

Evaluation de la diversité agro-morphologique chez quelques populations algériennes de maïs (*Zea mays* L.) d'origine Saharienne

Azeddine CHEMLAL ⁽¹⁾, **Mohamed MEFTI** ⁽¹⁾ et **Mohamed KHERSI** ⁽²⁾

1 : Laboratoire des Ressources Génétiques et Biotechnologies, Ecole Nationale Supérieure Agronomique (d'El Harrach), Alger, Algérie.

2 : Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie, Station Expérimentale d'Adrar, Adrar, Algérie.

Email : a.chemlal@edu.ensa.dz

La diversité génétique est la base du développement durable et la création de nouvelles variétés pour les défis actuels et futurs qui se posent en raison des divers stress biotiques et abiotiques. Il existe une énorme diversité génétique encore non exploitée dans les populations locales de maïs, qui sont très prometteuses pour le développement de nouvelles variétés de maïs avec une résistance accrue aux stress abiotiques. La meilleure approche pour évaluer la diversité génétique des plantes est la caractérisation agro-morphologique. Dans la présente étude, 16 populations de maïs (*Zea mays* L.), collectées sur la base de l'origine géographique dans les oasis d'Adrar et de Timimoun au sud-ouest du Sahara algérien, ont été caractérisées sur la base de leurs caractères agro-morphologiques. Afin d'atteindre notre objectif, un essai a été mené en 2021 au niveau de la station expérimentale de l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique d'El Harrach. Les résultats relatifs à cette caractérisation ont révélé l'existence d'une grande diversité entre les populations. L'analyse de la variance a montré une différence très hautement significative ($p < 0.001$) entre les populations pour tous les caractères étudiés. Le coefficient de variation (CV%) était généralement faible ($\leq 17\%$) pour tous les caractères. L'analyse en composantes principales (ACP) a été soumise à des ensembles de données pour regrouper les populations et étudier la contribution des caractères étudiés à la variation phénotypique. Les deux premières composantes principales expliquent 83.56 % de la variabilité totale. Le dendrogramme de la classification ascendante hiérarchique (CAH) a permis d'identifier quatre clusters homogènes identiques à ceux identifiés par l'ACP. Ces informations seront utiles pour identifier les populations locales afin d'élargir la base génétique dans les pools génétiques des programmes d'amélioration du maïs. Des études supplémentaires utilisant des marqueurs moléculaires augmenteraient la connaissance de cette collection de maïs pour une conservation durable et une meilleure utilisation des ressources génétiques.

Mots clés : *Zea mays* L., diversité génétique, populations locales, caractérisation agro-morphologique.