1.30	0.31	18.82	1.96	2.77	3.91	12.25
Ar7Sila	16.33	1.13	0.37	12.74	1.82	2.70	4.60	10.40
ArDjmoura	15.05	0.81	0.31	13.64	2.08	2.68	4.30	11.92
Ar5Sila	16.38	1.03	0.34	17.94	1.49	3.09	3.97	11.98
Vx2M	12.16	1.05	0.35	17.75	1.40	3.10	4.81	13.84
PviNgous	31.99	1.94	0.52	17.74	1.45	3.02	4.15	19.41
Pv4Brdj	28.86	1.88	0.53	14.74	1.98	3.61	4.72	14.87
Pv2Sif	45.49	1.95	0.52	15.24	1.87	3.68	4.28	18.49
PvKnttr	46.98	1.94	0.56	14.84	2.02	3.55	3.86	20.61
Pv3M	34.55	1.52	0.39	15.24	1.93	3.62	4.52	17.73
Pv2Sof	44.26	1.53	0.47	15.34	1.92	3.78	4.05	19.06
Pv2M	42.27	1.63	0.48	13.34	1.98	3.67	4.22	18.81

Pv4M	50.77	1.60	0.44	13.34	1.64	3.27	4.14	18.65
LzKantr	27.61	2.04	0.43	14.75	1.24	3.16	4.00	16.41
Lz2Sof	30.02	2.35	0.42	15.27	1.42	3.22	4.11	19.73
Lz1Sof	37.56	2.41	0.58	16.27	1.01	3.37	4.03	18.33
LzKhr	38.12	1.75	0.46	16.77	0.65	3.82	4.59	19.15
Lz3Sof	33.48	2.21	0.35	16.27	0.98	3.39	4.12	19.00
Pl3M	63.16	2.95	0.48	14.87	1.15	3.38	4.16	11.82
Pl3Sif	68.58	2.89	0.44	14.07	1.73	3.02	3.90	12.96
VAR1M	37.09	0.69	0.24	13.37	2.12	2.83	4.30	12.00
VxRof	17.03	1.88	0.51	12.87	1.93	2.77	3.95	14.48
Vx1Sif	25.01	1.11	0.24	12.77	1.82	2.71	3.94	16.89
Vx3Sila	26.51	1.80	0.48	13.17	1.72	2.90	3.87	18.41
RsKh	22.29	2.26	0.80	15.78	1.01	3.46	3.87	17.64
RsBat	24.95	2.04	0.75	15.91	1.43	3.27	4.28	18.08
RsNgous	21.31	2.07	0.50	15.88	0.83	3.88	3.95	9.61
RsRof	28.41	2.28	0.50	15.88	0.76	3.84	4.27	16.03
Bedai	21.81	1.07	0.20	15.82	0.21	3.07	3.20	19.08
Bish	26.78	1.16	0.18	14.48	0.60	3.00	4.07	19.17
Mean	29.57	1.52	0.39	14.66	1.65	3.15	4.18	14.40
Min	12.16	0.69	0.15	10.53	0.21	2.68	3.20	8.38
Max	68.58	2.95	0.80	18.82	2.68	3.88	4.81	20.61
Sd	11.83	0.57	0.14	1.85	0.50	0.38	0.28	3.54
Cv	39.99	37.86	36.19	12.60	30.29	12.06	6.62	24.58
ANOVA	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.049	<0.001

*F, f: Fruit * G,g : graine * P: Poids * p: noyau

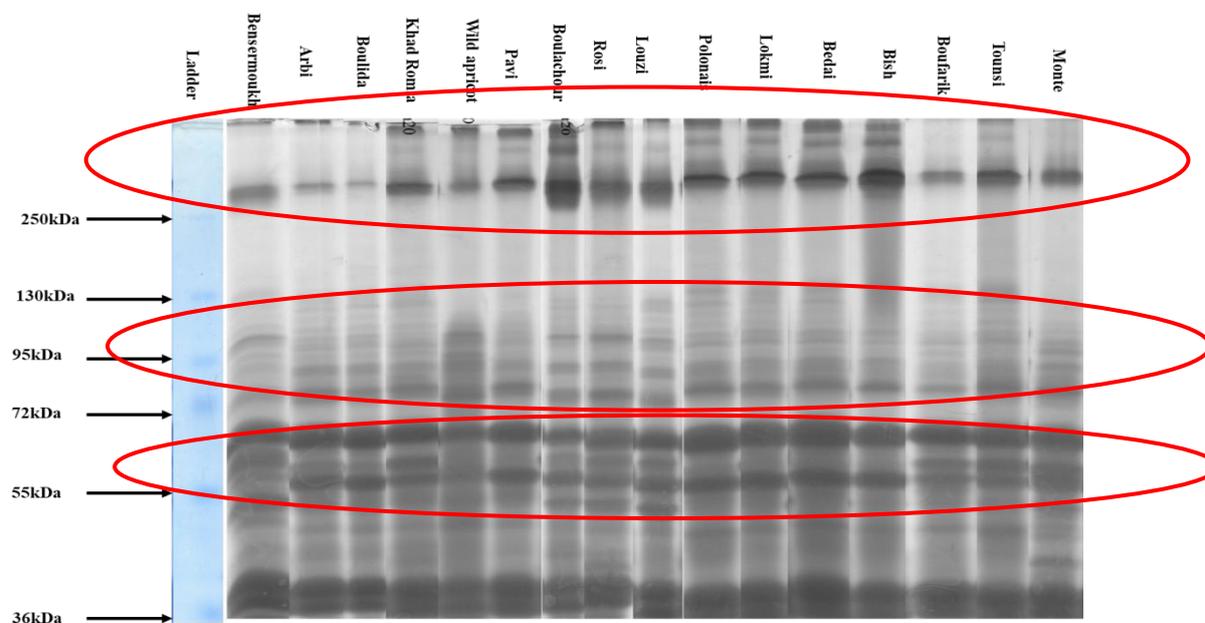


Figure 3.5 Profil électrophorétique de l'extrait protéique de 16 variétés d'abricots.

Tableau 3.8 : Corrélation des caractères biochimiques.

Corrélations						
	Pf	Pp	Pg	SSTF	TaF	pHF
Pf	1					
Pp	.585**	1				
Pg	.308*	.691**	1			
TaF		-.440**	-.263*	-.261*	1	
pHF	.399**	.420**	.389**		-.441**	1
ProtG					.363**	
DryF	.329*	.423**	.461**		-.444**	.424**

** Correlation is significant at the 0.01 level. * Correlation is significant at the 0.05 level

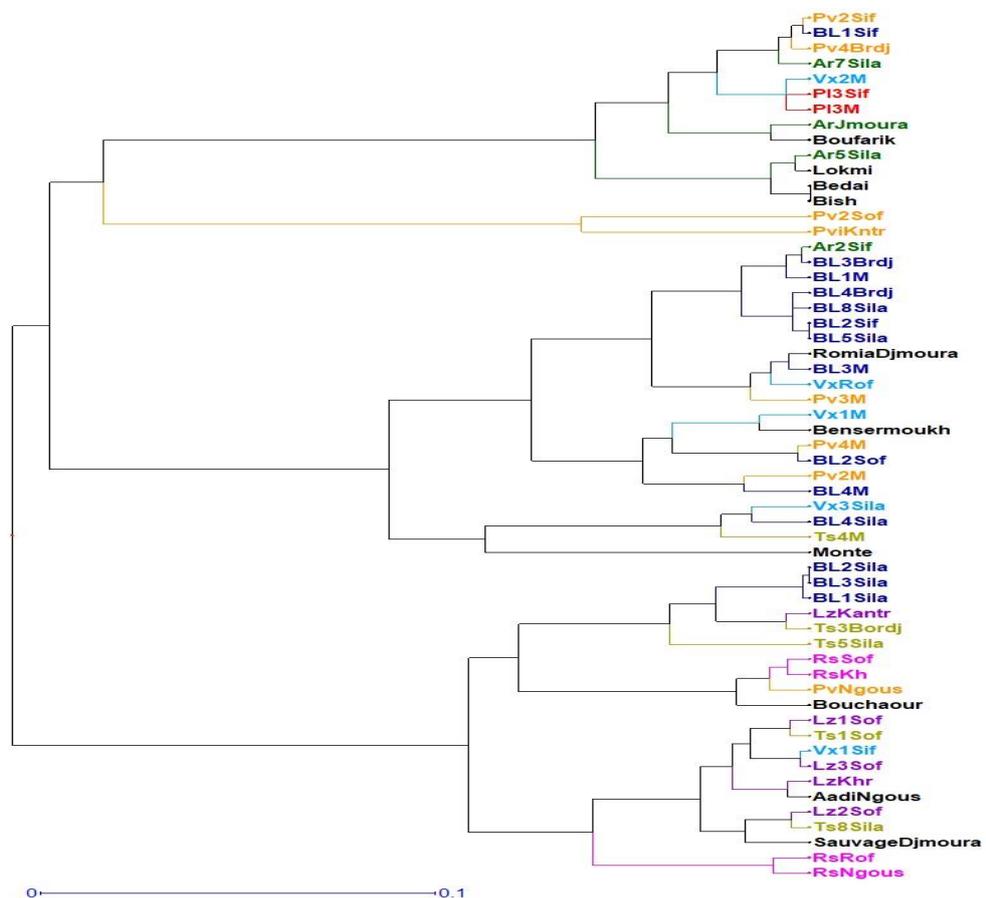


Figure 3.6 : Dendrogramme des 57 accessions d'abricotier basée sur le calcul de la distance euclidienne et la méthode Ward en fonction des profils électrophorétiques obtenus par électrophorèse SDS-PAGE.

1.3 Étude Phénotypique liée à la date de floraison

1.3.1 Besoins en froid

Des différences significatives ont été observées pour les besoins en froid parmi les cultivars étudiés. Les besoins en froid estimés par les trois modèles des 18 cultivars d'abricotier étudiés variaient de 225 à 1152 (CH), de 122 à 1525 (CU) et de 26 à 72 (CP), ce qui indique une large gamme d'accumulation de froid (**Figure 3.7**). Le modèle Utah a révélé des valeurs négatives pour les variétés cultivées dans la région désertique de Biskra donc les résultats de ces cinq variétés n'ont pas été pris en considérations.

Les cultivars ont été classés en trois groupes en fonction de leurs besoins en froid (**Tableau 3.9**) : les cultivars à faibles besoins en froid (Bedai, Boufarik, Monte, KhadRomia et Bish), les cultivars à besoins en froid modérés (Tounsi, Boulida, Bensermoukh, Arbi, Polonai, abricotier sauvage (1, 2, 3) et Lokmi), et les cultivars avec des besoins en froid plus élevés (Bouchaour, Pavi, Rosi et Louzi). Il y avait une forte corrélation ($r = 0.962$) (**Tableau 3.10**) entre la date de floraison et la date de sortie de dormance.

Nos résultats indiquent un schéma bien distribué des variétés, car les cultivars à faibles besoins en froid se trouvent dans la région chaude et désertique de Biskra, les cultivars à besoins en froid moyens sont présents dans la région aride de Bousaâda, et les cultivars à besoins en froid élevés sont localisés dans les régions semi-arides de Batna et Constantine.

Le coefficient de variation (CV%) des besoins en froid de 18 cultivars évalués (13 cultivars pour le modèle Utah) variait collectivement en fonction de la méthode utilisée : il était de 13.10 % avec le modèle Utah, de 13.81 % avec le modèle dynamique et de 21.19 % avec le modèle Weinberger. De plus, le coefficient de variabilité entre les années présentait des différences significatives, variant entre 2.61 % et 35.31 % pour la méthode Weinberger, entre 5.21 % et 18.97 % pour le modèle Utah, et entre 5,88 % et 26.66 % pour le modèle dynamique. Le CV% était un indicateur fiable de l'homogénéité des trois modèles à travers différentes années et cultivars. Une forte corrélation significative et positive a été observée chez les trois modèles. Par contre aucune corrélation n'a été observée entre les trois modèles et la date de sortie de dormance. Dans notre étude, le cultivar Boulida, utilisé comme référence, a présenté une accumulation de froid moyenne.

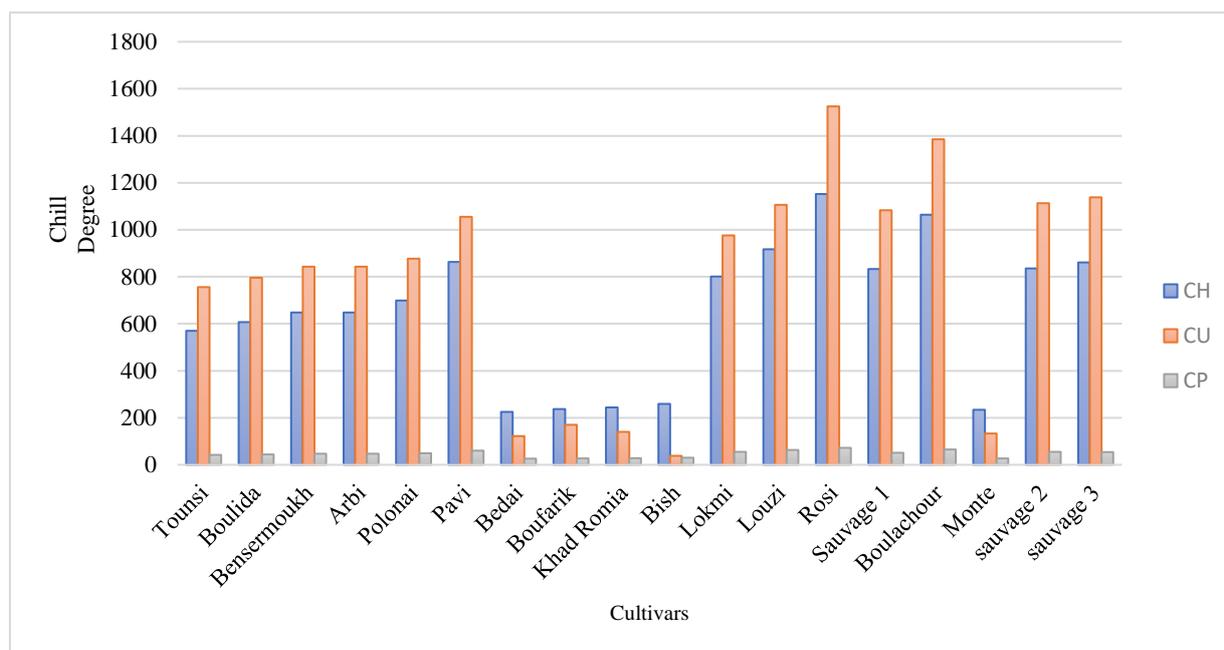


Figure 3.7: Besoins en froid estimés pour 18 cultivars d'abricotiers utilisant l'heure de froid (CH), l'unité de froid (CU) et la portion de froid (CP).

1.4 Besoins en chaleur

Selon le modèle de Richardson, les besoins en chaleur pour la floraison variaient significativement d'une année à l'autre, dans une plage allant de 1017.7 GDH à 5597 GDH (**Figure 3.9**). La plupart des cultivars présentaient des valeurs similaires d'une année à l'autre, avec un CV% variant entre 0.77 % et 9.35 %, tandis que des différences remarquables ont été observées dans d'autres, avec un CV% variant entre 14.83 % et 37.62 % (**Tableau 3.9**). Les résultats ont révélé des différences significatives dans les besoins en chaleur pour la floraison parmi les différents cultivars.

Remarquablement, le cultivar à faible besoin de froid Khad Romia a présenté la valeur la plus élevée des besoins en chaleur (5597 GDH), tandis que le cultivar à besoin élevé en froid Rosi a montré la valeur la plus faible des besoins en chaleur (1186 GDH). Le CV% des besoins en chaleur pour les cultivars, lorsqu'il est considéré sur plusieurs années, était de 14.17 %, ce qui indique l'homogénéité du modèle.

La catégorisation des 18 cultivars réalisée en fonction de leurs besoins en chaleur comprend les cultivars avec des besoins en chaleur très faibles en l'occurrence Rosi et Sauvage (3, 2), tandis que ceux avec des besoins en chaleur faibles sont Pavi, Bish, Louzi, Sauvage 1, Bouchaour, Benserroukh, Arbi, Tounsi et Polonais. De même, les cultivars avec des besoins

en chaleur moyens comprennent Boulida, Lokmi, Bedai, Boufarik et Monte. Le cultivar Khad Romia a présenté des besoins en chaleur élevés parmi tous les cultivars étudiés.

Une relation significative et positive a été trouvée entre les besoins en froid pour la sortie de la dormance et les besoins en chaleur pour la floraison (**Tableau 3.10**), avec des coefficients de corrélation élevés observés à l'aide du modèle dynamique ($r = -0.641$), du modèle Weinberger ($r = -0.666$) et du modèle Utah ($r = -0.658$). Le coefficient de corrélation le plus élevé a été obtenu avec les heures de froid (modèle Weinberger). La relation entre les besoins en chaleur et la date de floraison n'était pas claire d'après les résultats.

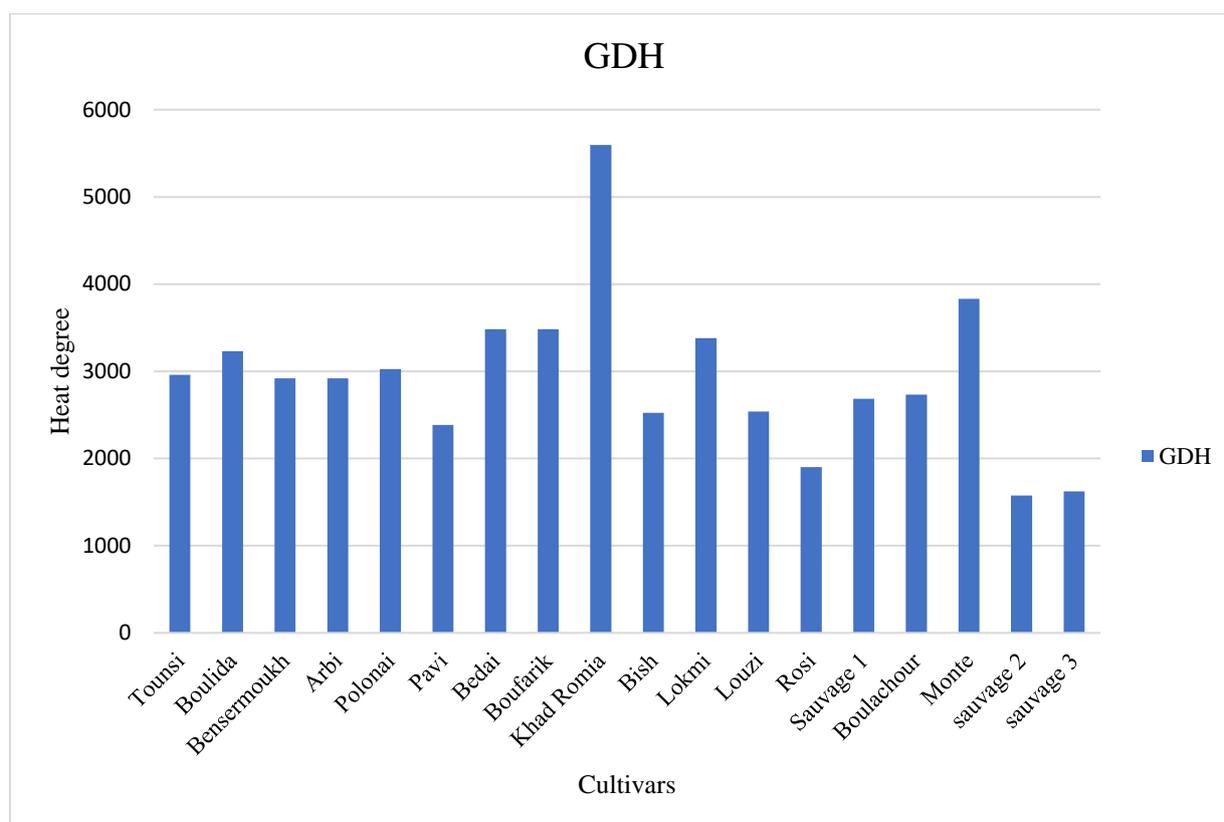


Figure 3.8 : Degrés-heures de croissance (GDH) pour les besoins en chaleur.

1.5 Dates de floraison

Les résultats obtenus indiquent une variation significative de la date de floraison parmi les cultivars ($p < 0,05$) (**Tableau 3.9**). La plage de temps de floraison variait entre le 5 Février et le 26 Mars, en fonction de l'année. Le cultivar le plus précoce à fleurir était Tounsi, qui a fleuri entre le 5 et le 19 février. Tounsi a fleuri 48 jours plus tôt que Rosi. Bish et Pavi ont été classés comme des cultivars à floraison moyenne, avec des dates de floraison vers la mi-Mars.

Les cultivars à floraison la plus tardive étaient Rosi et Louzi, avec une date de floraison le 25 Mars, ce qui les rend potentiellement adaptés aux régions sujettes au gel. Le cultivar Tounsi a été classé comme à floraison précoce mais avec un besoin en froid moyen. La corrélation entre la date de floraison et le besoin en froid était modérément faible avec $r = 0.426$, cependant, aucune corrélation n'a été observée entre la date de floraison et le besoin en chaleur, ce qui indique une relation plus étroite avec le besoin en froid qu'avec le besoin en chaleur.

Tableau 3.9: Valeur des besoins en froid par trois modèles : le nombre d'heures de froid en dessous de 7 degrés, le modèle dynamique et le modèle de l'Utah. Estimation des besoins en chaleur par le modèle GDH, ainsi que la date de sortie de dormance et la date de 50 % de floraison.

(A)							
Année	Cultivar	Besoin en Froid			Besoin en chaleur		
		CH	CU	CP	GDH	BD	FD 50%
2021	Bedai	153		20	3808	12 Février 2021	26 Février 2021
2022		297		31	3157	04 Février 2022	03 Mars 2022
	Moyenne	225a		26a	3483c		
	SD	72		6	326		
	CV%	32		21.57	9.35		
2021	Boufarik	153		20	3808	05 Février 2021	19 Février 2021
2022		320		33	3157	19 Février 2022	03 Mars 2022
	Moyenne	237a		27a	3483c		
	SD	84		7	326		
	CV%	35.31		24.53	9.35		
2021	Khad Romia	174		22	6119	19 Février 2021	05 Mars 2021
2022		314		33	5075	11 Février 2022	03 Mars 2022
	Moyenne	244a		28a	5597d		
	SD	70		6	522		
	CV%	28.69		20	9.33		
2021	Bish	176		22	2358	05 Mars 2021	12 Mars 2021
2022		341		38	2685	11 Mars 2022	18 Mars 2022
	Moyenne	259a		30a	2522b		
	SD	83		8	164		
	CV%	31.91		26.67	6.48		
2021	Monte	153		20	3803	12 Février 2021	26 Février 2021
2022		314		33	3862	11 Février 2022	25 Février 2022
	Moyenne	234a		27a	3833c		
	SD	81		7	30		
	CV%	34.48		24.53	0.77		
(B)							
2021	Tounsi	491	631	38	2734	22 Janvier 2021	05 Février 2021
2022		649	882	45	3185	28 Janvier 2022	19 Février 2022
	Moyenne	570b	757a	42b	2960b		
	SD	79	126	4	226		
	CV%	13.86	16.59	8.43	7.62		
2021	Boulida	523	669	39	2988	29 Février 2021	12 Février 2021
2022		690	924	48	3471	04 Février 2022	25 Février 2022
	Moyenne	607b	797a	44b	3230c		

	SD	84	128	5	242		
	CV%	13.77	16.01	10.34	7.48		
2021	Bensermoukh	550	698	41	2486	05 Février 2021	19 Février 2021
2022		746	988	52	3352	11 Février 2022	03 Mars 2022
	Moyenne	648b	843a	47b	2919b		
	SD	98	145	6	433		
	CV%	15.12	17.2	11.83	14.83		
2021	Arbi	550	698	41	2486	05 Février 2021	19 Février 2021
2022		746	988	52	3352	11 Février 2022	03 Mars 2022
	Moyenne	648b	843a	47b	2919b		
	SD	98	145	6	433		
	CV%	15.12	17.2	11.83	14.83		
2021	Polonai	579	711	42	2550	12 Février 2021	26 Février 2021
2022		819	1044	55	3503	19 Février 2022	11 Mars 2022
	Mean	699b	878a	49b	3027b		
	SD	120	167	7	477		
	CV%	17.17	18.97	13.4	15.74		
2021	Lokmi	690	813	49	2559	26 Février 2021	12 Mars 2021
2022		912	1139	61	4198	03 Mars 2022	25 Mars 2022
	Moyenne	801c	976b	55b	3379c		
	SD	111	163	6	820		
	CV%	13.86	16.7	10.91	24.26		
2021	Sauvage 1	590	914	42	3693	27 Janvier 2021	13 Février 2021
2022		1075	1253	59	1674	11 Février 2022	25 Février 2022
	Moyenne	833c	1084b	51b	2684b		
	SD	243	170	9	1010		
	CV%	29.13	15.64	16.83	37.62		
2021	Sauvage 2	647	1022.5	49	1690.52	07 Février 2021	19 Février 2021
2022		1024	1203.5	56	1457.5	07 Février 2022	25 Février 2022
	Moyenne	836c	1113b	53b	1574a		
	SD	189	91	4	117		
	CV%	22.56	8.13	6.67	7.4		
2021	Sauvage 3	646	1023.5	48	1574.5	05 Février 2021	26 Février 2021
2022		1075	1252.5	59	1669.5	11 Février 2022	25 Février 2022
	Moyenne	861c	1138b	54b	1622a		
	SD	215	115	6	48		
	CV%	24.93	10.06	10.28	2.93		
(C)							
2021	Pavi	840	1000	56	2891	26 Février 2021	19 Mars 2021
2022		885	1110	63	1876	19 Février 2022	11 Mars 2022
	Moyenne	863c	1055b	60c	2384b		
	SD	23	55	4	508		
	CV%	2.61	5.21	5.88	21.29		
2021	Louzi	891	1046	59	2330	05 Mars 2021	26 Mars 2021
2022		942	1165	67	2747	25 Février 2022	18 Mars 2022
	Moyenne	917c	1106b	63c	2539b		
	SD	26	60	4	209		
	CV%	2.78	5.38	6.35	8.21		
2021	Rosi	881	1358	66	1186	13 Mars 2021	20 Mars 2021
2022		1423	1692	77	2614	11 Mars 2022	25 Mars 2022
	Mean	1152c	1525c	72c	1900a		
	SD	271	167	6	714		
	CV%	23.52	10.95	7.69	37.58		
2021	Bouchaour	802	1215	58	2187	27 Février 2021	13 Mars 2021
2022		1325	1555	72	3282	03 Mars 2022	25 Mars 2022

	Moyenne	1064c	1385c	65c	2735b		
	SD	262	170	7	548		
	CV%	24.59	12.27	10.77	20.02		
(D)							
Tous les cultivars	Moyenne	655	1039	47	2918		
	SD	322.38	253.16	15.03	996.05		
	CV%	21.19	13.1	13.81	14.17		
ANOVA	F	4.339	8.629	6.139	3.713	11.948	6.148
	Sig	0.002	0.000	0.000	0.004	0.000	0,000

(A) : Cultivars à faible besoin en froid, (B) : cultivars à besoin moyen en froid, (C) : cultivars à fort besoin en froid, (D) : moyenne, écart-type et coefficient de variation de l'ensemble des cultivars. Différentes lettres minuscules dans la même colonne indiquent des différences significatives entre les cultivars. Des tests ANOVA ont été réalisés pour chaque variable étudiée, et les différences entre les groupes ont été déterminées par le test de la gamme multiple de Duncan ($p < 0.05$).

Tableau 3.10: Corrélation de Pearson entre les besoins en froid, besoins en chaleur, la date de floraison (FD 50%), la date de levée de dormance (BD).

	CH	CU	CP	GDH	BD	FD 50%
CH	1					
CU	0.991**	1				
CP	0.990**	0.971**	1			
GDH	-0.666**	-0.658**	-0.641**	1		
BD					1	
FD			0.489*		0.962**	1

Les résultats ont montré que les corrélations étaient significatives au niveau 0.01 (***) et 0.05 (*).

1.6 Diversité moléculaire

1.6.1 Diversité allélique des accessions

La compréhension de la diversité génétique et de la structure de la population des cultivars d'abricotier en Algérie est cruciale pour l'utilisation des ressources génétiques dans le développement de cultivars pour l'agriculture et l'industrie et la protection des variétés locales de l'érosion génétique. Notre étude a utilisé des marqueurs SSR pour analyser 45 cultivars d'abricotier provenant de cinq sites géographiques de climats différents, évaluant des paramètres tels que le nombre d'allèles (N_a), le contenu en informations polymorphiques (PIC), l'indice d'information (I), les allèles effectifs (N_e), l'hétérozygotie (H_e , H_o), et l'indice de fixation (F). Cette étude nous permet de mieux comprendre les génotypes d'abricotiers dans la région de l'Est Algérien (**Tableau 3.11**).

Tableau 3.11 : Nombre d'allèles (Na), nombre d'allèles effectifs (Ne), indice d'information (I), hétérozygotie observée (Ho), hétérozygotie attendue (He), indice de fixation (F), le contenu des informations polymorphes (PIC) et Shanon index (ShanonI) des 10 SSR avec 45 accessions.

Locus	Na	Ne	I	Ho	He	F	PIC	ShanonI
PGS1_21	6.000	4.604	1.634	0.804	0.783	-0.027	0.75	2.357
PGS1_24	5.000	3.979	1.431	0.736	0.749	0.017	0.703	2.064
PGS1_23	9.000	5.902	1.901	0.523	0.831	0.371	0.809	2.743
AMPA105	4.000	3.457	1.291	0.509	0.711	0.283	0.655	1.863
CPSCT042	6.000	2.885	1.263	0.698	0.653	-0.068	0.59	1.822
EPDCU3454	3.000	1.161	0.292	0.130	0.138	0.063	0.131	0.421
UDAp-407	4.000	2.308	1.018	0.592	0.567	-0.044	0.501	1.468
UDP98-409	6.000	4.473	1.572	0.577	0.776	0.257	0.739	2.269
Pchgms-2	4.000	3.213	1.226	0.667	0.689	0.032	0.626	1.769
BPPCT004	3.000	2.323	0.916	0.280	0.570	0.508	0.475	1.321
Total	50.000							
Moyenne	5.000	3.431	1.254	0.552	0.647	0.139	0.598	1.810

Les dix SSR ont été amplifiés avec succès, ils ont été développés à partir du pêcher, l'abricotier et l'amandier. Le choix des amorces a porté sur les paires les plus polymorphes. La caractérisation génétique de 45 accessions d'abricotier a abouti à un total de 50 allèles. Le nombre d'allèles par locus variait de 3 (EPDCU3454, BPPCT004) à 9 (PGS1_23), avec une moyenne de 5 allèles. Les valeurs de He variaient de 0.138 (EPDCU3454) à 0.831 (PGS1_23), avec une moyenne de 0.647, et les valeurs de Ho variaient de 0.130 (EPDCU3454) à 0.804 (PGS1_21), avec une moyenne de 0.552. Le PIC moyen était de 0,598, avec des valeurs allant de 0.131 (EPDCU3454) à 0,809 (PGS1_23). La majorité des marqueurs étaient très informatifs (PIC = 0.809). L'indice d'information de Shannon variait de 0.421 (EPDCU3454) à 2.743 (PGS1_23), avec une moyenne de 1.810. Ces résultats indiquent que les marqueurs SSR ont efficacement capturé la diversité génétique des cultivars d'abricotier, comme le montrent les indices moyens de diversité génétique (PIC = 0.598, He = 0.647, I = 1.810). La paire d'amorces

PGS1.23 a montré le plus haut niveau d'informativité dans les génotypes d'abricotier, avec un indice d'hétérozygotie de 0,831 (**Tableau 3.11**). La valeur élevée d'hétérozygotie observée de 0.831 chez l'abricotier est probablement due à son auto-incompatibilité, entraînant un plus grand croisement.

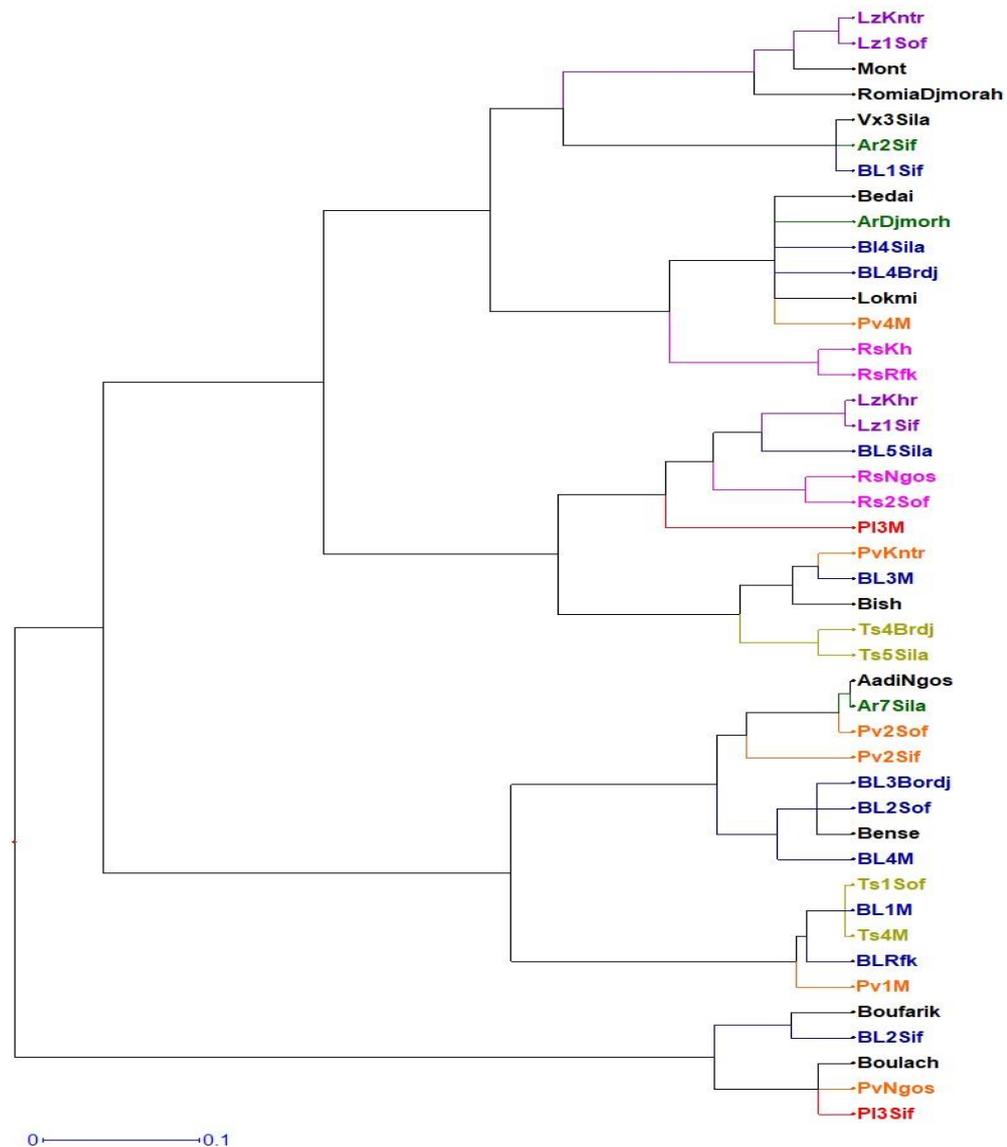


Figure 3.9: Dendrogramme avec la méthode de Ward basé sur la caractérisation SSR des cultivars d'abricotiers testés.

Le dendrogramme de dissimilarité génétique a montré deux groupes distincts de génotypes. L'arbre phylogénétique généré par le regroupement hiérarchique n'a pas montré de regroupements distincts basés sur les emplacements géographiques. Les populations restantes semblaient génétiquement mélangées. En ce qui concerne les cultivars d'abricotiers, les PI3Sif, Bouchaour, BL2Sif, PvNgous et Boufarik étaient regroupés dans le premier groupe, tandis que les autres cultivars étaient dans le deuxième groupe. Bien que les accessions portant le même nom ne soient pas systématiquement regroupées ensemble, les cultivars Tounsi formaient un groupe distinct. La majorité des cultivars étaient dispersés dans tout le dendrogramme. La caractérisation moléculaire a souvent révélé une grande similarité entre les accessions de différentes origines, telles que "Louzi" et "Rosi". Cependant, des différences ont été observées dans la plupart des cas, suggérant des variations dans la propagation végétative ou liées à des problèmes de synonymie et d'homonymie (**Figure 3.9**).

1.6.2 Analyse Bayésienne de regroupement

La structure de la population des 45 individus de *P.armeniaca* a été évaluée en utilisant le logiciel STRUCTURE. L'analyse des données SSR a testé des sous-populations allant de 2 à 10. L'estimation de ΔK à l'aide de $\text{LnP}(D)$ et de la méthode ΔK d'Evanno a indiqué la valeur la plus élevée pour $K = 4$, $K = 3$ et $K = 5$ ($\Delta K = 19,21$) respectivement montrant également des niveaux élevés de K (**Figure 3.10**). Sur la base des résultats ($K = 4$), les cultivars introduits qui ont été mis en évidence dans le regroupement hiérarchique ont été regroupés dans le groupe 4 (**jaune, Figure 3.11**) avec des coefficients d'appartenance élevés ($Q > 0.78$).

Dans le modèle $K = 3$ (**Figure 3.11 B**), les génotypes regroupés comme introduits dans le regroupement phénogénétique se sont regroupés dans le groupe 3 avec une valeur Q supérieure à 0.80 et les autres cultivars Rosi, PvM et Arbi se sont également regroupés. Cependant, ils présentaient une ascendance mélangée avec un Q inférieur à environ 0.5. Le regroupement observé en $K=3$ était le même que dans le groupe modèle $K=5$ au sujet du génotype introduit.

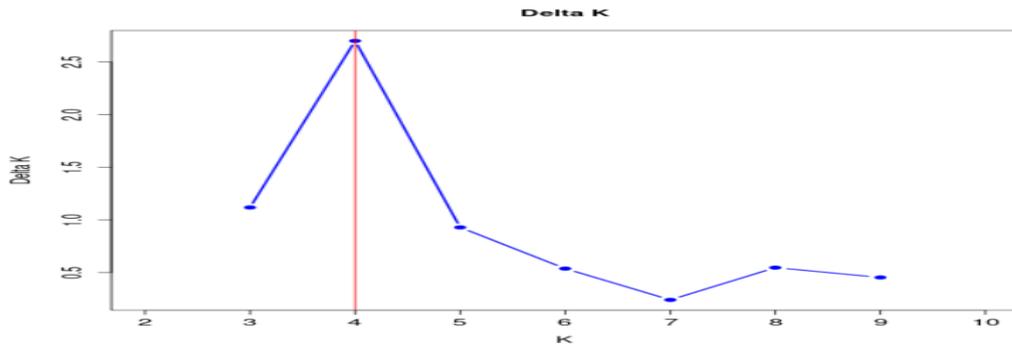
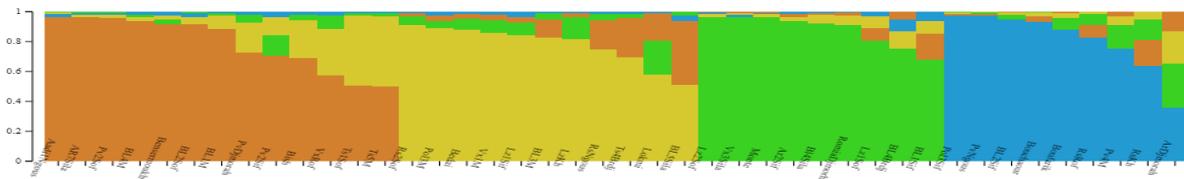


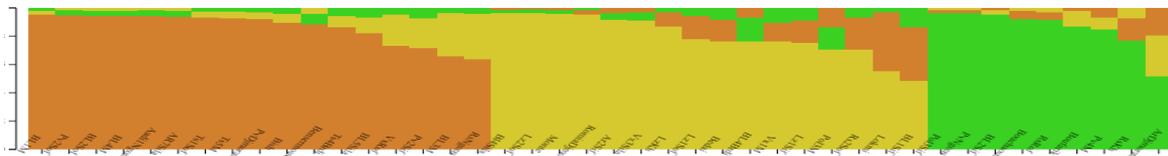
Figure 3.10 : Valeurs Delta K pour chaque valeur K testée.

K=4



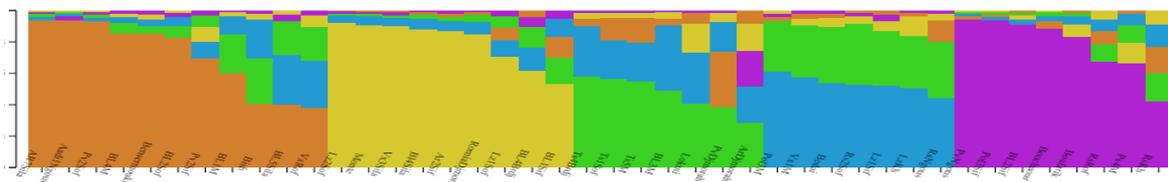
(A)

K=3



(B)

K=5



(C)

Figure 3.11 : Structure de la population estimée des variétés d'abricotiers (A) K=4, (B) K=3 et (C) K=5.

L'étude de la diversité génétique par les marqueurs morphologiques et biochimiques a révélé une variabilité significative entre les 57 accessions et a caractérisé les traits morphologiques et biochimiques les plus communs chez les variétés locales Algériennes, ce qui a permis de découvrir des caractéristiques attrayantes et recherchées pour des futurs programmes de sélection. Ces résultats permettent également de classer les variétés similaires sur la base de leurs caractéristiques externes.

Cependant, l'analyse de la diversité moléculaire par SSR a révélé une faible diversité des variétés locales Algériennes et la classification a été différente de celle basée sur les caractères morphologiques et/ou biochimiques. L'analyse moléculaire a permis de distinguer entre les variétés avec un phénotype similaire mais également entre les variétés locales et introduites.

2 Étude du génotype

2.1 Étude de l'association phénotype-génotype

Les données phénotypiques et génotypiques ont été analysées pour identifier les régions génomiques associées aux caractères étudiés. Les résultats de l'analyse d'association par GLM et MLM (K) pour l'ensemble des traits étudiés et les 10 marqueurs SSR sont présentés dans le **Tableau 3.13**. La cartographie d'association de 10 marqueurs SSR et de 68 caractères a permis de montrer des associations significatives entre allèles et caractères ($p < 0.05$). Nous avons utilisé les associations marqueur-trait pour explorer les allèles (**Tableau 3.13**).

Tableau 3.13 : Analyse de l'association GLM et MLM des marqueurs SSR avec les traits phénotypiques analysés.

Trait	Alleles	Marqueurs_F	p-value	Marqueurs	CH	p-value Bonfferoni
GLM						
Largeur du pétale	143	12.67673	7.73E-04	PGS1.23	1	0.03
Longueur de la pointe du limbe	211	11.56337	0.00126	PGS1.21	1	0.05
Couleur des pétales	150	12.68334	7.70E-04	PGS1.23	1	0.03
Date de floraison	171	12.77163	7.41E-04	PGS1.23	1	0.03
Largeur du pétale	143	12.89003	7.04E-04	PGS1.23	1	0.03
Les solides solubles totaux du fruit	195	14.30913	3.85E-04	BPPCT004	2	0.02

Poids du fruit	195	12.46667	8.46E-04	BPPCT004	2	0.03
Position du stigmate par rapport aux anthères	199	12.45443	8.51E-04	AMPA105	5	0.03
Nombre de nectaires sur le pétiole	214	12.18767	9.56E-04	AMPA105	5	0.04
Attitude des sépales	174	16.33875	1.66E-04	CPSCT042	7	0.01
Surface relative de la couleur sur-couleur du fruit	178	26.24379	3.99E-06	CPSCT042	7	0.00
Largeur du noyau ventral	186	12.77444	7.41E-04	CPSCT042	7	0.03
Largeur du noyau ventral	176	18.76446	6.33E-05	BPPCT004,	2	0.00
Forme de l'ongle de l'apex du limbe	145	11.49494	0.0013	UDP98-409	8	0.05
Pigmentation du pétiole	131	14.15868	4.10E-04	EPDCU3454	8	0.02
MLM						
Le solide soluble totale du fruit	176	13.45683	5.52E-04	BPPCT004,	2	

- CH : Chromosome.

L'approche GLM a révélé de nombreuses associations entre les marqueurs et les phénotypes. Elle a montré 66 associations pour les traits morphologiques, biochimiques et phénotypiques (besoins en froid et en chaleur), suggérant des associations potentiellement faussement positives en raison de l'hétérogénéité du fond génétique non prise en compte. Cependant, après correction de Bonferroni pour les tests multiples, le nombre d'associations a diminué, seulement 15 associations ont été présentées (**Tableau 3.13**).

L'analyse d'association effectuée avec la méthode GLM n'a révélé aucune association significative dans cette étude avec les besoins en froid et les marqueurs EPDCU3454, BPPCT004 et CPSCT042. Le marqueur BPPCT004 (CH2) a démontré une corrélation significative avec les solides solubles totaux du fruit, le poids du fruit et la largeur ventrale du noyau, ainsi, des gènes liés à ces caractères sont localisés sur le chromosome 2. Le marqueur EPDCU3454 (CH8) a révélé une seule liaison significative avec la pigmentation du pétiole. Le marqueur CPSCT042 (CH7) a démontré une corrélation significative avec l'attitude des sépales, la surface relative de la sur-couleur et la largeur ventrale du noyau. Le marqueur AMPA105 lui aussi n'as révélé aucune corrélation significative avec les dates de floraison, cependant il a révélé une liaison significative avec des traits morphologiques liés à la fleur, tels que la position du stigmate par rapport aux anthères et le nombre de nectaires sur le pétiole. Les marqueurs PGS1.21 et PGS1.23 (CH1) ont révélé une liaison avec les caractères morphologiques de la fleur et des feuilles (largeur du pétale, longueur de la pointe du limbe, couleur des pétales, date de floraison, largeur du pétale). Cependant, le marqueur PGS1.24, UDAp-407 et Pchgms2 sont

les seuls à n'avoir révélé aucune liaison significative avec les caractères étudiés. Le marqueur UDP98-409 (CH8) a révélé une association significative avec la forme de l'ongle de l'apex du limbe. Parmi les caractères à importance agronomique étudiés, qui sont ciblés pour de futures sélections assistées par marqueurs, seuls les solides solubles totaux du fruit, la largeur ventrale du noyau, la surface relative de la sur-couleur, le poids du fruit et la date de floraison ont révélé une association significative avec les marqueurs utilisés dans cette étude.

L'approche MLM a démontré une meilleure adéquation des valeurs p-value ($p < 0.001$) par rapport aux GLM, indiquant une réduction des associations erronées, suggérant une meilleure précision dans l'analyse des associations. Cependant, l'analyse d'association avec le MLM a révélé une seule association significative entre un marqueur SSR (BPPCT004) et la caractéristique de qualité des fruits, notamment le solide soluble total (**Tableau 3.13**).

2.2 Étude de l'expression des gènes d'intérêts

Les bourgeons floraux des variétés d'abricotier avec différents besoins en froid : besoin en froid faible (Monte), besoin en froid intermédiaire (Pavi) et besoin en froid élevé (Rosi, Louzi), ont été prélevés à trois moments durant leur période de dormance : mi-Décembre, mi-Janvier, mi-Février. Ces échantillons ont été collectés afin d'évaluer l'expression des gènes impliqués dans les phases de dormance (endodormance, transition de la dormance et écodormance). Selon les conditions temporelles et environnementales de l'étude phénotypique besoin en froid, besoins en chaleur et date de floraison, les dates de libération de la dormance ont été estimées à la mi-Février pour les variétés précoces (Monte |) et à la fin-Février pour les variétés tardives (Rosi, louzi) (**Figure 3.12**). L'expression des gènes liés à la dormance de l'abricotier a été analysée en utilisant 8 amorces synthétisées à partir de gènes candidats liés à trois phases de la dormance (endodormance, phase de transition et écodormance) avec PCR conventionnelle pour amplifier des fragments d'ADNc. Ces derniers ont été amplifiés pour le deuxième prélèvement des variété Louzi et Monte (mi-Janvier). Malgré de multiples tentatives d'amplification, aucune bande spécifique correspondant au produit des gènes d'intérêt n'a été observé sur les gels d'agarose (**Figure 3.13**). Des tests de contrôle avec des gènes de ménage d'*ACTINE* et de *TUBULINE* (**Figure 3.14**) ont montré des résultats normaux, indiquant la bonne qualité de l'ADNc amplifié et de la réaction PCR pour ces gènes d'intérêt. Cependant, les gènes candidats liés à la dormance n'ont pas donné de résultats spécifiques sur différentes plages de température d'amplification.

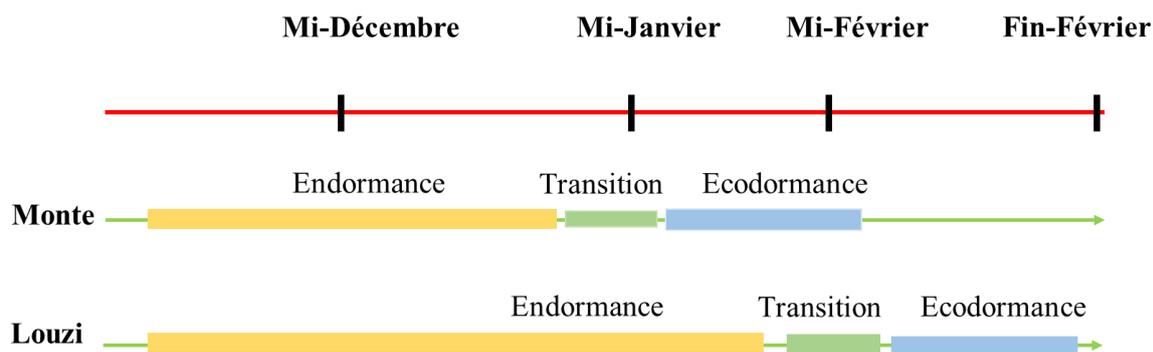
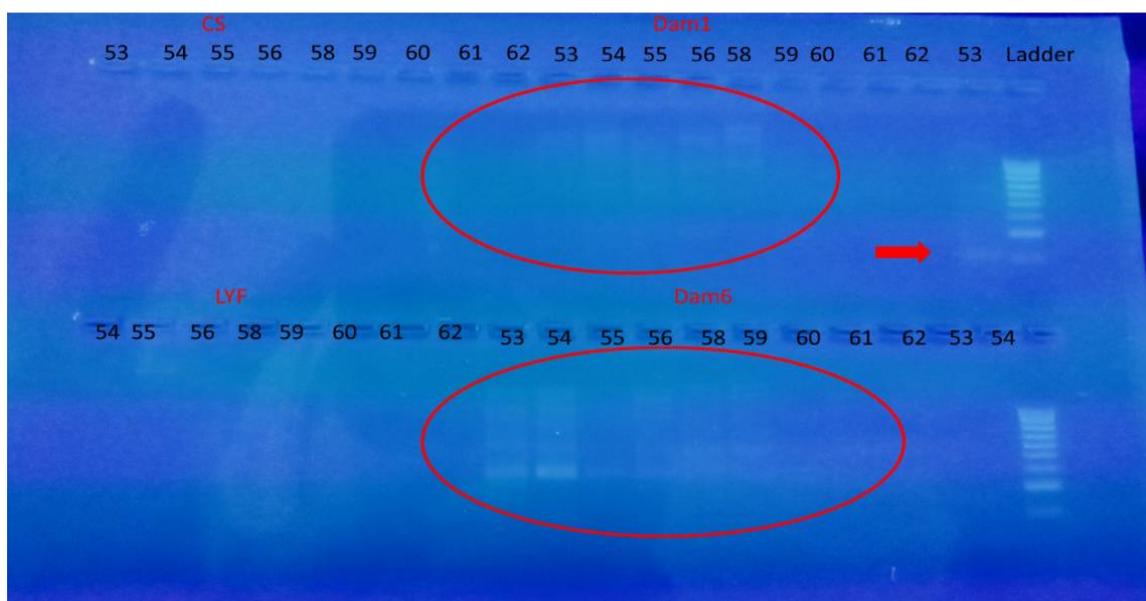
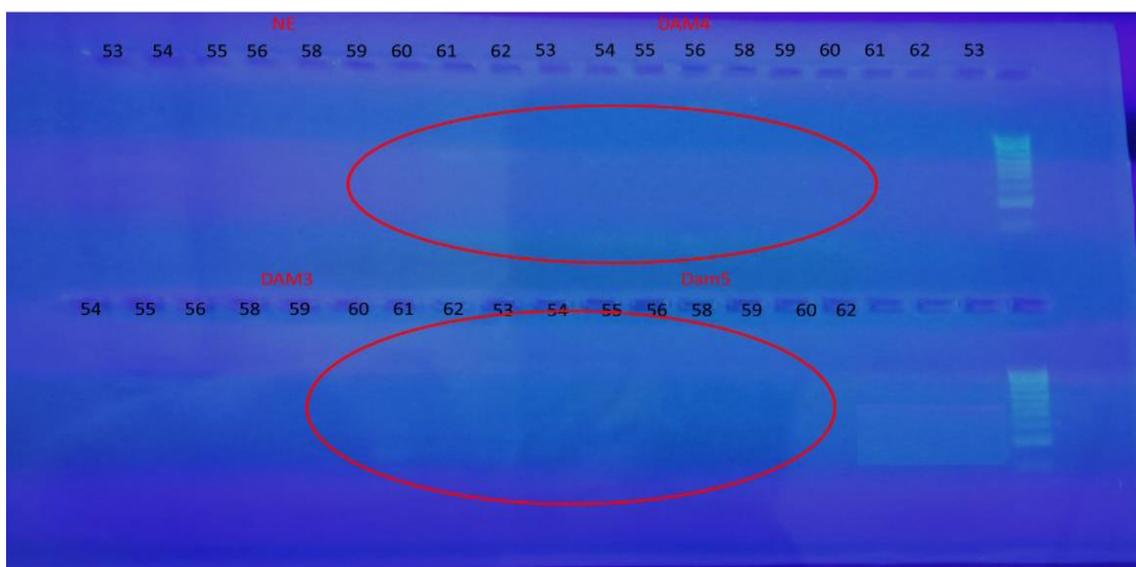


Figure 3.12: Passage théorique des variétés Louzi et Monte sur les différentes phases de dormance.

L'amplification de l'ADNc de la variété avec des besoins en froid élevés (Louzi), réalisée lors du 2ème prélèvement (mi-Janvier), a révélé des amplifications non spécifiques pour les trois gènes liés à l'endodormance (*DAM 6*, *DAM 5* et *DAM 4*), les trois gènes liés à l'écodormance (*DAM 1*, *DAM 3* et *Leafy like*), ainsi qu'un seul gène de la phase de transition *NCED5* (**Figure 3.13-A**). En revanche, l'amplification de l'ADNc de la variété avec des besoins en froid faibles (Monte) a montré des amplifications non spécifiques pour deux gènes liés à l'endodormance (*DAM5*, *DAM4*) et deux gènes liés à l'écodormance (*DAM1*, *DAM3*), sans amplification pour les autres gènes (**Figure 3.13-B**). L'ADNc des variétés Pavi et Rosi n'ont pas été amplifié.

(A)





(B)



Figure 3.13 : (A) Amplification de l'ADNc de la variété Louzi avec les amorces des gènes candidats, (B) : amplification de l'ADNc de la variété Monte avec les amorces des gènes candidats.

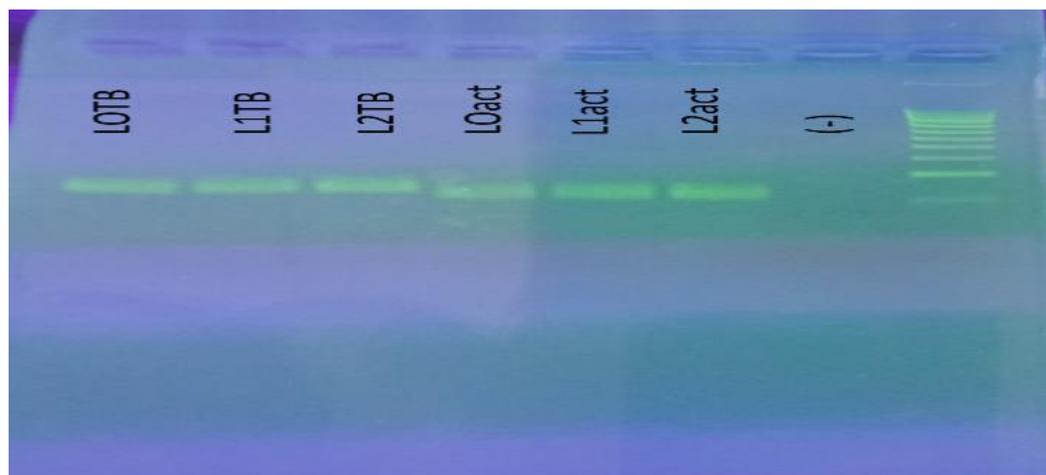


Figure 3.14 : Amplification de l'ADNc avec le gène de référence *TUBULINE* et *ACTINE*. Lo : Louzi, L1 : Monte 1, L2 : Monte 2 et (-) : Contrôle négatif.

PARTIE III : DISCUSSION

1 Diversité génétique

1.1 Diversité morphologique

En raison des conditions climatiques et éco-géographiques idéales, les régions Algériennes contiennent une large diversité de cultivars d'abricots. L'étude des variations pomologiques et morphologiques significatives est une condition préalable nécessaire à des fins de sélection et de catégorisation [231,232].

Selon certaines recherches, les cultivars Algériens présentaient un degré élevé de diversité morphologique et pomologique [233,234], ce qui confirme nos résultats. Une grande variabilité a également été observée dans les cultivars Tunisiens concernant les zones relatives de couleur de fond, l'adhérence de la graine à la chair et la forme des fruits en vue latérale [235]. Un faible indice de variabilité a été noté pour les diamètres des fleurs ; ce qui est contradictoire avec d'autres études. Les résultats étaient similaires à ceux de [236] concernant la couleur des pétales. Les diamètres des fleurs étaient compris entre 3,10 et 3,96 cm dans notre étude et entre 1,78 et 3,76 cm dans l'étude de [237]. Les accessions étudiées présentaient toutes des diamètres de fleurs plus grands par rapport à l'abricot Afghan.

La date de floraison est un critère important dans les programmes de sélection. Les résultats ont révélé une grande variabilité dans cette étude (**Tableau 3.1**). Il y avait une différence de date de floraison entre les mêmes cultivars cultivés dans différentes régions. Ainsi, la date de floraison des mêmes cultivars était moins différente lorsque les sites d'échantillonnage étaient proches. La différence dans la date de floraison entre les mêmes cultivars provenant de différentes régions peut être due à la différence d'altitude ; la saison de floraison était retardée lorsque les arbres étaient à haute altitude. Pour éviter les erreurs de comparaison entre les variables, il est crucial d'identifier le moment de la floraison des cultivars cultivés dans le même environnement. L'abricotier cultivé en Algérie commence à fleurir à la mi-Février et termine à la fin de Mars. Le temps de floraison entre différents cultivars était de 7 jours dans les mêmes conditions. Selon des chercheurs, la date de floraison varie de 2 à 4 jours dans des conditions idéales et de 6 à 8 jours dans des conditions moins idéales [236]. De plus, la variation de la floraison dans les mêmes circonstances géographiques est liée à diverses expositions climatiques. Trouver des arbres à floraison tardive est l'un des principaux objectifs du programme de sélection de l'abricot, car une floraison tardive est un élément significatif pour

se protéger contre les dommages causés par le gel printanier, ce qui inclut une baisse du rendement. Les variétés qui ont fleuri après la période de gel sont considérées comme des variétés cibles, parmi lesquelles figurent les variétés Pavi, Louzi et Rosi. Ceux qui ont fleuri pendant la période de gel étaient tous vulnérables aux dommages causés par le gel printanier. La période de floraison était précoce pour la variété Tounsi et tardive pour la variété Rosi. La taille, la forme et la couleur des fruits influencent la valeur marchande et sont des caractéristiques essentielles dans le classement des fruits.

Le tri, l'emballage, le transport et l'attrait esthétique [231,238] sont des éléments essentiels à considérer dans la sélection, qui doit être dirigée vers le produit commercialisable [239,240]. Selon diverses sources, le fruit le plus apprécié par les clients est celui qui présente une couleur magnifique et une forme large et élégante [241] (**Tableau 3.3**). Il y avait des similitudes entre les cultivars algériens, tunisiens et turcs. Une forme ronde a également été identifiée dans les cultivars turcs, tunisiens et cachemiris [231,232,235]. À travers une analyse génétique [246], il a également été trouvé une relation entre les cultivars algériens, tunisiens et marocains.

Les résultats des dimensions des fruits étaient également similaires à ceux démontrés par [236,242]. Les abricotiers sibériens ont montré des dimensions plus grandes que les cultivars algériens [243]. La couleur verte de la peau était similaire à celle des abricotiers afghans [237]. Les dimensions des fruits dans la présente étude étaient légèrement supérieures à celles des cultivars tunisiens [235]. Ainsi, plus le fruit était grand, plus il était demandé sur le marché. Pv3Knt, Bouchaour Lokmi et BL2Sof avaient la taille de fruit souhaitée. Les génotypes étudiés présentaient des caractéristiques morphologiques de fruits élevées, et on peut s'attendre à ce qu'ils produisent des fruits plus gros avec des méthodes culturales améliorées [244].

La couleur du fruit est un critère essentiel non seulement pour la valeur commerciale mais aussi parce que la couleur est un indicateur de la teneur en métabolites secondaires. La présence de couleur orange, selon la littérature, indique la présence de caroténoïdes [239,245] et les accessions avec une couleur orange étaient BL2Sof, BL4Borj, ArNgous, Monte, PvNgous, Pv4Borj, Vx1Sif, Lz1Kh et LzKnt. La couleur des fruits est également un indicateur significatif de la maturité et de la date de récolte [239,245]. Outre leur grande valeur économique, les noyaux d'abricot ont également été utilisés pour évaluer la diversité. Dans cette

étude, les caractéristiques du noyau n'ont pas montré un indice de diversité élevé parmi les cultivars pour les caractères étudiés.

Le moment de la récolte varie considérablement d'une accession d'abricot algérienne à l'autre ; la majorité d'entre elles ont été récoltées de début Mai à fin Juin. Une saison de récolte de un mois était un facteur significatif pour améliorer la commercialisation de l'abricot. Elle était plus longue que les périodes déclarées par [232,236], mais plus courte que les périodes déclarées pour les cultivars hongrois (11 Juin, 10 Septembre) [246], les cultivars iraniens (début Mai, fin-Août) [247] et comparable aux résultats de [248]. Le génotype le plus précoce pour la récolte était Tounsi. Le moment de récolte tardif est un critère important dans le programme de sélection. Parmi les accessions d'abricots collectées, les cultivars à maturation tardive étaient Rosi et Louzi. La période de récolte et de floraison était différente d'un cultivar à l'autre en fonction des cultivars et de la zone de culture. Arbi, Sauvage et Boufarik étaient les plus couramment utilisés dans la fabrication de Fermesse (abricots secs) (informations locales), ils devraient être largement cultivés, car les abricots secs sont plus riches en antioxydants [249].

Des similitudes morphologiques ont été observées entre les cultivars ayant des noms différents, et il y avait une différence morphologique entre les cultivars cultivés dans différentes régions mais portant le même nom. Ces remarques ont également été rapportées par [233]. Tounsi est connu sous le nom de Fali à M'sila et Boulila à Batna, Boulida est connu sous le nom de Bedai à Biskra et Boulida à Batna, et Rosi est connu sous le nom de Louzi Blanc à Batna et Rosi à BouSaada (informations locales). Il a été également confirmé par analyse génétique moléculaire par [233] que Louzi Blanc et Rosi sont des variétés identiques avec différentes nominations.

La morphologie des feuilles a également montré une variabilité entre les cultivars. La plus grande longueur du limbe était de 9,99 cm pour (Bouchaour) et la plus grande largeur était de 10,06 cm pour (Pv2M). La majorité des accessions avaient une couleur verte sur le côté supérieur de la lame foliaire et une forme de limbe obtuse à la base, avec un angle de limbe étant modérément obtus dans la moitié des accessions et fortement obtus dans l'autre moitié, et les incisions de la lame foliaire sur le bord étant dentelées dans la moitié des accessions et biséparées dans l'autre moitié. Les cultivars cachemiris ont également été signalés comme ayant une base et une forme de sommet modérément obtuses, ainsi que des incisions marginales biséparées [236].

Il y avait une corrélation significative entre la variable phénologique du temps de maturation et la date de floraison. C'était similaire à la conclusion de [250] et contraire aux travaux précédents sur les abricots réalisés par [232,236,239]. La longueur de la lame foliaire était positivement corrélée avec la largeur de la lame foliaire et la longueur du pétiole. La longueur du fruit était positivement corrélée avec la largeur du fruit en vue latérale et ventrale, la longueur et la largeur de la lame foliaire, ainsi que la longueur du pétiole. Ces résultats étaient similaires aux conclusions de [236,239]. La fermeté du fruit était corrélée avec la surface du fruit, ce qui est similaire à la conclusion de [239]. Ces similitudes indiquent que ces caractéristiques sont communes aux différentes variétés d'abricotier et ne permettent pas de distinguer entre elles, en particulier celles provenant de différentes origines géographiques.

L'intensité de la sur-couleur du fruit et la fermeté étaient négativement et significativement corrélées avec le temps de floraison. Cela pourrait être justifié par le fait que les cultivars précoces sont fermes et présentent une couleur de fond intense. La longueur et la largeur du fruit en vue latérale et ventrale sont significativement corrélées positivement avec la longueur et la largeur du noyau. Cela pourrait être justifié par le fait qu'un gros fruit porte des graines plus grosses. Ces résultats étaient similaires à ceux obtenus par [232]. La taille du fruit a été prise comme un critère distinctif entre les différentes variétés [239]. La comparaison des géotypes était difficile car elle reposait sur de nombreuses variables, notamment la localisation géographique, le climat, l'altitude et la longitude [232,243,250].

L'analyse en ACP peut aider à la sélection d'une collection de géotypes car elle permet de révéler les similitudes et les différences entre les cultivars [251,252]. Elle simplifie également la catégorisation des géotypes d'abricotiers pour la collection et l'amélioration génétique. PC (1) était le composant le plus important (18%) et il est corrélé aux caractéristiques de la taille du noyau, du fruit et de la feuille. Cette circonstance valide l'utilité d'utiliser les caractéristiques pomologiques pour identifier les géotypes supérieurs. Les caractéristiques de la taille du fruit se sont avérées cruciales pour différencier les géotypes d'abricot [236,242,243,245,247]. Au lieu d'utiliser 56 caractères, les caractéristiques morphologiques du fruit utilisées dans l'analyse en ACP peuvent être suffisantes pour caractériser les géotypes [253].

PC (1) a classé les cultivars avec la dimension du fruit, des noyaux, de la feuille et de tige de manière positive. De même, les cultivars avec un ratio élevé longueur de feuille /

longueur de pétiole (> 2), une incision biserrée des marges et une adhérence faible à absente du noyau à la chair, ont été classés négativement. Alors que PC (2) a été déterminé pour avoir un rapport élevé longueur / largeur de la feuille (> 1) et un pistil long, PC (3) étant défini pour avoir un pistil court.

L'analyse en cluster a pu montrer la variabilité entre les 57 cultivars algériens étudiés. Un grand intervalle de dissimilarité a été observé, contrairement aux résultats des classifications morphologiques de [254,255], qui reflétaient une relation entre ces accessions.

Cette étude a été réalisée pour déterminer la diversité génétique du génotype d'abricot algérien. Les résultats pourraient être utiles pour comparer les ressources génétiques, caractériser les génotypes d'abricot et sélectionner le meilleur cultivar avec la plus grande diversité dans les programmes d'amélioration de l'abricotier. La collection algérienne a montré une grande variabilité dans les caractères les plus importants, parmi eux les dates de floraison et de maturité. Il a également été constaté que des traits morphologiques quantitatives tels que la taille du fruit, de la feuille, du noyau et de la graine (longueur et largeur) et surtout qualitatives peuvent être utilisés pour expliquer de manière fiable les différences entre les génotypes. Le programme d'amélioration de l'abricotier donne la priorité à la production de nouveaux cultivars avec une longue période de dormance nécessitant un grand nombre d'unités de refroidissement, ainsi qu'un comportement de floraison tardive qui réduit le risque de gel pendant la floraison. Deux génotypes ont présenté des périodes de floraison et de récolte plus tardives (Rosi, Louzi).

1.2 Diversité biochimique

L'industrie alimentaire donne la priorité à la qualité interne des fruits pour répondre à la demande des consommateurs en matière d'aliments sûrs, sains et riches en nutriments. Les plantes et les fruits contiennent des substances bénéfiques pour la santé [256]. Les fruits d'abricot contiennent des qualités biochimiques pouvant être utilisés dans les programmes d'amélioration pour développer de nouvelles variétés de haute qualité. Dans cette étude, 57 accessions d'abricot ont été analysées pour leurs attributs biochimiques (solides solubles totaux, pH et acidité titrable, le poids des fruits, de la graine et du noyau). Le coefficient de variabilité était supérieur à 20 % pour la plupart des variables biochimiques ce qui met en évidence la diversité génétique des variétés étudiées.

1.2.1 Poids du fruit et de la graine

Le test ANOVA a révélé des valeurs significatives pouvant être attribuées à la variabilité génétique des différents géotypes cultivés dans des conditions environnementales variables. Les deux variétés Lokmi et Polonais ont révélé un poids de fruit supérieur à 60g ce qui contribue réellement au rendement économique indiquant que les variétés d'abricot Algérien sont caractérisées par une taille petite à large. En même temps la graine d'abricot a révélé un poids important pour les mêmes variétés. Il est bien connu que les noyaux d'abricot sont utilisés dans l'identification des géotypes et ont une grande valeur d'utilisation, telle que l'extraction d'huile de noyau pour l'alimentation et la médecine [60].

Des résultats similaires ont été observés dans d'autres études, avec des variations dans le poids des fruits et des graines. Les abricots cultivés en Italie et en Hongrie ont révélé un poids de fruits entre 50 et 88g [252,257]. Les géotypes d'abricots en Chine ont montré des poids de fruit plus élevés, allant de 51,1 à 119,9 g. Ces résultats révèlent une taille de fruit large ce qui est supérieur à nos résultats. D'autres études ont également montré des abricots de petite taille. Les recherches de [258] ont observé des variations de poids de fruit et de noyau respectivement, allant de 8,0 à 38.18 g pour le fruit et entre 1,62 à 2,96 g pour le noyau, qui sont inférieures à nos résultats. Des études antérieures réalisées par [259], et par [260,261] ont également révélé des variations dans le poids des fruits d'abricot.

La taille des abricots peut être influencée par des facteurs environnementaux, des pratiques agricoles et la qualité du sol [244]. Les géotypes étudiés présentaient des caractéristiques de poids de fruit moyennes et faible peuvent potentiellement donner des fruits plus larges avec de meilleures pratiques agricoles.

1.2.2 Solide soluble total du fruit

Les niveaux d'acides et de sucres dans les fruits d'abricot peuvent indiquer la maturité et la qualité. Les cultivars Algériens ont présenté une variabilité génétique importante pour ces critères. Les Solides Solubles Totaux (SST) et l'acidité titrable sont des facteurs cruciaux qui influent sur le goût de l'abricot.

Les niveaux de SST dans les 57 accessions d'abricots de cette étude varient généralement de 10 à 18 °Brix. D'autres études ont montré des résultats avec des gammes différentes. Les abricots hongrois ont présenté des SST entre 16 et 18 °Brix [263], tandis que les abricots indiens

[264] ont révélé des taux de SST élevés, atteignant jusqu'à 25 °Brix. Une autre étude en Inde a également révélé une large gamme de valeurs de °Brix (11,0–37,9 °Brix) parmi 65 géotypes d'abricots cultivés dans la région transhimalayenne du Ladakh [265]. Les cultivars pakistanais ont révélé des niveaux de SST compris entre 12,67 et 20,00 °Brix pour les variétés d'abricots cultivées au nord du Pakistan [266]. Les variétés cultivées dans l'Himalaya du Nord-Ouest [267] présentent des niveaux de SST allant de 7,53 à 28,01 °Brix. Les abricots italiens [268] ont des valeurs de SST allant de 12 à 16 °Brix. D'autres études ont révélé des valeurs plus faibles, avec des niveaux de SST de 9,5 à 13 °Brix dans les abricots du sud-est de l'Espagne, et les cultivars turcs avaient des niveaux de SST compris entre 9 et 14 % [248]. Certaines études ont révélé une marge similaire à la nôtre, variant de 10,7 à 19,6 °Brix en Inde [55], de 11,5 à 19,3 °Brix en Grèce [269], et de 11,9 à 16,3 °Brix en Italie [270]. Nos valeurs étaient similaires à celles de la Hongrie et du Pakistan, inférieures à celles de [264], [267], et [265], mais supérieures à ceux de la Turquie et de l'Espagne. La différence dans la teneur en SST dans les accessions d'abricots des différentes régions de comparaison peut être due aux conditions environnementales ainsi qu'aux influences génétiques. Les abricots destinés à la consommation ont généralement des niveaux de SST supérieurs à 11 °Brix ou à 10 % et sont considérés comme acceptables pour la consommation [248]. La plupart de nos accessions répondaient à cette norme.

1.2.3 Acidité du fruit

Les niveaux d'acidité totale (AT) dans cette étude ont varié de 0,21% à 2,68%, avec une moyenne de 1.65%. Les consommateurs préfèrent généralement les abricots avec des valeurs de AT inférieures à 0,90% [271]. Dans cette étude, quelques accessions cultivées avaient des valeurs d'AT inférieures à 0,90% (Bish, Bedai, Rosi, Louzi, Lokmi, Khad Romia). Des études antérieures menées en Turquie, en Espagne, en Macédoine du Nord, en Inde et en Hongrie ont rapporté des intervalles de AT de 0,20% à 1,55% [232], de 0,92% à 2,60% [245], de 0,89% à 1,89% [243] et de 0,26% à 2,14% [267], de 0.9 à 1.01 [264] 0.24 à 1.15% [252] et de 0.60 à 2.28 [268] respectivement. Aussi des cultivars Turcs ont révélé une large gamme avec une acidité entre 1.3 et 2 % [272]. Nos résultats ont révélé des similitudes avec les variétés de la Turquie, l'Espagne et l'Inde. L'acidité des fruits chez les abricots est principalement influencée par le stade de maturité lors de la récolte [272].

1.2.4 pH du fruit

L'acidité ou le goût acide d'un fruit est déterminé par son niveau d'acidité, mesuré par la valeur du pH, la plupart des fruits comestibles ont une plage de pH de 3 à 5 [273]. Parmi les 57

accessions d'abricots, les valeurs de pH ont varié de 2.68 à 3.88, avec une moyenne de 2,15. Des études antérieures menées par [274] en Italie ont trouvé des valeurs similaires de pH allant de 2,2 à 3,6 pour les variétés à maturation précoce, tandis que [259] ont rapporté des valeurs de pH entre 2,92 et 3,31. Les abricot cultivé en Iran [247] ont des valeurs de pH allant de 3,0 à 4,05, et entre 1,14 et 4,06 pour les abricots sauvages cultivés en Inde [267]. Les fruits des génotypes dans cette étude qui ont présenté des taux de sucre élevés et des taux d'acidité faible, conviennent à la consommation fraîche (Khad Romia, Lokmi, Louzi, Rosi, Bedai, Bish), et les fruits à forte acidité conviennent mieux à la transformation industrielle en confiture (Tounsi, Arbi, abricot sauvage).

1.2.5 Protéines totales de la graine

La teneur en protéines dans les graines d'abricot a été mesurée à l'aide de la méthode de Bradford. Dans cette étude les valeurs des protéines totales étaient entre 3.20-4.81mg/ml. Les graines d'abricot ont une teneur en protéines variant de 28% à 36%. Les graines d'abricot sauvages de la région de Garhwa et en Inde [275,276], présentent également une teneur significative en protéines adaptée à la consommation. Les graines d'abricot ne sont pas seulement une source potentielle d'huile, mais contiennent également des niveaux de protéines substantiels, ce qui les rend précieuses pour diverses applications. Ils peuvent améliorer la valeur nutritionnelle de divers produits alimentaires, ce qui en fait une option lucrative pour l'industrie alimentaire [8]. Les noyaux d'abricot, un sous-produit de l'industrie de transformation des fruits, sont souvent jetés. Cependant, ils sont une source de protéines alimentaires (22,4 à 29,3 %) [277]. Ces noyaux peuvent être utilisés dans des produits de boulangerie ou consommés.

1.2.6 Taux de matière sèche des abricots

DryF est un facteur clé qui influence la manipulation, le transport, la transformation et la qualité de déshydratation des fruits. Les génotypes présentant une faible teneur en DryF sont préférés pour la consommation fraîche, tandis que ceux avec un DryF élevé conviennent mieux au séchage et à la transformation [258]. En Algérie, les variétés avec un DryF élevé sont commercialisées comme des fruits frais. Les variations des niveaux de DryF peuvent être influencées par la génétique, le climat et les pratiques culturales [263]. Le contenu en DryF des abricots variait significativement de 8,38 % à 20,61 %, avec une moyenne de 14,40 %. Des plages de DryF similaires ont été rapportées dans les génotypes d'abricots en provenance de

Grèce (9,6 à 15,9 %) [259], du Pakistan (14,7 à 21,2 %) [266] de Turquie (11,8 à 25,8 %) [232] et de l'Inde (13,07 % à 19,11 %) [258]. La variabilité significative observée dans les compositions biochimiques des fruits d'abricot, est probablement influencée par les différents groupes éco-géographiques de géotypes d'abricot et les conditions environnementales.

1.2.7 Electrophorèse SDS-PAGE

La diversité des protéines enregistrée par SDS-PAGE a révélé une variabilité entre les cultivars, basée sur les similitudes dans la composition des protéines, confirmant ainsi la variabilité morphologique et pomologique parmi les mêmes accessions. Dans cette étude, les profils électrophorétiques ont montré une variabilité aux environs de 350 à 55 kDa, indiquant que la classification des cultivars peut se baser sur ces différences. La classification hiérarchique a divisé les accessions en deux groupes principaux, qui se divisent eux-mêmes en deux sous-groupes. Le premier groupe a regroupé les variétés qui avaient une bande protéique supplémentaire aux environs de 95 kDa ainsi que celles entre 72 et 55 kDa. Le deuxième groupe a regroupé les variétés qui avaient des bandes protéiques autour de 350 kDa. On constate également que la majorité des variétés portant le même nom sont regroupées ensemble, ce qui montre que la SDS-PAGE est fiable pour déterminer une différence entre les variétés d'abricotier, étant donné que les protéines sont directement liées à l'expression génétique. Les bandes protéiques obtenues nécessitent une identification et peuvent servir de marqueurs pour évaluer le niveau de diversité et différencier les variétés. Cependant, cette classification s'est basée sur les variétés d'abricotiers plutôt que sur leur localisation géographique, ce qui indique que l'environnement n'affecte pas la teneur en protéines des abricotiers. Les profils protéiques des graines peuvent aider à différencier les cultivars, et l'analyse SDS-PAGE peut être une méthode fiable pour l'identification des espèces. Nous pensons que des changements dans les caractéristiques des fruits de l'abricotier sont possibles et peuvent être liés à des changements dans les ARNm et les protéines. Les profils électrophorétiques des accessions d'abricotiers ont fourni des données pour l'identification génétique et peuvent être exploités pour tester diverses accessions en Algérie. Les bandes électrophorétiques des profils protéiques offrent des indices taxonomiques et des informations sur les relations génétiques dans les cultures de champs et les arbres fruitiers [262]. La SDS-PAGE est une méthode fiable pour la caractérisation génétique, car les profils de fractions protéiques reflètent directement l'héritage génétique et peuvent certifier la composition génétique [262].

✓ **Corrélation de Pearson**

Les corrélations entre les variables suggèrent que les petits fruits sont susceptibles d'avoir une acidité élevée, un pH faible, un faible SST, un faible poids du fruit, de la graine et du noyau, une teneur en eau élevée du fruit, et une faible teneur en protéines par rapport aux gros fruits. On indique aussi que l'augmentation du volume du fruit est due à l'accumulation de l'eau. Le travail de [267] a aussi révélé une corrélation entre le SST et AT ($r = 0.630$) et aussi entre le pH et AT ($r = -0.562$), il a aussi révélé une corrélation entre le SST et le pH a été négative ce qui est contradictoire à nos résultats car aucune corrélation n'a été observée entre ces deux variables.

✓ **Classification hiérarchique**

Le dendrogramme des traits de qualité des fruits de 57 accessions d'abricotiers a classé les cultivars principalement selon le poids des fruits, des graines et des noyaux. La classification hiérarchique a divisé les accessions en deux groupes principaux. Le premier groupe comprenait un génotype (Bish) avec un poids de fruit, une acidité faible et une teneur en eau élevée. Le deuxième cluster est divisé en deux groupes. Le premier groupe comprend les variétés avec un poids de fruit élevé entre 30 et 60 g avec une teneur en eau du fruit élevée tandis que le groupe 2 (CH-II) comprend les cultivars restants avec une acidité élevée. Les critères de classification ont permis de regrouper la plupart des accessions portant le même nom, ce qui indique une influence génétique plutôt que climatique sur les caractéristiques des fruits. Les variétés étudiées par [267] ont également été organisées dans le dendrogramme selon les caractères biochimiques en utilisant la même méthode de classement, ce qui suggère et indique la fiabilité des caractères pour regrouper les différentes variétés selon leur qualité biochimique.

Cette étude a analysé la qualité du fruit qui a présenté une variabilité significative dans les caractéristiques de la qualité biochimique. La plupart des accessions présentaient des SST $> 12^\circ\text{Brix}$, des AT $< 0,90\%$ et un pH > 3 , indiquant une haute qualité gustative, suggérant ainsi un potentiel pour des propriétés fonctionnelles améliorées et des avantages nutritionnels. Les futurs programmes d'amélioration devraient prendre en compte ces résultats. Des recherches supplémentaires à plus grande échelle sont nécessaires pour explorer la variation des traits biochimiques entre les accessions d'abricotiers cultivées.

1.3 Étude de caractères liés à la floraison

L'évaluation des besoins en froid à l'aide de modèles mathématiques a été précédemment réalisée sur différentes espèces de *Prunus* (pêcher, abricotier du Japon, amandier, cerisier) , [18,278–280] y compris l'abricotier [281], dans différents climats et avec différentes variétés. Cependant, comparer les résultats entre les études présente des défis en raison de plusieurs facteurs qui nécessitent d'être pris en compte. Ces facteurs comprennent la sélection du matériel végétal et des protocoles utilisés, les critères pour déterminer l'achèvement de la dormance, et les conditions environnementales pendant la saison de croissance précédente. Pour améliorer l'utilité des données sur les besoins en froid, il est essentiel de les compléter avec des informations sur le comportement des arbres, leur emplacement, les conditions environnementales, et la durée sur laquelle les besoins en froid ont été évalués [282].

1.3.1 Besoins en froid

Les besoins en froid ont varié selon les cultivars au cours de différentes saisons expérimentales en raison des conditions météorologiques variables. La date de début de la dormance était plus précoce lors de la deuxième saison (19 Novembre 2020) par rapport à la première (27 Novembre 2021), entraînant un début plus précoce de la sortie de dormance. Cependant, malgré le début précoce de la dormance, la sortie des bourgeons n'a pas eu lieu plus tôt dans notre étude, ce qui indique que la chaleur était un facteur clé dans la sortie des bourgeons après une accumulation de froid suffisante.

La plage de variation observée était similaire à d'autres études portant sur différentes espèces. Il a été rapporté que les populations au sein des espèces ont souvent des besoins différents en froid et en chaleur en fonction du climat d'origine [44]. De plus, une large gamme a également été observée dans d'autres études lorsqu'on compare les besoins en froid (274 CU pour 'Palsteyn' à 1450-1600 CU pour 'Orangered') de 68 cultivars d'abricot provenant d'Iran, d'Italie, de Serbie, d'Afrique du Sud, d'Espagne et des États-Unis [283]. Les différences dans les valeurs comparées sont attribuées aux conditions environnementales variées dans les différentes régions étudiées.

Le modèle Utah (CU) s'est avéré inadapté aux variétés évaluées dans la région de Biskra, caractérisée par un climat de saharien (**Tableau 3.9**), ce qui pourrait être dû au fait que le modèle Utah a été initialement développé dans un climat plus frais [284]. Une différence

significative a été observée entre les deux années d'étude pour chaque cultivar. Cette différence dans les besoins en froid entre les années a également été observée précédemment [16].

La corrélation significative trouvée entre la date de floraison et la sortie de dormance explique que les cultivars à faibles besoins en froid ont tendance à fleurir plus tôt, tandis que les cultivars à besoins en froid élevés ont tendance à fleurir plus tard. La dormance prend généralement fin lorsque les conditions deviennent plus favorables à la croissance, ce qui favorise la floraison. Cette tendance a été rapportée dans les cultivars d'abricot [44] et d'autres espèces de *Prunus* [283].

Le fait que les cultivars étudiés montrent une distribution bien répartie autour du sol de l'Est algérien n'explique pas nécessairement leur origine géographique. D'autres études ont trouvé des cultivars avec différents besoins en froid dans les mêmes régions, suggérant que l'accumulation de froid d'un cultivar n'est pas nécessairement liée à son lieu d'origine [23]. Le programme de sélection variétale se concentre sur les variétés à faibles besoins en froid [60], qui sont mieux adaptées aux climats plus chauds et plus adaptables au changement climatique. Les cinq variétés identifiées avec des besoins en froid réduits sont des candidats potentiels pour des croisements futurs (Khad Romia, Monte, Bish, Bedai, Boufarik).

La comparaison des modèles mathématiques de calcul du besoin en froid a démontré que le modèle dynamique s'est avéré être le plus efficace pour estimer les besoins en froid des variétés d'abricotier dans différents climats en Algérie, surpassant les deux autres modèles. Ces résultats étaient similaires à d'autres études, car CU et CP ont montré des estimations homogènes entre les cultivars [285].

La corrélation positive élevée entre les trois modèles indique la similitude de la fonction des modèles dans l'estimation du froid. Des résultats similaires ont été trouvés pour l'abricotier et le pêcher dans des études antérieures [73,90,286–288]. Il n'y avait aucune corrélation entre les trois modèles et la date de sortie de la dormance. Les abricotiers peuvent présenter un comportement imprévisible d'une année à l'autre en raison de variations significatives dans leurs schémas de croissance. Une corrélation étroite a été observée entre la sortie de la dormance et les besoins en froid, notamment dans certaines conditions climatiques chez des espèces telles que l'abricot [16], la pomme et l'amande [17], la cerise douce [18] et la grenade [19], ce qui contredisait les résultats de notre étude.

La variété Boulida a présenté des besoins en froid inférieurs par rapport à d'autres études menées dans différents climats. Cependant, il a quand même été classé comme un cultivar à besoin moyen en froid [16]. Les travaux de [283] ont rapporté des résultats similaires pour les cultivars Canino, Orangered et Palsteyn, montrant des divergences importantes, avec des valeurs plus élevées en Espagne (806, 1172, 631 UC) par rapport à l'Afrique du Sud (304, 957, 274 UC). Cette divergence peut être due à la synonymie ou à l'homonymie, ou au fait que le comportement du cultivar a été différent dans un climat différent. Cette étude suggère que la culture de l'abricotier est significativement influencée par les conditions climatiques, en particulier en ce qui concerne l'accumulation de froid, dans diverses zones de culture. La compréhension et la gestion de ces facteurs sont essentielles pour une production d'abricot réussie.

1.3.2 Besoins en chaleur

La différence significative entre les valeurs de besoin en chaleur a été documentée par plusieurs chercheurs dans diverses espèces d'arbres fruitiers telles que l'amandier [33], l'abricotier [16], le cerisier doux [18] et le pistachier [63].

Ce phénomène de besoins en chaleur plus élevés avec des besoins en froid faibles dans un cultivar a été observé dans d'autres espèces telles que le Pêcher [21]. Cela peut être dû au fait que ces cultivars mettent fin à leur dormance pendant une période particulièrement froide de l'année, lorsque l'accumulation de GDH est probablement moins efficace qu'à des dates ultérieures avec des températures plus élevées [289]. Le programme d'amélioration génétique cible les caractéristiques associées aux besoins élevés en chaleur, ce qui est bénéfique dans les régions sujettes aux gelées précoces, aidant à prévenir les dommages causés par le gel, donc les variétés qui ont montré des besoins en chaleur élevés sont des variétés candidates pour ce programme.

La corrélation entre les besoins en froid et chaleur a été aussi trouvée dans des pêchers d'ornement dans des recherches antérieures [74]. Cela indique que le besoin en chaleur est influencé par la quantité d'exposition au froid, ce qui entraîne une diminution du besoin en chaleur après une exposition prolongée au froid. Cependant, ces résultats contredisent les résultats d'une autre étude, car aucune corrélation n'a été trouvée entre ces paramètres dans les cultivars d'abricotier [290] ou dans d'autres espèces telles que les amandes, les nectarines

[87,291]. Ces résultats contradictoires peuvent être attribués à des variations dans les conditions climatiques, en particulier la température.

Les besoins en chaleur et la date de floraison n'ont présenté aucune corrélation, ce qui indique que la date de floraison ne correspondait pas nécessairement aux besoins en chaleur. Les variations dans les dates de floraison entre les variétés étaient principalement influencées par les besoins en froid, un résultat qui contredit d'autres études [289].

1.3.3 Dates de floraison

Il y avait une corrélation significative entre le modèle dynamique et les date de fin de dormance, ce qui indique que les besoins en froid avaient un impact plus important sur la date de floraison que les besoins en chaleur. Des résultats similaires ont été observés dans d'autres études [16,27].

La variabilité des dates de floraison parmi les cultivars précoces (Tounsi) suggère l'importance de prendre en compte le besoin en froid pour une classification précise. L'influence des facteurs climatiques, de l'environnement de croissance et de l'ombrage des arbres environnants dans le verger peut contribuer aux différences observées dans les dates de floraison. La relation entre les dates de floraison et les besoins en froid a été observée dans d'autres études sur les fruits [74,283], comme les cultivars d'abricotier, d'amandier, de pistachier et de cerisier doux, montrant une forte influence de l'accumulation de froid sur la date de floraison. Nos résultats soutiennent l'idée que la date de floraison n'est pas uniquement déterminée par les besoins en chaleur et en froid mais que d'autres facteurs jouent également un rôle dans la variation des dates de floraison.

Cette étude a fourni des informations précieuses sur les besoins en froid et en chaleur de différents cultivars, qui peuvent être utilisées pour déterminer comment les cultures s'adapteront aux conditions climatiques actuelles et futures dans une zone spécifique. Ces informations sont cruciales pour les programmes d'amélioration visant à identifier les plantes parentales les plus adaptées pour développer des cultivars améliorés avec des dates de floraison plus précoces (besoins en froid faibles et besoins en chaleur élevés) et les cultivars capables de prospérer dans les conditions climatiques futures. Les 18 cultivars examinés ont été catégorisés en trois groupes en fonction de leurs besoins en froid, et il y avait des variations notables tant dans les besoins en froid et en chaleur que dans les dates de floraison. Les cultivars à faibles besoins en froid avec des besoins en chaleur élevés sont (Bedai, Boufarik, Monte, KhadRomia, Bish), les

cultivars avec des besoins en froid modérés (Tounsi, Boulida, Bensermoukh, Arbi, Polonai, Abricotier sauvage (1, 2, 3) et Lokmi), et les cultivars avec des besoins en froid élevés avec des besoins en chaleur faible sont : Bouchaour, Pavi, Rosi et Louzi.

1.4 Diversité moléculaire

Les marqueurs SSR sont couramment utilisés pour différencier les génotypes et analyser les relations génétiques entre les cultivars d'abricotier en raison de leur haute reproductibilité et de leur hérédité codominante [292]. Reconnaître et comprendre la diversité en agriculture est cruciale pour élaborer des politiques efficaces en matière de biodiversité agricole et pour fidéliser les consommateurs, notamment sur les marchés locaux et pour les produits traditionnels [203]. La préservation de la diversité génétique des variétés de plantes alimentaires est essentielle, surtout dans les régions où les variétés locales ont prospéré. La diversité génétique fait référence aux informations génétiques au sein d'une espèce, reflétant son adaptabilité et son potentiel évolutif. Les espèces présentant une grande diversité génétique peuvent mieux s'adapter aux changements environnementaux [293]. Les études de diversité génétique au niveau moléculaire utilisent souvent des mesures tel que l'indice d'information de Shannon. Dans notre étude, nous avons utilisé 10 marqueurs SSR pour analyser la diversité génétique de 45 accessions.

1.4.1 Diversité allélique des accessions

Les 10 loci SSR étaient polymorphes. Ils ont révélé 50 allèles pour les 45 cultivars d'abricotier testés. Ces valeurs étaient bien inférieures aux 103 allèles, en utilisant 26 amorces SSR avec 155 abricotiers tunisiens [294], et aux 152 allèles avec 32 SSR détectés dans 262 cultivars tunisiens [295]. Dans la présente étude, le nombre moyen d'allèles par locus était de 5, ce qui était bien inférieur à ceux trouvés dans les études précédentes : 3.6 [255], 6.7 [296], 7.64 [297], et 13.3 pour 133 cultivars provenant de différents groupes écologiques [298]. L'étude menée par [299] a identifié sept groupes géographiques allant de l'Est du Japon à l'Ouest en passant par l'Amérique du Nord. Le groupe "Afrique du Nord" (Algérie, Maroc, Tunisie, Égypte) présentait le plus faible nombre moyen d'allèles par locus ($N_a = 7.8$), de richesse allélique (5.412), ainsi que des valeurs d'hétérozygotie observées et attendues ($H_o = 0,495$, $H_e = 0,572$) qui sont similaire à nos résultats. Le groupe "Europe continentale" présentait le plus faible nombre moyen d'allèles effectifs par locus ($N_e = 2,898$) et aucun allèle rare ou unique n'a été détecté. Les travaux de [233] ont analysé les variétés Algériennes en utilisant 5 loci SSR

dérivés d'espèces de *Prunus*, révélant 27 allèles à travers 83 génotypes d'abricotier. L'amorce commune PGS.1.21 s'est également avérée polymorphe. Dans une étude distincte, la diversité génétique a été évaluée en utilisant 12 SSR avec 28 génotypes d'abricotier Italien. Ils ont détecté au total 76 allèles. Les différences entre les loci se situent au niveau du nombre d'allèles, qui varie de 2 à 10 [300]. La caractérisation de 44 génotypes d'abricotiers sauvages d'origine Turque à l'aide de 13 amorces SSR a révélé un nombre total d'allèles de 107. Dans une autre étude, un total de 192 allèles, avec une moyenne de 8 allèles par locus, a été détecté dans 183 accessions d'abricotier à l'aide de 24 marqueurs SSR [301].

En comparaison avec nos résultats, la diversité génétique des génotypes d'abricotiers sauvages était assez élevée. Nos résultats confirment l'utilité des marqueurs SSR pour le génotypage des cultivars d'abricotier et a révélé une diminution de la diversité génétique dans le génotype local de l'abricotier, avec moins d'allèles SSR observés. Le nombre limité d'allèles et le niveau d'hétérozygotie des abricotiers dans notre étude sont probablement dus à : l'utilisation d'un nombre faible de marqueurs SSR que celui utilisé dans les autres [294,295], et une ressource de génotypes plus faible qui a été testée en Algérie, aussi les niveaux de diversité génétique peuvent varier en fonction des marqueurs, des échantillons et des facteurs environnementaux.

Les trois loci SSR avec une valeur d'hétérozygotie autour de 0,8 PGS1_21, PGS1_23 et UDP98-409, ont révélé respectivement 6, 9 et 6 allèles. L'hétérozygotie moyenne attendue pour les 10 loci était de 0,647 dans la présente étude, ce qui est inférieur à la valeur moyenne rapportée par [234,255,296–298]. La majorité des 10 loci chez les abricotiers Algériens ont montré des valeurs d'hétérozygotie observée (H_o) inférieures aux valeurs d'hétérozygotie attendue (H_e), indiquant un déficit significatif en hétérozygotie. Des études antérieures ont également signalé des valeurs de H_e plus élevées pour certains loci SSR chez les abricotiers [297]. La plus faible hétérozygotie observée pourrait être due à la l'endogamie traduite par la diminution de la diversité à cause du croisement apparenté et à l'accumulation d'allèles non favorables [302]. La plupart des cultivars Algériens sont auto-incompatibles [59], ce qui peut contribuer au déficit d'hétérozygotie. Les allèles nuls, observés dans cette étude, peuvent entraîner des écarts par rapport à l'équilibre de Hardy-Weinberg et un excès d'homozygotes. Ces allèles nuls peuvent avoir une émergence en raison de mutations dans les régions

flanquantes, empêchant la liaison des amorces [303], suggérant une origine locale pour ces abricotiers Algériens.

1.4.2 Classification hiérarchique

L'analyse de regroupement hiérarchique a révélé que les génotypes n'étaient pas regroupés en fonction des lieux d'échantillonnage, ce qui indique un mélange génétique et une complexité, ou que les cultivars algériens sont tous adaptés à différents types de climats et ne présentent pas de différences à cet égard. Le regroupement des variétés n'était pas corrélé aux régions géographiques, suggérant des niveaux élevés de mélange génétique. La diversité génétique observée pourrait être attribuée aux conditions environnementales et au croisement. La croissance des plantes est influencée par le génotype, l'environnement et les pratiques de gestion, avec une reproduction asexuée maintenant les caractéristiques parentales. Différents clones peuvent présenter des phénotypes variés dans différents environnements. Des groupes distincts de variétés suggèrent une possible différenciation entre les cultivars indigènes et introduits. Les 45 accessions ont été regroupées en fonction du polymorphisme détecté par 10 marqueurs SSR, montrant une distinction entre les variétés introduites et locales. La variété 'Tounsi', une variété tunisienne introduite, s'est regroupée avec les variétés locales algériennes, probablement en raison des différences entre les variétés européennes et nord-africaines. Les travaux de [301] ont révélé une variabilité entre les variétés des 3 pays du Nord-africain ce qui n'a pas été démontré pour la variété Tounsi dans cette étude. L'absence de variétés de référence empêche de confirmer avec certitude que les variétés Tounsi qui sont d'origine Tunisienne sont étrangères et que l'identification des variétés soit basée uniquement sur la morphologie.

Les similitudes génétiques entre certaines variétés d'abricots suggèrent la présence d'un groupe de variétés locales pouvant présenter des polymorphismes adaptatifs significatifs, nécessitant des analyses d'ADN supplémentaires pour être clarifiées. La synonymie et l'homonymie ont été observées dans diverses études, avec quelques divergences dans l'identification des génotypes. Il est essentiel de caractériser avec précision les génotypes traditionnels afin d'éviter les erreurs de dénomination ou d'échantillonnage. Des recherches antérieures ont également relevé des cas de synonymie et de doublons dans les évaluations des génotypes traditionnels. Des profils cohérents indiquent des synonymes étroitement liés, certains cultivars partageant le même nom mais pouvant différer en raison de pratiques de propagation historiques. Les génotypes homonymes et synonymes n'ont pas été rencontrés chez

[304] contrairement à notre étude. Les abricotiers Algériens sont considérés comme une ressource génotypique précieuse, bien adaptée aux conditions arides. Malgré une diversité génétique limitée, une large gamme de traits phénotypiques, y compris les caractéristiques pomologiques et les dates de floraison et de maturation, peut être influencée par des facteurs environnementaux.

Les marqueurs SSR hautement polymorphes ont efficacement identifié les variétés, détecté les synonymes et fourni des informations sur les origines des cultivars locaux. Cette réduction de la diversité génétique ne correspond pas aux variations significatives observées dans les variations pomologiques et à des dates de floraison et de maturation. Les abricotiers Algériens sont précieux pour les conditions arides, avec des caractéristiques phénologiques et pomologiques diverses adaptées aux programmes d'amélioration axés sur la résistance à la sécheresse et les besoins en froid réduit.

En conclusion, les marqueurs moléculaires utilisés dans cette étude ont efficacement évalué la diversité et les origines génétiques du génotype d'abricot en Algérie. Les loci SSR ont révélé des paramètres de variabilité faibles, suggérant une diversité génétique limitée dans le génotype d'abricot algérien. La classification des 45 cultivars locaux provenant de différentes régions d'Algérie en groupes de clusters distincts a indiqué une diversité génétique significative entre les cultivars locaux et introduits.

Il est suggéré que la dénomination des variétés algériennes repose davantage sur la morphologie que sur les caractéristiques moléculaires, ce qui peut conduire à des erreurs car la morphologie et la biochimie peuvent être influencées par l'environnement ou ayant des caractéristiques proches. L'utilisation de marqueurs pour l'analyse de la diversité est plus efficace pour distinguer les variétés similaires. Toutefois, le génotype doit toujours être étayé par une analyse phénotypique afin de valider les résultats.

1.4.3 Analyse Bayésienne de regroupement

L'analyse des populations à l'aide de STRUCTURE est une méthode fiable pour étudier les relations génétiques et l'ascendance. Elle influence la variation génétique et les schémas de distribution [305,306]. Notre étude a analysé les populations échantillonnées afin de détecter une domestication et une introduction potentielles.

Une analyse bayésienne de regroupement utilisant le logiciel STRUCTURE a été menée sur 43 accessions d'abricots cultivées en Algérie, en utilisant 10 loci SSR. Les résultats sont visualisés dans un diagramme à barres à côté de l'arbre phylogénétique (**Figure 3.10**). Nous avons estimé le nombre probable de sous-populations différentes à $K=4$ en utilisant une analyse de regroupement informatisée dans STRUCTURE. L'analyse a regroupé les génotypes introduits dans le même groupe, indiquant une forte association. Les trois groupes restants représentent probablement des cultivars locaux, suggérant trois origines géographiques distinctes pour ces cultivars locaux : Biskra, Msila et Batna, car ce sont les zones les plus productives pour la culture des abricotiers. De nombreuses études ont démontré une corrélation significative entre la divergence génétique et la distance géographique au sein des populations d'abricot, telles que celle menée par [307] qui a évalué la structure de population des différentes variétés d'abricot en Chine, ainsi que celle de [308] qui a examiné la diversité génétique et la structure des populations de génotypes d'abricot pour évaluer la variation entre les groupes éco-géographiques. Cette corrélation est également observée dans d'autres espèces de *Prunus*, comme le prunier, où l'étude menée par [309] visait à identifier les cultivars et les hybrides de pruniers européens développés.

L'analyse de Ward a produit un arbre phylogénétique montrant que les cultivars locaux et introduits sont regroupés d'une manière similaire au modèle $K=4$ bayésienne généré (**Figure 3.11**). D'autres populations semblent être génétiquement mélangées, probablement en raison de leurs conditions sauvages et des niveaux élevés de croisement, ce qui entraîne une ascendance complexe dans plusieurs génotypes ou suggérant une impureté génétique probable, peut-être issue de l'introduction d'une culture ancienne ou d'un flux génétique prolongé sans contraintes géographiques. Nos résultats sont similaires à d'autres travaux qui ont également observé des mélanges dans leurs groupes de sous-population comme celle de [231,310], contrairement à d'autres études comme celle de [308] où aucun mélange n'a été observé dans leurs regroupements, indiquant ainsi une pureté génétique au sein de leurs génotypes.

Il est crucial de bien appréhender la diversité génétique et la structure des populations de *P. armeniaca* afin de mieux gérer leurs caractéristiques génétiques lors du développement de nouveaux cultivars. L'identification des microsatellites, effectuée à l'aide de marqueurs SSR, s'est avérée être une méthode fiable pour évaluer la génétique des populations d'abricotiers dans la région de l'Est en Algérie. L'analyse de la diversité génétique au sein des populations

d'abricotiers étudiées fournit des données cruciales pour la conservation future du patrimoine génétique. Une différenciation génétique significative a été observée entre les différents types d'abricotier.

2 Étude génotypique

2.1 Étude de l'association phénotype - génotype

L'abricot a une valeur économique élevée et des utilisations variées, ce qui nécessite la sélection de différentes variétés à des fins distinctes. Dans cette étude, nous avons examiné des caractères comme certaines recherches précédentes, en sélectionnant des caractères économiques. Nous avons également pu identifier des marqueurs SSR associés à ces caractères, en utilisant une approche de sélection moléculaire et de la sélection assistée par marqueurs (SAM) qui améliore considérablement l'efficacité de la sélection par rapport aux méthodes traditionnelles basées sur la sélection phénotypique. La GLM offre plusieurs avantages pour améliorer l'efficacité de la MAS, en particulier en éliminant le besoin de croisements parentaux dans les populations avec divers génotypes et allèles.

La sélection assistée par marqueurs (SAM) permet aux sélectionneurs d'éliminer efficacement les plants indésirables des populations de sélection, en se concentrant sur les individus présentant les allèles génétiques souhaités. Elle est rentable et efficace pour les caractères impliquant des gènes récessifs ou des évaluations complexes. En appliquant la SAM à un stade précoce, il est possible d'éliminer les génotypes indésirables avant que les caractéristiques de qualité des fruits ne s'expriment pas. La cartographie d'association est couramment utilisée pour identifier les associations marqueur-trait dans les programmes de sélection végétale. Elle est particulièrement utile pour les organismes dont les informations généalogiques sont limitées, les populations présentant des allèles divers, une diversité génétique modérée à élever, et les caractères contrôlés par de multiples loci ayant de faibles effets et peu d'antécédents en matière de sélection. Cette approche est bien adaptée aux arbres fruitiers à multiplication végétative.

Cette étude a utilisé à la fois le GLM et le MLM, les deux principaux modèles statistiques en cartographie d'association. Le modèle MLM (K) prend en compte les relations génétiques, ce qui réduit le nombre de faux positifs mais peut entraîner la disparition de loci importants. En revanche, le modèle GLM a un pouvoir de détection élevé et permet d'identifier davantage

d'associations. Pour des comparaisons approfondies et afin d'améliorer la précision de l'analyse tout en minimisant les faux positifs, il est recommandé d'utiliser différents modèles de cartographie d'association.

EPDCU3454 a été cartographié chez *Prunus armeniaca* en tant que marqueur lié aux besoins en froid [311]. CPSCT042 a été cartographié comme étant lié aux traits de caractères de besoins en froid, au caractère de la date de floraison et à la maturité à 100% des fruits [311]. BPPCT004 a été cartographié comme étant lié aux besoins en froid, à la maturité à 100% des fruits et à la résistance à *Monilinia fructicola* [312]. PGS1.23 et PGS1.21 ont été cartographiés chez *Prunus armeniaca* en tant que marqueurs liés à la résistance génétique au virus de la sharka [313]. UDP98-409 a été cartographié chez *Prunus armeniaca* au trait d'activité de glucosyltransférase [314]. On dispose de peu d'informations sur les marqueurs associés aux besoins en froid et en chaleur et à la date de floraison chez les espèces de *Prunus*, en particulier les abricotiers. Bien que plusieurs études se soient concentrées sur les caractères de qualité des fruits, des recherches supplémentaires sont nécessaires pour faciliter la colocalisation des QTL et l'analyse de la synténie entre les espèces de *Prunus*. Cela facilitera l'identification des gènes candidats et la cartographie dans ce domaine. Les QTL associés aux caractères de qualité des fruits chez les abricots et d'autres espèces de *Prunus* (amandes, pêches et prunes japonaises) ont été identifiés dans CH 3 (couleur de la peau et de la chair) et CH 4 (teneur en solides solubles totaux et dates de maturation) selon la synthèse biographique de [315].

Ces résultats contredisent les nôtres, puisque les mêmes marqueurs ont montré des associations avec d'autres caractères agronomiques. Tous ces marqueurs SSR significatifs étaient simultanément associés à plusieurs caractères différents, ce qui suggère l'existence de gènes étroitement liés ou d'une pléiotropie. L'association des mêmes marqueurs à des caractéristiques différentes a été observée dans plusieurs études et pour différentes espèces de *Prunus*. Cela suggère que la cartographie d'association utilisant du matériel végétal n'est pas suffisante pour détecter efficacement des QTL majeurs en raison de l'influence des tests statistiques, de la faible contribution à la variation génétique du caractère, et de l'expression génique différentielle du caractère en fonction de l'année (variabilité d'année en année) [315].

Notre étude a trouvé des associations significatives avec 10 marqueurs SSR, indiquant un potentiel pour la sélection assistée par marqueurs dans les programmes de sélection. Cependant, comme les associations observées dans notre étude sont contradictoires avec celles rapportées

dans des études antérieures sur *P.armeniaca*, une validation plus poussée de ces associations est recommandée avant de mettre en œuvre des stratégies de sélection assistée par marqueurs.

2.2 Étude de l'expression des gènes d'intérêts

P. armeniaca a une importance économique, mais cette espèce subit des pertes de rendement dues à des conditions météorologiques défavorables. L'initiation et la libération de l'endodormance ont été démontrées comme étant régulées par un ensemble de gènes chez les espèces de *Prunus*, les gènes *DAM* jouant des rôles cruciaux dans ce réseau complexe de régulation [316]. Dans notre étude, huit gènes (*DAM1*, *DAM3*, *DAM4*, *DAM5*, *DAM6*, *NCED5*, *cold shock protein CS66* et *Leafy-like*) ont été sélectionnés pour l'étude de leur expression chez l'abricotier. Parmi les six gènes *DAM*, il est connu que les *DAM6* et *DAM5* sont surexprimés au maximum au cours de l'endodormance et sont régulés négativement au cours de l'écodormance. Ils ont été signalés comme des gènes candidats forts pour un signal de QTL majeur, un constat observé chez plusieurs espèces (amandier, abricotier, pêcher, cerisier doux) [317], [318], [319]. Chez le cerisier doux, l'abricotier et le pêcher, *DAM4* est régulé positivement à mesure que le froid s'accumule, puis régulé négativement [318]. *NCED5* et *cold shock protein CS66* sont des gènes qui étaient exprimés entre l'endodormance et l'écodormance, et ils ont suscité un intérêt particulier en raison de leurs expressions différentielles pendant la transition de l'endodormance à l'écodormance, leurs expressions a initialement augmenté à mesure que le froid s'accumulait, puis a diminué une fois l'écodormance atteinte, dans quatre espèces : l'amandier, l'abricotier, le pêcher et le cerisier doux [318], [319]. Les gènes *DAM1* ont été régulés positivement pendant la phase d'initiation de la floraison chez le pommier [320]. La régulation négative de *DAM3* est corrélée avec la levée de la dormance des bourgeons végétatifs chez l'abricotier japonais [320]. *Leafy like* est fortement exprimé au stade avancé de la différenciation des bourgeons floraux chez l'abricotier japonais et l'amandier [321]. Bien que les résultats obtenus ne soutiennent pas l'hypothèse initiale, ils restent informatifs. Ils indiquent que le deuxième prélèvement correspondait à la phase de transition pour la variété Monte et une phase avancée de l'endodormance pour la variété Louzi. Cela est confirmé par la présence de *DAM6* et des gènes de transition chez la variété Louzi. Cependant, l'absence totale des gènes de transition et de *DAM6* chez la variété Monte suggère que les gènes *DAM5* et *DAM4* continuent à être exprimés jusqu'au début de l'écodormance donc une implication dans la phase de transition. Le même constat est observé par [318], [316]. En outre, le deuxième prélèvement, caractérisé par

l'absence des gènes de transition, est considéré comme le début de l'écodormance pour la variété Monte et représente la fin de l'endodormance pour la variété Louzi.

CONCLUSION

La reconnaissance et la définition des ressources locales d'abricotier sont essentielles pour leur restauration, leur amélioration et leur conservation, ainsi que pour le lancement de programmes de sélection variétale.

Cette thèse aborde une question importante liée à la sécurité alimentaire en étudiant la diversité génétique des variétés d'abricots algériens de la région de l'Est. Grâce à une analyse approfondie utilisant différents marqueurs morphologiques, biochimiques, et moléculaires, nous avons caractérisé ces variétés et contribué aux programmes de sélection et d'amélioration. En outre, la thèse explore le potentiel des sous-produits de l'abricot pour des applications à valeur ajoutée. Dans le deuxième axe de travail nous avons révélé les comportements phénotypiques de nos variétés d'abricotiers, à l'aide de modèles mathématiques déterminants ainsi les besoins en froid et en chaleur de nos variétés ainsi que leurs dates de floraison. La dernière partie était consacrée à l'étude de l'association des marqueurs SSR et les différents caractères d'intérêts recherchés pour une meilleure adaptation aux futurs scénarios et changements climatiques qui vont toucher la région méditerranéenne.

En déterminant les besoins en froid et en chaleur des variétés locales, cinq candidats potentiels ont été identifiés pour la culture, pouvant présenter une adaptation face au réchauffement climatique. Les évaluations morphologiques et biochimiques ont aidé à caractériser ces variétés en fonction de leurs attributs visuels et gustatifs, facilitant leur sélection pour la commercialisation et la culture dans d'autres régions, ou pour une sélection de caractères favorables. L'analyse de la diversité génétique a fourni des informations sur les origines des cultivars, mettant en évidence le potentiel d'amélioration génétique et les efforts de conservation. Cette étude a permis de fournir des preuves pour recommander des stratégies complémentaires afin d'éviter la perte de diversité chez l'abricotier. Les actions devraient se concentrer à la fois sur la promotion de produits de qualité supérieure facilement identifiables et sur des stratégies agricoles plus inclusives axées sur la biodiversité.

L'étude d'association a permis d'identifier des liens significatifs entre les marqueurs et les caractères étudiés. Cependant, cette étude a ses limites car elle ne révèle qu'une association physique sans spécifier la localisation exacte du gène, sa proximité ou sa prévalence.

Basé sur ces résultats très intéressants et informatifs, nous pouvons approfondir l'exploration des facteurs génétiques et environnementaux des variétés candidates en utilisant des méthodes avancées telles que le gène Editing ou séquençage génomique pour mieux comprendre leurs besoins en froid et en chaleur à l'échelle génomique et établir des marqueurs qui y seront liés. De plus, l'étude de ces variétés pour leur adaptation au stress biotique est essentielle. Il est également crucial pour les sélectionneurs de résoudre les divergences de nomenclature parmi les variétés portant des noms similaires mais qui sont génétiquement distinctes.

Pour accélérer les études d'association chez l'abricotier, une découverte de SNP à grande échelle est nécessaire. Les progrès récents des outils génomiques, tels que le séquençage du génome et le génotypage SNP à haute densité, ont permis de nouvelles approches pour la cartographie de caractères complexes. L'identification des gènes responsables de caractères spécifiques est cruciale pour l'amélioration des plantes et peut conduire au développement d'outils de sélection génomique. Le séquençage de nouvelle génération (NGS) est de plus en plus utilisé pour faciliter la découverte de SNP dans des espèces d'arbres fruitiers moins caractérisées. Les SNP sont désormais des marqueurs couramment utilisés pour le génotypage des espèces horticoles en raison de leur abondance dans le génome et de la disponibilité de méthodes de séquençage à haut débit.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

-
- [1] N.K. Meena, K. Choudhary, N. Negi, V.S. Meena, V. Gupta, *Production Technology of Stone Fruits*, Springer, Singapore, 2021. <https://doi.org/10.1007/978-981-15-8920-1%0A©>.
- [2] T. Milosevic, N. Milosevic, *Soil fertility: Plant nutrition vis-a`-vis fruit yield and quality of stone fruits Tomo*, (2020) 583–606. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818732-6.00041-1>.
- [3] Y. Wang, H. Sun, J. Zhang, F. Jiang, L. Yang, M. Zhang, *The Apricot Genome*, Springer Cham, Switzerland, 2022. <https://doi.org/10.1007/978-3-031-00848-1%0A©>.
- [4] M. Venturi, A. Giovannini, S. Gutiérrez-Gordillo, L. Manfrini, L. Corelli-Grappadelli, B. Morandi, *Apricot water relation and fruit growth under progressive water stress conditions*, in: XXXI International Horticultural Congress (IHC2022): International Symposium on Water: A Worldwide Challenge for Horticulture! 1373, (2022) 73–80.
- [5] FAO, FAOSTAT, (2023). <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize> (accessed December 31, 2023).
- [6] MADR, *Statistique agricole : superficie et production*. Direction des Systèmes d'Information, des Statistiques et de la Prospective, (2021). <https://fr.madr.gov.dz/statistiques-agricoles/>. (Accessed 11 June 2023)
- [7] M.A. Batnini, L. Krichen, H. Bourguiba, N. Trifi-Farah, D. Ruiz, P. Martínez-Gómez, M. Rubio, *Comparative analysis of traditional and modern apricot breeding programs: A case of study with Spanish and Tunisian apricot breeding germplasm*, *Spanish Journal of Agricultural Research*. 14 (2016) e0706–e0706. <https://doi.org/10.5424/SJAR/2016143-8638>.
- [8] M. Siddiq, M.S. Butt, I. Greiby, *Apricots Production, Processing, and Nutrition*, *Handbook of Fruits and Fruit Processing: Second Edition*. (2012) 385–398. <https://doi.org/10.1002/9781118352533.CH23/PDF>.
- [9] G. Kennedy, Z. Wang, P. Maundu, D. Hunter, *The role of traditional knowledge and food biodiversity to transform modern food systems*, *Trends in Food Science & Technology*. 130 (2022) 32–41. <https://doi.org/10.1016/J.TIFS.2022.09.011>.
- [10] H. Bourguiba, J.M. Audergon, L. Krichen, N. Trifi-Farah, A. Mamouni, S. Trabelsi, C. D'Onofrio, B.M. Asma, S. Santoni, B. Khadari, *Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin*, *BMC Plant Biology*. 12 (2012) 1–17. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-12-49/TABLES/6>.
- [11] D. Bassi, R. Viti, S. Bartolini, *Recent advances on environmental and physiological challenges in apricot growing*, *Acta Horticulturae*. 717 (2006) 23–31. <https://doi.org/10.17660/actahortic.2006.717.1>.
- [12] J.A. Egea, J. López-Alcolea, J.A. Campoy, J.A. Egea, D. Ruiz, *Global warming and breaking dormancy in apricot: Some interesting related aspects*, in: XVII International Symposium on Apricot Breeding and Culture 1290, International Society for Horticultural Science, (2019): pp. 213–216. <https://doi.org/10.17660/ACTAHORTIC.2020.1290.37>.
-

- [13] L. Andreini, I.G. De Cortázar-Atauri, I. Chuine, R. Viti, S. Bartolini, D. Ruiz, J.A. Campoy, J.M. Legave, J.M. Audergon, P. Bertuzzi, Understanding dormancy release in apricot flower buds (*Prunus armeniaca* L.) using several process-based phenological models, *Agricultural and Forest Meteorology*. 184 (2014) 210–219. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2013.10.005>.
- [14] J.A. Campoy, D. Ruiz, J. Egea, Dormancy in temperate fruit trees in a global warming context: A review, *Scientia Horticulturae*. 130 (2011) 357–372. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.07.011>.
- [15] J.A. Hernandez, P. Díaz-Vivancos, G. Martínez-Sánchez, N. Albuquerque, D. Martínez, G. Barba-Espín, J.R. Acosta-Motos, E. Carrera, J. García-Bruntón, Physiological and biochemical characterization of bud dormancy: Evolution of carbohydrate and antioxidant metabolisms and hormonal profile in a low chill peach variety, *Scientia Horticulturae*. 281 (2021) 109957.
- [16] J.A. Campoy, D. Ruiz, L. Alderman, N. Cook, J. Egea, The fulfilment of chilling requirements and the adaptation of apricot (*Prunus armeniaca* L.) in warm winter climates: an approach in Murcia (Spain) and the Western Cape (South Africa), *European Journal of Agronomy*. 37 (2012) 43–55. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2011.10.004>.
- [17] A. El Yaacoubi, G. Malagi, A. Oukabli, I. Citadin, M. Hafidi, M. Bonhomme, J.-M. Legave, Differentiated dynamics of bud dormancy and growth in temperate fruit trees relating to bud phenology adaptation, the case of apple and almond trees, *International Journal of Biometeorology*. 60 (2016) 1695–1710.
- [18] H. Kaufmann, M. Blanke, Performance of three numerical models to assess winter chill for fruit trees a case study using cherry as model crop in Germany, *Regional Environmental Change*. 17 (2017) 715–723. <https://doi.org/10.1007/S10113-016-1064-6/TABLES/3>.
- [19] M. Nasrabadi, A. Ramezani, S. Eshghi, A. Sarkhosh, Chilling and heat requirement of pomegranate (*Punica granatum* L.) trees grown under sustained deficit irrigation, *Scientia Horticulturae*. 263 (2020) 109117.
- [20] A.M. Salama, A. Ezzat, H. El-Ramady, S.M. Alam-Eldein, S. Okba, H.M. Elmenofy, I.F. Hassan, A. Illés, I.J. Holb, Temperate fruit trees under climate change: Challenges for dormancy and chilling requirements in warm winter regions, *Horticulturae*. 7 (2021). <https://doi.org/10.3390/horticulturae7040086>.
- [21] G. Pantelidis, P. Drogoudi, Exploitation of genotypic variation in chilling and heat requirements for flowering in *Prunus armeniaca* and *Prunus persica* (L.) Batsch cultivars, *Scientia Horticulturae*. 321 (2023) 112287. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2023.112287>.
- [22] A. Boullayali, C. Galán, M. Martínez-Bracero, H. Bouziane, Chilling and heat requirements for woody taxa in Tétouan (NW Morocco), *Aerobiologia*. 39 (2023) 241–255. <https://doi.org/10.1007/S10453-023-09789-4/FIGURES/3>.
- [23] E. Fadón, E. Fernandez, H. Behn, E. Luedeling, A conceptual framework for winter dormancy in deciduous trees, *Agronomy*. 10 (2020). <https://doi.org/10.3390/agronomy10020241>.

-
- [24] T. Milošević, N. Milošević, Behavior of Apricot (*Prunus armeniaca L.*) under Climate Change, Cultivation for Climate Change Resilience. 2 (2023) 234–256. <https://doi.org/10.1201/9781003351153-13>.
- [25] F. Sahnoune, M. Belhamel, M. Zelmat, R. Kerbachi, Climate change in Algeria: Vulnerability and strategy of mitigation and adaptation, Energy Procedia. 36 (2013) 1286–1294. <https://doi.org/10.1016/j.egypro.2013.07.145>.
- [26] K.R. Shivanna, Climate change and its impact on biodiversity and human welfare, Proceedings of the Indian National Science Academy. 88 (2022) 160–171. <https://doi.org/10.1007/S43538-022-00073-6/METRICS>.
- [27] M.G. Muluneh, Impact of climate change on biodiversity and food security: a global perspective a review article, Agriculture & Food Security. 10 (2021) 1–25. <https://doi.org/10.1186/S40066-021-00318-5>.
- [28] O. Gordo, J.J. Sanz, Impact of climate change on plant phenology in Mediterranean ecosystems, Global Change Biology. 16 (2010) 1082–1106. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2009.02084.x>.
- [29] A. Tripathi, D.K. Tripathi, D.K. Chauhan, N. Kumar, G.S. Singh, Paradigms of climate change impacts on some major food sources of the world: A review on current knowledge and future prospects, Agriculture, Ecosystems & Environment. 216 (2016) 356–373. <https://doi.org/10.1016/J.AGEE.2015.09.034>.
- [30] J.R.K. Forrest, Plant-pollinator interactions and phenological change: What can we learn about climate impacts from experiments and observations?, Oikos. 124 (2015) 4–13. <https://doi.org/10.1111/OIK.01386>.
- [31] L. Duque, E.H. Poelman, I. Steffan-Dewenter, Effects of ozone stress on flowering phenology, plant-pollinator interactions and plant reproductive success Effects of ozone stress on flowering phenology, plant-pollinator interactions and plant reproductive success, Environmental Pollution. (2020). <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2020.115953>.
- [32] G. Kudo, T.Y. Ida, Early onset of spring increases the phenological mismatch between plants and pollinators, Ecology. 94 (2013) 2311–2320.
- [33] J. Egea, E. Ortega, P. Martínez-Gómez, F. Dicenta, Chilling and heat requirements of almond cultivars for flowering, Environmental and Experimental Botany. 50 (2003) 79–85. [https://doi.org/10.1016/S0098-8472\(03\)00002-9](https://doi.org/10.1016/S0098-8472(03)00002-9).
- [34] A. Calle, C. Saski, A. Wünsch, J. Grimplet, K. Gasic, Identification of Key Genes Related to Dormancy Control in *Prunus* Species by Meta-Analysis of RNAseq Data, Plants. 11 (2022) 2469–2469. <https://doi.org/10.3390/PLANTS11192469>.
- [35] J.B. Wolf, E.D. Brodie, M.J. Wade, The Genotype-Environment Interaction and Evolution When the Environment Contains Genes, Phenotypic Plasticity. (2023) 173–190. <https://doi.org/10.1093/OSO/9780195138962.003.0011>.
- [36] U. Nakandala, A.K. Masouleh, M.W. Smith, A. Furtado, P. Mason, L. Constantin, R.J. Henry, Haplotype resolved chromosome level genome assembly of *Citrus australis* reveals disease resistance and other citrus specific genes, Horticulture Research. 10
-

- (2023). <https://doi.org/10.1093/HR/UHAD058>.
- [37] T. Wu, T. Ma, T. Xu, L. Pan, Y. Zhang, Y. Li, D. Ning, The De Novo Genome Assembly of *Olea europaea subsp. cuspidate*, a Widely Distributed Olive Close Relative, *Frontiers in Genetics*. 13 (2022) 868-540. <https://doi.org/10.3389/FGENE.2022.868540/BIBTEX>.
- [38] N. Girollet, B. Rubio, C. Lopez-Roques, S. Valière, N. Ollat, P.F. Bert, De novo phased assembly of the *Vitis riparia* grape genome, *Scientific Data* 2019 6:1. 6 (2019) 1–8. <https://doi.org/10.1038/s41597-019-0133-3>.
- [39] M. Li, J. Li, P. Nie, G. Li, W. Liu, Q. Gong, X. Dong, X. Gao, W. Chen, A. Zhang, A high-quality assembled genome of a representative peach landrace, ‘Feichenghongli’, and analysis of distinct late florescence and narrow leaf traits, *BMC Plant Biology*. 23 (2023). <https://doi.org/10.1186/S12870-023-04242-7>.
- [40] A. Abdellaoui, L. Yengo, K.J.H. Verweij, P.M. Visscher, 15 years of GWAS discovery: Realizing the promise, *American Journal of Human Genetics*. 110 (2023) 179. <https://doi.org/10.1016/J.AJHG.2022.12.011>.
- [41] Y.O. Oyebamiji, B.A. Adigun, N.A.A. Shamsudin, A.M. Ikmal, M.A. Salisu, F.A. Malike, A.A. Lateef, Recent Advancements in Mitigating Abiotic Stresses in Crops, *Horticulturae*. 10 (2024) 156. <https://doi.org/10.3390/horticulturae10020156>.
- [42] E. Luedeling, *Scientia Horticulturae* Climate change impacts on winter chill for temperate fruit and nut production : A review, *Scientia Horticulturae*. 144 (2012) 218–229. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2012.07.011>.
- [43] E. Dirlewanger, J. Quero-García, L. Le Dantec, P. Lambert, D. Ruiz, L. Dondini, E. Illa, B. Quilot-Turion, J.M. Audergon, S. Tartarini, P. Letourmy, P. Arús, Comparison of the genetic determinism of two key phenological traits, flowering and maturity dates, in three *Prunus* species: peach, apricot and sweet cherry, *Heredity*. 109 (2012) 280–292. <https://doi.org/10.1038/hdy.2012.38>.
- [44] W. Zhuang, B. Cai, Z. Gao, Z. Zhang, Determination of chilling and heat requirements of 69 Japanese apricot cultivars, *European Journal of Agronomy*. 74 (2016) 68–74. <https://doi.org/10.1016/j.eja.2015.10.006>.
- [45] F. Breseghello, A.S.G. Coelho, Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa L.*), *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 61 (2013) 8277–8286. <https://pubs.acs.org/doi/full/10.1021/jf305531j>.
- [46] G. De Mori, G. Cipriani, Marker-Assisted Selection in Breeding for Fruit Trait Improvement: A Review, *International Journal of Molecular Sciences*. 24 (2023) 8984. <https://doi.org/10.3390/IJMS24108984/S1>.
- [47] M. Norton, *Growing Apricots in California : An Overview*. 12 (2012).
- [48] M. Roth, Recherche et validation de résistances génétiques au dépérissement bactérien causé par *Pseudomonas syringae* chez l’abricotier (*Prunus armeniaca Linné*), Institut Supérieur des Sciences Agronomiques, Agroalimentaires, These de doctorat, France, 2013.
- [49] M.L. Badenes, D.H. Byrne, *Fruit breeding*, 2012. <https://doi.org/10.1007/978-1-4419->

- 0763-9.
- [50] M. Hayta, M. Alpaslan, D. Prevention, *Prunus armeniaca* apricot kernel flour and its use in maintaining health genetic engineering of temperate fruit crops, (2011).
- [51] PNTTA, Programme National de Transfert de Technologie en Agriculture, L'abricotier une diversité génétique à exploiter pour relancer la culture, Bulletin mensuel d'information et de liaison du PNTTA. (2005) 1-4.
- [52] P. Aware, Apricot production in Australia, (2008) 1–8.
- [53] L. Quintinie, Un peu d'histoire la provenance de l'abricot conditions climatiques, (2000).
- [54] ITAF, La culture de l'abricotie, 2001.
- [55] P.A. Roussos, A.T. Nikoleta-Kleio Denaxa, N. Efstathios, B. Intidhar, Apricot (*Prunus armeniaca* L.), Nutritional Composition of Fruit Cultivars. (2016). https://www.upov.int/meetings/en/doc_details.jsp?meeting_id=47212&doc_id=419611 (accessed July 13, 2022).
- [56] N.I. Vavilov, V.F. Dorofeev, Origin and geography of cultivated plants, Cambridge University Press, 1992.
- [57] S.S. Mukrimaa, Nurdyansyah, E.F Fahyuni, A.Yulia Citra, N.D Schulz, T. Taniredja, E.M. Faridli, S. Harmianto, 2016. Jurnal Penelitian Pendidikan Guru Sekolah Dasar 6, 128.
- [58] K.F. Kostina, The origin and evolution of cultivated apricot, Trudy Nikitiskogo Botanicheskogo Sada. 24 (1946) 25–31.
- [59] A. Younes, Caractérisation agronomique et moléculaire des cultivars d'abricotier (*Prunus armeniaca* L.), dans les régions du Hodna et de l'Aurés, Algérie: diversité, structure de la population et association génétique., 2022.
- [60] T. Zhebentyayeva, C. Ledbetter, L. Burgos, G. Llácer, Apricot, Fruit Breeding. (2012) 415–458. https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0763-9_12/COVER.
- [61] J. Cao, X. Zhang, R. Deo, Y. Gong, Q. Feng, Influence of stand type and stand age on soil carbon storage in China's arid and semi-arid regions, Land Use Policy. 78 (2018) 258–265. <https://doi.org/10.1016/J.LANDUSEPOL.2018.07.002>.
- [62] F. Adra, Etude des effets d'une élévation de température sur la croissance et le développement du pêcher: conséquences sur la qualité des fruits, Thèse de doctorat, Université d'Avignon, 2021.
- [63] H. Benmoussa, Estimation des besoins en froid et en chaleur des variétés d'amandier (*Prunus dulcis* Mill.) et de pistachier (*Pistacia vera* L.) en Tunisie, Thèse de doctorat, Université de Carthage, 2018.
- [64] A.O. Conrad, J. Yu, M.E. Staton, J.M. Audergon, G. Roch, V. Decroocq, K. Knagge, H. Chen, T. Zhebentyayeva, Z. Liu, C. Dardick, C. Dana Nelson, A.G. Abbott, Association of the phenylpropanoid pathway with dormancy and adaptive trait variation in apricot (*Prunus armeniaca*), Tree Physiology. 39 (2019) 1136–1148.

- <https://doi.org/10.1093/treephys/tpz053>.
- [65] J.M. Alonso, J.M. Ansón, M.T. Espiau, R. Socias I Company, determination of endodormancy break in almond flower buds by a correlation model using the average temperature of different day intervals and its application to the estimation of chill and heat requirements and blooming date, *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 130 (2005) 308–318. <https://doi.org/10.21273/JASHS.130.3.308>.
- [66] Baggiolini, M. (1952). Stades repères de la vigne. Station fédérale d'essais et de contrôle de semences.
- [67] R. Viti, S. Bartolini, R. Guerriero, The influence of sampling from different canopy positions on the evaluation of flower bud anomalies and dormancy in apricot (*Prunus armeniaca L.*), *Fruits*. 58 (2003) 117–126. <https://doi.org/10.1051/FRUITS:2002041>.
- [68] F.G. Dennis, Problems in Standardizing Methods for Evaluating the Chilling Requirements for the Breaking of Dormancy in Buds of Woody Plants, *hortscience*. 38 (2003) 347.
- [69] E.A. Richardson, S.D. Seeley, D.R. Walker, A Model for Estimating the Completion of Rest for 'Redhaven' and 'Elberta' Peach Trees, *HortScience*. 9 (1974) 331–332.
- [70] E. Luedeling, A. Gassner, Partial Least Squares Regression for analyzing walnut phenology in California, *Agricultural and Forest Meteorology*. 158–159 (2012) 43–52. <https://doi.org/10.1016/J.AGRFORMET.2011.10.020>.
- [71] E. Luedeling, A. Kunz, M.M. Blanke, Identification of chilling and heat requirements of cherry trees—a statistical approach, *International Journal of Biometeorology*. 57 (2013) 679–689. <https://doi.org/10.1007/S00484-012-0594-Y/TABLES/3>.
- [72] E. Luedeling, L. Guo, J. Dai, C. Leslie, M.M. Blanke, Differential responses of trees to temperature variation during the chilling and forcing phases, *Agricultural and Forest Meteorology*. 181 (2013) 33–42. <https://doi.org/10.1016/J.AGRFORMET.2013.06.018>.
- [73] L. Guo, J. Xu, J. Dai, J. Cheng, E. Luedeling, Statistical identification of chilling and heat requirements for apricot flower buds in Beijing, China, *Scientia Horticulturae*. 195 (2015) 138–144. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.09.006>.
- [74] L. Guo, J. Dai, S. Ranjitkar, H. Yu, J. Xu, E. Luedeling, Chilling and heat requirements for flowering in temperate fruit trees, *International Journal of Biometeorology*. 58 (2014) 1195–1206. <https://doi.org/10.1007/s00484-013-0714-3>.
- [75] D.E. Linville, Calculating chilling hours and chill units from daily maximum and minimum temperature observations, *HortScience*. 25 (1990) 14–16.
- [76] P.W. Linville, G.W. Fischer, P. Salovey, Perceived Distributions of the Characteristics of In-Group and Out-Group Members: Empirical Evidence and a Computer Simulation, *Journal of Personality and Social Psychology*. 57 (1989) 165–188. <https://doi.org/10.1037/0022-3514.57.2.165>.
- [77] J.W. Spencer, Fourier Series Representation of the Position of the Sun. *Search*. 2 (1971), 162-172. <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=1145206>.
- [78] J. Almorox, C. Hontoria, M. Benito, Statistical validation of daylength definitions for

- estimation of global solar radiation in Toledo, Spain, *Energy Conversion and Management*. 46 (2005) 1465–1471. <https://doi.org/10.1016/J.ENCONMAN.2004.07.007>.
- [79] R. Viti, L. Andreini, D. Ruiz, J. Egea, S. Bartolini, C. Iacona, J.A. Campoy, Effect of climatic conditions on the overcoming of dormancy in apricot flower buds in two Mediterranean areas: Murcia (Spain) and Tuscany (Italy), *Scientia Horticulturae*. 124 (2010) 217–224. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2010.01.001>.
- [80] J. Bennett, Temperature and bud rest period: effect of temperature and exposure on the rest period of deciduous plant leaf buds investigated, *California Agriculture*. 3 (1949) 9–12.
- [81] J.H. Weinberger, Chilling requirements of peach varieties., in: *Proceedings. American Society for Horticultural Science*, 1950: pp. 122–128.
- [82] E.A. Richardson, R. EA, S. SD, W. DR, A model for estimating the completion of rest for "Redhaven" and "Elberta" peach trees, (1974).
- [83] A. Erez, S. Lavee, The effect of climatic conditions on dormancy development of Peach Buds. I. Temperature1, *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 96 (1971) 711–714.
- [84] S. Fishman, A. Erez, G.A. Couvillon, A. Couvillon, G, The Temperature Dependence of Dormancy Breaking in Plants : Mathematical Analysis of a Two-Step Model Involving a Cooperative Transition, *Journal of Theoretical Biology*. 124 (1987) 473–483.
- [85] E. Design, B. Dagan, B. Dagan, S. Fishman, A. Erez, G.A. Couvillon, The temperature dependence of dormancy breaking in plants : computer simulation of processes studied Under Controlled Temperatures I . Introduction, *Journal of Theoretical Biology*. 126 (1987) 309–321.
- [86] F.J. Pérez, N.J. Ormeno, B. Reynaert, S. Rubio, Use of the dynamic model for the assessment of winter chilling in a temperate and a subtropical climatic zone of Chile, *Chilean Journal of Agricultural Research*. 68 (2008) 198–206.
- [87] G.C. Linsley-Noakes, P. Allan, Comparison of two models for the prediction of rest completion in peaches, *Scientia Horticulturae*. 59 (1994) 107–113. [https://doi.org/10.1016/0304-4238\(94\)90077-9](https://doi.org/10.1016/0304-4238(94)90077-9).
- [88] G.C. Linsley-Noakes, P. Allan, G. Matthee, Modification of rest completion prediction models for improved accuracy in South African stone fruit orchards, *Journal of the Southern African Society for Horticultural Sciences*. 4 (1994) 13–15.
- [89] E. Luedeling, M. Zhang, G. McGranahan, C. Leslie, Validation of winter chill models using historic records of walnut phenology, *Agricultural and Forest Meteorology*. 149 (2009) 1854–1864.
- [90] E. Mauli3n, G.H. Valentini, L. Kovalevski, M. Prunello, L.L. Monti, M.E. Daorden, M. Quaglino, G.D.L. Cervigni, Comparison of methods for estimation of chilling and heat requirements of nectarine and peach genotypes for flowering, *Scientia Horticulturae*. 177 (2014) 112–117. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.07.042>.

- [91] G.C. Linsley-Noakes, M. Louw, P. Allan, Estimating daily positive Utah chill units using daily minimum and maximum temperatures, *Journal of Southern African Society for Horticultural Sciences (South Africa)*. (1995).
- [92] R. Darbyshire, L. Webb, I. Goodwin, S. Barlow, Winter chilling trends for deciduous fruit trees in Australia, *Agricultural and Forest Meteorology*. 151 (2011) 1074–1085.
- [93] A.D. Shaltout, C.R. Unrath, Rest completion prediction model for ‘Starkrimson Delicious’ apples, *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 108 (1983) 957–961.
- [94] W.B. Sherman, T.G. Beckman, Climatic Adaptation in Fruit Crops, *Environmental Physiology of Fruit Crops*. I (2000).
- [95] G.P. Łysiak, I. Szot, The Use of Temperature Based Indices for Estimation of Fruit Production Conditions and Risks in Temperate Climates, *Agriculture* 2023, Vol. 13, Page 960. 13 (2023) 960. <https://doi.org/10.3390/AGRICULTURE13050960>.
- [96] J.L. Anderson, E.A. Richardson, C.D. Kesner, Validation of chill unit and flower bud phenology models for “montmorency” sour cherry, *Acta Horticulturae*. (1986) 71–78. <https://doi.org/10.17660/ACTAHORTIC.1986.184.7>.
- [97] S.J. ondet Grab, la production d’abricots en agriculture biologique en languedoc-Roussillon, (2003).
- [98] D. Tricon, P. Lambert, J.. Audergon, T. Pascal, G. Roch, V. Decroocq, Identification et marquage des facteurs génétiques de résistance à la Sharka chez l’abricotier et le *Prunus davidiana*, *Innovations Agronomiques*. 27 (2013) 31–35. <http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=FR2014000709>.
- [99] L. Zhang, Q. Zhang, W. Li, S. Zhang, W. Xi, Identification of key genes and regulators associated with carotenoid metabolism in apricot (*Prunus armeniaca*) fruit using weighted gene coexpression network analysis, *BMC Genomics*. 20 (2019) 1–15. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6261-5>.
- [100] D. Singh, K. Kumar, N. Chauhan, R.K. Dogra, P. Verma, Assessment of genetic variability, its heritable components and character association in yield and yield contributing traits in apricot (*Prunus armeniaca*), *Indian Journal of Agricultural Sciences*. 88 (2018) 53–59. <https://doi.org/10.56093/ijas.v88i7.81547>.
- [101] R. Shabbir, R.K. Singhal, U.N. Mishra, J. Chauhan, T. Javed, S. Hussain, S. Kumar, H. Anuragi, D. Lal, P. Chen, Combined Abiotic Stresses: Challenges and Potential for Crop Improvement, *Agronomy*. 12 (2022) 2795. <https://doi.org/10.3390/AGRONOMY12112795>.
- [102] A. Gull, A.A.L. Lone, N.U.I. Wani, Abiotic and Biotic Stress in Plants, in: Alexandre Bosco Oliveira (Ed.), *IntechOpen*, London, 2019: pp. 3–8.
- [103] Z. Zhang, X. Zhang, S. Wang, W. Xin, J. Tang, Q. Wang, Effect of mechanical stress on cotton growth and development, *PLoS ONE*. 8 (2013). <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0082256>.
- [104] C.E. Bitá, T. Gerats, Plant tolerance to high temperature in a changing environment:

- Scientific fundamentals and production of heat stress-tolerant crops, *Frontiers in Plant Science*. 4 (2013) 48753. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2013.00273/BIBTEX>.
- [105] G.G.C. Cabello, R.A. Ruiz, A.H. Gondal, F.O. Areche, D.D.C. Flores, J.A.Q. Astete, B.F. Camayo-Lapa, R.J.M. Yapias, A. Jabbar, J.Y. Saldarriaga, W.H. Salas-Contreras, D.D. Cruz, DOI Withdrawn: Plant adaptability to climate change and drought stress for crop growth and production, *CABI Reviews*. 2023 (2023). <https://doi.org/10.1079/cabireviews.2023.004>.
- [106] S.S.L. Yahya, B.-A. Hamideh, Agronomic Crop Responses and Tolerance to Drought Stress, *Agronomic Crops*. (2020) 63–91. https://doi.org/10.1007/978-981-15-0025-1_5.
- [107] Y. Matsubayashi, Understanding how crops respond to stress may help increase their yields - Swissnex, (2022). <https://nexttrendsasia.org/understanding-how-crops-respond-to-stress-may-help-increase-their-yields/>.
- [108] M. Alotaibi, Climate change, its impact on crop production, challenges, and possible solutions, *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*. 51 (2023) 1–39. <https://doi.org/10.15835/nbha51113020>.
- [109] C.C.K. Portal, Algeria - Climatology, (2021). <https://climateknowledgeportal.worldbank.org/country/algeria/climate-data-historical> (accessed September 29, 2023).
- [110] Caritas, Climate change in Algeria Caritas, (2011). <https://www.caritas.org/2011/07/climate-change-in-algeria/> (accessed September 29, 2023).
- [111] L. Bensmaine, The Reality of Dealing with Climate Change in Algeria 2023. <https://assafirarabi.com/en/49904/2023/01/06/the-reality-of-dealing-with-climate-change-in-algeria/> (accessed September 29, 2023).
- [112] A.D.E.S. Sig, D.E.S. Modeles, D.E.D. Des, S. Et, D.E.L.A. Teledetection, A.L.A. Modelisation, D.E.S.C. Algeriennes, Présentée par, (2022).
- [113] J.-N. Geist, Quel climat pour demain ? Synthèse vulgarisée du WG I du 6ème rapport du GIEC – Développement durable & responsabilité sociétale dans l’enseignement supérieur, les formations et la recherche, <https://www.esresponsable.org>. (2023). <https://www.esresponsable.org/article15914.html>.
- [114] D. Sugny, J. Sanglier, I. Questionn, De L ’ Importance Vita Le Des Mycorhizes Dans La Lutte, (2022) 57–68.
- [115] C. Tisseuil, Modéliser l’impact du changement climatique sur les écosystèmes aquatiques par approche de downcaling, These de doctorat, Université de Toulouse, 2009.
- [116] A. Abed, M. Bonhomme, A. Lacoïnte, G. Bourgeois, D. Baalicherif, Climate change effect on the bud break and flowering dates of the apple trees in mountainous and plain regions of Algeria, *Advances in Horticultural Science*. 33 (2019) 417–431. <https://doi.org/10.13128/ahs-24618>.
- [117] R.W. Guillery, General introduction, *Neuroscience*. 57 (1993) 181.

- [https://doi.org/10.1016/0306-4522\(93\)90120-5](https://doi.org/10.1016/0306-4522(93)90120-5).
- [118] P. Leveau, The Environment of North Africa, A Companion to North Africa in Antiquity. (2022) 24–38.
- [119] M. Meddi, S. Eslamian, Uncertainties in rainfall and water resources in Maghreb countries under climate change, African Handbook of Climate Change Adaptation. (2021) 1967–2003. https://doi.org/10.1007/978-3-030-42091-8_114-1.
- [120] Ł. Walas, A. Taib, Environmental regionalization and endemic plant distribution in the Maghreb, Environmental Monitoring and Assessment. (2022). <https://doi.org/10.1007/s10661-021-09707-6>.
- [121] A. Necaibia, A. Bouraiou, A. Ziane, N. Sahouane, S. Hassani, M. Mostefaoui, R. Dabou, S. Mouhadjer, Analytical assessment of the outdoor performance and efficiency of grid-tied photovoltaic system under hot dry climate in the south of Algeria, Energy Conversion and Management. 171 (2018) 778–786. <https://doi.org/10.1016/J.ENCONMAN.2018.06.020>.
- [122] L. Li, R. Cao, K. Wei, W. Wang, L. Chen, Adapting climate change challenge: A new vulnerability assessment framework from the global perspective, Journal of Cleaner Production. 217 (2019) 216–224. <https://doi.org/10.1016/J.JCLEPRO.2019.01.162>.
- [123] B.A. Arnout, An epidemiological study of mental health problems related to climate change: A procedural framework for mental health system workers, Work. 75 (2023) 813–835. <https://doi.org/10.3233/WOR-220040>.
- [124] A. Boukhelkhal, Impact of economic growth, natural resources and trade on ecological footprint: do education and longevity promote sustainable development in Algeria?, International Journal of Sustainable Development & World Ecology. 29 (2022) 875–887. <https://doi.org/10.1080/13504509.2022.2112784>.
- [125] O.B. Awodumi, A.O. Adewuyi, The role of non-renewable energy consumption in economic growth and carbon emission: Evidence from oil producing economies in Africa, Energy Strategy Reviews. 27 (2020) 100434. <https://doi.org/10.1016/J.ESR.2019.100434>.
- [126] L.M. Ayompe, S.J. Davis, B.N. Egoh, Trends and drivers of African fossil fuel CO2 emissions 1990–2017, Environmental Research Letters. 15 (2021) 124039. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/ABC64F>.
- [127] ClimaSouth, National Climate Change Policy, (2017). <http://www.climasouth.eu/en/node/20> (accessed September 29, 2023).
- [128] M. Touitou, A.-A. Abul Quasem, Climate change and water resources in Algeria: vulnerability, impact and adaptation strategy, Economic and Environmental Studies. 18 (2018) 411–429. <https://doi.org/10.25167/ees.2018.45.23>.
- [129] M.B. Khodja, · Abdenacer Metouchi, · Dahbia, D. Hallal, M. El, A. Khelfi, H. Önsoy, S. Toumi, Spatiotemporal characterization of the annual rainfall variability in the Isser Watershed (Algeria), Arabian Journal of Geosciences. 15 (2022) 1–20. <https://doi.org/10.1007/S12517-021-09408-X>.

-
- [130] D. Benouar, Natural Hazards Governance in Algeria, Oxford Research Encyclopedia of Natural Hazard Science. (2020). <https://doi.org/10.1093/ACREFORE/9780199389407.013.229>.
- [131] K. Shehzad, A. Zeraibi, U. Zaman, Testing the N-shaped environmental Kuznets Curve in Algeria: An imperious role of natural resources and economic globalization, Resources Policy. 77 (2022) 102700. <https://doi.org/10.1016/J.RESOURPOL.2022.102700>.
- [132] I. Díez-Palet, I. Funes, R. Savé, C. Biel, F. de Herralde, X. Miarnau, F. Vargas, G. Àvila, J. Carbó, X. Aranda, Blooming under Mediterranean climate: Estimating cultivar-specific chill and heat requirements of almond and apple trees using a statistical approach, Agronomy. 9 (2019) 760.
- [133] S. Jiménez, M. Fattahi, K. Bedis, S. Nasrolahpour-Moghadam, J.J. Irigoyen, Y. Gogorcena, Interactional effects of climate change factors on the water status, photosynthetic rate, and metabolic regulation in peach, Frontiers in Plant Science. 11 (2020) 43.
- [134] P. Nautiyal, R. Bhaskar, G. Papnai, N. Joshi, V. Supyal, Impact of climate change on apple phenology and adaptability of Anna variety (low chilling cultivar) in lower hills of Uttarakhand, Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci. 9 (2020) 453–460.
- [135] A. Raza, A. Razzaq, S.S. Mehmood, X. Zou, X. Zhang, Y. Lv, J. Xu, Impact of Climate Change on Crops Adaptation and Strategies to Tackle Its Outcome: A Review, Plants. 8 (2019) 34. <https://doi.org/10.3390/PLANTS8020034>.
- [136] A. Lasnier, Analyse de la diversité génétique chez l'abricotier (*Prunus armeniaca* L.) à l'aide de marqueurs microsatellites, (2013) 1–54.
- [137] A. Anand, M. Subramanian, D. Kar, Breeding techniques to dispense higher genetic gains, Frontiers in Plant Science. 13 (2023) 1–6. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1076094>.
- [138] H. Korpelainen, The Role of Home Gardens in Promoting Biodiversity and Food Security, Plants. 12 (2023). <https://doi.org/10.3390/plants12132473>.
- [139] A. Bhargava, S. Srivastava, Participatory plant breeding: Concept and applications, Participatory Plant Breeding: Concept and Applications. (2019) 1–246. <https://doi.org/10.1007/978-981-13-7119-6>.
- [140] S. Ahmar, R.A. Gill, K.H. Jung, A. Faheem, M.U. Qasim, M. Mubeen, W. Zhou, Conventional and Molecular Techniques from Simple Breeding to Speed Breeding in Crop Plants: Recent Advances and Future Outlook, International Journal of Molecular Sciences. 21 (2020) 2590. <https://doi.org/10.3390/IJMS21072590>.
- [141] M.A. Nadeem, M.A. Nawaz, M.Q. Shahid, Y. Doğan, G. Comertpay, M. Yıldız, R. Hatipoğlu, F. Ahmad, A. Alsaleh, N. Labhane, H. Özkan, G. Chung, F.S. Baloch, DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing, Biotechnology and Biotechnological Equipment. 32 (2018) 261–285. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>.
- [142] J.R. Caradus, Perceptions of plant breeding methods—from 'phenotypic selection' to
-

- 'genetic modification' and 'new breeding technologies,' *New Zealand Journal of Agricultural Research*. (2023) 1–49. <https://doi.org/10.1080/00288233.2023.2187425>.
- [143] V. Dwivedi, L. Pal, D. Yadav, Bioinformatics intervention in identification and development of molecular markers: an overview, *Bioinformatics in Agriculture: Next Generation Sequencing Era*. (2022) 537–559. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-89778-5.00026-X>.
- [144] Y. V. Chesnokov, V.M. Kosolapov, I. V. Savchenko, Morphological Genetic Markers in Plants, *Russian Journal of Genetics*. 56 (2020) 1406–1415. <https://doi.org/10.1134/S1022795420120042>.
- [145] S. Lorena, D.P. Souza, I.D.J. Candido, R. Silva-mann, Biochemical markers in crop and forest species : a systematic review, *Marcadores bioquímicos em espécies agrícolas e florestais : uma revisão sistemática, 2021* (2021) 1–14.
- [146] H. Hussain, M. Nisar, Assessment of plant genetic variations using molecular markers: A review, *Journal of Applied Biology and Biotechnology*. 8 (2020) 99–109. <https://doi.org/10.7324/JABB.2020.80514>.
- [147] J.W. Pelley, *Enzymes and Energetics, Elsevier's Integrated Review Biochemistry*. (2012) 29–37. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-07446-9.00004-0>.
- [148] H. Zangui, *Diversité agromorphologique, biochimique et moléculaire des variétés locales de sésame (*Sesamum indicum L.*) du Niger, thèse de doctorat, ecole doctorale des sciences de la vie et de la terre, 2022*.
- [149] G.-L. Jiang, G.-L. Jiang, *Molecular Markers and Marker-Assisted Breeding in Plants, Plant Breeding from Laboratories to Fields*. (2013). <https://doi.org/10.5772/52583>.
- [150] S. Mohiuddin, R.K. Chahota, A. Bhatia, H. Mohiuddin, I. Mohiuddin, S.A. Bhat, *Cytological Markers in Genome Mapping*, (2023).
- [151] S. Amiteye, Basic Concepts And Methodologies Of Dna Marker Systems In Plant Molecular Breeding, *Heliyon*. 7 (2021) e08093. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2021.e08093>.
- [152] N. Hasan, S. Choudhary, N. Naaz, N. Sharma, R.A. Laskar, Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes, *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*. 19 (2021) 1–26. <https://doi.org/10.1186/s43141-021-00231-1>.
- [153] S. Clancy, Genetic mutation, *Nature Education*. 1 (2008) 187. <https://www.nature.com/scitable/topicpage/genetic-mutation-441/> (accessed December 11, 2023).
- [154] P. Sikora, A. Chawade, M. Larsson, J. Olsson, O. Olsson, Mutagenesis as a Tool in Plant Genetics, Functional Genomics, and Breeding, *International Journal of Plant Genomics*. 2011 (2011) 13. <https://doi.org/10.1155/2011/314829>.
- [155] M. Nei, The new mutation theory of phenotypic evolution, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 104 (2007) 12235–12242. https://doi.org/10.1073/PNAS.0703349104/SUPPL_FILE/INDEX.HTML.

- [156] J. Tian, J. Chen, G. Chen, P. Wu, H. Zhang, Y. Zhao, Exploration of molecular markers and creation of molecular breeding elements, *Genetic Analyses of Wheat and Molecular Marker-Assisted Breeding*, 2 (2015) 187–225. https://doi.org/10.1007/978-94-017-7447-5_6.
- [157] L. Mondini, A. Noorani, M.A. Pagnotta, Assessing Plant Genetic Diversity by Molecular Tools, *Diversity*. 1 (2009) 19–35. <https://doi.org/10.3390/D1010019>.
- [158] R.R. Dhutmal, A.G. Mundhe, A.W. More, Molecular Marker Techniques: A Review, *Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci.* (2018) 816–825. <http://www.ijcmas.com> (accessed December 11, 2023).
- [159] K.B. Mullis, The unusual origin of the polymerase chain reaction, *Scientific American*. 262 (1990) 56–65. <https://doi.org/10.1038/scientificamerican0490-56>.
- [160] P. Dey, Polymerase Chain Reaction: Principle, Technique and Applications in Pathology, Basic and Advanced Laboratory Techniques in Histopathology and Cytology. (2022) 215–228. https://doi.org/10.1007/978-981-19-6616-3_20.
- [161] M. Madadelahi, M.J. Madou, Rational PCR Reactor Design in Microfluidics, *Micromachines*. 14 (2023) 1533. <https://doi.org/10.3390/M14081533>.
- [162] E. Kalle, M. Kubista, C. Rensing, Multi-template polymerase chain reaction, *Biomolecular Detection and Quantification*. 2 (2014) 11. <https://doi.org/10.1016/J.BDQ.2014.11.002>.
- [163] T.C. Lorenz, Polymerase Chain Reaction: Basic Protocol Plus Troubleshooting and Optimization Strategies, *Journal of Visualized Experiments*. 63 (2012) 3998. <https://doi.org/10.3791/3998>.
- [164] S.M.H. Mubarak, ; Dhafer, A.F. Al-Koofee, ; Ohood, A. Radhi, ; Jawad, M. Ismael, ; Zubaida, F. Al-Zubaidi, D.A.F. Al-Koofee, An optimization and common troubleshooting solving in polymerase chain reaction technique, *Systematic Review Pharmacy*. 11 (2020). <https://doi.org/10.5530/srp.2020.2.63>.
- [165] S. Shahzad, M. Afzal, S. Sikandar, I. Afzal, S. Shahzad, M. Afzal, S. Sikandar, I. Afzal, Polymerase Chain Reaction, *Genetic Engineering - A Glimpse of Techniques and Applications*. (2020). <https://doi.org/10.5772/INTECHOPEN.81924>.
- [166] D.S. Bhatt, Use of molecular markers and antioxidant properties to study biodiversity and to discriminate blueberries, *Thèse de Master, Université de Newfoundland* (2021).
- [167] N. Shrivastava, Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences, *Plant Cell Reports*. (2008).
- [168] J. Welsh, M. McClelland, Genomic fingerprints produced by PCR with consensus tRNA gene primers, *Nucleic Acids Research*. 19 (1991) 861–866. <https://doi.org/10.1093/NAR/19.4.861>.
- [169] K.J. Williams, C. Smyl, A. Lichon, K.Y. Wong, H. Wallwork, Development and use of an assay based on the polymerase chain reaction that differentiates the pathogens causing spot form and net form of net blotch of barley, *Australasian Plant Pathology*. 30 (2001) 37–44. <https://doi.org/10.1071/AP00063>.

- [170] E. García-Luque, A. del Pino-Pérez, E. Viguera, E. García-Luque, A. del Pino-Pérez, E. Viguera, Molecular Techniques for Analysis of Biodiversity by Agarose Gel Electrophoresis, *Electrophoresis - Recent Advances, New Perspectives and Applications*. (2023). <https://doi.org/10.5772/INTECHOPEN.1002268>.
- [171] N. Kumari, S.K. Thakur, Randomly amplified polymorphic DNA a brief review, *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*. 9 (2014) 6–13. <https://doi.org/10.3844/ajavssp.2014.6.13>.
- [172] M. Sorof Uddin, Q. Cheng, Recent application of biotechniques for the improvement of mango research, *Applied Plant Genomics and Biotechnology*. (2015) 195–212. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100068-7.00012-4>.
- [173] UCDAVIS, Amplified fragment length polymorphism, (2018). <https://wineserver.ucdavis.edu/industry-info/enology/methods-and-techniques/winery-lab-techniques/amplified-fragment-length-polymorphism> (accessed December 19, 2023).
- [174] S. Umesha, *Plant Biotechnology*, illustrée, 2019.
- [175] L.A. Applewhite, P. Larkin, A.M. Naam, Species Identification Using Other Tools, *Seafood Authenticity and Traceability: A DNA-Based Perspective*. (2016) 133–148. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801592-6.00007-3>.
- [176] M. Barman, S. Kundu, Molecular Markers and a New Vista in Plant Breeding: A Review, *Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci*. 8 (2019) 1921–1929. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2019.812.230>.
- [177] A. Sharma, S. Lee, Y.S. Park, Molecular typing tools for identifying and characterizing lactic acid bacteria: a review, *Food Science and Biotechnology*. 29 (2020) 1301–1318. <https://doi.org/10.1007/S10068-020-00802-X/TABLES/1>.
- [178] B. Aneja, N.R. Yadav, R.C. Yadav, R. Kumar, Sequence related amplified polymorphism (SRAP) analysis for genetic diversity and micronutrient content among gene pools in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek], *Physiology and Molecular Biology of Plants*. 19 (2013) 399. <https://doi.org/10.1007/S12298-013-0177-3>.
- [179] H. Chanthanousone, P. Dissertation, Study on the efficiency of biofertilizer from moringaresidues for some leafy vegetables, (2023).
- [180] W. Chueakhunthod, A. Khairum, P. Jaukwon, T. Chantakot, T. Woramit, S. Hualsawat, P.A. Tantasawat, Sequence-related Amplified Polymorphism and Target Region Amplification Polymorphism Markers-based Profiling of Sodium Azide and Ethyl Methanesulfonate-derived Black Rot-resistant *Dendrobium* sp. ‘Earsakul’ Mutants from In Vitro Mutagenesis and Selection, *HortScience*. 58 (2023) 1465–1473. <https://doi.org/10.21273/HORTSCI17350-23>.
- [181] M.R.L. Vincent, Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in high Erucic Acid rapeseed, Doctoral thesis, University of Manitoba, 2008.
- [182] C. Storm, Note on Sequence-Related Amplified Polymorphism as Novel Molecular Marker, *J Clin Chem Lab Med*. 4 (2022) 1000192–1000193.

- [183] E. Zietkiewicz, A. Rafalski, D. Labuda, Genome Fingerprinting by Simple Sequence Repeat (SSR)-Anchored Polymerase Chain Reaction Amplification, *Genomics*. 20 (1994) 176–183. <https://doi.org/10.1006/GENO.1994.1151>.
- [184] T.A. Al-Turki, M.A. Basahi, Assessment of ISSR based molecular genetic diversity of Hassawi rice in Saudi Arabia, *Saudi Journal of Biological Sciences*. 22 (2015) 591–599. <https://doi.org/10.1016/J.SJBS.2015.06.027>.
- [185] K.S. Alkaraki, Assessments of genetic diversity of fig (*Ficus carica L.*) in the West Bank based on Simple Sequence Repeat (SSR) and Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) markers, (2019).
- [186] D. Crespo Pardo, S. Terracciano, S. Giordano, V. Spagnuolo, Molecular markers based on PCR methods: a guideline for mosses, 35 (2014) 229–246. <https://doi.org/10.7872/cryb.v35.iss3.2014.229>.
- [187] S.H. Ganie, P. Upadhyay, S. Das, M. Prasad Sharma, Authentication of medicinal plants by DNA markers, *Plant Gene*. 4 (2015) 83. <https://doi.org/10.1016/J.PLGENE.2015.10.002>.
- [188] E. Kurucz, -Ákos Keserü, G. Antal, Fast neutron irradiation long term effect on *Ocimum basilicum* germination and initial vegetative parameters. *Acta Agraria Debreceniensis* (2021) 2. <https://doi.org/10.34101/ACTAAGRAR/2/10318>.
- [189] K. Semagn, å Bjørnstad, M.N. Ndjiondjop, An overview of molecular marker methods for plants, *African Journal of Biotechnology*. 5 (2006) 2540–2568.
- [190] P.K. Kar, K. Vijayan, T.P. Mohandas, C. V. Nair, B. Saratchandra, K. Thangavelu, Genetic variability and genetic structure of wild and semi-domestic populations of tasar silkworm (*Antheraea mylitta*) ecorace Daba as revealed through ISSR markers, *Genetica*. 125 (2005) 173–183. <https://doi.org/10.1007/S10709-005-7002-Z>.
- [191] M.B. Ratnaparkhe, D.K. Santra, A. Tullu, F.J. Muehlbauer, Inheritance of inter-simple-sequence-repeat polymorphisms and linkage with a fusarium wilt resistance gene in chickpea, *Theoretical and Applied Genetics*. 96 (1998) 348–353. <https://doi.org/10.1007/S001220050747>.
- [192] T. Lübberstedt, B. Madan, S. Walter, Chapter 2: Markers and Sequencing – Molecular Plant Breeding, (2023). <https://iastate.pressbooks.pub/molecularplantbreeding/chapter/markers-and-sequencing/> (accessed December 19, 2023).
- [193] D. Ahmed, A. Comte, F. Curk, G. Costantino, F. Luro, A. Dereeper, P. Mournet, Y. Froelicher, P. Ollitrault, Genotyping by sequencing can reveal the complex mosaic genomes in gene pools resulting from reticulate evolution: a case study in diploid and polyploid citrus, *Annals of Botany*. 123 (2019) 1231–1251. <https://doi.org/10.1093/AOB/MCZ029>.
- [194] S. Deschamps, V. Llaca, G.D. May, Genotyping-by-Sequencing in Plants, *Biology*. 1 (2012) 460. <https://doi.org/10.3390/BIOLOGY1030460>.
- [195] P. Tripodi, The Evolution of Molecular Genotyping in Plant Breeding, *Agronomy*. 13 (2023) 2569. <https://doi.org/10.3390/AGRONOMY13102569>.

- [196] R.K. Varshney, S.M. Mohan, P.M. Gaur, N.V.P.R. Gangarao, M.K. Pandey, A. Bohra, S.L. Sawargaonkar, A. Chitikineni, P.K. Kimurto, P. Janila, K.B. Saxena, A. Fikre, M. Sharma, A. Rathore, A. Pratap, S. Tripathi, S. Datta, S.K. Chaturvedi, N. Mallikarjuna, G. Anuradha, A. Babbar, A.K. Choudhary, M.B. Mhase, C. Bharadwaj, D.M. Mannur, P.N. Harer, B. Guo, X. Liang, N. Nadarajan, C.L.L. Gowda, Achievements and prospects of genomics-assisted breeding in three legume crops of the semi-arid tropics, *Biotechnology Advances*. 31 (2013) 1120–1134. <https://doi.org/10.1016/J.BIOTECHADV.2013.01.001>.
- [197] R.K. Yadav, M.K. Tripathi, S. Tiwari, N. Tripathi, R. Asati, V. Patel, R.S. Sikarwar, D.K. Payasi, Breeding and Genomic Approaches towards Development of *Fusarium* Wilt Resistance in Chickpea, *Life*. 13 (2023). <https://doi.org/10.3390/LIFE13040988>.
- [198] J. Batley, G. Barker, H. O’Sullivan, K.J. Edwards, D. Edwards, Mining for single nucleotide polymorphisms and Insertions/Deletions in maize expressed sequence Tag Data, *Plant Physiology*. 132 (2003) 84. <https://doi.org/10.1104/PP.102.019422>.
- [199] M.Y. Suárez-Villagrán, R.B.R. Azevedo, J.H. Miller, Influence of Electron-Holes on DNA Sequence-Specific Mutation Rates, *Genome Biology and Evolution*. 10 (2018) 1039–1047. <https://doi.org/10.1093/GBE/EVY060>.
- [200] Y. Zhao, K. Wang, W.L. Wang, T.T. Yin, W.Q. Dong, C.J. Xu, A high-throughput SNP discovery strategy for RNA-seq data, *BMC Genomics*. 20 (2019) 1–10. <https://doi.org/10.1186/S12864-019-5533-4/FIGURES/2>.
- [201] D. Grattapaglia, M. Kirst, Eucalyptus applied genomics: from gene sequences to breeding tools, *New Phytologist*. 179 (2008) 911–929. <https://doi.org/10.1111/J.1469-8137.2008.02503.X>.
- [202] F.N. Kushanov, O.S. Turaev, D.K. Ernazarova, B.M. Gapparov, B.B. Oripova, M.K. Kudratova, F.U. Rafieva, K.K. Khalikov, D.S. Erjigitov, M.T. Khidirov, M.D. Kholova, N.N. Khusenov, R.S. Amanboyeva, S. Saha, J.Z. Yu, I.Y. Abdurakhmonov, Genetic diversity, QTL mapping, and marker-assisted selection technology in Cotton (*Gossypium spp.*), *Frontiers in Plant Science*. 12 (2021) 779386. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2021.779386/BIBTEX>.
- [203] G. Miah, M.Y. Rafii, M.R. Ismail, A.B. Puteh, H.A. Rahim, N.K. Islam, M.A. Latif, A Review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance, *International Journal of Molecular Sciences*. 14 (2013) 22499. <https://doi.org/10.3390/IJMS141122499>.
- [204] A. Mwamahonje, Z. Maseta, F. Mlalila, T. Feyissa, Application of genomic and genetic engineering tools for improvement of grapevines, *Journal of Animal and Plant Sciences*. 30 (2020) 1058–1070. <https://doi.org/10.36899/JAPS.2020.5.0121>.
- [205] O.P. Núñez-Torres, R.I. Almeida-Secaira, O.P. Núñez-Torres, R.I. Almeida-Secaira, Quantitative genetics: principles of farming in livestock production, *Journal of the Selva Andina Animal Science*. 9 (2022) 23–36. <https://doi.org/10.36610/J.JSAAS.2022.090100023>.
- [206] M. Zhang, Y.H. Liu, W. Xu, C.W. Smith, S.C. Murray, H. Bin Zhang, Analysis of the genes controlling three quantitative traits in three diverse plant species reveals the

- molecular basis of quantitative traits, *Scientific Reports*. 10 (2020). <https://doi.org/10.1038/S41598-020-66271-8>.
- [207] F.C. Kassie, J.R. Nguempjop, H.B. Ngalle, D.V.M. Assaha, M.K. Gessese, W.G. Abteu, H.A. Tossim, A. Sambou, M. Seye, J.F. Rami, D. Fonceka, J.M. Bell, An Overview of Mapping Quantitative Trait Loci in Peanut (*Arachis hypogaea L.*), *Genes*. 14 (2023) 1176. <https://doi.org/10.3390/GENES14061176/S1>.
- [208] P. Li, G. Li, Y.W. Zhang, J.F. Zuo, J.Y. Liu, Y.M. Zhang, A combinatorial strategy to identify various types of QTLs for quantitative traits using extreme phenotype individuals in an F2 population, *Plant Communications*. 3 (2022) 100319. <https://doi.org/10.1016/J.XPLC.2022.100319>.
- [209] Ö. Şahin, O. Kavuncu, QTL Analysis Methods, *KUJES*. 5 (2019) 51–57.
- [210] A. Sa, Review Article QTL Mapping: A Few Key points, *International Journal of Applied Research in Natural Products*. 2 (2009) 1–3.
- [211] Z. Asrat, The application of Quantitative Trait Loci (QTL) mapping in crop improvement, *International Journal of Plant Breeding and Genetics*. 8 (2021) 1–005.
- [212] J. Steven, Genetic Mapping of important agronomic traits in Biomass willow, University of Bristol in, 2003.
- [213] O. Atagul, TigerPrints enabling breeding for targeted heat requirement in Peach, (2022).
- [214] J.G. Boersma, Contributions to the Molecular Genetics of the Narrow-leaf Lupin (*Lupinus angustifolius L.*) - Mapping, Marker development and QTL analysis. (2007) 202.
- [215] T. Kirkhouse, Molecular marker techniques for crop improvement part II genetic mapping, Bangalore, 2005.
- [216] F. Yan, Y. Luo, J. Bao, Y. Pan, J. Wang, C. Wu, M. Liu, Construction of a highly saturated genetic map and identification of quantitative trait loci for leaf traits in jujube, *Frontiers in Plant Science*. 13 (2022). <https://doi.org/10.3389/FPLS.2022.1001850>.
- [217] J.S.-C. Braulio, S. Cloutier, Association Mapping in Plant Genomes, *Genetic Diversity in Plants*. (2012). <https://doi.org/10.5772/33005>.
- [218] H. Wang, C. Xu, X. Liu, Z. Guo, X. Xu, S. Wang, C. Xie, W.X. Li, C. Zou, Y. Xu, Development of a multiple-hybrid population for genome-wide association studies: theoretical consideration and genetic mapping of flowering traits in maize, *Scientific Reports*. 7 (2017) 1–16. <https://doi.org/10.1038/srep40239>.
- [219] B. Brachi, G.P. Morris, J.O. Borevitz, Genome-wide association studies in plants: The missing heritability is in the field, *Genome Biology*. 12 (2011) 1–8. <https://doi.org/10.1186/GB-2011-12-10-232/FIGURES/2>.
- [220] P. Susmitha, P. Kumar, P. Yadav, S. Sahoo, G. Kaur, M.K. Pandey, V. Singh, T.M. Tseng, S.S. Gangurde, Genome-wide association study as a powerful tool for dissecting competitive traits in legumes, *Frontiers in Plant Science*. 14 (2023) 1123631. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2023.1123631/BIBTEX>.

-
- [221] M. Yasir, H.H. Kanwal, Q. Hussain, M.W. Riaz, M. Sajjad, J. Rong, Y. Jiang, Status and prospects of genome-wide association studies in cotton, *Frontiers in Plant Science*. 13 (2022). <https://doi.org/10.3389/FPLS.2022.1019347>.
- [222] D. O. Ibitoye, P.E. Akin-Idowu, Marker-assisted-selection (MAS): A fast track to increase genetic gain in horticultural crop breeding Fruits, *African Journal of Biotechnology*. 10 (2010) 11333–11339.
- [223] S.N. Nayak, V.K. Singh, R.K. Varshney, Marker-Assisted Selection, *Encyclopedia of Applied Plant Sciences*. 2 (2016) 1–14. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394807-6.00192-1>.
- [224] R.K. Salgotra, C. Neal Stewart, Functional Markers for Precision Plant Breeding, *International Journal of Molecular Sciences*. 21 (2020) 1–33. <https://doi.org/10.3390/IJMS21134792>.
- [225] R. Guerriero, R. Watkins, Revised descriptor list for apricot (*Prunus armeniaca*), (1984).
- [226] Union internationale pour la protection des obtentions végétales (UPOV), 2018. <https://www.upov.int/portal/index.html.fr> (accessed July 8, 2019).
- [227] OECD, OECD fruit and vegetables scheme guidelines on objective tests to determine quality of fruit and vegetables, dry and dried produce, 2018.
- [228] U.K. Laemmli, Cleavage of Structural Proteins during the Assembly of the Head of Bacteriophage T4, *Nature* 1970 227:5259. 227 (1970) 680–685. <https://doi.org/10.1038/227680a0>.
- [229] P.I. Payne, C.N. Law, E.E. Mudd, Control by homoeologous group 1 chromosomes of the high-molecular-weight subunits of glutenin, a major protein of wheat endosperm, *Theoretical and Applied Genetics*. 58 (1980) 113–120. <https://doi.org/10.1007/BF00263101/METRICS>.
- [230] D.J. J., Isolation of plant DNA from fresh tissue, *Focus*. 12 (1990) 13–15.
- [231] A.A. Wani, S.A. Zargar, A.H. Malik, M. Kashtwari, M. Nazir, A.A. Khuroo, F. Ahmad, T.A. Dar, Assessment of variability in morphological characters of apricot germplasm of Kashmir, India, *Scientia Horticulturae*. 225 (2017) 630–637. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2017.07.029>.
- [232] B.M. Asma, K. Ozturk, Analysis of morphological, pomological and yield characteristics of some apricot germplasm in Turkey, *Genetic Resources and Crop Evolution*. 52 (2005) 305–313. <https://doi.org/10.1007/S10722-003-1384-5/METRICS>.
- [233] Y. Atek, M. Nicolás-Almansa, J.A. Salazar, F. Bahlouli, M. Rubio, P. Martínez-Gómez, Agronomical and molecular characterization of a diverse apricot (*Prunus armeniaca L.*) germplasm from the regions of Hodna and Aurès in Algeria, *Acta Horticulturae*. 1290 (2020) 59–62. <https://doi.org/10.17660/ACTAHORTIC.2020.1290.11>.
- [234] H. Bourguiba, J.M. Audergon, L. Krichen, N. Trifi-Farah, A. Mamouni, S. Trabelsi, B. Khadari, Genetic diversity and differentiation of grafted and seed propagated apricot (*Prunus armeniaca L.*) in the Maghreb region, *Scientia Horticulturae*. 142 (2012) 7–13. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2012.04.024>.
-

- [235] L. Krichen, J.M. Audergon, N. Trifi-Farah, Assessing the genetic diversity and population structure of Tunisian apricot germplasm, *Scientia Horticulturae*. 172 (2014) 86–100. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2014.03.038>.
- [236] A. Khadivi-Khub, Z. Khalili, A breeding project: The selection of promising apricot (*Prunus armeniaca L.*) genotypes with late blooming time and high fruit quality, *Scientia Horticulturae*. 216 (2017) 93–102. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2016.12.027>.
- [237] Hedayatullah Salari, Alam Khan Samim, Saifuddin Ahadi, Sayed Ahmad Etemadi, Preliminary Preliminary Evaluation of Morphological and Pomological Characters to Illustrate Genetic Diversity of Apricots (*Prunus armeniaca L.*) in Afghanistan, *European Journal of Agriculture and Food Sciences*. 2 (2020). <https://doi.org/10.24018/EJFOOD.2020.2.5.104>.
- [238] D. Erdoğan, M. Güner, E. Dursun, I. Gezer, Mechanical Harvesting of Apricots, *Biosystems Engineering*. 85 (2003) 19–28. [https://doi.org/10.1016/S1537-5110\(03\)00024-2](https://doi.org/10.1016/S1537-5110(03)00024-2).
- [239] M. Rezaei, P. Heidari, A. Khadivi, Identification of superior apricot (*Prunus armeniaca L.*) genotypes among seedling origin trees, *Scientia Horticulturae*. 262 (2020) 109062. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2019.109062>.
- [240] V. Yurtkulu, A. Küden, A.B. Küden, Selection of Dried and Table Apricots in Nevsehir and Nigde Regions, Turkey, *Notulae Scientia Biologicae*. 11 (2019) 428–433. <https://doi.org/10.15835/NSB11410600>.
- [241] B.E. García-Gómez, J.A. Salazar, L. Dondini, P. Martínez-Gómez, D. Ruiz, Identification of QTLs linked to fruit quality traits in apricot (*Prunus armeniaca L.*) and biological validation through gene expression analysis using qPCR, *Molecular Breeding*. 39 (2019). <https://doi.org/10.1007/s11032-018-0926-7>.
- [242] Z. Nazemi, M. Zeinolabedini, M.T. Hallajian, N. Bouzari, P. Majidian, M.A. Ebrahimi, Assessment of Iranian apricot cultivars resistant, susceptible and mutant to late spring frost, *Journal of Plant Molecular Breeding*. 4 (2016) 9–16. <https://doi.org/10.22058/JPMB.2016.25530>.
- [243] V. Rakonjac, E. Mratinić, D. Milatović, V. Rakonjac, D. Milatović, Genetic parameters of yield and morphological fruit and stone properties in apricot, *Genetika*. 39 (2007) 315–324.
- [244] F. Balta, T. Kaya, T. Yarılgaç, A. Kazankaya, M.F. Balta, M.A. Koyuncu, Promising apricot genetic resources from the Lake Van Region, *Genetic Resources and Crop Evolution* 2002 49:4. 49 (2002) 411–415. <https://doi.org/10.1023/A:1020682116689>.
- [245] D. Ruiz, J. Egea, Phenotypic diversity and relationships of fruit quality traits in apricot (*Prunus armeniaca L.*) germplasm, *Euphytica*. 163 (2008) 143–158. <https://doi.org/10.1007/S10681-007-9640-Y/TABLES/7>.
- [246] A. Hegedus, R. Engel, L. Abrankó, E. Balogh, A. Blázovics, R. Hermán, J. Halász, S. Ercisli, A. Pedryc, É. Stefanovits-Bányai, Antioxidant and Antiradical Capacities in Apricot (*Prunus armeniaca L.*) Fruits: Variations from Genotypes, Years, and Analytical Methods, *Journal of Food Science*. 75 (2010) C722–C730. <https://doi.org/10.1111/J.1750-3841.2010.01826.X>.

- [247] R. Raji, A. Jannatizadeh, R. Fattahi, M.A. Esfahlani, Investigation of variability of apricot (*Prunus armeniaca L.*) using morphological traits and microsatellite markers, *Scientia Horticulturae*. 176 (2014) 225–231. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2014.06.033>.
- [248] O. Caliskan, S. Bayazit, A. Sumbul, Fruit Quality and Phytochemical Attributes of Some Apricot (*Prunus armeniaca L.*) Cultivars as Affected by Genotypes and Seasons, *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*. 40 (2012) 284–294. <https://doi.org/10.15835/NBHA4028044>.
- [249] F. Bahlouli, A.T.A. Slamani, Etude des différentes méthodes de séchage d'abricot, point sur les méthodes de séchage traditionnelles dans la région du Hodna, wilaya de M'Sila, (2008) 61–66.
- [250] A. Naryal, D. Dolkar, A.K. Bhardwaj, A. Kant, O.P. Chaurasia, T. Stobdan, Effect of Altitude on the Phenology and Fruit Quality Attributes of Apricot (*Prunus armeniaca L.*) Fruits, *Defence Life Science Journal*. 5 (2020) 18–24. <https://doi.org/10.14429/DLSJ.5.14656>.
- [251] L. Alves Mattos, E. Perito Amorim, V. Batista de Oliveira Amorim, K. de Oliveira Cohen, C. Alberto da Silva Ledo, S. de Oliveira Silva, Agronomical and molecular characterization of banana germplasm, *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 146–154.
- [252] T. Milošević, N. Milošević, I. Glišić, B. Krška, Characteristics of promising apricot (*Prunus armeniaca L.*) genetic resources in Central Serbia based on blossoming period and fruit quality, *Horticultural Science*. 37 (2010) 46–55. <https://doi.org/10.17221/67/2009-HORTSCI>.
- [253] K.U. Yilmaz, S. Paydaş Kargi, S. Kafkas, Morphological diversity of the Turkish apricot (*Prunus armeniaca L.*) germplasm in the Irano-Caucasian ecogeographical group, *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*. 36 (2012) 688–694. <https://doi.org/10.3906/tar-1111-14>.
- [254] Z. Yuan, X. Chen, T. He, J. Feng, T. Feng, C. Zhang, Population Genetic Structure in Apricot (*Prunus armeniaca L.*) Cultivars Revealed by Fluorescent-AFLP Markers in Southern Xinjiang, China, *Journal of Genetics and Genomics*. 34 (2007) 1037–1047. [https://doi.org/10.1016/S1673-8527\(07\)60117-9](https://doi.org/10.1016/S1673-8527(07)60117-9).
- [255] C. Martínez Mora, J. Rodríguez, J.L. Cenis, L. Ruiz García, Genetic variability among local apricots (*Prunus armeniaca L.*) from the Southeast of Spain, (2009).
- [256] E. Teshome, T.A. Teka, R. Nandasiri, J.R. Rout, D.V. Harouna, T. Astatkie, M.M. Urugo, Fruit by-products and their industrial applications for nutritional benefits and health promotion: A Comprehensive Review, *Sustainability*. 15 (2023) 7840. <https://doi.org/10.3390/SU15107840>.
- [257] A. Cirillo, L. De Luca, L. Izzo, M. Cepparulo, G. Graziani, A. Ritieni, R. Romano, C. Di Vaio, Biochemical and nutraceutical characterization of different accessions of the apricot (*Prunus armeniaca L.*), *Horticulturae*. 9 (2023) 546. <https://doi.org/10.3390/HORTICULTURAE9050546>.
- [258] O. Alajil, V.R. Sagar, C. Kaur, S.G. Rudra, R.R. Sharma, R. Kaushik, M.K. Verma, M. Tomar, M. Kumar, M. Mekhemar, Nutritional and Phytochemical Traits of Apricots

- (*Prunus armeniaca L.*) for Application in Nutraceutical and Health Industry, *Foods*. 10 (2021). <https://doi.org/10.3390/FOODS10061344>.
- [259] K. Carbone, R. Ciccoritti, M. Paliotta, T. Rosato, M. Terlizzi, G. Cipriani, Chemometric classification of early-ripening apricot (*Prunus armeniaca, L.*) germplasm based on quality traits, biochemical profiling and in vitro biological activity, *Scientia Horticulturae*. 227 (2018) 187–195. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2017.09.020>.
- [260] X. Fan, H. Zhao, X. Wang, J. Cao, W. Jiang, Sugar and organic acid composition of apricot and their contribution to sensory quality and consumer satisfaction, *Scientia Horticulturae*. 225 (2017) 553–560. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2017.07.016>.
- [261] V. Schmitzer, A. Slatnar, M. Mikulic-Petkovsek, R. Veberic, B. Krska, F. Stampar, Comparative study of primary and secondary metabolites in apricot (*Prunus armeniaca L.*) cultivars, *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 91 (2011) 860–866. <https://doi.org/10.1002/JSFA.4257>.
- [262] S. K. Tripathy, P. Mohanty, M. Jena, G. B. Dash, K. Pradhan, P. K. Nayak, S. Dash, D. Lenka, D. Mishra, P. M. Mohapatra, D. Swain, N. Senapati, Revealing contrasting genetic variation and study of genetic diversity in urdbean (*Vigna mungo (L.) Hepper*) using SDS-PAGE of seed storage proteins, *Research in Biotechnology*, 7 (2016), 11–20. <https://doi.org/10.19071/RIB.2016.V7.2863>.
- [263] T. Milošević, N. Milošević, I. Glišić, B. Krška, Characteristics of promising apricot (*Prunus armeniaca L.*) genetic resources in Central Serbia based on blossoming period and fruit quality, *Horticultural Science*. 37 (2010) 46–55. <https://doi.org/10.17221/67/2009-hortsci>.
- [264] D. Kumar, S. Lal, N. Ahmed, Morphological and pomological diversity among apricot (*Prunus armeniaca*) genotypes grown in India, *Indian Journal of Agricultural Sciences*. 85 (2015) 1349–1355. <https://doi.org/10.56093/IJAS.V85I10.52301>.
- [265] P. Angmo, S. Angmo, S.S. Upadhyay, K. Targais, B. Kumar, T. Stobdan, Apricots (*Prunus armeniaca L.*) of trans-Himalayan Ladakh: Potential candidate for fruit quality breeding programs, *Scientia Horticulturae*. 218 (2017) 187–192. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2017.02.032>.
- [266] S. Ali, T. Masud, K.S. Abbasi, Physico-chemical characteristics of apricot (*Prunus armeniaca L.*) grown in Northern Areas of Pakistan, *Scientia Horticulturae*. 130 (2011) 386–392. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2011.05.040>.
- [267] S.A. Zargar, A.A. Wani, M.I.S. Saggoo, N. Kumar, J.I. Mir, S. Jan, S. Dabbou, Chemical Quality Attributes, Phenolic Compounds, and Antioxidant Properties of Wild and Cultivated Apricot (*Prunus armeniaca L.*) Accessions of North-Western Himalayas, *Erwerbs-Obstbau*. 65 (2023) 2325–2336. <https://doi.org/10.1007/S10341-023-00937-1/TABLES/5>.
- [268] A. Leccese, S. Bartolini, R. Viti, Total antioxidant capacity and phenolics content in fresh apricots, *Acta Alimentaria*. 37 (2008) 65–76. <https://doi.org/10.1556/AALIM.37.2008.1.6>.
- [269] M. Kafkaletou, I. Kalantzis, A. Karantzi, M. V. Christopoulos, E. Tsantili, Phytochemical characterization in traditional and modern apricot (*Prunus armeniaca L.*)

- cultivars – Nutritional value and its relation to origin, *Scientia Horticulturae*. 253 (2019) 195–202. <https://doi.org/10.1016/J.SCIENTA.2019.04.032>.
- [270] B. Susanna, L. Annamaria, Quality and antioxidant properties of apricot fruits at ready-to eat: influence of the weather conditions under mediterranean coastal area, *Journal of Food Processing & Technology*. 07 (2016). <https://doi.org/10.4172/2157-7110.1000538>.
- [271] C.H. Crisosto, D. Garner, G.M. Crisosto, E. Bowerman, Increasing ‘Blackamber’ plum (*Prunus salicina Lindell*) consumer acceptance, *Postharvest Biology and Technology*. 34 (2004) 237–244. <https://doi.org/10.1016/J.POSTHARVBIO.2004.06.003>.
- [272] O. Caliskan, S. Bayazit, A. Sumbul, Fruit quality and phytochemical attributes of some apricot (*Prunus armeniaca L.*) cultivars as affected by genotypes and seasons, *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 40 (2012), 284–294. <https://doi.org/10.15835/NBHA4028044>
- [273] S. Cohen, M. Itkin, Y. Yeselson, G. Tzuri, V. Portnoy, R. Harel-Baja, S. Lev, U. Saâ Ar, R. Davidovitz-Rikanati, N. Baranes, E. Bar, D. Wolf, M. Petreikov, S. Shen, S. Ben-Dor, I. Rogachev, A. Aharoni, T. Ast, M. Schuldiner, E. Belausov, R. Eshed, R. Ophir, A. Sherman, B. Frei, H.E. Neuhaus, Y. Xu, Z. Fei, J. Giovannoni, E. Lewinsohn, Y. Tadmor, H.S. Paris, N. Katzir, Y. Burger, A.A. Schaffer, The PH gene determines fruit acidity and contributes to the evolution of sweet melons, *Nature Communications*. 5 (2014). <https://doi.org/10.1038/NCOMMS5026>.
- [274] R. Lo Bianco, V. Farina, S.G. Indelicato, F. Filizzola, P. Agozzino, Fruit physical, chemical and aromatic attributes of early, intermediate and late apricot cultivars, *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 90 (2010) 1008–1019. <https://doi.org/10.1002/JSFA.3910>.
- [275] R.K. Bachheti, Rai, A. Joshi, V. Rana, Physico-chemical study of seed oil of *Prunus armeniaca L.* grown in Garhwal region (India) and its comparison with some conventional food oils, *International Food Research Journal*. 19 (2012) 577–581.
- [276] J. Feng, X. Chen, Z. Yuan, T. He, L. Zhang, Y. Wu, W. Liu, Q. Liang, Proteome comparison following self- and across-pollination in self-incompatible apricot (*Prunus armeniaca L.*), *Protein Journal*. 25 (2006) 328–335. <https://doi.org/10.1007/S10930-006-9018-3>.
- [277] M. Kiralan, G. Özkan, E. Kucukoner, M.M. Ozcelik, Apricot (*Prunus armeniaca L.*) Oil, *Fruit Oils: Chemistry and Functionality*. (2019) 505–519. https://doi.org/10.1007/978-3-030-12473-1_25.
- [278] Y. Zhang, K. Ma, Q. Li, Research on Chilling Requirement and Physiological Mechanism of *Prunus mume*, (2023). <https://doi.org/10.20944/PREPRINTS202305.0880.V1>.
- [279] Y. Li, W.C. Fang, G.R. Zhu, K. Cao, C.W. Chen, X.W. Wang, L.R. Wang, Accumulated chilling hours during endodormancy impact blooming and fruit shape development in peach (*Prunus persica L.*), *Journal of Integrative Agriculture*. 15 (2016) 1267–1274. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(16\)61374-6](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(16)61374-6).
- [280] J.M. Alonsoa, R. Socias I Company, Chill and heat requirements for blooming of the CITA almond cultivars, *Acta Horticulturae*. 814 (2009) 215–220.

- <https://doi.org/10.17660/ACTAHORTIC.2009.814.29>.
- [281] J.M. Legave, B. Baculat, N. Brisson, Assessment of chilling requirements of apricot floral buds: Comparison of three contrasting chilling models under mediterranean conditions, *Acta Horticulturae*. 872 (2010) 41–50. <https://doi.org/10.17660/ACTAHORTIC.2010.872.3>.
- [282] Z. Gao, W. Zhuang, L. Wang, J. Shao, X. Luo, B. Cai, Z. Zhang, Evaluation of chilling and heat requirements in japanese apricot with three models, *HortScience*. 47 (2012) 1826–1831. <https://doi.org/10.21273/hortsci.47.12.1826>.
- [283] E. Fadón, S. Herrera, B.I. Guerrero, M.E. Guerra, J. Rodrigo, M. Engracia Guerra, J. Rodrigo, Chilling and heat requirements of temperate stone fruit trees (*Prunus* sp.), *Agronomy*. 10 (2020). <https://doi.org/10.3390/agronomy10030409>.
- [284] E. Dirlewanger, E. Graziano, T. Joobeur, F. Garriga-Calderé, P. Cosson, W. Howad, P. Arús, Comparative mapping and marker-assisted selection in Rosaceae fruit crops, *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 101 (2004) 9891–9896. <https://doi.org/10.1073/pnas.0307937101>.
- [285] D. Ruiz, J.A. Campoy, J. Egea, Chilling and heat requirements of apricot cultivars for flowering, *Environmental and Experimental Botany*. 61 (2007) 254–263. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2007.06.008>.
- [286] F. Razavi, J. Hajilou, S.J. Tabatabaei, M.R. Dadpour, Comparison of chilling and heat requirement in some peach and apricot cultivars, *Research in Plant Biology*. 1 (2011) 40–47. <http://www.resplantbiol.com/view/article/2/2/6>.
- [287] N. Alburquerque, F. García-Montiel, A. Carrillo, L. Burgos, Chilling and heat requirements of sweet cherry cultivars and the relationship between altitude and the probability of satisfying the chill requirements, *Environmental and Experimental Botany*. 64 (2008) 162–170. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2008.01.003>.
- [288] A. Rodríguez, D. Pérez-López, A. Centeno, M. Ruiz-ramos, Viability of temperate fruit tree varieties in Spain under climate change according to chilling accumulation, *Agricultural Systems*. 186 (2021) 102961. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2020.102961>.
- [289] J.A. Campoy, D. Ruiz, N. Cook, L. Allderman, J. Egea, High temperatures and time to budbreak in low chill apricot “Palsteyn”. Towards a better understanding of chill and heat requirements fulfilment, *Scientia Horticulturae*. 129 (2011) 649–655. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.05.008>.
- [290] R. Guerriero, M. Gentili, P. Monteleone, R. Viti, La valutazione della dormienza nell’albicocco: tre metodi a confronto, *Rivista Di Frutticoltura e Di Ortofloricoltura*. 64 (2002) 73–78.
- [291] J. Egea, E. Ortega, P. Martínez-Gómez, F. Dicenta, Chilling and heat requirements of almond cultivars for flowering, *Environmental and Experimental Botany*. 50 (2003) 79–85. [https://doi.org/10.1016/S0098-8472\(03\)00002-9](https://doi.org/10.1016/S0098-8472(03)00002-9).
- [292] H. Tian-Ming, C. Xue-Sen, X. Zheng, G. Jiang-Sheng, L. Pei-Jun, L. Wen, L. Qing, W. Yan, Using SSR markers to determine the population genetic structure of wild apricot (*Prunus armeniaca* L.) in the Ily Valley of West China, *Genetic Resources and Crop*

- Evolution. 54 (2007) 563–572. <https://doi.org/10.1007/s10722-006-0013-5>.
- [293] S. Hoban, C.D. Campbell, J.M. da Silva, R. Ekblom, W.C. Funk, B.A. Garner, J.A. Godoy, F. Kershaw, A.J. MacDonald, J. Mergeay, M. Minter, D. O'Brien, I.P. Vinas, S.K. Pearson, S. Pérez-Espona, K.M. Potter, I.R.M. Russo, G. Segelbacher, C. Vernesi, M.E. Hunter, Genetic diversity is considered important but interpreted narrowly in country reports to the convention on biological diversity: current actions and indicators are insufficient, *Biological Conservation*. 261 (2021) 109233. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCON.2021.109233>.
- [294] L. Krichen, M. Mnejja, P. Arùs, M. Marrakchi, N. Trifi-Farah, Use of microsatellite polymorphisms to develop an identification key for Tunisian apricots, *Genetic Resources and Crop Evolution*. 53 (2006) 1699–1706. <https://doi.org/10.1007/S10722-005-1220-1>.
- [295] H. Bourguiba, L. Krichen, J.M. Audergon, B. Khadari, N. Trifi-Farah, Impact of mapped SSR markers on the genetic diversity of apricot (*Prunus armeniaca L.*) in Tunisia, *Plant Molecular Biology Reporter*. 28 (2010) 578–587. <https://doi.org/10.1007/S11105-010-0189-X/TABLES/5>.
- [296] A.E. Akpinar, H. Koçal, A. Ergül, K. Kazan, M.E. Şelli, M. Bakir, Ş. Aslantaş, S. Kaymak, R. Saribaş, SSR-based molecular analysis of economically important Turkish apricot cultivars, *Genetics and Molecular Research*. 9 (2010) 324–332. <https://doi.org/10.4238/VOL9-1GMR727>.
- [297] T.N. Zhebentyayeva, G.L. Reighard, V.M. Gorina, A.G. Abbott, Simple sequence repeat (SSR) analysis for assessment of genetic variability in apricot germplasm, *Theoretical and Applied Genetics*. 106 (2003) 435–444. <https://doi.org/10.1007/S00122-002-1069-Z>.
- [298] F. Maghuly, E.B. Fernandez, S. Ruthner, A. Pedryc, M. Laimer, Microsatellite variability in apricots (*Prunus armeniaca L.*) reflects their geographic origin and breeding history, *Tree Genetics and Genomes*. 1 (2005) 151–165. <https://doi.org/10.1007/S11295-005-0018-9>.
- [299] H. Bourguiba, Genetic Structure of a Worldwide Germplasm Collection of *Prunus armeniaca L.* Reveals three major diffusion routes for varieties coming from the species ' center of origin, *11 (2020) 1–17*. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00638>.
- [300] G. Corrado, M. Forlani, R. Rao, B. Basile, Diversity and relationships among neglected apricot (*Prunus armeniaca l.*) landraces using morphological traits and ssr markers: Implications for agro-biodiversity conservation, *Plants*. 10 (2021) 1341. <https://doi.org/10.3390/PLANTS10071341/S1>.
- [301] H. Bourguiba, M.A. Batnini, L. Krichen, N. Trifi-Farah, J.M. Audergon, Population structure and core collection construction of apricot (*Prunus armeniaca L.*) in North Africa based on microsatellite markers, *Plant Genetic Resources*. 15 (2017) 21–28. <https://doi.org/10.1017/S1479262115000313>.
- [302] R. Sánchez-Pérez, P. Martínez-Gómez, F. Dicenta, J. Egea, D. Ruiz, Level and transmission of genetic heterozygosity in apricot (*Prunus armeniaca L.*) explored using simple sequence repeat markers, *Genetic Resources and Crop Evolution*. 53 (2006) 763–770. <https://doi.org/10.1007/S10722-004-4636-0/METRICS>.

- [303] M.P. Chapuis, A. Estoup, Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation, *Molecular Biology and Evolution*. 24 (2007) 621–631. <https://doi.org/10.1093/MOLBEV/MSL191>.
- [304] M. Bakir, H. Dumanoğlu, V. Erdoğan, C. Ernim, T. Macit, Characterization of wild apricot (*Prunus armeniaca L.*) genotypes selected from cappadocia region (Nevşehir-Turkey) by SSR Markers, *Journal of Agricultural Sciences*. 25 (2019) 498–507. <https://doi.org/10.15832/ANKUTBD.457850>.
- [305] W. Li, L. Liu, Y. Wang, Q. Zhang, G. Fan, S. Zhang, Y. Wang, K. Liao, Genetic diversity, population structure, and relationships of apricot (*Prunus*) based on restriction site-associated DNA sequencing, *Horticulture Research*. 7 (2020) 69. https://doi.org/10.1038/S41438-020-0284-6/41989750/41438_2020_ARTICLE_284.PDF.
- [306] T. Chen, X. jiao Huang, J. Zhang, Q. Chen, Y. Liu, H. ru Tang, D. ming Pan, X. rong Wang, Genetic Diversity and Population Structure Patterns in Chinese Cherry (*Prunus pseudocerasus Lindl*) Landraces, *Plant Molecular Biology Reporter*. 34 (2016) 440–453. <https://doi.org/10.1007/S11105-015-0934-2/TABLES/3>.
- [307] Q.P. Zhang, D.C. Liu, S. Liu, N. Liu, X. Wei, A.M. Zhang, W.S. Liu, Genetic diversity and relationships of common apricot (*Prunus armeniaca L.*) in China based on simple sequence repeat (SSR) markers, *Genetic Resources and Crop Evolution*. 61 (2014) 357–368. <https://doi.org/10.1007/S10722-013-0039-4/FIGURES/2>.
- [308] Z.N. Sheikh, V. Sharma, R.A. Shah, S. Raina, M. Aljabri, J.I. Mir, N. Alkenani, K.R. Hakeem, Elucidating genetic diversity in apricot (*Prunus armeniaca L.*) cultivated in the north-western himalayan provinces of india using SSR Markers, *Plants*. 10 (2021) 2668. <https://doi.org/10.3390/PLANTS10122668>.
- [309] R. Antanynienė, J.B. Šikšnianienė, V. Stanys, B. Frercks, Fingerprinting of Plum (*Prunus domestica*) genotypes in lithuania using SSR markers, *Plants*. 12 (2023) 1538. <https://doi.org/10.3390/PLANTS12071538/S1>.
- [310] Z.N. Sheikh, V. Sharma, R.A. Shah, N. Sharma, B. Summuna, F.A. Al-Misned, H.A. El-Serehy, J.I. Mir, Genetic diversity analysis and population structure in apricot (*Prunus armeniaca L.*) grown under north-western himalayas using ISSR markers, *Saudi Journal of Biological Sciences*. 28 (2021) 5986–5992. <https://doi.org/10.1016/J.SJBS.2021.06.051>.
- [311] M. Mnejja, J. Garcia-Mas, W.H.-M., Simple-sequence repeat (SSR) markers of Japanese plum (*Prunus salicina Lindl.*) are highly polymorphic and transferable to peach and almond, *Wiley Online Library* M Mnejja, J Garcia-Mas, W Howad, ML Badenes, P Arús *Molecular Ecology Notes*, 2004 • Wiley Online Library. 4 (2004) 163–166. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00603.x>.
- [312] O. Sajer, R. Scorza, C. Dardick, T. Zhebentyayeva, A.G. Abbott, R. Horn, Development of sequence-tagged site markers linked to the pillar growth type in peach (*Prunus persica*), *Plant Breeding*. 131 (2012) 186–192. <https://doi.org/10.1111/J.1439-0523.2011.01912.X>.
- [313] J.M. Soriano, M.L. Domingo, E. Zuriaga, C. Romero, T. Zhebentyayeva, A.G. Abbott,

- M.L. Badenes, Identification of simple sequence repeat markers tightly linked to plum pox virus resistance in apricot, *Molecular Breeding*. 30 (2012) 1017–1026. <https://doi.org/10.1007/S11032-011-9685-4>.
- [314] R. Testolin, T. Marrazzo, G. Cipriani, R. Quarta, I. Verde, M.T. Dettori, M. Pancaldi, S. Sansavini, Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars. 43 (2011) 512–520. <https://doi.org/10.1139/G00-010>.
- [315] B.E. García-Gómez, J.A. Salazar, M. Nicolás-Almansa, M. Razi, M. Rubio, D. Ruiz, P. Martínez-Gómez, Molecular bases of fruit quality in prunus species: An integrated genomic, transcriptomic, and metabolic review with a breeding perspective, *International Journal of Molecular Sciences*. 22 (2021) 1–38. <https://doi.org/10.3390/ijms22010333>.
- [316] E. Balogh, J. Halász, A. Soltész, Z. Erős-Honti, A. Gutermuth, L. Szalay, M. Höhn, A. Vágújfalvi, G. Galiba, A. Hegedűs, Identification, structural and functional characterization of dormancy regulator genes in apricot (*Prunus armeniaca* L.), *Frontiers in Plant Science*. 10 (2019) 402. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00402>.
- [317] T.N. Zhebentyayeva, S. Fan, A. Chandra, D.G. Bielenberg, G.L. Reighard, W.R. Okie, A.G. Abbott, Dissection of chilling requirement and bloom date QTLs in peach using whole genome sequencing of sibling trees from an F2 mapping population, *Tree Genetics & Genomes*. 10 (2014) 35–51. <https://doi.org/10.1007/s11295-013-0664-4>.
- [318] J. Yu, A.O. Conrad, V. Decroocq, T. Zhebentyayeva, D.E. Williams, D. Bennett, G. Roch, J.-M. Audergon, C. Dardick, Z. Liu, A.G. Abbott, M.E. Staton, Distinctive gene expression patterns define endodormancy to ecodormancy transition in apricot and peach, *Frontiers in Plant Science*. 11 (2020) 180. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00180>.
- [319] A. Calle, C. Saski, A. Wünsch, J. Grimplet, K. Gasic, Identification of key genes related to dormancy control in Prunus species by meta-analysis of RNAseq data, *Plants*. 11 (2022) 2469. <https://doi.org/10.3390/plants11192469>.
- [320] Y. Kitamura, T. Takeuchi, H. Yamane, R. Tao, Simultaneous down-regulation of DORMANCY-ASSOCIATED MADS-box6 and SOC1 during dormancy release in Japanese apricot (*Prunus mume*) flower buds, *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*. 91 (2016) 476–482. <https://doi.org/10.1080/14620316.2016.1173524>.
- [321] L. Gao, T. Lyu, Y. Lyu, Genome-wide analysis of the SPL gene family and expression analysis during flowering induction in Prunus × yedoensis ‘Somei-yoshino,’ *International Journal of Molecular Sciences*. 23 (2022) 10052. <https://doi.org/10.3390/ijms231710052/S1>.

ANNEXES

ANNEXE 1

Electrophorèse des protéines totales

Préparation de la solution stock avec SDS

- ✓ Mélanger du tampon tris base à pH 6.8 avec 20 mg du bleue de Bromophénole, 20 ml de glycérolé, de l'eau distillée et de l'SDS.

Préparation de la solution d'extraction

- ✓ Mélanger 2.125 ml de solution stock avec 125 µl de beta-mercaptoéthanol, puis compléter jusqu'à 5 ml avec de l'eau distillé.

Electrophorèse sur gel de SDS-polyacrylamide

Gel de migration à 12.52 %

En ml	Pour 1 gel
Acrylamide 40%	12.4
Bis-acrylamide 2%	2.4
Eau permuté	8.6
Tampon tris-bhcl 8.8	15.2
SDS 10%	0.40
APS 1%	1
TEMED	0.020

Gel de concentration à 2.88 %

En ml	Pour 1 gel
Acrylamide 40%	1
Bis-acrylamide 2%	0.3
Eau permuté	10.2

Tampon Tris-Hcl 6.8	1.7
SDS 10%	0.14
APS 1%	0.7
TEMED	0.014

Préparation du tampon de migration

- ❖ Mélangé dans un 1 L d'eau distillé 28.22 de glycine, 6g de tris, 2g d' SDS puis complété jusqu'à 2L.

Dosage des protéines totale par la méthode de Bradford

Préparation de la solution d'extraction des protéines sans SDS

- ❖ Mélanger du tampon tris base à pH 6.8 avec 20 mg du bleue de Bromophénole , 20 ml de glycérolé , de l'eau distillée.

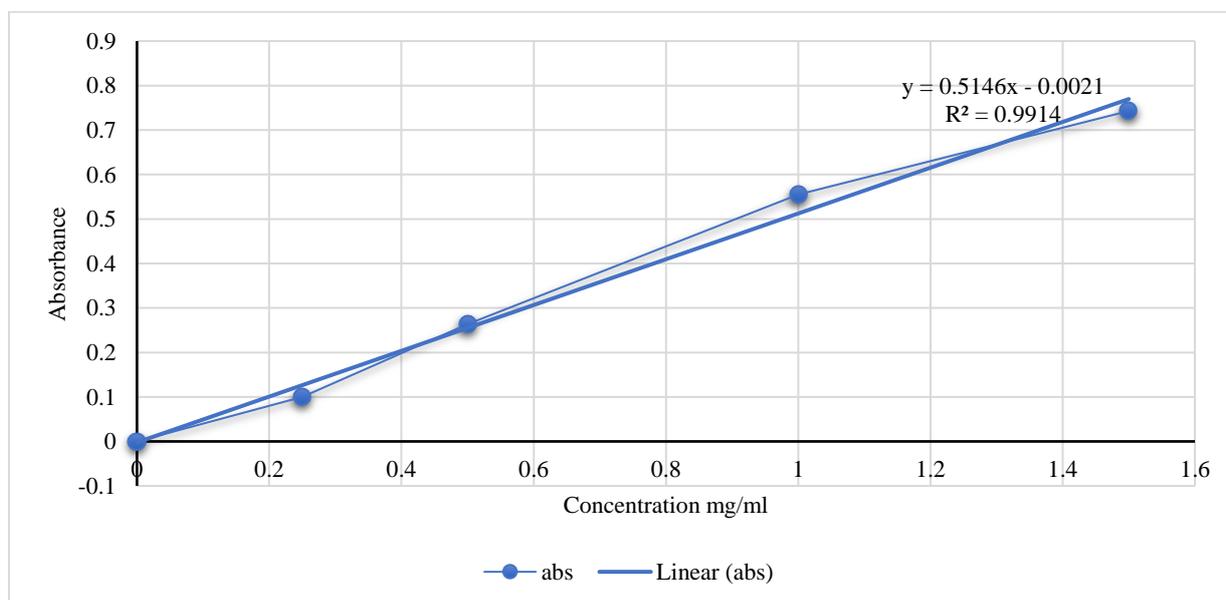


Figure 4.1 : Gamme d'étalonnage d'une solution mère de BSA à 2 mg/ml.

Tableau 4.1: Gamme d'étalonnage

µl	1	2	3	4	5	Echantillon	Blanc
BSA (standard)	0	6.25	12.5	25	37.5	50µl	0
H2O	50	43.75	37.5	25	12.5	0	1 ml
Bradford	1.5 ml	0					

ANNEXE 2

Tableau 4.2: Résultat au Nanodrop des échantillons d'ARN avant et après précipitation.

Avant le Protocole de précipitation			Variétés	Après le Protocole de précipitation		
ng/μl	260/280	260/230		ng/μl	260/280	260/230
89.7	2.58	0.14	Monte 1	112.4	1.426	0.503
187.2	2.19	0.33	Monte 1	25.6	2.065	0.421
204.3	2.01	0.42	Monte 1	428	1.921	1.423
86.4	2.56	0.17	Monte 1	710.4	1.871	1.403
74.2	2.55	0.27	Monte 2			
652.4	2.19	0.72	Monte 2	100.8	2	0.977
60.4	2.78	0.14	Monte 2	23.6	1.855	0.536
93.8	1.57	0.36	Monte 2	22	1.708	1.2
238.3	2.13	0.36	Monte 2			
47.6	2.59	0.09	Louzi	10.8	1.642	0.261
163.2	2.48	0.25	Louzi	4.8	1.875	0.235
133.2	1.91	0.26	Pavi	75.6	1.948	0.808
369.3	2.02	0.54	Pavi	245.6	1.883	0.266
174.3	2.17	0.42	Pavi	136.8	1.869	1.326
268.5	1.51	0.4	Monte 1			
226	2.31	0.31	Monte 1	21.6	2.093	0.34
430.9	1.82	0.44	Monte 1	66	1.964	0.855
199.6	1.73	0.33	Monte 2	158.8	1.927	0.952
183.4	2.33	0.26	Monte 2	240.8	1.942	0.969
440.3	1.84	0.54	Monte 2			
31.1	5.28	0.08	Monte 2	117.2	2.007	1.242
112.3	2.66	0.17	Louzi	302	1.971	1.162
3532	1.7	0.88	Louzi	250.8	1.823	0.901
949.4	2.01	0.69	Louzi	384.8	1.685	1.382
684.9	2.12	0.64	Louzi	214.4	1.942	1.518
210.7	2.4	0.38	Louzi	872.8	1.79	1.15
121.3	2.36	0.19	Pavi	238.4	1.98	1.386
104.5	2.37	0.16	Pavi	224.8	1.892	1.214
251.4	2.08	0.43	Pavi	239.2	1.961	1.238
330.8	2.23	0.47	Pavi	229.6	1.979	1.503
542.6	2.18	0.71	Pavi	377.2	1.985	1.476
297.9	2.32	0.57	Pavi	247.2	1.981	1.693

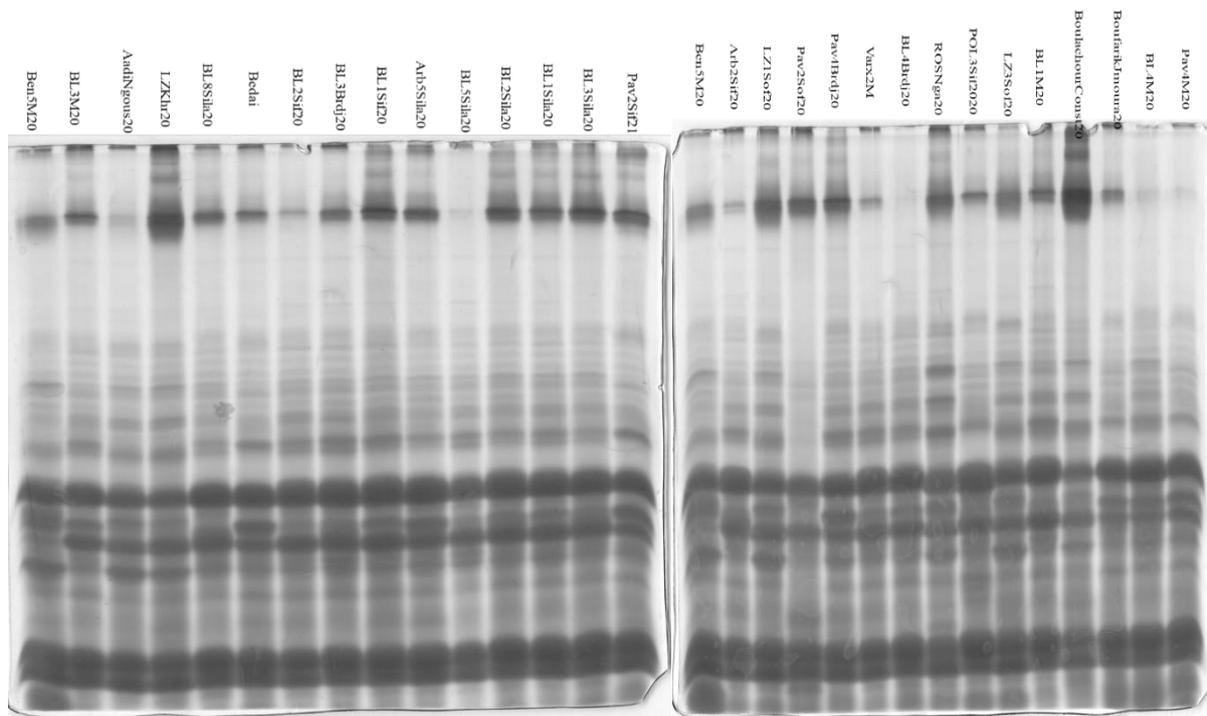
Tableau 4.3: Résultat au Nanodrop des échantillons d'ADN.

Nom de l'accession	ADN Conc.ng/µl	260/280	260/230	Nom de l'accession	ADN Conc.ng/µl	260/280	260/230
Tounsi M'sila j8	1402	2.14	1.24	Boulida M'sila j1	353.8	2.03	2.05
Varx 1 Bousada j1	39.5	1.96	2.05	Boulida M'sila j2	1263.4	1.72	1.21
Boulida M'sila j8	181.8	1.94	1.98	Boulida M'sila j3	3419.4	2.07	1.85
Arbi Djemmorah	302.8	2.1	0.8	Tounsi M'sila j5	934.4	1.92	1.16
Tounsi Bourdjej3	3854.2	1.85	1.35	Boufarik	724.5	1.83	0.73
Arbi M'sila j7	34	2.06	1.45	Khad el romia	1768.6	1.96	1.27
Boulida Borge j4	133.7	1.92	1.24	Monte Biskra	708.1	2.09	1.3
Boulida Borje k3	1047.1	2.2	1.05	Pavi Bousada j2	561.5	1.95	1.15
Pavi Bourge j4	653.9	2.28	0.87	Polonais M'sif j 3	1122	1.98	1.26
Polonais Bousaada j3	193.3	1.86	1.53	Pavi Bousada j4	539.8	2.18	1.2
Bencharmoukh Bousada j5	554.7	2.05	0.99	Boulida M'sila j 5	33	1.94	2.09
Var x M'sif j1	740	2.21	1.68	Arbi Msif j 2	286.3	2.09	0.82
Boulida Bousaada j3	169.1	2.06	1.42	Louzi Sofiane j3	875.9	2.13	1.24
Boulida M'sif j1	1211.3	1.76	1.49	Bouchaour	682	1.88	1.02
Boulida Maader j4	606.8	1.83	1.52	louzi Sifiane j 2	555.6	2.21	0.97
Boulida Bousaada j1	897.3	1.98	1.49	Pavi Sofaine j 2	839	2.02	1
Tounsi Bousada j5	818.8	2.25	0.86	boulida Rofak	553.9	2.05	1.09
Boulida M'sif j2	1145.1	1.86	1.61	louzi Sofiane j1	65.3	1.91	1.2
Arbi M'sila j5	2015.3	2.04	1.4	Tounsi Sofiane j1	247.6	2.81	0.47
Pavi Bousada j3	703.8	2.03	1.43	boulida Sofiane j2	184.6	2.74	0.49
Var x M'sila j3	343	2.62	0.73	Pavi ngaous	4097.5	2.2	2
Varx 2 Bousada j1	35			Rosi sofiane j2	320.7	2.28	0.82
Boulida M'sila j4	2146.8	2.12	1.39	Rosi rofak	1700.4	2.06	1.75
Sauvage Djamoura	292.3	1.95	1.93	Rosi N'gaous	1274.4	2.28	1.53
Rosi El khroube	224.1	1.81	1.31	Arbi N'gaous	798.9	2.11	1.41
Louzi El khroub	111.7	1.9	1.33	Pavi M'sif j2	81.1	2.02	1.38
Louzi El Kantra	168.5	1.83	1.52	Pavi Kantra	108.2	1.92	1.34
Lokmi	3691.8	1.85	1.78	Bish	112.2	2.02	0.94
Bedai	1255.5	2.11	1.07	Sauvage khroub	826.5	2.06	1.37

Tableau 4.4 : Abréviation des variétés et des sites de prélèvement.

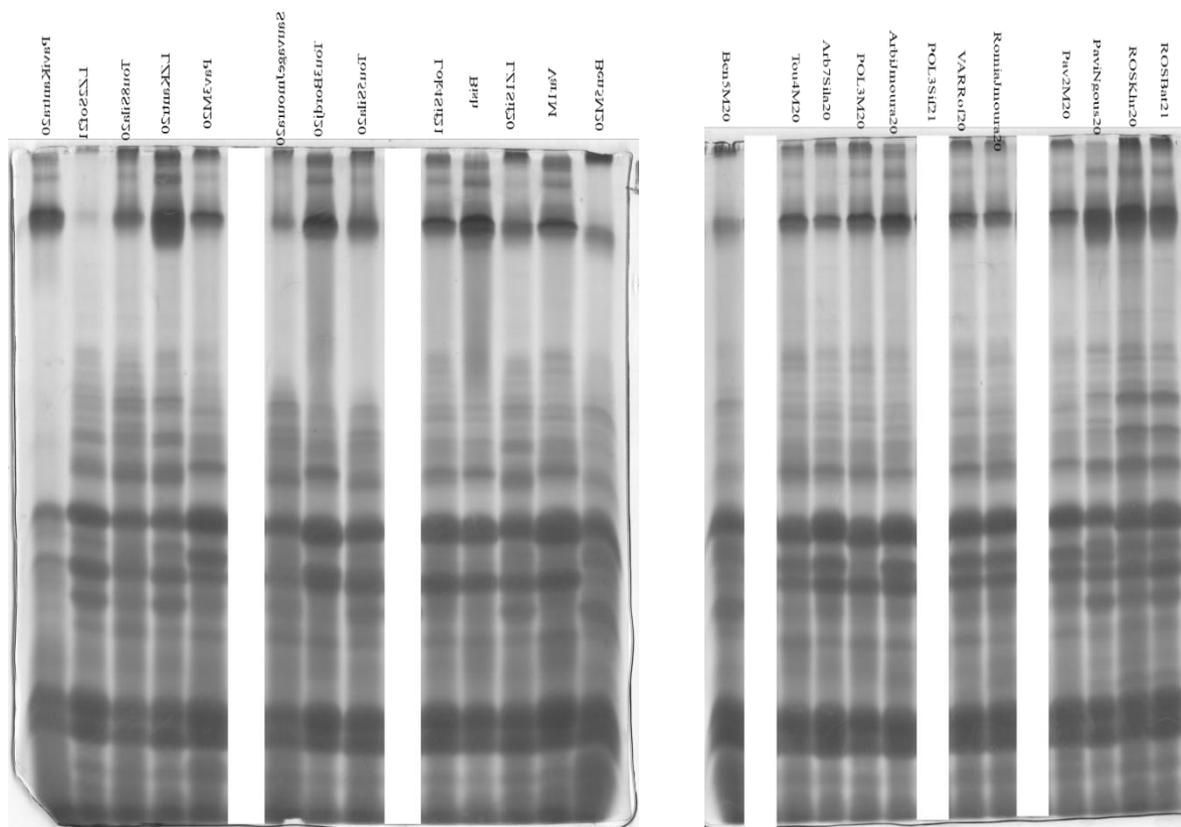
Cultivars	Abréviation	Sites de prélèvements	Abréviation
Boulida	BL	Khroube	Kh
Arbi	Ar	Rofak	Rof
Lokmi	Lokmi	Djemmorah	Djmorh
Polonais	Pl	El Kantara	Kntr
Tounsi	Ts	Sofiane	Sof
Besnsermoukh	Besnsermoukh	N'gaous	Ngous
Rosi	Rs	M'sila	Sila
Louzi	Lz	Maader	M
Sauvage	Sauvage	M'sif	Sif
Bedai	Bedai	Bordj Bou Arreridj	Brdj
Bish	Bish		
Boufarik	Boufarik		
Khad Romia	Romia		
Pavi	Pv		
Monte	Monte		
Bouchaour	Bouchaour		

ANNEXE 3



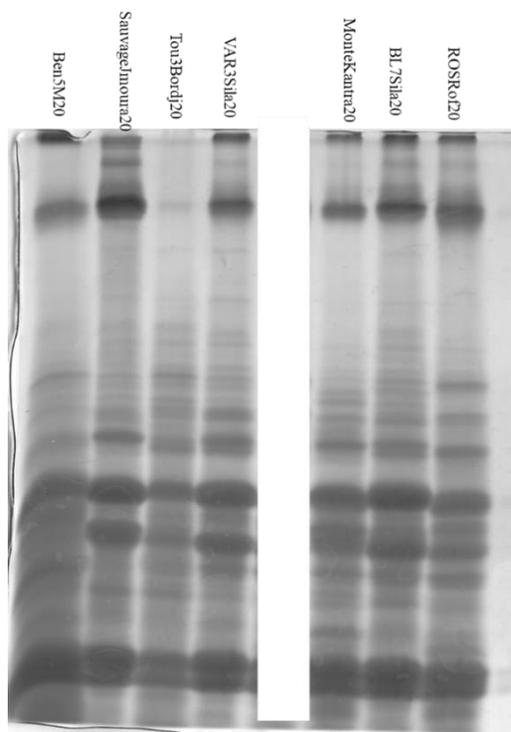
(A)

(B)



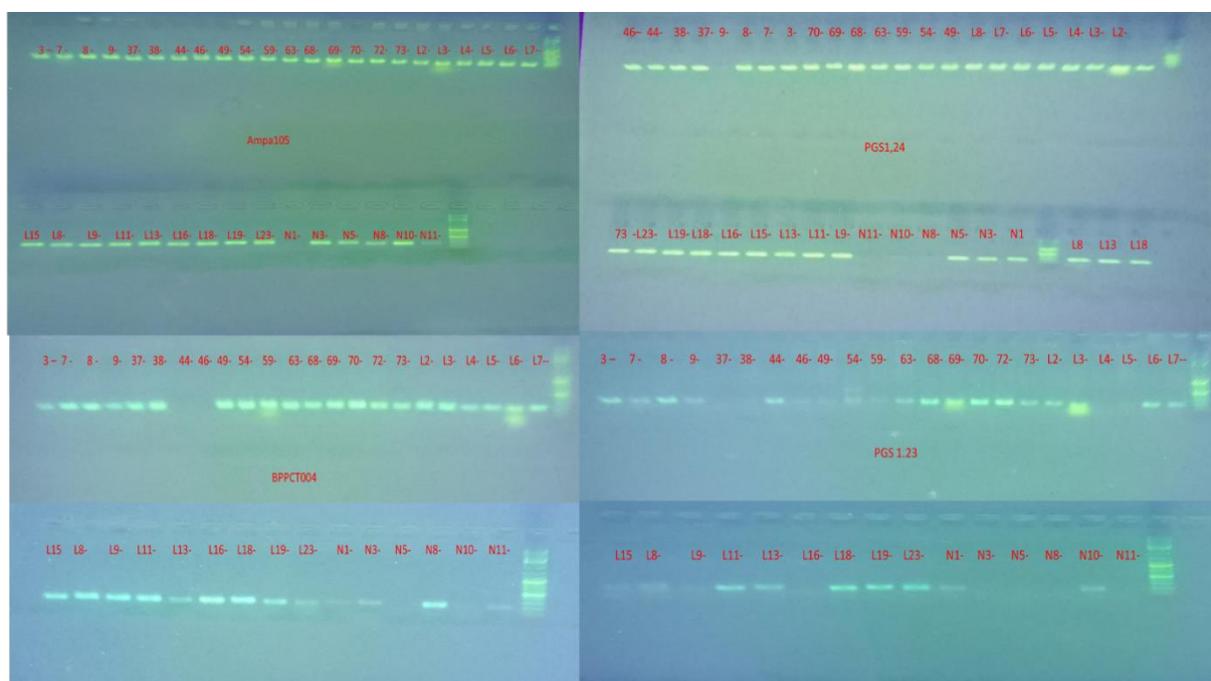
(C)

(D)



(E)

Figure 4.2 : Profil électrophorétiques des 57 accessions.



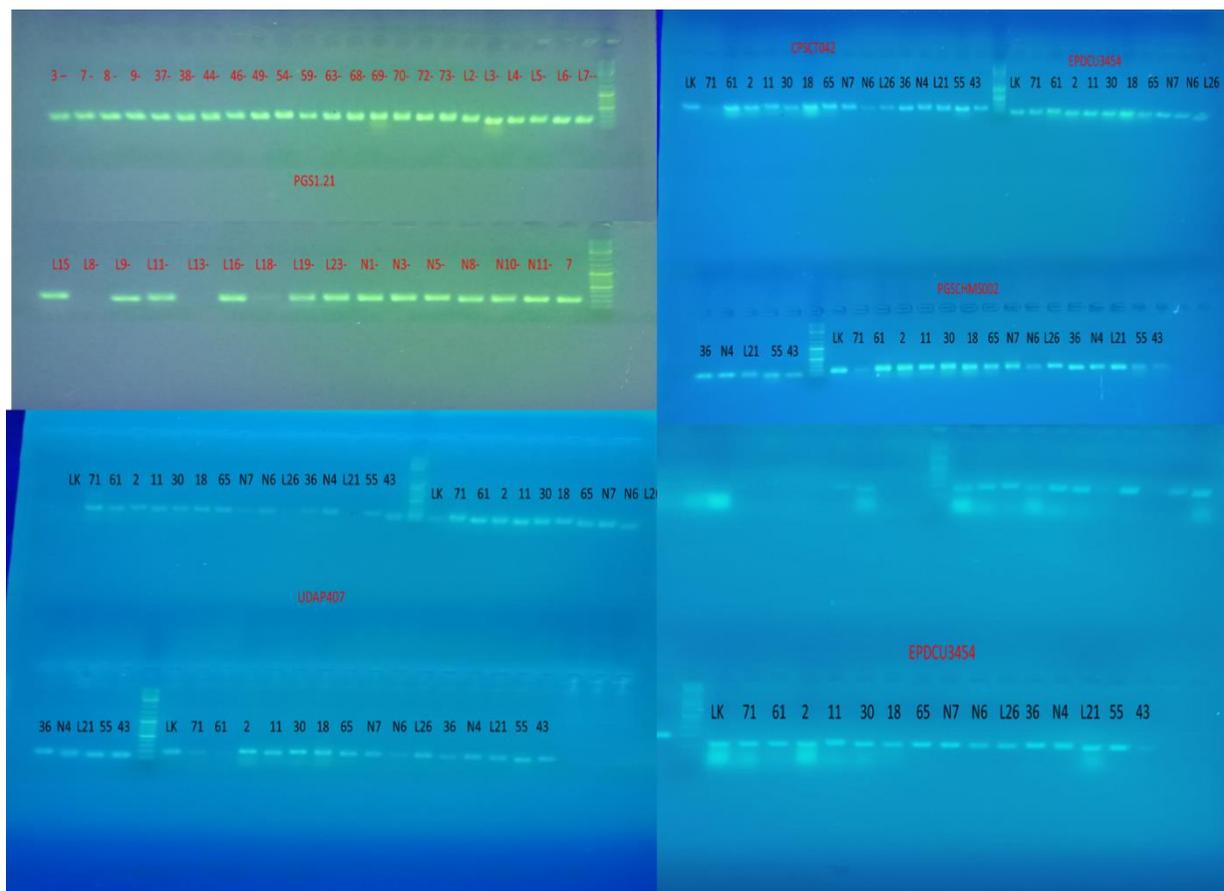


Figure 4.3 : Qualité qualitative des accessions sur gel d’agarose avec 10 marqueurs.

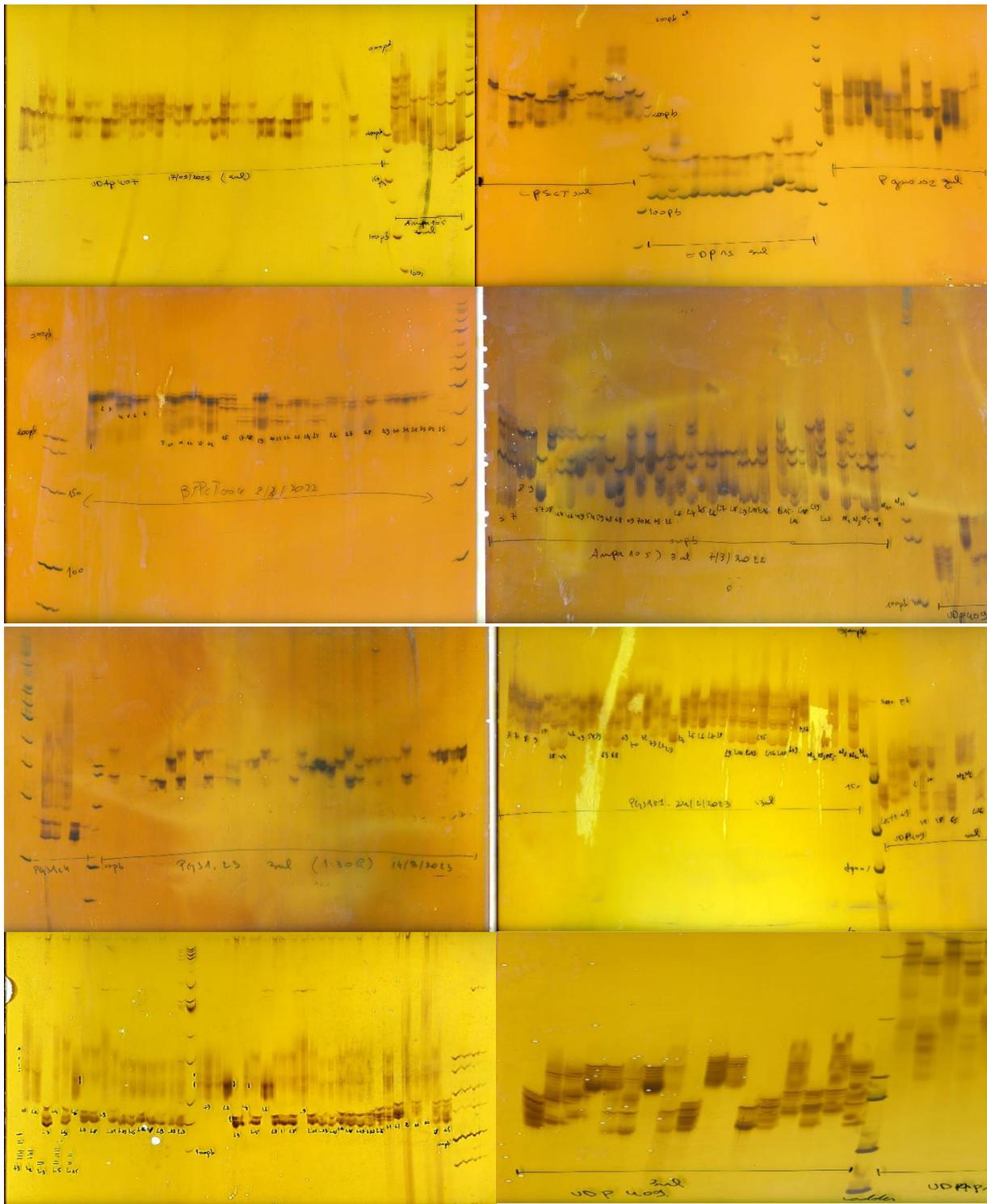


Figure 4.4 : Profil des 45 accessions sur gel de polyacrylamide avec 10 marqueurs.

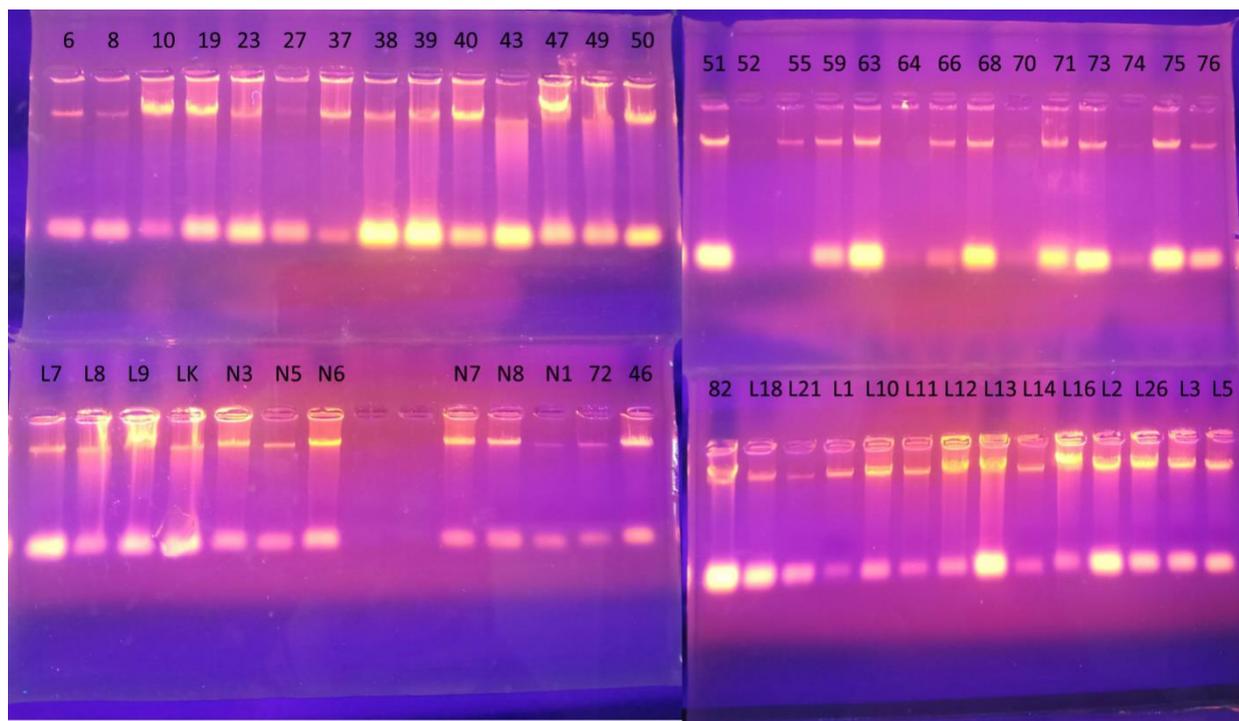


Figure 4.5 : Qualité qualitative des accessions sur gel d'agarose de l'ADN.

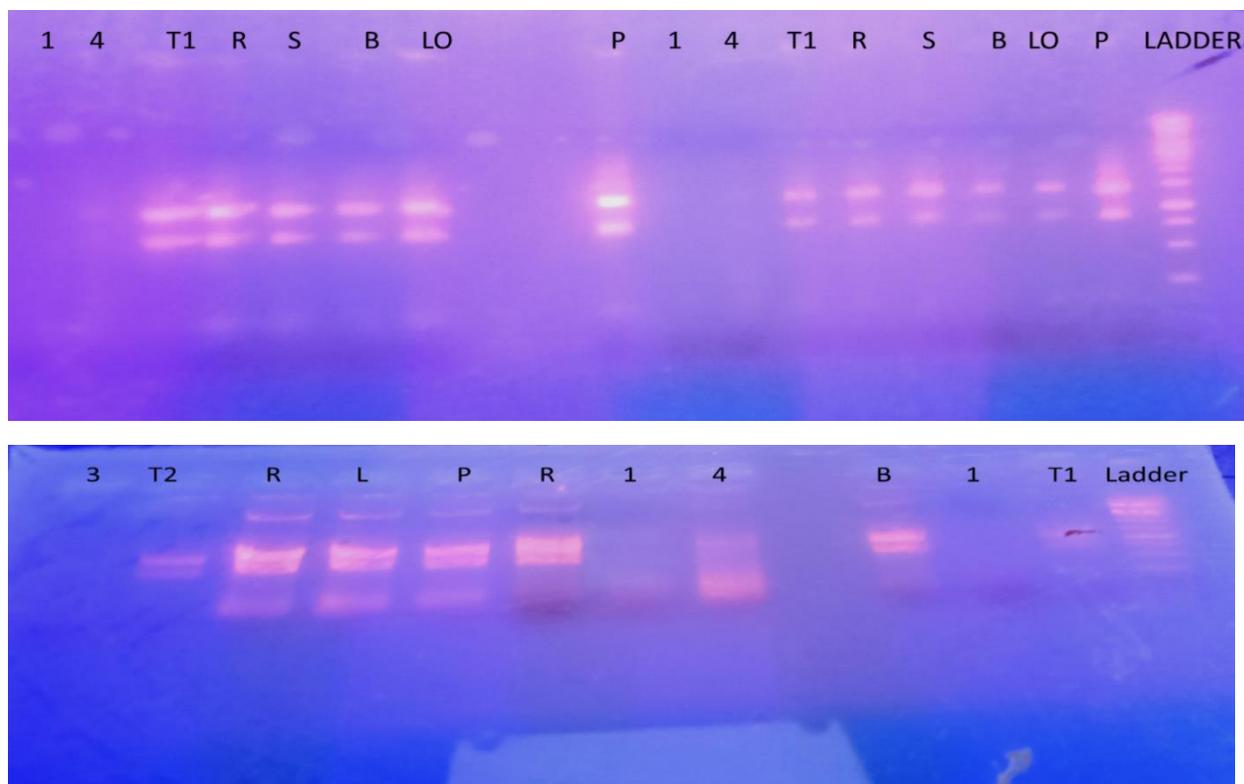


Figure 4.6 : Qualité qualitative des accessions sur gel d'agarose de l'ARN.



Kaouther BOUTITI

Étude des déterminants génétiques et moléculaires des caractères influencés par le changement climatique chez l'abricotier (*Prunus armeniaca*) cultivé dans l'EST algérien

Thèse

en vue de l'Obtention du Diplôme de
Doctorat de Troisième Cycle en Biochimie

Résumé

Le changement climatique peut perturber les cycles des arbres fruitiers, affectant la floraison et la production de fruits. Les températures élevées pendant la dormance peuvent influencer les besoins de refroidissement, en particulier pour les abricotiers. Ce processus, finement régulé par de nombreux facteurs génétiques et environnementaux, est encore peu connu. La qualité des fruits est une préoccupation importante pour les consommateurs, les producteurs et les distributeurs. Le développement des espèces cultivées de *Prunus*, comme les abricotiers, est influencé par ces facteurs. La perturbation des populations d'abricotiers peut entraîner une perte dans la diversité génétique, car seules les populations qui peuvent résister au climat peuvent y survivre. Le principal objectif de ce travail de thèse est l'évaluation de la diversité génétique et l'analyse de l'association et l'expression génétique des caractères liés à la floraison, les besoins en froid, les besoins en chaleur et les date de floraison. L'étude du phénotype de floraison implique l'évaluation des besoins en froid et en chaleur à l'aide de modèles mathématiques tels que le modèle dynamique, le modèle de Weinberger, le modèle d'Utah et les degrés-heures de croissance. Le génotype consiste en une corrélation entre les caractères étudiés et des amorces SSR liés audits caractères. La diversité génétique a été appréciée par la caractérisation morphologique (56 caractères qualitatifs et quantitatifs), biochimique (le pH, le solide soluble total et l'acidité titrable) et moléculaire (10 SSR). Les résultats phénotypiques ont permis de déterminer que le modèle de calcul dynamique est le plus adapté pour mesurer les besoins en froid dans le climat algérien et d'identifier les variétés candidates à l'adaptation au réchauffement climatique. L'étude de la diversité morphologique et biochimique a révélé une variabilité importante et significative. En général, la majorité des abricotiers cultivés en Algérie se caractérisent par une peau jaune verdâtre, une couleur de fond rouge et une chaire orange claire. L'analyse de la qualité biochimique des accessions a montré la présence de variétés présentant des taux de solides solubles totaux supérieurs à 12°Brix, une acidité titrable inférieure à 0,90 % et un pH supérieur à 3, indiquant une haute qualité gustative. Cela suggère un potentiel pour des propriétés fonctionnelles améliorées et des avantages nutritionnels. L'analyse de la diversité moléculaire par SSR, qui s'est avérée polymorphe dans cette étude, a permis de distinguer entre les variétés clones (synonymes et homonymes) ainsi que de différencier les variétés locales des variétés introduites, bien qu'elle ait révélé une faible diversité parmi les variétés locales algériennes. Les résultats de l'expression génétique des caractères d'intérêt n'ont pas confirmé l'hypothèse initiale. L'étude de l'association génétique utilisant les méthodes GLM et MLM entre les traits de caractères étudiés et les 10 marqueurs SSR a révélé des associations significatives entre les traits biochimiques et morphologiques, mais aucune association avec les besoins en froid et en chaleur. Les futurs programmes d'amélioration devraient tenir compte de ces résultats. Des recherches supplémentaires à plus grande échelle sont nécessaires pour explorer la variation des traits analysés entre les accessions d'abricotiers cultivés.

Mots clés : changement climatique, floraison, SSR, diversité génétique, phénotype, abricotier.

Directeur de thèse : Douadi KHELIFI – Ecole Nationale Supérieure de Biotechnologie.

Co-directrice de thèse : Inès BELLIL – Université Constantine 1 Frères Mentouri.

Année Universitaire : 2024-2025