

République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université Mentouri Constantine
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie
Département de Biologie Végétale et Écologie

THESE
Présentée

En vue de l'obtention d'un Magistère
en
Génomique et techniques avancées des végétaux

Intitulée :

**Étude sur des lignées recombinantes de tournesol (*Helianthus annuus* L.)
Et leur parents dans le cas du semis précoce : Effet du stress thermique et
hydrique sur l'identification d'éventuels QTLs adaptatif**

Numéro d'ordre :

Par :

M^{elle} : GHORIBI Nedjoua Nafissa

Soutenu le : 29 juin 2009

***Devant le jury :**

Président :	Mr. DJEKOUN. A	Professeur et Recteur de l'Université Mentouri, Constantine
Rapporteur :	Melle. YKLEF.N	Professeur à l'Université Mentouri, Constantine
Examineurs:	Mr. BENBELKACEM. A	Directeur de recherche à l'INRA. Constantine
	Mr. BOUZERZOUR. H	Professeur à l'Université Ferhat Abbas de Sétif
	Mr. GRIEU .P (Invité)	Professeur à l'ENSAT de Toulouse.

ANNÉE UNIVERSITAIRE 2008-2009

Remerciements

Mes plus sincères remerciements s'adressent tout d'abord à « Mme le Pr. Ykhlef Nadia », mon encadreur, pour la confiance qu'elle m'a accordée, pour son suivi et son soutien financier durant les différentes étapes de la réalisation de ce travail, et pour m'avoir permis de bénéficier d'un stage de formation à l'étranger dans le cadre du projet "Tassili". Grâce à elle, cette expérience de thèse a été pour moi très enrichissante, tant sur le plan professionnel que sur le plan humain.

Je tiens également à remercier profondément « Mr le Pr. Djekoune Abdelhamid », Recteur de l'Université Mentouri de Constantine et responsable de l'équipe Biotechnologie et amélioration des plantes, pour m'avoir aidée dans mon travail en mettant à ma disposition l'équipement de son laboratoire, pour son aide précieuse, son soutien et ses encouragements dans l'élaboration de ce travail. Je le remercie également de m'avoir fait l'honneur d'accepter de présider le jury de soutenance.

Je tiens aussi à remercier les membres du jury, Mr le Dr. BENBELKACEM.K, Mr le Pr BOUZERZOUR .H, et Mr le Pr. GRIEU .P qui ont accepté d'évaluer ce travail.

Un grand merci à « Mr Grieu Philippe » (Pr à L'ENSAT) pour m'avoir accueillie dans de son équipe et pour m'avoir permis de travailler au sein du laboratoire BAP de l'ENSAT de Toulouse, sans oublier, « Mr Maury Pierre » (Dr à L'ENSAT) et « Melle Allinne Clémentine » (doctorante à l'INRA) membre du même laboratoire pour leur contribution dans la réalisation de ce travail.

Je tiens aussi à exprimer ma profonde gratitude à « Mr le directeur de l'institut « C.N.C.S » d'El Baaraouia ainsi qu'aux personnels, pour la précieuse aide qu'il m'a fournie au niveau de mon expérimentation au champ, merci au directeur de l'institut «I.T.G.C » de l'ITGC.

Une pensée particulière va à « Mr le Pr. Hamana Djamel » ancien doyen de la faculté des sciences de l'université Mentouri de Constantine, pour ses encouragements et son aide morale et matérielle lors de mon travail de thèse, ainsi qu'à « Mr. Abbas Fouad », pour l'aide matérielle qu'il m'a apportée lors de mon travail.

Je voudrais également remercier tout le personnel de notre laboratoire à leur tête Mr « Belbekri Mohamed Nadir » notre ingénieur de laboratoire pour sa présence et son aide technique. Je remercie les étudiants 3ème Licence LMD en « Biotechnologie et génomique Végétales, promotion 2004 » pour leur aide au niveau de l'expérimentation au champ, ainsi que les tous les ouvriers, pour leur participation à ce travail

Un grand merci, à tous mes amis (es) : Fethia, Borhene, Sihem, Lilia, Lila, Sofia, pour leur aide au cours de mes expérimentations au champ et au laboratoire, ainsi qu'à toute personne que j'ai involontairement oubliée et ayant participé de près ou de loin dans ce travail.

Enfin, Mille mercis à ma famille, qui m'a soutenue durant toute la durée de mon travail, surtout à mon Père, ma Mère et mes Oncles, qui m'ont été d'un soutien humain et moral permanent. A mes cousins : Moudjib, Adib qui m'ont aidé matériellement, mes cousins : Hamza, Redha, Anis et Malik, qui étaient présents sur le terrain, ainsi qu'à tous les autres qui n'ont pas été cités et qui m'ont aidée moralement.

Titre : Étude sur des LIR de tournesol (*Helianthus annuus* L.) et leur parents dans le cas du semis précoce : Effet des conditions de stress thermique et hydrique sur L'identification d'éventuels QTL adaptatifs

Résumé :

Le présent travail fait partie des différentes stratégies agronomiques et génétiques envisagées pour le projet d'amélioration de la productivité du tournesol, notamment la possibilité d'une anticipation des semis (d'un ou deux mois) dans le but d'accroître le rendement et d'esquiver les contraintes hydriques et thermiques. L'objectif de ce travail est d'étudier la croissance et le développement d'une large gamme de géotypes de tournesol (PAC2, RHA266 et leurs descendances '98' lignées recombinantes 'LIR'). Les 100 lignées ont été cultivées au champ avec deux dates de semis (le 3 Mars et le 26 Mars). Plusieurs notations ont été effectuées : sur le plan phénologique « la durée de chaque stade de développement », sur le plan morphologiques « le nombre de feuilles, la position de la plus grande feuille, la surface foliaire à la floraison » et sur le rendement « en biomasse à la floraison et le rendement en graines ». Ces caractères ont également été analysés à l'échelle génomique par l'identification des QTLs. La comparaison entre les deux dates de semis, montre que, dans le semis anticipé il y a eu une augmentation de la durée du stade de semis-levée ainsi que du stade végétatif suite aux basses températures subies, le premier semis ayant mieux bénéficié d'un important apport en eau (pluies et neiges) ; ceci s'est répercuté sur le nombre de feuilles et sur la surface foliaire à la floraison, contrairement au semis témoin. Néanmoins, les fortes chaleurs, et cela, vers la fin du cycle de développement ont affecté les variables de rendement au niveau des deux semis. L'identification des QTLs pour les caractères phénologiques étudiés et pour les caractères morphologiques, nous offre une opportunité d'étudier le tournesol dans le cadre d'une sélection assistée par marqueurs. Nos résultats sur le plan de la variabilité génotypique entre semis sont significativement différents, en faveur du semis anticipé. Ceci nous permet de dire que, semer plus tôt, permettrait la sélection des géotypes les plus performants en fonction de notre climat, pour une éventuelle introduction de cette culture dans notre système agricole.

Mots clés : Tournesol, semis anticipé, contrainte thermique et hydrique, variabilité génétique, QTLs.

Title : Study on sunflower (*Helianthus annuus* L.) LIR and their parents in the case of early sowing: Effect of thermal and water stress conditions on the identification of adaptive QTLs.

Abstract:

Our work is part of the various agronomic and genetic strategies envisaged in the project to improve the productivity of sunflower, including the possibility of early planting (one or two months before) in order to increase efficiency and to dodge the water and thermal restraints. The objective of this work is to characterize the growth and development of a wide range of genotypes of sunflower (PAC2, RHA266 and their descendants 98 recombinant inbred lines RIL). The 100 lines were grown in field with two planting dates (March 3rd and March 26th). Several notations were made: first on the phenological stage « the duration of each stage of development » in second on the morphological stage « the number of leaves, the position of the largest leaf, leaf area at flowering » and thirdly on the yield « biomass at flowering and seed yield ». These characters were also analyzed at the genomic level by identifying QTLs. The comparison between the two planting dates, shows that the early planting date increasing the duration of the sowing stage and the vegetative stage following the low temperatures suffered, despite the first sowing date received better water supply (rain and snow); This, has increasing the number of leaves and leaf area at flowering stage, contrary to the late sowing date. However, high temperature, affected the performance yield in the two sowing dates. The identification of QTLs for the phenological and morphological characters as part of a marker-assisted selection, offers us an opportunity to study the sunflower. Our results in terms of genotypic variability between the two sowing dates are significantly different with the advantage in early sowing. This, allows us to say that sow earlier, allow the selection of genotypes with the highest performances depending of our climate, for possible introduction of this culture in our agricultural system

Keywords: Sunflower, early sowing, heat stress and water stress, genetic variability, QTLs.

Les abréviations utilisées dans ce travail

- **BMF** : Biomasse à la Floraison
- **DbFFF C°J** : Début de Floraison-Fin de Floraison en degrés jours efficace.
- **FFMP C°J**: Fin de Floraison - Maturité Physiologique (remplissage du grain)
- **LF C°J** : Levée Floraison en degrés jours efficace
- **LIR** : Lignées Recombinantes
- **LOD** : Représente la position du QTL sur le génome.
- **MPMR C°J** : Maturité Physiologique – Maturité Récolte.
- **NF** : Nombre de Feuilles
- **PAC2** : lignée Parentale
- **PMG** : Poids de Mille Grains
- **PPF** : Phase Post – Floraison
- **PPGF** : Position de la Plus Grande Feuille
- **PV** : Phase Végétative
- **QTL** : Quantitative trait loci
- **RHA266** : lignée Parentale
- **R²** : Pourcentage de variation phénotypique
- **SAM** : Sélection assistée par marqueurs
- **SF** : Surface Foliaire totale à la floraison
- **SL C°J** : Semis- Levée en degrés jours efficace.
- **SPG** : Surface de la Plus Grande feuille
- **T base** : Température de base à 4,8°C (zéro de végétation utilisé).
- **UE** : Unité Expérimentale

SOMMAIRE

	Page
INTRODUCTION GENERALE	8
 CHAPITRE I : ETUDE BIBLIOGRAPHIQUE	
1. PERSPECTIVES DU MARCHE MONDIAL DES OLEAGINEUX	11
2. ETAT DU MARCHE MAGHREBIN ET PERSPECTIVES	13
3. ÉTAT DES CONNAISSANCES	14
3.1. Le tournesol (<i>Helianthus annuus</i> L.)	14
3.2. Botanique et écophysologie du tournesol	15
3.2.1. Botanique du tournesol	15
3.2.2. Cycle du développement	16
3.2.3. Les atouts du tournesol	19
3.3. Principaux facteurs limitant la culture du tournesol	21
3.3.1. Le déficit hydrique et stress thermique	21
3.3.2. Les maladies et ravageurs	22
3.3.3. Les pratiques culturales	23
4. La génétique au service de la sélection variétale chez le tournesol	24
4.1. Le rôle des conduites culturales dans la sélection du tournesol	25
4.2. Le rôle de la génétique dans la sélection du tournesol	26
4.3. L'utilisation des QTLs comme outils de sélection	27
4.3.1. Les caractères quantitatifs	27
4.3.2. Le « QTL » ou « Quantitative Trait Loci »	27
4.3.3. Établissement de la carte génétique	29
 CHAPITRE II : MATERIEL ET METHODES	
2.1. Matériel et méthode	31
2.1.1. Matériel végétal	31
2.1.2. Dispositif expérimental et conditions de culture	32
2.1.2.1. Site et dispositif expérimental	32
2.1.2.2. Culture et conduite de l'essai (champ)	33
2.1.2.3. Stade de mesure et paramètres étudiés	34

2.1.2.3.1. Les paramètres phénologiques	34
2.1.2.3.2. Les paramètres morphologiques	35
2.1.4. L'étude génétique de nos génotypes et détection des QTLs	38
2.1.4.1. Étude statistique des données	38
2.1.4.2. Logiciel QTL Cartographer et le logiciel WINQTLCart	39
2.1.5. Recherche des QTLs	39
2.1.5.1. Interaction QTLs x Milieu et interaction QTLs x températures	41

CHAPITRE III : RESULTATS ET DISCUSSION

3. SYNTHÈSE DES RESULTATS	42
3.1. Effet de la date de semis	42
3.2. Effet de la date de semis sur la phénologie	42
3.2.1.1. Sur la durée du cycle végétatif	42
3.2.1.2. Sur les différents stades de développement	46
3.2.2. Effet de la date de semis sur la morphologie	48
3.2.2.1. Sur le nombre de feuilles	49
3.2.2.2. Sur la position de la plus grande feuille	52
3.2.2.3. Sur la surface foliaire à la floraison	57
3.2.2.4. Sur la biomasse à la floraison	63
3.2.2.5. Sur le poids de mille grains	67
3.2.3. Les relations entre morphologies et rendement	73
3.2.4. Effet de la date de semis sur la variabilité génotypique	76
3.3. LA DÉTECTION DES « QTLs »	80

CONCLUSION ET PERSPECTIVES	88
----------------------------------	----

ANNEXE

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

INTRODUCTION GENERALE

Lors de la conférence mondiale pour la nutrition (2004) sous la direction de la FAO, il a été reconnu qu'en l'an 2015, la malnutrition et la famine seront à leur plus grand niveau, pour cela un but essentiel a été fixé, à savoir : la réduction de 50% de la famine qui touche une population de 600 millions d'habitants essentiellement dans les pays en voie de développement, et l'un des moyens le plus rapide et le plus efficace serait d'augmenter la production agricole de ces pays pour essayer de subvenir à la demande sans cesse croissante de la population. (Santaniello. 2005).

Lentement mais inexorablement, les avancées fondamentales qui ont révolutionné les sciences de la vie au cours des dix dernières années, ont transformé le secteur de l'agro-alimentaire (ce que l'on peut, à juste titre, qualifier de vital pour l'humanité), ce dernier a enregistré une amélioration fulgurante de ses performances se traduisant souvent par des gains quantitatifs et qualitatifs pour le consommateur et ce grâce à l'utilisation des biotechnologies végétales. L'agriculture et les secteurs industriels qui lui sont associés doivent renforcer leur compétitivité et assumer les nouvelles exigences en terme de qualité des produits, en terme de modes de production et aussi de modes de transformation. Il apparaît nécessaire d'ouvrir la voie à de nouveaux débouchés de la production agricole en répondant aux exigences de la qualité.

Dans le secteur mondial des oléagineux, qui regroupe le Colza, le soja, le tournesol, le lin, l'arachide, le coton et autres cultures, le tournesol occupe plus de 20% de la production mondiale. Cette dernière a plus que doublé depuis 1973 : elle est estimée à près de 318 millions de tonnes en 2001/02, contre 128 en 1973-74 (Amsol. 2001). La demande mondiale, sur le marché, des graines oléagineuses et des huiles est forte. Le tournesol y tient une part essentielle puisqu'il représente 10% de la production des graines et 12% de la production d'huile; la première culture oléo-protéagineuse étant le soja avec plus de 50% de la production mondiale (FAO).

Le tournesol est maintenant cultivé le plus souvent dans des milieux où la ressource en eau est très variable et souvent déficitaire dès la floraison. En dépit de son bon comportement face à la sécheresse, il subsiste une importante fluctuation interannuelle du rendement et de la teneur en huile, et c'est une culture dont on attend des performances environnementales au travers d'une valorisation des milieux difficiles.

La consommation et les importations diffèrent selon le pays, par exemple dans les pays du Maghreb, l'huile de soja domine au Maroc et en Tunisie, alors que les huiles de tournesol et de colza sont plus importantes en Algérie. Dans ces trois pays, existent des projets de développement de la production d'oléagineux, tout en assurant une certaine stabilité de la production intérieure, ils devraient permettre d'ajuster les soutiens entre oléagineux et céréales en fonction des prix relatifs sur le marché international, pour en tirer le meilleur parti (Bessaoud, 1994).

En Algérie, les productions oléagineuses qui représentaient (1500 T) en 1970–74 et (1140 T) en 1978–83 ont disparu totalement de la nomenclature des statistiques algériennes. Mais ces dernières années on assiste à une véritable révolution agricole dans le domaine des oléagineux, qui sont sujets à de multiples études approfondies en vue de leur réintroduction dans notre système agricole, surtout que notre pays se caractérise par des hivers froids et humides et des étés chauds et secs.

La mise au point d'un itinéraire technique passe d'abord par le choix de variétés adaptées aux objectifs fixés par la demande sans cesse croissante du marché mondial (productivité, critère de qualité...) et aux contraintes du milieu (tolérance aux stress biotiques et abiotiques) (Meynard *et al.*, 1997). Dans le cas de conduites techniques classiques du tournesol, des contraintes environnementales fortes (déficit hydrique, contraintes thermiques) peuvent coïncider avec des phases critiques du cycle de développement (floraison, remplissage du grain). C'est notamment le cas de la phase de floraison qui se déroule durant une période d'occurrence de déficit hydrique.

Notre travail consiste à la mise en place d'une stratégie « d'évitement » ou « d'esquive » de ce type de contraintes. Le principe est simple : afin d'éviter les sécheresses prolongées et les déficits hydriques, qui coïncident avec la floraison et le remplissage des grains, où, elles peuvent causer des dommages irréversibles, nous allons pour cela, nous orienter vers un « **semis anticipé** » d'un ou de deux mois (Février-Mars) afin d'éviter ces périodes conjoncturelles des déficits hydriques et ainsi prolonger la période du cycle avec un fort niveau d'assimilation.

Notre but sera, d'étudier l'expression de la variabilité génétique des différents génotypes (**98** lignées recombinantes et leurs parents **PAC2** et **RHA266**) sous l'effet des températures assez froides durant les premières phases de développement et sous l'effet des fortes chaleurs vers la fin du cycle. C'est dans ce cadre là, que notre étude revêt une grande importance pour sa contribution dans le développement de cette culture dans notre pays. Nous allons commencer par analyser l'impact de notre l'environnement sur le plan agronomique et sur le plan génétique, par l'utilisation de la technique des QTLs pour identifier des marqueurs de caractères d'intérêts, qui seront éventuellement un résultat de l'interaction (résistance, adaptation..) entre le milieu et ces génotypes, afin de contribuer à la sélection du tournesol.

I- PERSPECTIVES DU MARCHÉ MONDIAL DES OLEAGINEUX

Selon les prévisions, la production mondiale d'oléagineux devrait encore augmenter en 2005/2006. Étant donné que les disponibilités d'huile et de farine devraient être supérieures à la demande, l'on s'attend à une augmentation des réserves de graines d'oléagineux et de produits dérivés. L'utilisation croissante d'huile et de matières grasses à des fins autres qu'alimentaires a une influence de plus en plus importante sur le marché.

Le commerce des graines oléagineuses et des produits dérivés devrait s'intensifier, mais un ralentissement de la croissance est probable pour le soja et l'huile de palme, tandis que la fermeté des prix et les épizooties ont freiné le développement des échanges.

La Chine continue d'importer de grandes quantités de graines, d'huile et de farines, tandis que les importations d'huile de l'UE augmentent, car une large part de la production intérieure est utilisée pour les biocarburants. Les exportations de soja des pays d'Amérique du Sud sont également en progression, suite à une diminution des expéditions des États-Unis (FAO.2006).

Les estimations font également état d'une hausse de la production mondiale de la plupart des autres cultures oléagineuses, qui atteindrait des niveaux pratiquement record, notamment pour ce qui est des graines de tournesol, mais aussi des graines de colza et de palmiste.

La Fédération de Russie ainsi que l'Ukraine ont engrangé des récoltes record de graines de tournesol (11.650 millions de tonnes), l'Argentine (3.900 millions de tonnes), l'Union Européenne (3.974 millions de tonnes) et l'Europe de l'Est (2.110 millions de tonnes) (Maïsador, 2005) rendant compte de l'accroissement de la superficie plantée, auquel viennent s'ajouter des rendements exceptionnels.

Avec une production mondiale oscillant autour de **(30 M de tonnes)** (tableau.1), et un rendement moyen de 12.9 q/ha, le tournesol est l'une des grandes espèces oléagineuses de la planète. Les atouts internationaux de l'espèce sont sa richesse en huile (45% de la graine), sa résistance à la sécheresse et plus généralement son faible besoin en intrants.

Ces caractéristiques correspondent parfaitement à la demande sociétale actuelle vis à vis de l'agriculture.

Tableau 1. Production mondiale de tournesol dans le monde
(National Sunflower Association 2008)

Graines de Tournesol						
Offre mondiale et Répartition						
Dates	2002/03	2003/04	2004/05	2005/06	2006/07	2007/08
					Reçu	Prévision
Surfaces récoltées (1,000 HA)	19,941	22,820	21,254	22,944	23,912	22,824
Rendement (MT/HEC)	1.2	1.18	1.23	1.32	1.26	1.23
Production de graines						
Argentina	3,340	2,980	3,730	3,840	3,350	4,500
Europe (autres)	2,019	2,670	2,250	682	764	520
Union Européenne	3,718	4,070	4,069	5,717	6,388	4,668
China	1,946	1,820	1,700	1,830	1,850	1,780
Russie /Ukraine	7,194	9,348	8,001	11,390	11,650	9,800
Etats-Unis	1,112	1,209	930	1,720	997	1,310
inde	1,060	1,160	1,300	1,490	1,380	1,420
Turquie	830	560	640	780	820	640
Autres	2,738	3,069	3,555	2,852	2,854	3,344
TOTAL	23,957	26,886	26,175	30,301	30,053	27,982
Importateurs de graines						
Turquie	700	630	518	391	495	370
Union Européenne	1,007	1,077	481	686	659	340
Autres	137	579	300	437	765	312
TOTAL	1,844	2,286	1,299	1,514	1,919	1,022
Exportateurs de graines						
Argentina	232	44	99	45	64	85
Etats-Unis	122	138	117	155	156	139
Russie /Ukraine	524	1,251	73	595	500	110
Autres	1,062	879	902	755	1,211	670
TOTAL	1,940	2,312	1,191	1,550	1,931	1,004

La demande mondiale sur le marché des graines oléagineuses et des huiles est de plus en plus forte. Avec une production de plus de **50%**, le soja est la première culture oléoprotéagineuse. Le tournesol tient aussi une part essentielle puisqu'il représente **10%** de la production des graines et **12%** de la production d'huile.

Le tournesol doit donc, impérativement améliorer ses performances agronomiques pour rester compétitif vis à vis des autres cultures oléagineuses, pour cela, une collaboration est plus que nécessaire entre les différentes institutions de recherche agronomiques et de développement sur cette espèce, afin de répondre aux demandes du marché sans cesse grandissante.

II- ETAT DU MARCHE MAGHREBIN ET PERSPECTIVES

Tous fortement dépendants de l'extérieur pour leur approvisionnement en produits oléagineux, et de façon croissante, les trois pays du Maghreb présentent des profils très contrastés quant aux flux caractérisant leur marché. La Tunisie est un exportateur tout à fait important d'huile d'olive, de l'ordre de 100 000 tonnes/an sont exportées (avec des fluctuations assez fortes : la mauvaise récolte de 2002 a fait chuter les exportations à environ 20 000 tonnes). Mais, pour approvisionner son propre marché, elle recourt en grande partie à l'importation de d'autres huiles. Pour les tourteaux, ils sont entièrement importés.

Le Maroc, quant à lui, est le seul pays ayant développé une trituration et une production de graines oléagineuses significatives. Ainsi, le tournesol national contribue à l'approvisionnement du marché, bien que de façon limitée : guère plus de 5 % des huiles sur la période 2000-2002. L'Algérie quant à elle, importe en totalité des produits transformés, huiles brutes et tourteaux, et n'est guère exportatrice à ce jour. En Algérie, c'est l'huile de tournesol qui domine. Elle affiche une tendance à la hausse, contrariée en 2002 par une forte progression de l'huile de colza, devenue la deuxième huile sur le marché. En Algérie, dans le cadre du Plan National de Développement Agricole récemment élaboré, il est question, dans les zones reconnues pour présenter un bon potentiel de développement de ces cultures, d'offrir une prime à la production des oléagineux. (Benassi .J.L *et al.*, 2004).

Dans notre pays, l'objectif majeur est de développer des productions locales de tournesol pour permettre, à la fois de répondre aux importants besoins en huiles de la population et de diversifier les cultures pour un meilleur équilibre des assolements. A cette fin, AGROPOL, l'organisme de coopération international de filières françaises des huiles et protéines végétales, a signé, en septembre 2002, un accord cadre avec l'institut algérien chargé des oléagineux afin de mettre en place un partenariat scientifique et technique pour le développement des cultures des oléagineux sur notre territoire.

III- ETAT DES CONNAISSANCES :

3.1. Le tournesol (*Helianthus annuus*. L)

Le tournesol, *Helianthus annuus* L. (Figure 1) est une plante de la famille des Asteraceae (composées) (Schilling & Heiser, 1981). Allogame, entomophile. C'est une espèce diploïde ($2n = 34$ chromosomes) et annuelle. Le genre *Helianthus*, originaire d'Amérique du Nord, renferme plusieurs espèces réparties en 4 sections selon la classification de Heiser (1969) nommées *divaricati* (30 espèces), *annui* (13 espèces), *ciliares* (6 espèces) et *fruticosi* (17 espèces). Deux espèces sont exploitées à des fins alimentaires : *H. tuberosus* L. (le topinambour) et *H. annuus* L. qui est le tournesol cultivé. (Abou-Al-Fadil, T. 2006).

Originaire d'Amérique du Nord la plante est introduite par les marins de Cortes en Europe vers le milieu du XVIème siècle, et grâce aux travaux d'Arthur Bunyan, qui a au point une méthode d'extraction de l'huile à partir des graines de tournesol, cette culture révéla son intérêt nutritionnel et se développa considérablement. Elle s'étendit alors à l'ensemble de l'Europe au cours du XIXème siècle, et plus particulièrement en Russie, où furent réalisés les premiers travaux de sélection. (National Sunflower Association. 2008).

Elle est considérée actuellement comme la première plante annuelle cultivée spécifiquement pour ses graines riches en huile mais aussi pour ces tourteaux riches en protéines végétales utilisés dans l'alimentation des animaux.



Fig. 1: *Helianthus annuus* .L (Ghoribi. El-Baaraouia. 2007).

3.2. Botanique et écophysiologie du tournesol :

3.2.1. Botanique du tournesol :

Le tournesol appartient à la famille des Composées (Astéracées), du genre *Helianthus*, espèce *annuus*. Le genre *Helianthus* comporte environ 70 espèces dont 2 sont cultivées pour l'alimentation animale et humaine : *H. annuus* (tournesol), *H. tuberosus* (topinambour). (Anonyme.2). C'est une grande plante annuelle, à tige très forte et peu ramifiée, pouvant atteindre jusqu'à 4 m de hauteur. Les feuilles simples, ovales, alternées, sauf à la base où elles sont parfois opposées, elles ont un pétiole plus ou moins long et elles sont rudes au toucher. Les capitules, réceptacles floraux sont charnus et ont tendance à se renverser après la floraison, les capitules peuvent atteindre 30 à 40 cm de largeur. Ils sont entourés d'un involucre à bractées ovales avec un sommet pointu. Les fleurs extérieures ligulées et sont disposées sur un seul rang, sont de couleur jaunes.

Les fleurs centrales en tube sont jaunes pâles mais insérées dans des bractées pailletées plus sombres qui donnent au disque central qui est stérile de couleur noire (tâche stérile). La racine principale est pivotante elle peut atteindre une longueur de (1m50 à 2 m).

Le tournesol est sujet au phénomène de **l'héliotropisme** avant la floraison. Ce phénomène agit sur la croissance de la tige en fonction de l'éclairement. Il permet aux feuilles de garder tout au long de la journée une exposition optimale au soleil. Au début de la floraison, la fleur pointe définitivement dans la direction Est/Sud - Est (Anonyme.2).

C'est une plante entomophile (dont les principaux pollinisateurs sont les abeilles et les bourdons), et également auto-fertile. Au centre du capitule les fleurs ne donnent généralement pas de fruit, formant la « **tache stérile** ». La disposition des fleurs centrales (ou fleurons), ou des graines, sur le réceptacle dessine des spirales répondant aux règles de la phyllotaxie, tournant soit dans le sens des aiguilles d'une montre, soit en sens inverse.

Les fruits sont des **akènes** surmontés par deux écailles en arête. Ces **akènes** sont à péricarpe membraneux, de couleur blanchâtre à noirâtre, souvent striés. Le péricarpe (coque ou écale) est non soudé à la graine, représente de 18 à 40% du poids du fruit, il entoure une amande contenant 55 à 70% d'huile. L'amande est le lieu de stockage des réserves de la graine nécessaires au développement de l'embryon. La graine de tournesol accumule essentiellement deux types de substances de réserve, les protéines et les lipides, représentant respectivement environ 20 et 50% de matière sèche graine. Les 38% restant reviennent aux carbohydrates et minéraux (14%), à l'eau (9%) et à la cellulose (15%).

Poussée par la demande des consommateurs pour une alimentation plus saine, la filière huile a développé de nouvelles valorisations alimentaires axées sur des critères définis (type d'acides gras, tocophérols, phytostérols, etc...) permettant d'améliorer les propriétés nutritionnelles des huiles végétales. L'huile de tournesol, riche en acides gras mono et poly-insaturés, correspond parfaitement aux recommandations nutritionnelles actuelles.

3.2.2. Cycle de développement :

Le cycle de développement du tournesol est défini par des stades repères (Figure 2) qui correspondent généralement à l'apparition successive de caractères morphologiques déterminés.

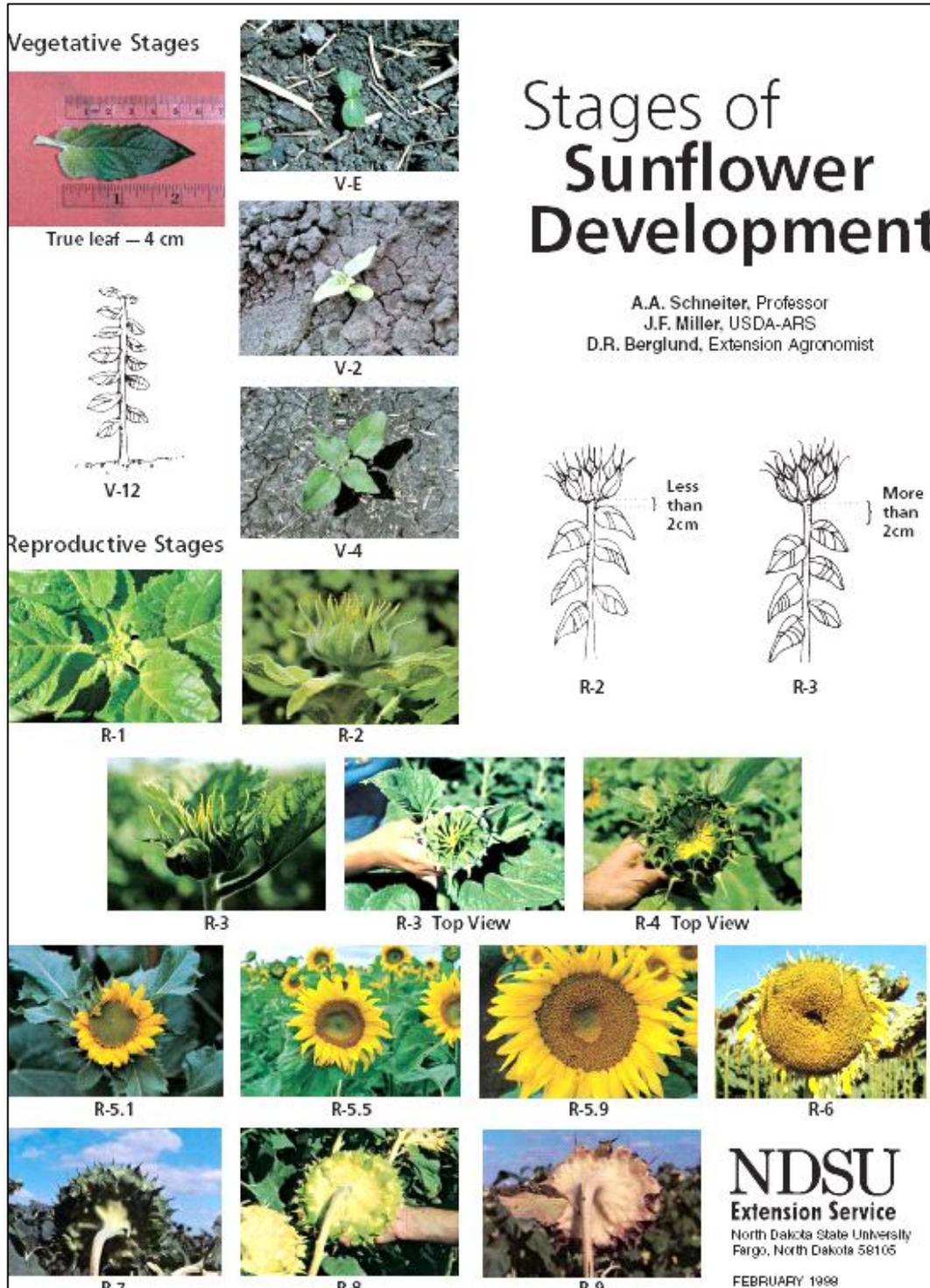


Fig.2 les différents stades de développement du tournesol selon Schneiter and Miller, 1981

Le cycle complet du tournesol dure de **120 à 150** jours selon la précocité du cultivar. Dans ces conditions et sur la base d'un zéro végétatif théorique de **6°C** (CETIOM. 2003), les exigences en sommes de températures varient de **1600 à 1700 °C J**. La floraison débute généralement entre le 65^{ème} et le 70^{ème} jour après la levée. Cinq périodes clés codifiées en stades repères peuvent être distinguées (Schneiter and Miller, 1981) :

- **Phase semis – levée (VE) :**

Elle dure de 7 à 20 jours selon l'humidité du lit de semences et la température du sol. L'exigence thermique à la levée est d'au moins **4°C** (Aiken, 2005). La levée est effective lorsque les plantules marquent la ligne de semis.



- **Phase levée – stade 5 paires de feuilles (V1, V2...V4) :**

C'est l'étape capitale pour la réussite de la culture, c'est la phase d'installation du système racinaire qui est le plus sensible aux accidents de structure du sol (généralement dus aux erreurs de labour). En même temps, et durant cette période, il y a la mise en place des ébauches foliaires et surtout florales, l'apport en eau est primordial, car il peut être une véritable source de variation de l'initiation foliaire.



- **Phase 5 paires de feuilles – début de floraison (R1, R2, ...R5) :**

C'est la phase exponentielle de croissance de la culture qui dure généralement entre 40 et 50 jours et où l'absorption est maximale pour les éléments minéraux du sol. Le rythme de la formation de la matière sèche peut atteindre 200Kg/Ha/J. la croissance de la surface foliaire est spectaculaire, elle atteint son maximum à la fin de cette phase de même que la croissance du système racinaire.



- **Période de floraison (R5, ...R5.9) :**

Elle varie de 15 à 21 jours selon les cultivars au niveau d'une même parcelle cultivée, et pour une plante donnée elle dure environ 9 jours (± 1 jour). Elle se caractérise par une faible croissance et une grande sensibilité au déficit hydrique et aux contaminations des capitules (puits principal pour les assimilats) par les spores du champignon du genre de *Sclerotinia*.



- **Période de remplissage des graines et maturité physiologique (R6, ...R9) :**

Elle se caractérise par une faible augmentation de la matière sèche à cause d'une redistribution des assimilats avec une migration des réserves, une synthèse active des acides gras à partir des acides aminés qui proviennent de la dégradation des protéines des feuilles et des tiges. La maturité physiologique est atteinte lorsque les graines sont à 28% d'humidité environ.



3.2.3. Les Atouts du tournesol :

La sélection chez le tournesol s'est orientée dans un premier temps vers l'amélioration du rendement par la recherche de variétés à forts potentiels de production. Les méthodes classiques de sélection du tournesol utilisées par les sélectionneurs étaient la sélection massale, la sélection généalogique et la sélection récurrente. Le tournesol étant allogame, la sélection nécessite l'utilisation d'hybrides F1 afin de faire évoluer les performances des variétés nouvelles.

Cette culture se distingue par :

- **Une préservation des ressources en eau :** capable de s'adapter à la sécheresse, tout en restant productif, le tournesol est cultivé dans la pratique sans irrigation. Cette culture a en effet l'avantage de mieux valoriser l'eau que les autres cultures d'été plus gourmandes en ressources hydriques au moment des grosses chaleurs. Ces adaptations peuvent être résumées comme suit :

- **Un appareil racinaire performant :** Le tournesol est doté d'une longue racine pivotante capable d'aller explorer les profondeurs du sol. Lorsqu'elle ne rencontre pas d'obstacle, elle peut venir puiser l'eau et les éléments nutritifs situés à **2 mètres** de profondeur.
- **Une culture capable de supporter une diète hydrique modérée :** La feuille de tournesol est dotée de nombreux stomates de grande taille ayant la particularité de rester ouverts même lorsque l'air est faiblement humide. Mais lorsque les ressources en eau sont limitées, le tournesol est, malgré tout, capable de poursuivre sa production de matière sèche bien plus longtemps que les autres cultures.

En l'absence d'irrigation, des études ont montré que le rendement du tournesol n'était pénalisé que de 34 %, alors que le soja, le maïs et le sorgho souffraient bien d'avantage avec des pertes pouvant atteindre les 80 %.

- **L'effet dopant d'une sécheresse modérée :** Des conditions de sécheresse modérée au cours de la phase végétative peuvent même se révéler bénéfiques. Elles provoquent en effet chez la plante un mécanisme d'endurcissement lui permettant de mieux tolérer d'éventuels stress hydriques ultérieurs. En effet, quand la plante a le temps de s'acclimater au stress hydrique, certains phénomènes métaboliques se mettent en place aboutissant à un meilleur remplissage des graines.
- **De faibles besoins en azote :** à partir du stade « bouton » une carence en azote peut être préjudiciable au rendement en diminuant le nombre de graines formées. Jusqu'au début de la floraison, l'azote est essentiellement stocké dans les feuilles et les tiges pour venir s'accumuler ensuite dans les graines. Attention aux excès ! En cas de sur-fertilisation azotée, la plante, très riche en azote, attire d'autant plus les parasites et est sujette à des maladies (telles que le Sclerotinia, le Phomopsis et le Botrytis) et accentue le risque de verse.
- **L'espèce bénéficie d'une large variabilité génétique :** Le tournesol, du genre *Helianthus*, possède de très nombreuses espèces sauvages apparentées. Elles constituent d'ailleurs une précieuse source de diversité génétique exploitable par les sélectionneurs pour créer de nouvelles variétés.

L'INRA de Montpellier a progressivement mis en place une grande collection d'espèces sauvages, l'une des plus complètes au monde avec celle du Texas et celle de Cordoba en Espagne.

- **Culture peu gourmande en intrants :** la consommation de fertilisants et de produits phytosanitaires est très modérée, ce qui est demandé le plus souvent ces derniers temps par les marchés mondiaux suite aux exigences des consommateurs. (Proléa ; Cétiom. 2002).
- **Plante riche en huile :** Seule ou combinée à d'autres, l'huile de tournesol peut répondre à de nombreuses exigences du secteur agro-alimentaire. Seule, elle est utilisée par l'industrie alimentaire pour la fabrication de sauces, assaisonnements ou pour la friture; mais c'est en mélange qu'elle présente le plus d'intérêt pour l'alimentation (Delplanque *et al.*, 2000). Apparues dans les années 90, les huiles combinées résultent de l'assemblage de plusieurs huiles comportant des propriétés nutritionnelles différentes et complémentaires. Par exemple, le couple huile de tournesol/huile de colza renferme des teneurs importantes en deux acides gras polyinsaturés essentiels que seule l'alimentation peut fournir (acide linoléique, C18:2, pour le tournesol, et l'acide linoléique, C18:3, pour le colza). A partir de ces deux acides gras essentiels, l'organisme est capable de synthétiser d'autres acides gras à longues chaînes: pour l'acide linoléique il synthétise l'acides gras oméga 6 et pour l'acide linoléique, les acides gras oméga 3.

3.3. Principaux facteurs limitant la culture du tournesol:

Plusieurs facteurs peuvent d'une manière directe ou indirecte avoir un impact sur la culture de tournesol, ils interviennent à des stades différents du développement de la plante ainsi, les dégâts peuvent être assez importants. Parmi ces facteurs limitant, les plus importants seraient : le déficit hydrique (stress hydrique), ce dernier est généralement présent suite à un autre facteur limitant qui est les hautes températures (stress thermique) et entre ces deux facteurs, on trouve les maladies qui atteignent les cultures, telles que: le mildiou, le phomosis, le sclerotinia et le phoma...etc., les ravageurs (Pucerons, limaces, taupins...etc.) ainsi que les pratiques culturales.

3.3.1. Le déficit hydrique et le stress thermique:

En sachant qu'il est peu probable que le tournesol ainsi que d'autres cultures puissent bénéficier d'un apport en eau important dans les années à venir à cause du réchauffement climatique qui s'annonce, plusieurs recherches ont été faites et sont en cours afin d'analyser l'impact de la sécheresse sur ces cultures.

Le stress hydrique est un facteur limitant de la croissance des plantes et la production végétale, induit diverses réponses biochimiques et physiologiques chez les plantes. La teneur en eau relative (TER) ou retention water capacity (RWC) et le potentiel hydrique (Ψ_w) et ses composantes : le potentiel de turgescence (Ψ_t) et le potentiel osmotique (Ψ_s), sont les paramètres les plus employés pour évaluer l'état hydrique des plantes. (Kiani, 2007).

La plupart des études attribuent à la disponibilité en eau une action déterminante et explicative dans l'élaboration du rendement chez le tournesol par son impact (i) sur la surface assimilatrice de la plante caractérisée par l'indice foliaire (LAI, ratio de la surface foliaire sur la surface au sol), (ii) sur la durée de fonctionnement de la surface foliaire (caractérisée par le LAD (Leaf Area Duration) et enfin, (iii) sur le taux d'assimilation de carbone des feuilles étroitement associé au fonctionnement photosynthétique des feuilles (Merrien *et al.*, 1981b).

Les phases de la croissance peuvent avoir une certaine plasticité dans leurs réponses et sont influencés par les conditions externes (la lumière, la température, le taux de CO₂...) (Bohnert, H.J., *et al.*, 1995), la photopériode et la température peuvent changer le temps requis dans le procédé de développement de tournesol. (Aiken R. M., *et al.*, 2005).

Les hautes températures peuvent avoir aussi un effet sur le poids de 1000 grains et sur la composition d'huile des graines. Quel que soit le génotype et les conditions d'irrigation, et à partir de 20°C il y a une décroissance de la teneur en huile en fonction de l'élévation de température entre le début de la floraison et le remplissage du grain, mais quand la température dépasse 24°C les différences sont significativement fortes pour les génotypes oléiques. (Bouniols A., Roche J., 2004).

3.3.2. Les maladies, les ravageurs:

Avec le développement de la culture du tournesol, plusieurs maladies ont émergé, provoquant des dommages plus ou moins importants. Ainsi, dans les années 1960, la pourriture grise du capitule (*Botrytis cinerea*), puis le Mildiou (*Plasmopara halstedii*) ont causés des dégâts considérables.

D'autres champignons devenaient préoccupants de par leur extension progressive (*Sclerotinia sclerotiorum* et *Macrophomina phaseoli* Maulb.) Au cours de ces vingt-cinq dernières années, le Phomopsis (*Phomopsis helianthi*) et le Phoma (*Phoma macdonaldii*) sont sur le devant de la scène. (Darvishzadeh, R., 2007).

La réussite des programmes de sélection pour la création de nouvelles variétés et hybrides résistants aux maladies nécessite l'existence d'une variabilité génétique pour les caractères souhaités. Malheureusement, cette variabilité est souvent manquante. Cependant, des mutations peuvent être induites artificiellement et générer une grande variabilité génétique dans la population provenant de la mutagenèse (Brunner, 1995).

Les ravageurs peuvent à leur tour avoir un effet plus au moins important selon le stade où ils peuvent intervenir, parmi ces derniers, les plus connus chez le tournesol on note :

- **Les pucerons** : La salive toxique du puceron provoque une déformation et une crispation des feuilles lors des piqûres d'alimentation sur le tournesol.
- **Les limaces** : Elles provoquent des trous au milieu des limbes et des encoches sur les bords, respectant en général les nervures, Les gros dégâts surviennent principalement par temps humide, les plantes jeunes sont particulièrement sensibles. Et dans certains cas, les limaces peuvent jouer un rôle dans la propagation d'agents pathogènes fongiques.
- **Les taupins** : Leurs attaques peuvent diminuer la vigueur de la culture par un affaiblissement de son système racinaire et provoquer des pertes de rendement importantes.

3.3.3 Les pratiques culturales :

Les pratiques culturales ont un impact assez important sur les cultures, elles peuvent accroître ou diminuer le rendement. Le tournesol, qui est une plante gourmande en eau ; si celle-ci est fournie en abondance, il a tendance à la gaspiller. De même un bon travail du sol, permet un bon enracinement et donc une diminution de la sensibilité au déficit hydrique.

Le tournesol est une culture qui valorise des quantités limitées en eau et en azote. C'est une bonne tête d'assolement, mais pour tirer le meilleur de cette culture (rendement, qualité des huiles et tourteau) il faut commencer par une bonne implantation. L'impacte de ces techniques culturales est primordial, en effet, quelques procédures sont de rigueur pour optimiser la culture:

- Choisir la variété, qui doit être résistante aux maladies (mildiou, sclérotinia, phoma...), précoce, productive et avec une bonne teneur en huile.
- Choisir la parcelle passe par le type de sol, en faisant des analyses physicochimiques et granulométriques afin de palier aux manques des éléments minéraux.
- Bien travailler le sol : il doit être bien ressuyé en limitant aussi le nombre de passage (effet de tassement).
- Connaître l'historique du sol avec les précédents culturaux, les meilleurs étant : le blé, le maïs et encore le pois chiche. Une bonne rotation des cultures limite les risques de contamination des maladies et une diminution du nombre de ravageurs spécifiques.
- maîtriser la densité du semis, c'est un facteur important de composante de rendement. Il faut semer à 75 000 graines/ha pour atteindre un objectif de 50 000 à 60 000 plantes/ha. En effet, pour la dose de semis, on prend en compte les pertes subies à la levée (conditions de semis défavorables...) et lors des désherbages mécaniques, de l'ordre de 10 à 20 %. (CETIOM. 2003).

4. La génétique au service de la sélection variétale chez le tournesol :

4.1. Le rôle des conduites culturales dans la sélection du tournesol :

L'amélioration de la productivité du tournesol repose sur deux approches complémentaires : l'optimisation de la conduite culturale d'une variété d'intérêt et la sélection de génotypes présentant des caractéristiques remarquables. La mise au point d'un itinéraire technique, passe par, le choix d'une variété adaptée aux objectifs de la production (productivité, critère de qualité...) et adaptée ou tolérante aux contraintes du (stress biotiques et abiotique). (Meynard *et al.*, 1997).

La sélection du tournesol a fourni des variétés résistantes aux principaux pathogènes (mildiou, phomopsis) tout en progressant sur la productivité et de manière moins nette sur la teneur en huile (Vear *et al.*, 2003). Depuis 1960, avec l'obtention de la stérilité mâle cytoplasmique (Leclercq, 1969), les progrès issus de la sélection d'hybrides ont permis de doubler la production mondiale du tournesol en seulement 20 ans. L'accent a été mis sur la sélection pour la résistance aux maladies responsables d'importantes pertes de rendement (phomopsis, sclérotinia, mildiou, orobanche et Phoma) et a conduit à la création d'hybrides de plus en plus résistants (Leclercq 1970. Skoric 1985. Citer In Kiani. 2007; Gentzbittel *et al.*, 1998).

Dans la même optique, des auteurs se sont intéressés à la synchronisation de la floraison entre génotypes de façon à optimiser la pollinisation pour l'obtention des hybrides F1 (Somasekahara *et al.*, 2000) possédant le type de caractères voulus.

Flagella *et al* en 2002, ont essayé de mettre en évidence l'impact du semis précoce et du régime hydrique sur le changement de composition du rendement de la semence et sur la composition en acides gras (graines de tournesol à haut potentiel oléique) sur des hybrides de tournesol. Aboudrare *et al* en 2000, ont mené une étude sur le semis précoce du tournesol, en cherchant une stratégie de conduite de cette culture afin de, tirer le meilleur

Plusieurs simulations ont concerné les effets du travail du sol (stock hydrique, différentes profondeurs de sol), de la date du semis, de la précocité variétale et de la densité de peuplement, selon différent semis dans la région méditerranéenne de Mekhnès (Maroc). De

plus, les travaux de Roche. (2005), ont démontré l'action conjuguée des contraintes agro-environnementales et des potentiels variétaux sur la composition de la graine de tournesol, et qu'ils pourraient être un facteur clé dans la sélection variétale.

4.2. Le rôle de la génétique dans la sélection du tournesol :

Les génotypes sélectionnés sur la seule base des caractères phénotypiques peuvent ne pas donner les résultats escomptés parce que ces caractères sont fortement influencés par les conditions environnementales. L'utilisation de marqueurs moléculaires pour choisir des génotypes avec des caractères souhaitables par la 'sélection-assistée par marqueurs' ou (SAM) s'est avérée efficace chez certaines espèces.

Une carte génétique est une représentation des chromosomes d'une espèce, faite à l'aide de marqueurs génétiques, polymorphe et facile à suivre dans chaque individu, d'une descendance issue d'un croisement contrôlé. Les marqueurs utilisés aujourd'hui sont essentiellement des marqueurs moléculaires et un certain nombre de techniques de marquage moléculaire sont utilisées dans le domaine de la sélection végétale. Il s'agit principalement des techniques suivantes:

- a)- Les marqueurs RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*)
- b)- Les marqueurs dérivés de la PCR :
 - 1- RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)
 - 2- AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*)
 - 3- SSR (*Simple sequence repeat*)
 - 4- SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*)

Autres types de marqueurs en plus des marqueurs moléculaires sont utilisés dans les travaux d'amélioration des plantes, parmi eux : les marqueurs biochimiques (isozyme, protéine) : les protéines étudiées sont généralement les protéines constitutives de la plante, elles peuvent être facilement extraites et analysées.

Les isoenzymes correspondent aux différentes formes d'une enzyme représentée par les différents allèles, ce qui permet de révéler le polymorphisme entre individus (Anonyme 3).

Les marqueurs moléculaires sont en effet très précieux, car ils permettent de tester rapidement les variétés et de retenir celles qui possèdent les caractéristiques recherchées. Dans certains cas, la présence de marqueurs fiables, permet au sélectionneur de s'affranchir de certains tests de détections. La sélection assistée par marqueurs (SAM) est en effet utilisée pour repérer les caractères agronomiquement intéressants comme le rendement, ou la résistance aux maladies.

Dans notre étude sur les différentes lignées de tournesol et l'effet du semis précoce et des basses températures au début du cycle et les hautes températures vers la fin du cycle, nous avons utilisé la sélection assistée par marqueurs 'QTL' comme outil dans la description des réponses de ces lignées face aux différents types de stress subis.

4.3. L'utilisation des QTL comme outil de sélection :

4.3.1. Les caractères quantitatifs :

Les caractères d'intérêt généralement étudiés sont majoritairement quantitatifs et s'opposent aux caractères qualitatifs mendéliens qui sont des caractères discrets et discontinus, leur expression est gouvernée par un ou deux gènes. Par contre, les caractères quantitatifs sont le résultat de l'expression de plusieurs gènes qui influencent partiellement le caractère (De Vienne et Causse, 1998).

Les caractères quantitatifs sont caractérisés par leur **héritabilité ou (h^2)**. C'est la part de variance phénotypique d'origine génétique, le reste de la variance étant imputable à l'environnement et à la méthodologie suivie lors des prises de mesures sur l'expérimentation. C'est le degré de confiance dans la prédiction de la valeur génétique par la valeur phénotypique (Gallais, 1990). De nombreux paramètres jouent sur la détection des QTLs, notamment la taille de la population, qui conditionne fortement la puissance des tests statistiques et la précision des estimations, l'héritabilité du caractère (la puissance de détection diminue quand l'héritabilité est faible).

4.3.2. Le « QTL » ou « Quantitative Trait Loci » :

Un 'QTL' ou 'quantitative trait locus' est un locus contrôlant la variation d'un caractère quantitatif. Il est le reflet de l'expression du génome pour le caractère étudié dans une condition donnée (Morot-Gaudry et Briat, 2004). Les QTLs sont utilisés dans l'identification des zones du génome impliquées dans le contrôle d'une variation d'un caractère quantitatif.

Le **nombre de QTL détectés** dépendra directement de la population étudiée, de sa taille, du nombre de marqueurs génétiques cartographiés ainsi que du choix des parents de la population; il dépendra aussi du nombre de gènes impliqués et leur effet sur le caractère (Gallais et Rives. 1993). Il est difficile de détecter plus de 12 QTL pour un caractère et en général, on en détecte moins (Kearsey & Farquhar. 1998).

L'environnement est un facteur clé qui peut avoir une incidence importante sur l'effet des QTL, ils peuvent apparaître et disparaître ou avoir des effets différents en fonction des lieux et des années (Touchard C, 2006). D'après De Vienne et Causse (1998), Il y a deux types de QTLs généralement identifiés :

- **QTLs généralistes** ou constitutifs, ils sont toujours détectés dans tous les types de milieux.
- **QTLs spécialistes** ou adaptatifs, ils sont détectés seulement dans certains milieux et sous certaines conditions environnementales (selon les stress subis ou imposés).

Le QTL est défini par sa position sur le génome représenté par le LODscore, par son intervalle de confiance. Mais un QTL est aussi caractérisé par son action sur le caractère. Cette action est évaluée par l'ampleur de l'influence de ce QTL sur le phénotype observé. Pour cela, on calcule **la part de variation phénotypique ou R^2** . Un R^2 de 0.15 signifie que 15% de variation phénotypique est due à ce QTL.

La disponibilité d'un très grand nombre de marqueurs moléculaires permet facilement de construire des cartes génétiques qui couvrent tout le génome d'une espèce donnée. Ces

cartes peuvent être utilisées pour l'identification des régions génomiques qui contrôlent les caractères quantitatifs (détection des QTL). (Casasoli. 2004).

4.1.3. Établissement de la carte génétique :

La construction d'une carte génétique s'appuie sur le concept de liaison génétique élaboré en 1913 par Sturtevant, thésard du généticien Morgan, qui a établi pour la première fois une carte génétique à partir de données de ségrégation (Sturtevant, 1913). Dix ans plus tard, Sax (1923), dans une étude menée sur un croisement contrôlé entre deux variétés de haricot, trouva une association statistique entre un caractère qualitatif et un caractère quantitatif, qu'il expliqua grâce à la liaison génétique entre le locus responsable du caractère qualitatif et l'un des locus contrôlant le caractère quantitatif. Il s'agit évidemment du premier QTL (« Quantitative Trait Locus ») détecté (Casasoli. 2004).

La carte génétique utilisée dans notre étude nous a été fournie par le laboratoire de biotechnologie et d'amélioration des plantes (BAP) de Toulouse (INP-ENSAT-Toulouse). Elle a été mise en place suite à l'utilisation d'une population de lignées recombinantes (**LIR**) issues du croisement entre '**PAC-2**' et '**RHA-266**'.

La construction d'une carte génétique consiste à rechercher des zones du génome contrôlant des caractères quantitatifs (QTL pour Quantitative Trait Loci) associées à des marqueurs (polymorphes). Il s'agit d'une mise en relation statistique entre les valeurs moyennes d'un caractère et les formes alléliques d'un marqueur.

Dans le cas du tournesol, cette espèce a été prise comme modèle pour étudier le rôle de l'hybridation naturelle dans l'évolution adaptative, en utilisant une approche QTL (Rieseberg *et al.*, 2000 ; Rieseberg *et al.*, 2003). Les résultats ont montré que l'hybridation entre espèces peut jouer un rôle dans l'adaptation à des environnements extrêmes grâce à la combinaison des allèles à effet phénotypique opposé provenant de deux parents.

La méthode la plus courante consiste à analyser une population (de 100 à 200 génotypes) de lignées fixées (lignées recombinantes ou F8) obtenues par autofécondations successives d'individus F2 issus du croisement de deux lignées parentales contrastées.

La population ainsi obtenue est génotypée grâce à l'établissement d'une carte génétique relativement dense. Chez le tournesol, la première carte génétique a été établie en se basant sur des marqueurs RFLP (Gentzbittel *et al.*, 1995), une deuxième carte génétique du tournesol a été construite dans le même laboratoire par Flores Berrios *et al.*, (2000b). Par la suite, cette carte génétique a été actualisée par l'ajout de 459 SSRs (Tang *et al.*, 2002. In Kiani 2007).

Suite à ces nombreuses cartes génétiques établies, une autre carte a été créée ; cette dernière était complétée avec d'autres marqueurs (Rachid Al-Chaarani *et al.*, 2004). Kiani *et al* (2007) ont par la suite amélioré encore une fois cette carte et établi une nouvelle carte basée sur 191 nouveaux SSRs et 304 nouveaux AFLPs. Pour cela, ils ont analysé 1173 marqueurs SSR développés par différents laboratoires aux Etats Unis (ORS), en France (SSU et SSL) et en Argentine (HA). Cette nouvelle carte a une longueur de **1824.7 cM** (1cM= 10^6 pb ou paires de bases) et une densité d'un marqueur tout les 3.7cM.

Les groupes de liaisons ont été nommés en comparant les positions des SSRs communs entre cette carte et la carte génétique référence du tournesol construite par Tang *et al.*, (2002). L'incorporation de 157 nouveaux SSR dans cette carte a permis d'augmenter la précision de détection de QTLs pour les différents caractères analysés.

Par ailleurs, cette nouvelle carte génétique a l'avantage de présenter un nombre de groupes de liaisons (17) égal au nombre de chromosomes (17) du tournesol, ce qui n'était pas le cas pour les cartes initiales. Cette dernière va fournir un outil génétique de base important pour l'analyse des caractères quantitatifs et qualitatifs chez *Helianthus annuus* L. néanmoins, la carte génétique est en perpétuel renouvellement. Concernant la cartographie génétique il ne faut pas oublier, que l'addition de nouveaux marqueurs à une carte déjà établie entraîne parfois des changements de l'ordre des marqueurs cartographiés auparavant.

2. MATERIEL ET METHODES

L'accord entre le laboratoire de Génétique, biochimie et biotechnologies végétales de l'Université Mentouri de Constantine et le laboratoire Agro-systèmes cultivés de l'ENSAT de Toulouse entre dans le cadre du projet **Tassili**. (Projet N° 06 MDU 691).

2.1. Matériel végétal :

98 lignées recombinantes (**LIRs**) d'*Helianthus annuus* L., ainsi que leurs parents ont été utilisées dans notre expérimentation ; ces lignées recombinantes ont été créées par la méthode **SSD** (Single Seed Descent) à partir du croisement entre les génotypes 'PAC2' et 'RHA266' (Planche.1). Les graines nous ont été fournies par le laboratoire de biotechnologie et d'amélioration des plantes (BAP) de Toulouse (INP-ENSAT-Toulouse), dans le cadre de la collaboration entre universités.

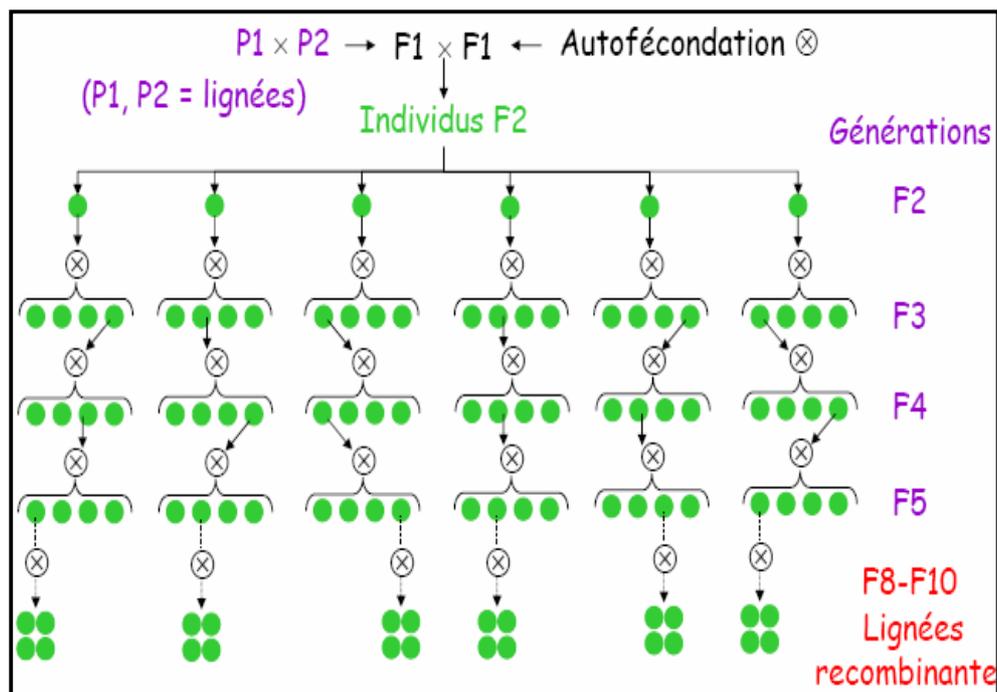


Planche.1. Obtention des lignées recombinantes (LIR)

2.2. Dispositif expérimental et conditions de culture :

2.2.1 Site et dispositif expérimental :

L'expérimentation a été conduite au niveau de la station expérimentale du **CNCC (Centre National du Contrôle de Certification)**, dans la région d'El-Baaraouia la zone d'El-Khroub; la localisation géographique du site est : (36°16'17.65"N; 6°40'13.01"E).

Chaque génotype a été semé sur deux lignes de **3 mètres** de long distantes chacune de **50 cm**, avec une densité de « **1** » graine tous les **25 cm** pour un total de **44** graines par unité expérimentale (**Planche.2**) dans le but d'avoir un nombre minimum de 24 plantes par unité expérimentale après le démariage. Les génotypes ont été distribués aléatoirement à l'aide d'un logiciel de statistique « R », chaque semis étant composé de 3 répétitions avec des blocs randomisés (dispositif de Fisher) (**Planche.3**). Un suivi du développement a été assuré et toutes les observations morphologiques ont été notées, du stade de l'émergence des cotylédons jusqu'au stade de la récolte des graines et cela pour les deux dates de semis (Précoce et Témoin).

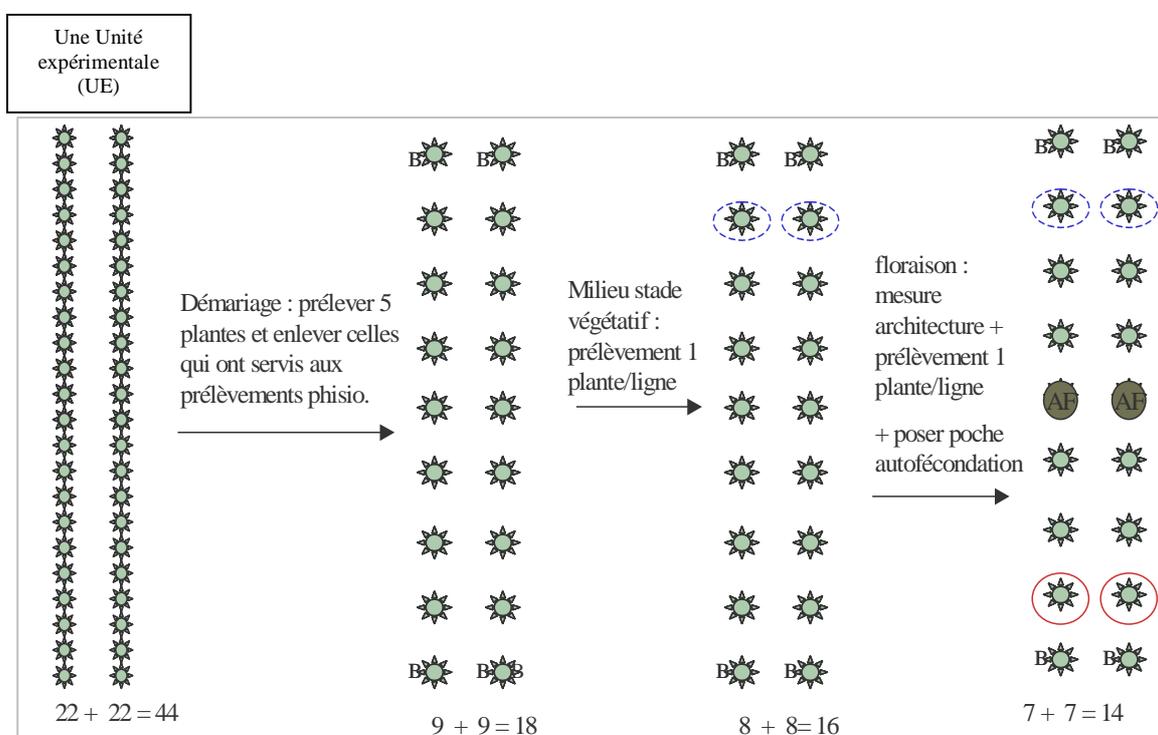


Planche.2. Schéma du dispositif utilisé pour l'expérimentation



Photo.1. Le dispositif utilisé dans l'expérimentation (G.N. El Baaraouia. 2007)

2.2.2. Culture et conduite de l'essai (champ) :

Le choix du modèle d'étude utilisé dans le suivi de l'expérimentation a été élaboré suivant un autre modèle utilisé par le CETIOM (**Planche.3**). Les géotypes ont été mis en culture dans les conditions naturelles du champ.

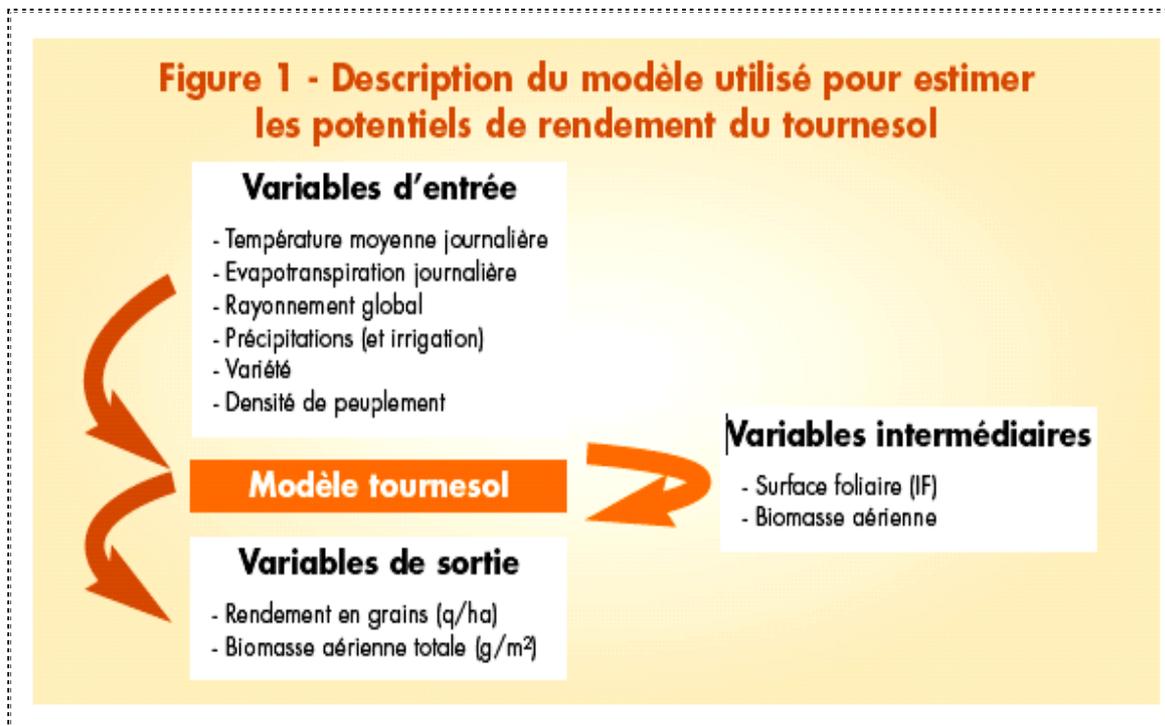


Planche. 3: Un modèle pour un suivi de rendement du tournesol

98 lignées recombinantes en plus de leurs deux parents '**PAC2**' et '**RHA266**' ont été utilisées afin d'étudier, l'effet du stress thermique (basses et hautes températures) suite à l'avancée de la date de semis et l'impact du stress hydrique sur les derniers stades de développement (floraison, maturité physiologique et maturation du grain (récolte) en conditions naturelles, sans engrais et avec un minimum d'arrosage, juste vers la période de floraison afin de maintenir un minimum de productivité (graines) et pour avoir le moins d'impact sur la culture.

2.3. Stade de mesure et paramètres étudiés :

2.3.1. Les Paramètres phénologiques :

Différents paramètres ont été étudiés en nous basant directement sur les stades de développement du tournesol suivant la description de Schneiter and Miller (1981). Les différentes phases étudiées sont représentées en **degrés jour (C°J)**, c'est la somme de température nécessaire afin d'arriver à chaque phase de développement au niveau de chaque semis. Un suivi permanent a été assuré ; nous avons fait des relevés à chaque phase, en notant, le début la fin et la durée de chacune d'elles en fonction des sommes de températures enregistrées.

2.3.2. Les paramètres morphologiques et architecturaux :

L'objectif de ces mesures est d'évaluer l'effet du semis anticipé (précoce) sur ces caractéristiques du début à la fin de chaque stade du cycle de développement, ainsi, plusieurs mesures ont été faites :

- au moment de la floraison (où 50 % des plantes de la parcelle ont fleuries) on a mesuré la longueur et la largeur de la plus grande feuille (en cm).
- nous avons procédé aussi au comptage du nombre total de feuilles d'une plante par unité expérimentale et à la notation de la position de la plus grande feuille
- nous avons calculé la surface foliaire de la plante (en cm²) à la floraison.
- nous avons pesé (en g) la biomasse totale par plante au moment de la floraison et estimé le rendement du poids de 1000 graines (en g).

Pour les mesures de l'architecture du tournesol, il s'agira d'expliquer l'interaction génotype-environnement ; elles ont été effectuées sur nos deux semis (témoin et précoce) quand un génotype a atteint le stade de floraison (50% des plantes du génotype ont fleuri).

On a choisi une plante représentative du génotype, compté son nombre total de feuilles (sans oublier celle du bas, même si elles sont flétries ou complètement sèches), par la suite on a identifié la plus grande feuille et noté sa position par rapport au nombre total de feuilles en partant du bas (**Planche.4**).

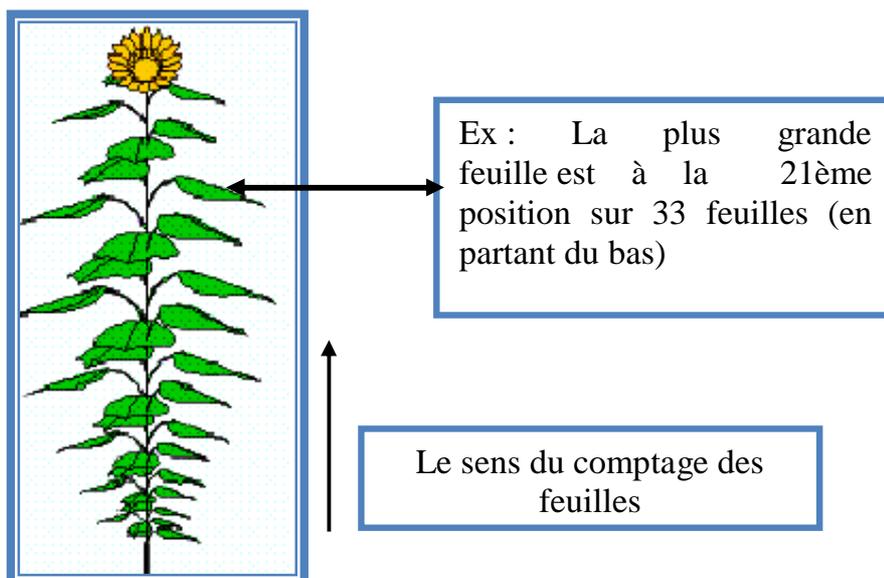


Planche.4. Méthode de mesure de l'architecture de la plante.

Par la suite, nous avons procédé à un autre type de notations sur la plus grande feuille, par la mesure de sa longueur et de sa largeur à l'endroit le plus large (**Photo.2**), afin de pouvoir calculer sa superficie totale qui nous aidera plutard pour les autres mesures morphologiques à calculer la surface foliaire à la floraison.

Généralement ce genre de mesures architecturales rentre dans ce que l'on appelle la modélisation des plantes. C'est un nouveau procédé utilisé par plusieurs chercheurs Rey.H et *al.*, 2004., Casadebaig .P et *al.* 2007) pour le tournesol, afin d'estimer l'absorption lumineuse et le rendement en biomasse de la plante (Planche.5).

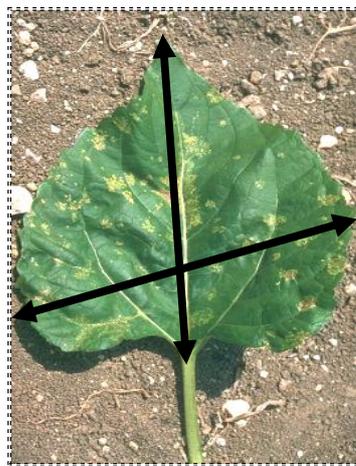


Photo 2. Mesure de la longueur et de la largeur de la plus grande feuille (en mm)

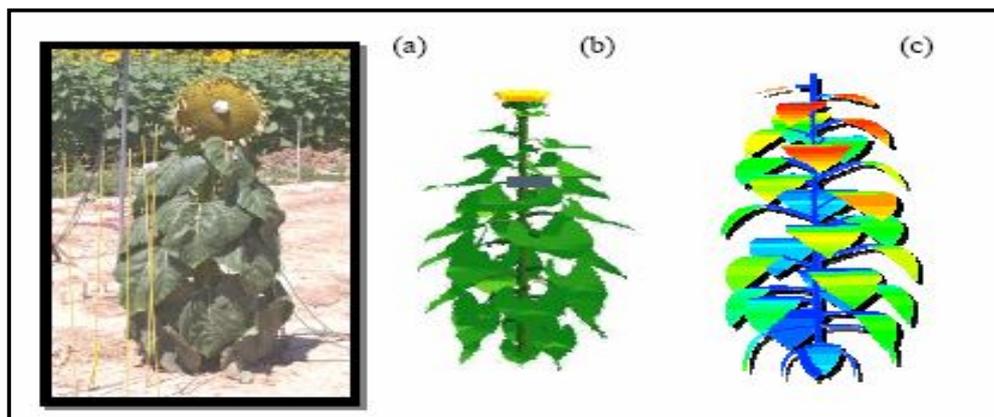


Planche 5. De gauche à droite, (a) une photo d'un plan de *Helianthus annuus* L. var. Albena cultivé dans des conditions de champ, (b) la correspondance en 3D par simulation numérique, (c) la carte simulée de l'absorption des radiations. Selon Rey et *al.*, 2004.

Le calcul de la biomasse à la floraison se fait une fois toutes les autres mesures morphologiques et architecturales terminées; ensuite, il faut couper la plante à la base et la mettre dans l'étuve pendant 48h à 80°C ; Une fois séchée, elle sera pesée.

En plus de ces mesures, on a réalisé sur tous les génotypes une auto-fécondation avec un minimum de « 2 » plantes par UE, qui nous serviront par la suite à renouveler le matériel génétique et à faire le dosage des qualités d'huile selon chaque génotype. En effet, pour mesurer la teneur en huile de chacun il ne faut pas qu'il y ait fécondation croisée sinon, on ne peut pas faire la différence entre la part liée à la mère et la part liée au père pour le dosage des huiles. Pour cela, il faut poser des poches (**Photo.3**) avant que la floraison n'ait commencée (**Photo.4**).



Photo 3 : Le stade idéal pour poser les poches d'autofécondation



Photo 4. Les sacs d'autofécondation (G.N, El Baaraouia. 2007)

2.4. Étude génétique des lignées étudiées et détection des QTLs :

La recherche des QTLs utilise souvent des lignées recombinantes (LIR) cultivées dans des environnements différents, afin de mieux exploiter ce pool génétique et d'arriver à une meilleure sélection variétale.

Plusieurs logiciels de calculs statistiques sont utilisés afin de traiter au mieux les données et par la suite permettre l'identification et la détection de QTLs d'intérêt. L'utilisation de marqueurs liés physiquement aux allèles des QTLs contrôlant la variation d'un caractère quantitatif doit permettre d'accumuler beaucoup plus rapidement dans un même génome les gènes favorables.

2.4.1. Étude statistique des données :

Pour le traitement des données recueillies au niveau des deux semis (Précoce et Témoin), on a utilisé trois logiciels d'analyses statistiques : en premier lieu le logiciel « **R** », afin de répartir aléatoirement les différents génotypes dans la parcelle expérimentale, en suite, le logiciel **MINITAB** (Version 13.31) dans les différentes phases de traitement des données et en complément d'analyse, un autre logiciel statistique : **SPSS** (Version 15.0) a été utilisé afin de compléter et mieux valoriser les analyses pour une meilleure interprétation.

Pour ce qui est du type d'analyses effectuées sur les données, on a fait des comparaisons entre les différentes moyennes, à l'intérieur de chaque semis et entre chaque semis, on a effectué par la suite des analyses de variances (ANOVA) entre les différentes variables étudiées « surface foliaire à la floraison, la biomasse à la floraison, le nombre de feuilles par semis, la position de la plus grande feuille ainsi que le poids de mille grains ».

Plusieurs corrélations ont été faites également entre ces différentes variables et entre les différentes phases de développement mesurées en degrés jours (**C°J**) en utilisant comme température de base 4.8°C (Granier *et al.*, 1998). Enfin, nous avons illustré les résultats en utilisant des graphiques (boîtes à moustaches ou boxplots, des graphiques de nuages points ou simple-scatter...etc.).

2.4.2. Logiciels QTL-Cartographer et le logiciel WinQTLCart :

Les fichiers des résultats ont été transformés de la forme Excel à la forme texte *.txt puis en forme (*.raw) après avoir précisé le nombre de variables en haut du fichier, le logiciel sera ainsi capable de lire les données et de les analyser ; on peut, par la suite lancer l'analyse. Ce logiciel est constitué d'un ensemble de programmes de cartographie. Il permet l'analyse des populations en ségrégation ainsi que les lignées recombinantes (RILs).

On a fait une recherche de QTLs seulement pour les caractères (variables) ayant montré des différences statistiquement significatives; on a utilisé pour cette détection d'éventuels QTLs, deux logiciels de cartographie : le premier « QTL-cartographer Version 1.17e » qui nous a permis de trouver les QTLs pour les variables étudiées, on a obtenu deux types de QTLs: **constitutifs et adaptatifs**. Par la suite on a procédé à un tri pour ne choisir que les QTLs adaptatifs en fonction des conditions expérimentales, ou plus exactement seulement ceux qui sont détectés au niveau du semis précoce. Le logiciel utilisé en second lieu est le WinQTLCart (Version 2.5), ce dernier est utilisé pour représenter les QTLs sur les groupes de liaison où ils ont été détectés et cela de manière graphique.

Nous avons utilisé la carte génétique du tournesol (année 2006) fournie par le laboratoire d'amélioration des plantes de Toulouse (BAP- ENSAT de Toulouse) ; elle se caractérise par la présence de 17 groupes de liaison; grâce à ce procédé, nous pourrions facilement mettre en évidence les QTLs et d'éventuelles co-localisations entre différents QTLs (selon les variables).

2.5. Recherche des QTLs :

Rechercher des QTLs en condition de stress (basses et hautes températures et stress hydrique) est en fait, un test statistique ; plusieurs méthodes de détection de QTLs sont couramment utilisées (Broman et Speed, 2002 ; Collard *et al.*, 2005) : L'analyse des variances est la méthode la plus simple. Le logiciel statistique SPSS (version 15.0) a été utilisé pour ces calculs.

Une comparaison des résultats de variance est faite entre les deux semis, si les variances sont différentes entre elles (significatives pour un niveau de $\alpha=0.05$) alors il pourrait y avoir un QTL qui expliquerait cette différence.

Dans notre étude, la recherche des QTLs a été effectuée grâce au logiciel **QTL-Cartographer** version 1.16 en utilisant le modèle 6 (**CIM** : Composit Interval Mapping) (Basten *et al.*, 1999). Ce modèle prend en considération deux paramètres : le nombre de marqueurs qui contrôlent le fond génétique et l'intervalle qui limite les deux côtés du marqueur détecté. Cette procédure rend l'analyse plus sensible à la présence de QTLs dans l'intervalle ciblé pour rechercher les QTLs liés aux caractères morphologiques et agronomiques des plantules.

Dans la cartographie des QTLs deux méthodes sont généralement utilisées : la première méthode est la cartographie à simple intervalle (simple interval mapping **SIM**) prend en compte la carte génétique et l'intervalle entre marqueurs adjacents ; il est alors possible d'évaluer la position d'un QTL par rapport à un marqueur. La deuxième, est la cartographie à intervalle composite (Composit interval mapping **CIM**) ; elle combine la cartographie d'intervalle par régression linéaire et ajoute des marqueurs génétiques comme co-facteurs au modèle **SIM**. Cette méthode permet de s'abstenir des QTLs les plus forts pour détecter d'éventuels QTLs aux effets plus faibles qui auraient été masqués par les premières méthodes (Touchard, 2006).

Pour les cartographies d'intervalle, les résultats sont présentés sous forme de LODscore (Logarithmic of odds) qui représente la position du QTL sur le génome.

$$\text{LOD} = \log \frac{\text{probabilité qu'un QTL soit présent à cet endroit du génome}}{\text{probabilité qu'il n'y ai aucun QTL à cet endroit du génome}}$$

Par exemple, un LOD de **2** signifie que la présence d'un QTL en un point donné est **100** fois plus probable que son absence, un LOD de **3** signifie que la présence d'un QTL est **1000** fois plus probable etc....

En plus de sa position définie par le LOD, un QTL est aussi défini par son action sur le phénotype du caractère étudié ; cette part de variation phénotypique définie par ce dernier est désignée par R^2 , par exemple un R^2 de **0,15** signifie que **15%** de la variation phénotypique du caractère est due au QTL détecté.

D'autres paramètres peuvent aussi définir l'action du QTL : l'effet de dominance et d'additivité ; cette dernière est calculée en fonction des valeurs moyennes des génotypes homozygotes parentaux. Dans notre cas, une valeur positive de l'additivité signifie que ce QTL est issu du parent **RHA266** et une valeur d'additivité négative signifie qu'elle est héritée du parent **PAC2**.

2.5.1. Interaction QTLs x milieu et interaction QTLs x températures :

L'étude de la réponse d'un caractère dans un milieu donné nous conduit à observer ce dernier dans plusieurs autres et à analyser la présence et /ou l'effet des QTLs qui peuvent être à l'origine des variations. Dans notre expérimentation cette différence entre milieux se caractérise par notre choix de deux dates de semis, l'une précoce et l'autre témoin. En fonction de ces différences entre les dates (pour mettre en évidence l'effet du froid au début du cycle et l'effet de la chaleur et de la contrainte hydrique vers la fin du cycle), nous pouvons distinguer deux types de QTLs :

- Des **QTLs constitutifs** : qui sont détectés dans les deux cas de culture (pour les deux dates de semis) ou dans n'importe quelles conditions expérimentales.
- Des **QTLs adaptatifs** : qui seront le résultat d'un effet plus au moins important du milieu sur le génotype en question.

Un effet d'interaction QTLs x environnement peut donc se définir comme une différence significative de l'effet des allèles sur le phénotype, en fonction des milieux (Touchard. 2006). Pour mieux affiner l'étude sur les QTLs, l'interaction QTLs x environnement peut être fractionnée en différentes composantes, dont la température (Campbell *et al.*, 2004 ; Crossa *et al.*, 1999 ; Li *et al.*, 2003). Il sera alors possible de déterminer avec précision s'il existe une interaction entre les QTLs et la température.

3. RESULTATS :

3.1. Effet de la date de semis

3.1.1. Effet de la date de semis sur la phénologie:

Selon les stades de développements du tournesol Schneiter and Miller (1981) : (semis-levée, levée - floraison, floraison, remplissage du grain, et maturité récolte) pour l'interprétation des résultats obtenus, nous avons décidé de regrouper les cinq phases du cycle du tournesol en deux phases principales :

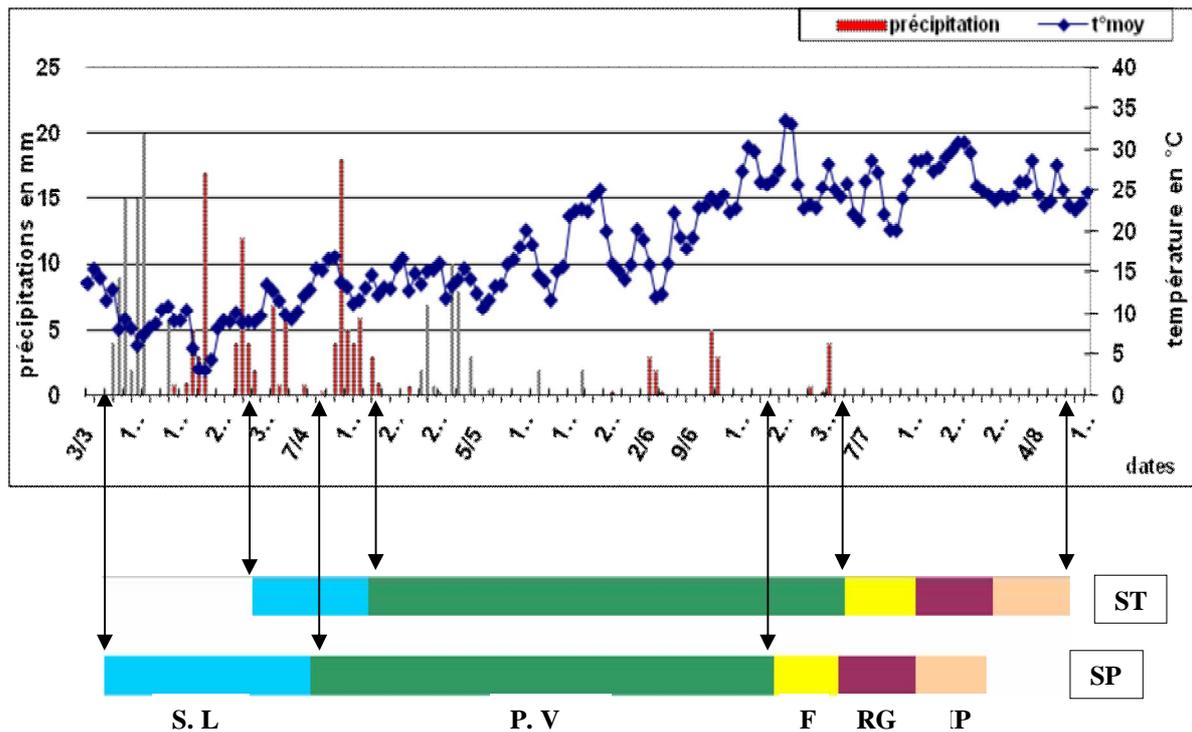
- **phase végétative** : dans la quelle on additionne les stades du semis jusqu'au début de la floraison).
- **phase post-floraison** : dans laquelle on additionne les derniers stades de la fin floraison jusqu'à la récolte.

3.1.1.1. Effet de la date de semis sur la durée du cycle végétatif :

La figure.1, montre une nette différence entre la phase (**S.L**) du semis témoin et du semis précoce, cette phase est d'une durée plus longue (**32** jours) pour le semis précoce contre (**18**jours) pour le semis témoin, et la différence entre les deux phases est de **14** jours.

De même, si on considère la totalité de la partie végétative (**SL+PV**), elle est également plus longue durant le semis précoce (**104** jours) que durant le semis témoin (**92** jours) avec une différence de seulement **12** jours entre les deux dates de semis.

Cette différence de la phase végétative entre les deux dates de semis peut être expliquée, par les différences de la température moyenne durant ces phases (**PV**), car, pour le semis précoce, la température moyenne est de 14°C contre 17°C pour le semis témoin. Goyne *et al.*, 1989 ont mis en évidence que les différences dans la température dans différents expérimentations étaient responsables de différents taux de développement.



S.L : semis/ levée, P.V : Phase végétative, F : Floraison, R.G : Remplissage du grain, M.P : Maturité physiologique, SP : semis précoce, ST : semis témoin

Figure. 1. Durée des phases de développement (jours) en fonction de la température moyenne avec une $T_{base} = 4.8^{\circ}C$

En somme de températures en degrés jours (CJ°) nécessaires pour la phase végétative, on note des valeurs respectives de **979 CJ°** et **1135 CJ°** pour le semis précoce et pour le semis témoin. Cette valeur élevée dans le semis témoin est proportionnelle aux températures élevées enregistrées durant cette phase végétative, contrairement à celles du semis précoce où les températures étaient nettement plus basses au début du cycle même si sa durée est plus longue.

Pour la phase post-floraison, la somme de températures requise pour arriver à la maturité physiologique (récolte) est d'environ **707 CJ°** pour le semis précoce et **738 CJ°** pour le semis témoin (Figure. 2). La somme de températures en (CJ°) pour le cycle total du semis précoce est de **1687 CJ°** et **1873 CJ°** pour le semis témoin soit une différence de **186 CJ°** , **c'est un léger gain**, mais, a permis d'arriver à maturité sans pour autant nécessiter une somme de températures élevée pour le semis précoce.

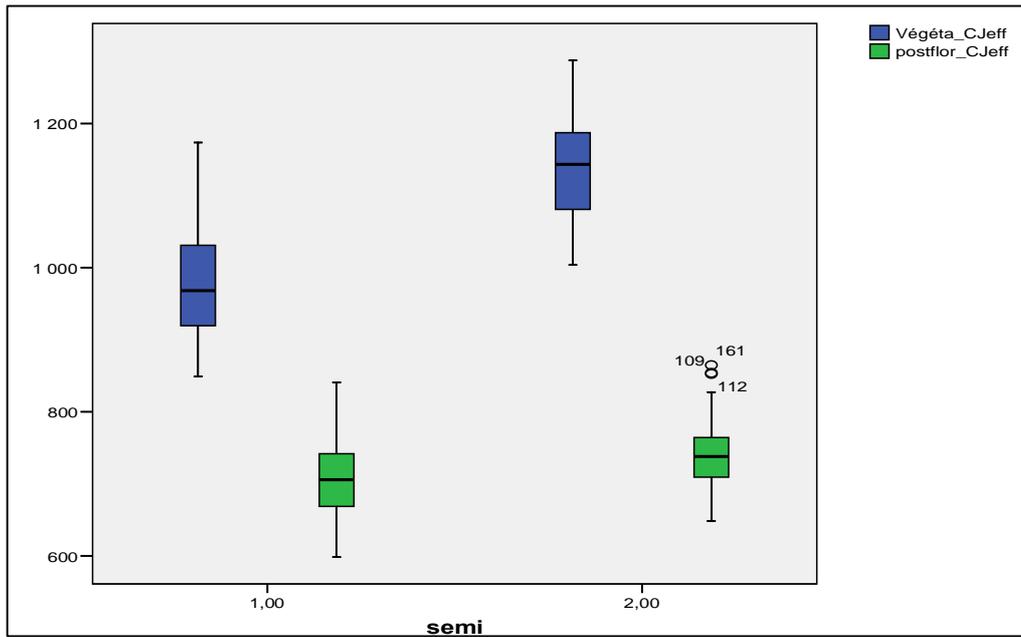


Figure.2. les sommes des températures des deux phases de développement des deux semis (Phase végétative et phase post-floraison)

Ce résultat pour les données de notre expérimentation concorde avec celui d'Aboudrare *et al* (2000), où il met en évidence la sensibilité du tournesol, semé précocement à des températures basses en hiver (températures inférieures à la température minimale de croissance du tournesol qui est de 6 °C) qui limitent la croissance et le développement de la culture sans pour autant être létales.

Cette différence entre semis, pourrait être expliquée aussi par l'action de la photopériode. Aiken (2005) a prouvé suite à des observations de champs, que la photopériode suite à la durée de l'éclairage durant les différentes phases de développement (Figure.3) à un effet considérable sur le cycle de développement du tournesol, la photopériode des jours courts a tendance à augmenter la durée de la période végétative et à réduire la durée de la période de reproduction.

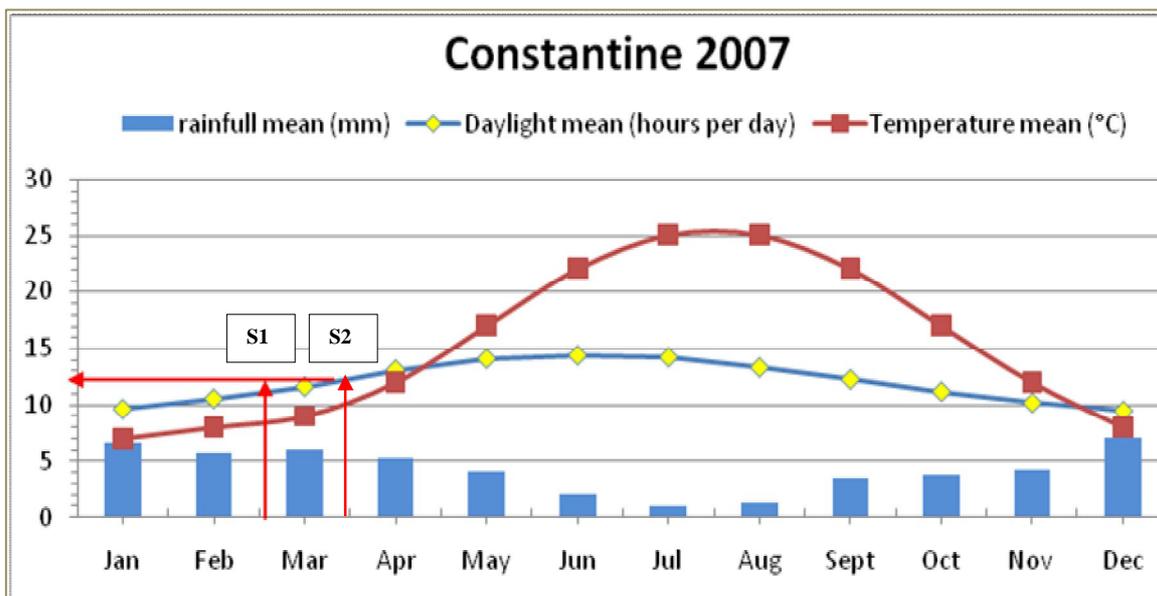


Figure. 3 : Les moyennes de températures, des précipitations et de la photopériode des deux semis : précoce (S1) et témoin (S2)

Goyne *et al.*, (1989) ont démontré que des courtes photopériodes (moyenne de **11,2h**) ont diminué le taux de développement des génotypes de tournesol étudiés et que de longues photopériodes de 24 h ont augmenté le taux de développement de façon considérable.

En s'appuyant sur les analyses statistiques (Tableau 1.) on confirme cette différence entre le semis précoce et le semis témoin pour la phase végétative et la phase post-floraison. L'ANOVA est très hautement significative pour la durée de ces deux phases.

Tableau 1. L'analyse de variance entre le semis précoce et le semis témoin pour les deux phases végétatives

ANOVA entre les deux semis SP et ST					
	Sommes des carrés	DL	Moyenne des carrés	F	Sig.
(ST*SP) Phase végétative	1207044,376	1	1207044,38	246,682	0,000***
(ST*SP) Phase post-floraison	46530,103	1	46530,103	19,987	0,000***

*** = ($\alpha=0.001$), SP : semis précoce, ST : semis témoin

3.1.1.2. Effet de la date de semis sur les différents stades de développement :

Nous avons précédemment interprété les résultats par rapport aux deux phases principales qui regroupent l'ensemble des cinq stades de développement du tournesol. Les résultats suivants représentent chacun des cinq stades de développement conformément à la classification de Schneiter and Miller (1981), afin de mieux situer les différences détectées entre les deux dates de semis. **Ces résultats vont surtout nous permettre par la suite de détecter d'éventuels QTLs.**

Tableau.2. Résultats des ANOVA pour les caractères physiologiques et morphologiques

ANOVA	Somme des carrés	DL	Moyenne des carrés	F	Sig.
SLC°J	98302,208	1	98302,208	321,814	0.00 TS
LFC°J	4882857,341	1	4882857,34	827,515	0.00 TS
DbFFFC°J	7,099	1	7,099	0,004	0,95 NS
FFMPC°J	20080,725	1	20080,725	13,845	0.00 TS
MPMRC°J	52541,243	1	52541,243	39,329	0.00 TS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif, TS : très significatif

On a effectué une analyse de variance entre les deux semis, et le tableau.2, nous montre l'existence de différences très significatives entre 4 phases de développement du tournesol entre les deux dates de semis, sauf, pour la durée de la phase de floraison (du début à la fin « DbFFFC°J », où il n'y a pas de différences significatives entre semis.

Pour la phase **SLC°J**, statistiquement, elle est très différente entre le semis témoin et le semis précoce, on note une somme de températures de **125.83C°J** pour le semis témoin contre **151.43C°J** pour le semis précoce, une différence illustrée aussi par la différence de durée (**Figure.1**), **18** jours en moyenne pour le semis témoin contre **32** jours en moyenne pour le semis précoce. Ce qui signifie que le semis précoce a nécessité plus de degrés jour que le semis témoin.

Pour ce qui est de la phase **LFC°J**, elle est également différente significativement entre les deux dates de semis, en somme thermique, elle est de **1009.19C°J** pour le semis témoin, contre **822.94C°J** pour le semis précoce. Le semis témoin a cumulé plus de degrés jours que le semis précoce et cela pourrait être le résultat de la hausse des températures, le semis précoce pour cette phase a commencé plus tôt d'environ 15 jours et s'est terminé 17 jours avant le semis témoin où les températures ont commencé à s'élever.

Pour la phase **DbFFFC°J**, bien qu'elles soient décalées dans le temps (Figure.1), elles ne sont pas, néanmoins, significativement différentes entre les deux semis ; leurs sommes thermiques et leurs durées sont presque égales (**246.07C°J**) pour le semis précoce avec **9.9** jours en moyenne, et **264.81C°J** pour le semis témoin avec **10.6** jours en moyenne, cette égalité pourra être due aux fluctuations de la température (**Figure.1**). Au niveau du semis précoce on note une élévation de température (32°C en moyenne) mais au niveau du semis témoin on observe une diminution de la température (28°C en moyenne).

Pour la phase **FFMPC°J** ou remplissage du grain (**figure.1**), on remarque que, selon les semis, cette phase se chevauche dans le temps ; pour le semis précoce, la somme thermique requise pour cette phase était de **308.15C°J** pour une durée de **11.8 jours**, par contre pour le semis témoin, la somme thermique est **320.82C°J** pour une durée de **12.4 jours**.

L'effet de la température est toujours mis en premier, car on note une moyenne de 27°C pour le semis précoce et 31°C pour le semis témoin, ce qui nous amène à dire que le semis précoce pour cette phase a gagné du temps, c'est-à-dire, un remplissage du grain plus avancé dans le temps avec des températures inférieures bien qu'elles restent élevées en moyennes.

En dernier lieu, la phase **MPMRC°J** (maturité physiologique et récolte), comme la précédente (FFMPC°J), se chevauche dans le temps, elle est plus avancée dans le semis précoce que dans le semis témoin, ce qui est le but recherché, si l'on compare la durée de cette dernière entre les deux semis on constate qu'il n'y a pas de différence majeure entre eux (11.5 jours pour le semis précoce, 11.7 jours pour le semis témoin) mais statistiquement il existe une différence significative.

En ce qui concerne la somme thermique, le semis précoce a nécessité **236.65C°J** contre **258.61C°J** pour le semis témoin, avec un gain minimum de **21.96C°J** pour le semis précoce, car il est arrivé à maturité avant le semis témoin pour une même durée. Le **tableau.3** regroupe toutes les mesures selon chaque phase de développement et pour les deux dates de semis.

Tableau.3. tableau récapitulatif des durées des phases végétatives et des sommes de température

	Phase semis-levée		Phase levée-début floraison		Phase début de floraison-fin de floraison		Phase fin de floraison-maturité physiologique		Phase maturité physiologique-Récolte	
	Nbrs de jours	∑ des T° en C°J	Nbrs de jours	∑ des T° en C°J	Nbrs de jours	∑ des T° en C°J	Nbrs de jours	∑ des T° en C°J	Nbrs de jours	∑ des T° en C°J
Semis témoin (ST)	18	125.83	74.72	1009.19	10.6	246.07	12.4	320.82	11.7	236.65
Semis précoce (SP)	32	151.43	71.5	822.94	9.9	264.81	11.8	308.15	11.5	258.61

3.1.2. Effet de la date de semis sur la morphologie :

Le phénotypage des 100 lignées (98 LIR et leurs deux parents) a porté sur des caractères agronomiques à savoir la phénologie, la morphologie et le rendement, afin de mettre en évidence un éventuel l'effet d'un semis précoce sur le développement des génotypes. La répartition spatiale de la surface foliaire interceptrice du rayonnement est décrite par le nombre de limbes sur la plante, la surface foliaire et la position sur la tige du limbe le plus grand.

3.1.2.1. Effet de la date de semis sur le nombre de feuilles totales (NF) :

Ce paramètre d'architecture de la plante est important, car il rentre dans plusieurs travaux de modélisation de l'architecture (Casadebaig. 2008), il aide néanmoins dans le choix d'un modèle architectural qui permet de capter au mieux l'énergie lumineuse pour une meilleure efficacité biologique (meilleur rendement en biomasse et en grains).

La forme complexe et non plane de la feuille s'oppose à une caractérisation directe de sa surface. Une relation entre la longueur et la plus grande largeur de l'organe a été utilisée pour en estimer la surface foliaire.

3.1.2.1.1. Le nombre de feuilles au niveau du semis témoin (ST):

Selon le tableau.4 des moyennes du nombre totales de feuilles (NF), les lignées recombinantes (LIR) possèdent le nombre de feuilles le plus élevé, suivi du parent PAC2 et en dernier par le parent RHA266. Si l'on prend en considération le taux de déviation (écart type) tous les génotypes sont assez stables au niveau de ce semis témoin.

Tableau.4. Valeurs moyennes du nombre de feuilles pour le semis témoin (ST)

Génotype	Nombre moyen de feuilles	Taux de déviation \pm
LIR	12.24	1.66
PAC2	12	1
RHA266	11	1

Statistiquement, il n'existe aucune différence significative entre les génotypes parentaux, entre les parents et leurs descendants (tableau.5). Tous les génotypes ont eu la même réaction, aucune expression de variabilité génotypique n'a été notée. On déduit que le semis témoin, n'a pas eu d'effet direct sur le nombre de feuilles à la floraison pour les génotypes.

Tableau 5. Analyse de variance pour le nombre de feuilles totales à la floraison

ANOVA	Pour les semis témoin (ST)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Nombre de feuilles	0.288 NS	0.203 NS	0.779 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

3.1.2.1.2. Le nombre de feuilles au niveau du semis Précoce (SP) :

Pour le semis précoce, une analyse des valeurs moyennes du nombre totale de feuilles a été faite (tableau.6). Les lignées recombinantes possèdent la valeur la plus élevée, le parent PAC2 est en second et le parent RHA266 est en dernier. Le nombre de feuilles est assez proche entre génotypes. Le taux de variation (écart type) est faible, ce qui signifie que les génotypes sont assez stables pour cette variable au niveau du semis précoce.

Tableau 6. Valeurs moyennes du nombre de feuilles pour le semis précoce (SP)

Génotype	Nombre moyen de feuilles	Taux de déviation \pm
LIR	12.74	1.97
PAC2	12.66	1.15
RHA266	12.33	1.52

Statistiquement (tableau .7), on note qu'il n'y a pas de différences entre les génotypes, pour les valeurs moyennes du nombre de feuilles comptées. Les génotypes ont réagi de manière identique. Le semis précoce n'a eu aucun effet sur le nombre total des feuilles (NF).

Tableau 7. Analyse de variance entre les lignées de tournesol

ANOVA	Pour les semis témoin (SP)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Nombre de feuilles	0.778 NS	0.737 NS	0.940 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

3.1.2.1.3. Comparaison entre les deux semis pour le nombre de feuilles (NF) :

La première constatation faite en comparant les deux semis, c'est l'ordre des génotypes qui n'a pas changé, la meilleure réaction est observée chez les lignées recombinantes (LIR), vient en suite le parent PAC2 et en dernier le parent RHA 266. Une analyse de variance (tableau.8) effectuée entre les semis indique qu'il y a une différence significative entre les deux dates de semis pour le nombre totale de feuilles (NF) mesuré à la floraison.

Tableau 8. Analyse de variance entre les deux semis pour le nombre de feuilles

ANOVA	Entre les deux semis (ST-SP)				
	sommes des carrés	DL	moyenne des carrés	F	Sig.
NF * semis	39,015	1	39,015	6,23014807	0,012 S

Pour $\alpha = 0.05$, S : significatif.

Les génotypes n'ont pas réagi de la même façon dans les deux semis, ce qui révèle une variabilité suite au changement de la date de semis. On peut associer cette différence dans le nombre de feuilles à la contrainte hydrique subie durant cette phase de mesure (phase pré-floraison) surtout pour le semis témoin résultant des fortes températures enregistrées. Le semis précoce présente en moyenne une valeur de **12.57 feuille** par génotype comparé avec une moyenne de **11.74 feuille** au niveau du semis témoin.

Cette différence dans le nombre de feuilles pourrait être associée aux conditions expérimentales du semis précoce à savoir les basses températures subies durant le début du cycle végétatif induisant une augmentation de la durée de cette phase (Figure.1). En plus, on a noté d'importantes précipitations durant cette phase végétative favorisant ainsi l'élaboration d'un plus grand nombre de feuilles ce qui pourrait être un avantage pour ce qui est de la production de biomasse et qui va se répercuter directement sur le rendement. Le semis précoce a donc permis d'augmenter le nombre de feuilles qui est plus élevé au niveau de ce dernier par rapport au semis témoin.

3.1.2.2. Effet de la date de semis sur la position de la plus grande feuille (P.P.G.F) :

Cette variable (PPGF) rentre dans plusieurs études de modélisation des cultures de tournesol aidant à trouver la combinaison optimale entre le génotype - milieu et conduite culturale (Rey. *et al.*, 2008). L'objectif principal des ces études de modélisation, est le développement et l'évaluation d'un modèle de culture, capable d'analyser et de prévoir le comportement de différentes variétés dans des environnements contrastés, au niveau de la levée, la floraison, la maturité, les rendement et la qualité des huiles produite. L'interception de la lumière est un facteur critique dans la production de biomasse. L'étude présentée par Rey *et al.*, 2008, décrit une méthode basée sur l'architecture de la plante pour tenir compte des modifications de cette dernière au fil du temps pour l'étude du tournesol afin d'estimer la lumière absorbée au niveau de l'organe pour pouvoir quantifier la contribution des différents organes d'interception de la lumière et d'évaluer l'impact de Héliotropisme.

3.1.2.2.1. La position de la plus grande feuille au niveau du semis témoin :

Une analyse des moyennes entre les génotypes pour la variable de la position de la plus grande feuille (PPGF) a été faite (tableau 9). On constate que la position de la plus grande feuille se situe entre la sixième et la septième feuille en comptant à partir du bas.

Tableau 9. Position moyenne de la plus grande feuille pour le semis témoin (ST)

Génotype	Position (en feuille)	Taux de déviation \pm
LIR	7.46	1.39
PAC2	6.67	1.15
RHA266	6	2

Les valeurs sont presque égales entre le parent PAC2 et le parent RHA266, mais plus élevées pour les lignées recombinantes (LIR) comme nous le montre la Figure.4. Si on prend en considération l'écart type au niveau de chaque génotype (tableau 9) on constate qu'ils sont assez stables au niveau de ce semis témoin un peu moins pour le parent RHA266 en comparaison avec les autres génotypes.

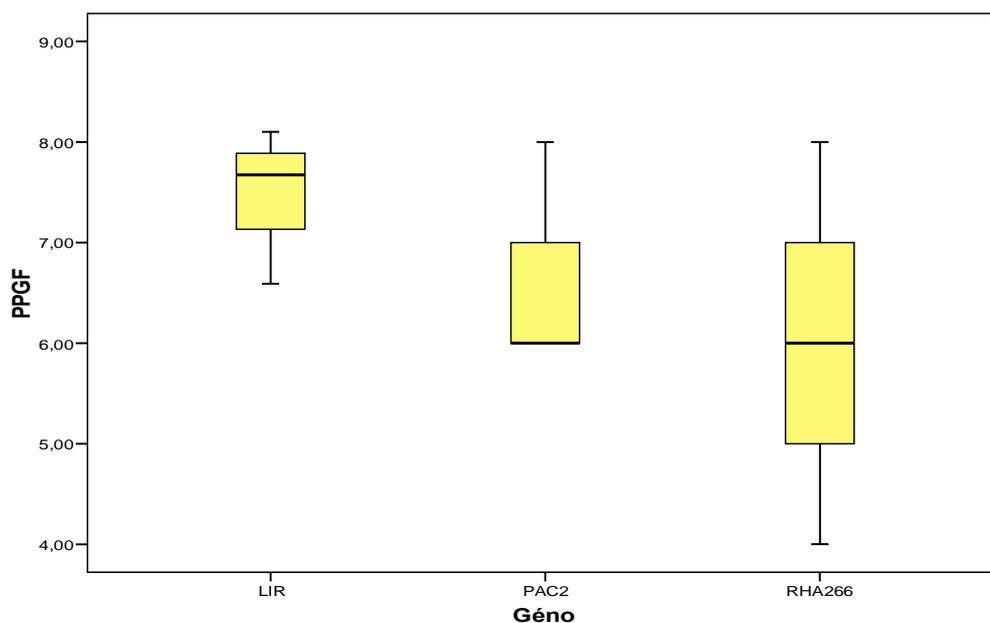


Fig.4. La position moyenne de la plus grande feuille selon les génotypes au niveau du semis témoin

Statistiquement il n’y pas de différences significatives entre les génotypes pour cette variable de la position de la plus grande feuille (tableau.10) au niveau du semis témoin, ce qui montre que les génotypes se sont comportés de la même manière dans le semis témoin, il n’y pas eu de révélation d’une variation génotypique.

Tableau 10. ANOVA sur la PPGF pour le semis témoin

ANOVA	Pour les semis témoin (ST)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Nombre de feuilles	0.643 NS	0.306 NS	0.383 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

3.1.2.2.2. La position de la plus grande feuille au niveau du semis précoce :

L’analyse des moyennes pour la variable de la position de la plus grande feuille dans le semis précoce entre les différents génotypes (tableau.11), nous laisse remarquer que cette fois la position de la plus grande feuille la plus élevée est notée chez le parent RHA266, suivie des LIR et en dernier le parent PAC2.

Dans ce semis précoce les lignées recombinantes sont assez stables en prenant en compte leur écart type, le génotype RHA266 possède l'écart type le plus élevé mais reste néanmoins stable. Le génotype parental PAC2 est le plus stable dans ce semis, l'écart type est nul.

Tableau 11. Position moyenne de la plus grande feuille pour le semis précoce

Génotype	Position (feuille)	Taux de déviation \pm
LIR	8.08	0.91
PAC2	8	0
RHA266	8.66	1.15

La figure .5 présente les valeurs de la position moyenne de la plus grande feuille selon les génotypes, on voit cette légère différence entre génotypes mais les valeurs restent proches.

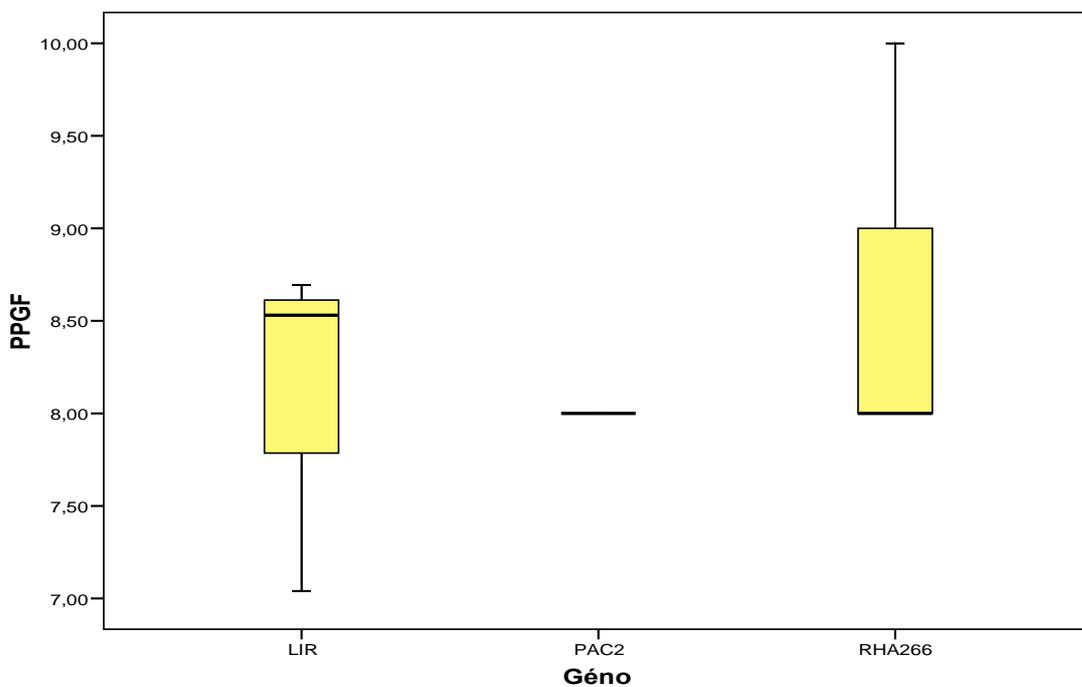


Fig .5. La position moyenne de la plus grande feuille selon les génotypes au niveau du semis précoce

L'analyse statistique faite entre génotypes (tableau.12) nous révèle l'absence de différences significatives pour cette variable (PPGF), ce qui signifie qu'aucune variabilité ne s'est manifestée dans ce semis précoce.

Tableau 12. ANOVA sur la PPGF pour le semis précoce

ANOVA	Pour les semis témoin (SP)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Nombre de feuilles	0.374 NS	0.532 NS	0.877 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

3.1.2.2.3. Comparaison entre les deux semis pour (ST-SP) :

Selon le tableau.13, l'analyse de variance entre les deux semis, indique une différence significative entre ces derniers. Cette différence résulte dans le changement de la position de la plus grande feuille, elle est en moyenne de **8.25** feuille pour le semis précoce contre **6.70** feuilles pour le semis témoin. La Figure.6, illustre cette différence. On note également que les positions sont plus élevées au semis précoce (± 2 feuilles) par rapport au semis témoin, ce qui pourrait être un avantage pour ce qui est de l'interception du rayonnement.

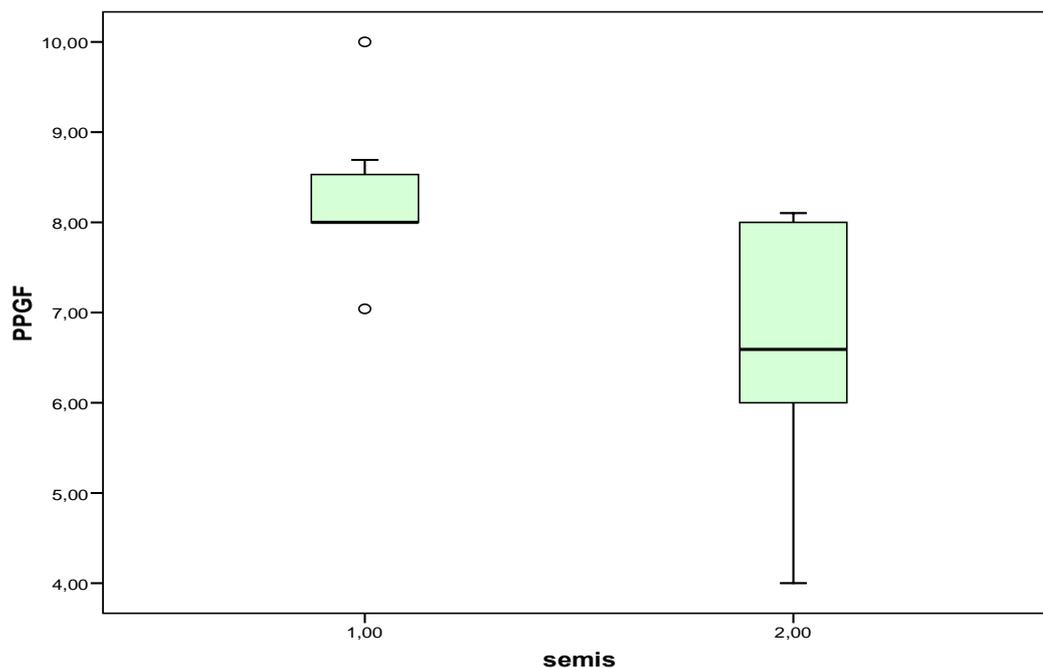


Fig.6. la différence de position de la plus grande feuille entre nos deux semis

Tableau 13. ANOVA sur la PPGF entre les deux semis

ANOVA	Entre les deux semis (témoin et précoce)					
		sommes des carrés	DL	moyenne des carrés	F	Sig.
PPGF * semis	entre semis	10,731	1	10,731	8,509	0,01 S

Pour $\alpha = 0.05$, S : significatif.

La position de la plus grande feuille (PPGF) rentre dans la surface foliaire de la plante, car en vérité, la surface foliaire totale est utilisée pour estimer l'interception lumineuse reçue par la plante, mais cette dernière, n'est pas entièrement exploitée par la plante, car certains génotypes ayant une même surface foliaire totale, peuvent avoir des différences d'interception du rayonnement ce qui se répercute sur leur efficacité biologique (Allinne. C, 2006), de plus

L'architecture de la plante joue un rôle très important dans l'interception de la lumière et dans la transformation de cette dernière en biomasse utile dans le développement de la plante. Long *et al.*, 2006, ont démontré que l'orientation des feuilles et leur degré d'inclinaison en fonction de la tige principale changeaient radicalement la manière dont la lumière incidente est captée et utilisée (Figure.7). D'après Long et ses collaborateurs, au moins deux-tiers de l'énergie arrêtée par les feuilles supérieures sont gaspillés pour le modèle de la plante **X** contrairement au modèle de la plante **Y**.

Un meilleur arrangement des structures foliaire permet à la couche supérieure des feuilles d'arrêter une petite fraction de la lumière, aidant les feuilles des niveaux inférieures à absorber elles aussi une quantité de lumière incidente, ce processus est réalisé quand le degré d'inclinaison des feuilles supérieures est plus vertical et le degré d'inclinaison des feuilles les plus basses est horizontal, comme dans l'exemple de la plante **Y** (Nobel, & de Forseth ; Long. 1993), ce qui pourrait influencer la production de biomasse et de rendement.

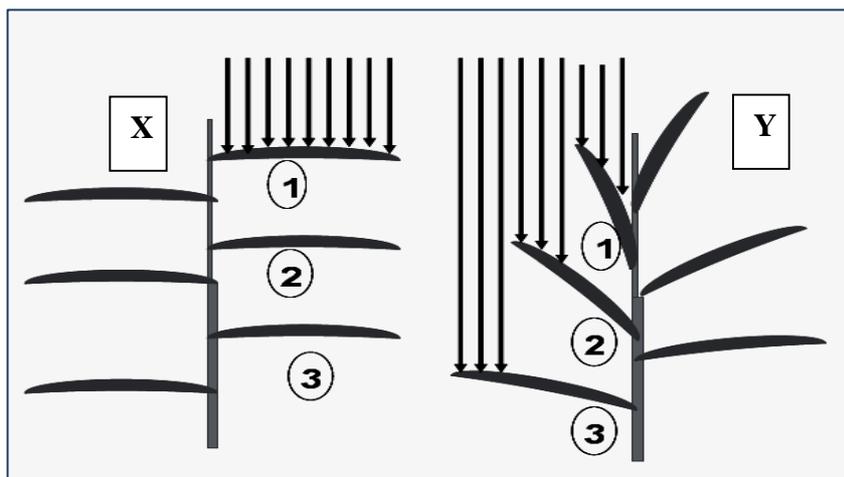


Fig. 7. L'interception lumineuse selon la disposition des feuilles selon long *et al.*, 2006.

Gutierrez-Rodriguez et ses collaborateurs (2000) ont mis en évidence pour une culture de blé, un gain génétique pour le rendement en grains en réponse au taux de photosynthèse enregistré et cela grâce au port des feuilles par rapport à la tige principale. D'autres travaux ont mis en évidence que le tournesol possède la faculté de mettre en place des stratégies d'adaptation de photosynthèse et de photorespiration (Maury, 1997).

Ces stratégies dépendent du stade d'application et de l'intensité des stress hydriques occasionnés (Flénet *et al.*, 1997). Cette adaptation se traduit par la capacité à extraire l'eau à des horizons profonds du sol (Hattendorf *et al.*, 1988) et à modifier son activité photosynthétique et le transfert des assimilats.

3.1.2.3. Effet de la date de semis sur la surface foliaire à la floraison :

3.1.2.3.1. La surface foliaire à la floraison au niveau du semis Témoin (ST) :

Selon le tableau.14, les moyennes des génotypes au niveau du semis témoin pour la surface foliaire (SF) à la floraison sont presque égales entre elles. Le classement des génotypes selon la surface foliaire commence par le parent RHA266 avec (**683,604 cm²**), vient en suite le parent PAC2 avec (**652,904cm²**) et en dernier, les LIR avec une moyenne de (**645,849cm²**). Si l'on prend en considération l'écart type dans ce semis témoin, le parent PAC2 et les LIR son assez stables, le parent RHA266 présente un taux de variabilité assez élevé en comparaison avec sa moyenne.

Tableau 14. Valeurs moyennes de la surface foliaire à la floraison des génotypes pour le semis témoin (ST)

Génotype	Surface foliaire à la floraison (SF) (cm ²)	Taux de déviation ±
LIR	645,849	112.57
PAC2	652,904	151.03
RHA266	683,604	360.02

Selon la figure.8, Le parent RHA266, possède une variabilité assez grande en comparaison avec les autres génotypes, ce qui signifie qu'il y a une réaction différente inter-bloc au niveau du semis témoin. Pour les LIR et le parent PAC2, la variabilité est assez faible.

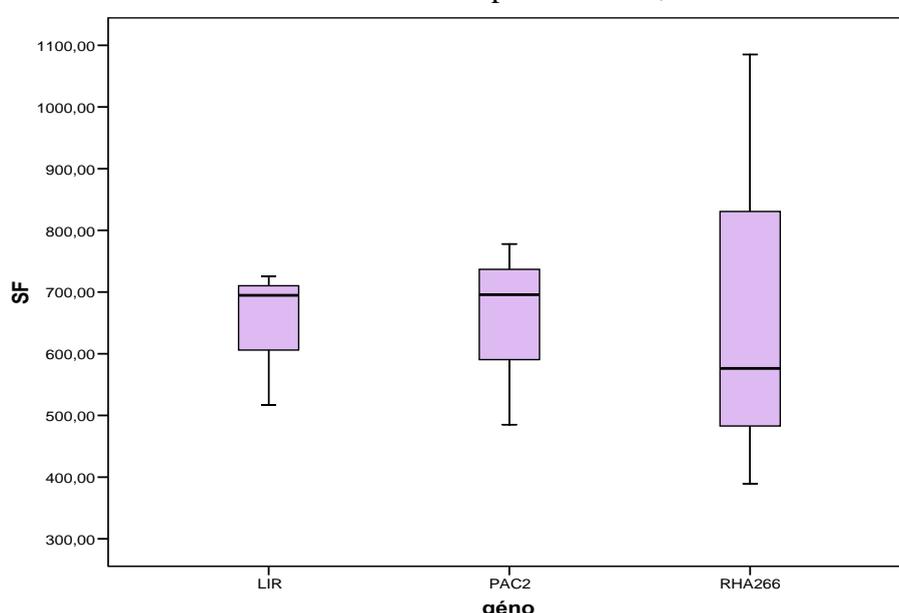


Figure.8. Les moyennes de la surface foliaire (cm²) des génotypes dans le semis témoin

Les analyses statistiques de variance entre génotypes sont non significatives pour tous les génotypes (tableau.15). Ce qui permet de dire que, le milieu n'affecte pas la surface foliaire des génotypes inter-semis, ils se comportent de la même façon dans les conditions de ce semis, l'expression du caractère est contrôlé non pas par le milieu mais par les gènes.

Tableau 15. Analyse de variance pour la surface foliaire entre les lignées de tournesol

ANOVA	Pour les semis témoin (ST)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Surface foliaire	0.898 NS	0.871 NS	0.951 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

3.1.2.3.2. La surface foliaire à la floraison au niveau du semis précoce (SP) :

Le tableau (16) des moyennes des lignées étudiées au niveau du semis précoce, montre une nette différence entre les valeurs moyennes de la surface foliaire à la floraison. Rawson *et al.*, (1982) ont évalué que l'augmentation de la surface foliaire est en fonction du temps thermique subi et elle est estimée à 0.022 feuilles par CJ° .

La comparaison entre les valeurs moyennes de la surface foliaire entre les lignées montre que le parent **PAC2** possède la plus grande moyenne avec (**853,4613 cm^2**) suivie des **LIR** avec (**717,31 cm^2**) et du parent **RHA266** avec (**516,7133 cm^2**), ce qui signifie que le parent PAC2 a mieux réagit au milieu au niveau du semis précoce, néanmoins, il montre une variabilité (écart type) inter-bloc en comparaison avec la moyenne.

Tableau.16. Valeurs moyennes de la surface foliaire des génotypes pour le semis précoce

Génotype	Surface foliaire à la floraison (SF) (cm^2)	Taux de déviation \pm
LIR	712,5067	81.48
PAC2	853,4613	219.71
RHA266	516,7133	105.19

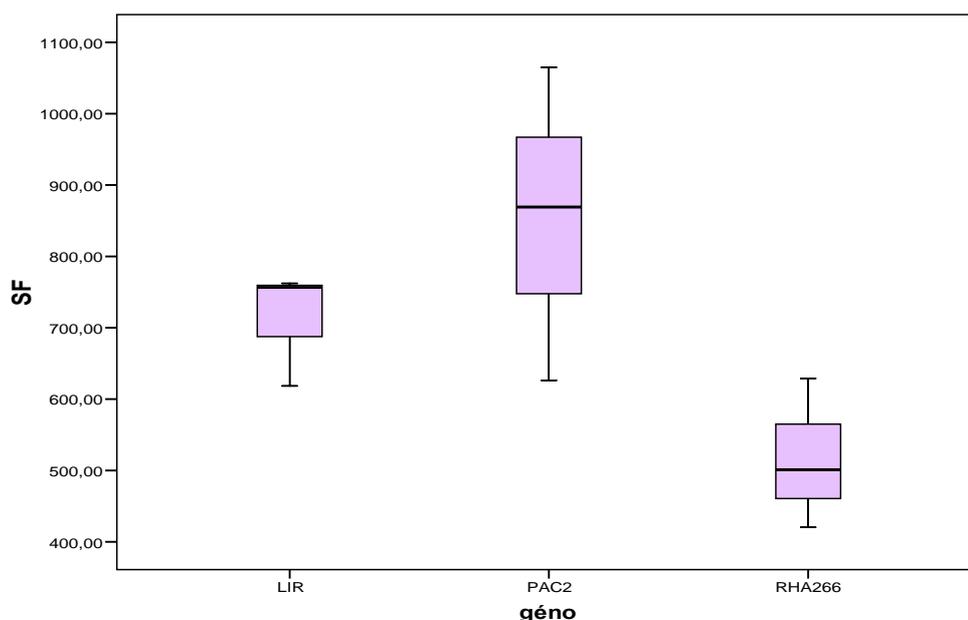


Figure. 9. Les moyennes de la surface foliaire (en cm^2) des génotypes dans le semis précoce

La figure 9, illustre bien cette différence entre les moyennes des lignées parentales (PAC2 et RHA266) et lignées recombinantes (LIR). Le parent PAC2 a une variabilité plus forte que celle des deux autres moyennes pour ce caractère de la surface foliaire (SF). Une analyse de variance (tableau .17) met en évidence les résultats suivants :

Tableau 17. Analyse de variance pour la surface foliaire entre les lignées de tournesol

ANOVA	Pour les semis précoce (SP)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Surface foliaire	0,075 NS	0,063 NS	0,356 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

Nous, constatons qu'il n'existe aucune différence significative entre les deux parents, entre le parent RHA266 et les LIR et entre le parent PAC2 et les LIR pour la variable de la surface foliaire (SF) au niveau du semis précoce. On peut déduire que le milieu et la date de semis n'ont pas eu un effet sur le comportement des génotypes et que cette variable est liée au génome.

3.1.2.3.3. Comparaison entre les deux semis pour la surface foliaire à la floraison :

Une analyse de variance a été faite entre les deux semis pour la variable de la surface foliaire au moment de la floraison, afin de mettre en évidence l'effet la date de semis sur cette variable. Nous notons une valeur très hautement significative de l'ordre de (**0.001*****) pour une valeur de $\alpha = 0.05$ (Tableau.18).

Tableau 18. Analyse de variance pour la surface foliaire entre les deux semis

ANOVA		Somme des carrés	DL	Moyenne Des carrés	F	Sig.
SF * semis	Entre semis	669437,795	1	669437,795	11,314	0,001***

$\alpha = 0.05$, S : Significatif

On observe également sur la Figure.10, que la valeur moyenne de la surface foliaire à la floraison du semis précoce est supérieure à la valeur moyenne de la surface foliaire totale du semis témoin, elles sont respectivement de 714 (cm²) et 646 (cm²) avec des valeurs de variabilité différentes, plus élevée au niveau du semis précoce comparée au semis témoin. La différence moyenne entre les valeurs des deux semis est de **68** (cm²) soit environ **9.52%** de plus au niveau du semis précoce.

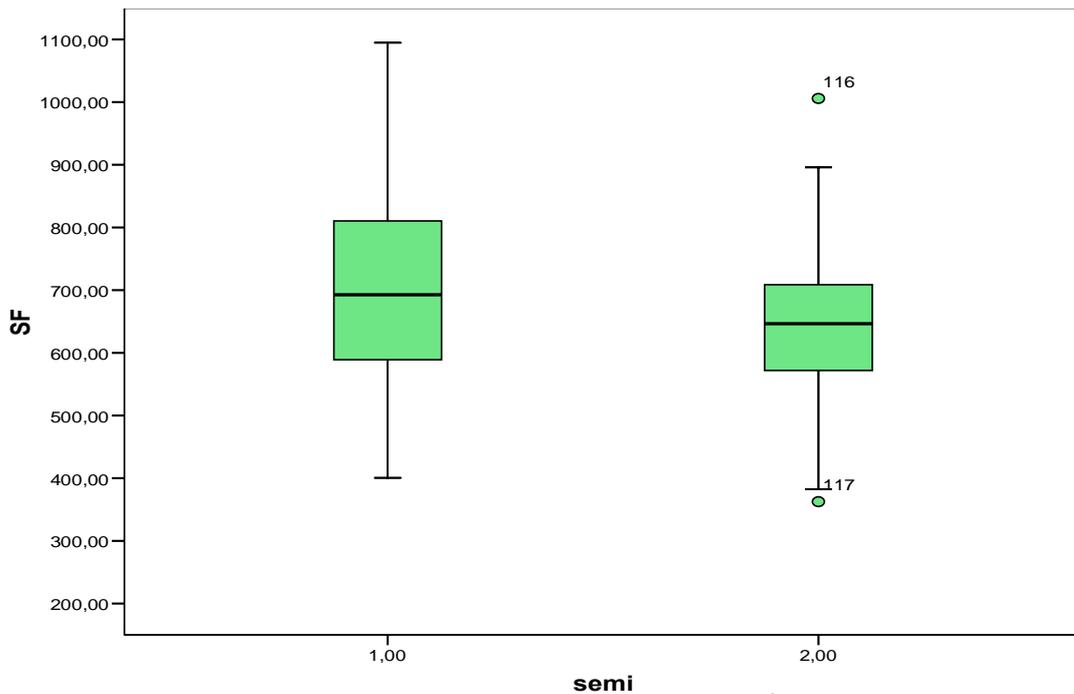


Fig.10. La valeur moyenne de la surface foliaire (en cm²) entre les deux semis

On peut associer cette diminution de la surface foliaire pour le semis témoin à un effet de la contrainte hydrique qui a commencé vers la fin de la phase végétative et qui a persisté pendant la phase post-floraison (Tableau. 19). Rawson et Turner (1982) ont observé qu'un semis précoce a plus de jours de pluie qu'un semis tardif, de plus, la durée du semis précoce est plus longue que la durée du semis habituellement utilisé.

Tableau 19. La moyenne des précipitations (mm) pour les deux semis durant tout le cycle de développement

	Semis -VE	VE-R5	R5-R6	R6-R9	R9-Récolte
Semis précoce	121,9	91,4	34	4,2	0
Semis témoin	55,2	51	0,2	0	0

Les travaux de Soriano et ses collaborateurs (2004) sur une culture de tournesol ont montré une diminution de la surface foliaire entre le semis tardif et le semis précoce, la surface foliaire étant plus grande au niveau du semis précoce, ce qui concorde avec les résultats obtenus dans notre expérimentation. La réduction de l'expansion foliaire est l'une des premières réponses au stress hydrique (Hsiao *et al.*, 1976).

Selon des travaux de Kiani (2007), le développement végétatif du tournesol cultivé en condition de privation d'eau est fortement perturbé et la croissance foliaire est stoppée très rapidement par un déficit hydrique. La plante a tendance à réduire sa surface foliaire durant la phase post-floraison afin de diminuer les quantités d'eau utilisées sous forme de transpiration. On note une diminution importante de la taille et de la surface foliaire résultant de la diminution de l'expansion foliaire et/ou d'une sénescence accélérée de la feuille.

La plante s'adapte généralement aux disponibilités en eau par une réduction de sa surface foliaire :

- Si un manque d'eau apparaît au début du développement de la plante, la croissance des feuilles est modérée et le nombre de feuilles est réduit, ce qui est le cas du semis témoin.
- Si un manque d'eau apparaît tardivement, les feuilles se fanent plus rapidement, réduisant ainsi la surface foliaire globale (Maïsador. 2005), ce qui est aussi le cas des deux semis pour la phase du remplissage du grain.

Nous pouvons constater aussi qu'au niveau du semis témoin, pour la somme thermique (C°J) nécessaire, le taux de variabilité (écart type) est de **186C°J** contre **290.4C°J** pour le semis précoce, ce qui permet de déduire que le semis précoce a nécessité plus de C°J ce qui pourra aider dans l'expression d'une certaine la variabilité génétique entre génotypes.

3.1.2.4. Effet de la date de semis sur la mesure de la biomasse à la floraison (BMF) :

3.1.2.4.1. la biomasse à la floraison au niveau du semis témoin (ST) :

Selon le tableau.20, des valeurs moyennes de biomasse à la floraison (BMF) au niveau du semis témoin, on note que les LIR présentent la plus grande valeur suivie par le parent PAC2 et en dernier le parent RHA266. On remarque que les LIR sont plus performants que le parent PAC2, tandis que le parent RHA266 reste toujours le moins performant.

Le taux de variabilité est assez faible pour les LIR et pour le parent PAC2, ce qui signifie qu'ils sont assez stables dans ce semis, mais, celui du parent RHA266 est assez élevé par rapport à sa moyenne, on peut dire qu'il a réagit de manière différente au niveau des 3 répétitions du semis témoin.

Tableau 20. Moyennes de la biomasse à la floraison selon les génotypes

Génotype	Biomasse à la floraison (g)	Taux de déviation ±
LIR	24.71	4.44
PAC2	19.51	4.16
RHA266	14.55	12.99

Tableau.21. ANOVA pour la biomasse à la floraison entre les lignées de tournesol étudiées

ANOVA	Pour les semis précoce (ST)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Biomasse à la floraison	0.558 NS	0.270 NS	0.189 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

L'analyse de variances faite entre les lignées (Tableau.21) pour la (BMF) est non-significative, entre les lignées parentales, et entre les lignées parentales et leurs descendants. On peut tirer comme conclusion, que les conditions environnementales du semis témoin n'ont pas eu d'effet direct sur les génotypes pour cette variable, ils se sont comportés de la même façon.

3.1.2.4.2. la biomasse à la floraison au niveau du semis Précoce (SP) :

Le tableau 22, représente les moyennes de biomasse à la floraison au stade R5 selon Schneiter and Miller (1981). On constate que la moyenne du parent PAC2 est nettement supérieure avec (52.67g), viennent en suite les LIR avec (23.5g) et en dernier le parent RHA266 avec une valeur moyenne de (6.8g). Le taux de variabilité est faible pour les LIR, ils sont assez stables en comparaison avec leur moyenne, celui du parent PAC2 est plus élevé par rapport à sa moyenne, le parent RHA266 possède un écart type important par rapport à sa moyenne dans ce semis.

Tableau 22. Moyennes de la biomasse à la floraison selon les géotypes

Géotype	Biomasse à la floraison (g)	Taux de déviation ±
LIR	23,5	6,66
PAC2	52,67	35,55
RHA266	6,8	11,77

Nous pouvons déduire que le parent PAC2 réagit le mieux aux conditions du semis précoce néanmoins, son écart type reste important. Pour les LIR, même si la biomasse est moins importante, l'écart type reste assez stable. Le parent RHA266 présente une valeur très basse de la biomasse à la floraison en plus d'un écart type important, ce qui pourra affecter son rendement en poids de mille grains. Statistiquement, les analyses de variances faites entre les lignées au niveau de ce semis précoce pour la biomasse à la floraison (tableau .23), sont non significatives entre chaque combinaison de lignées.

Tableau 23. ANOVA pour la biomasse à la floraison entre les lignées de tournesol étudiées

ANOVA	Pour les semis précoce (SP)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Biomasse à la floraison (BMF)	0.101 NS	0.099 NS	0.235 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

Ces résultats, indiquent que les lignées parentales et les lignées recombinantes se comportent de la même façon dans ce semis précoce, malgré les différences enregistrées pour la valeur de biomasse à la floraison et le taux de variabilité qui diffère pour chaque lignée. Ce qui nous amène à déduire que, la date de semis n'affecte pas directement le comportement des lignées, car, ce dernier (BMF) est contrôlé génétiquement pour chaque génotype. Si les bonnes conditions environnementales (pluies, neiges...etc.) étaient présentes elles pourraient seulement modifier le caractère de manière quantitative par une augmentation du rendement en biomasse.

3.1.2.4.3. Comparaison entre les deux semis pour la biomasse à la floraison :

En comparant les valeurs de biomasse à la floraison, entre les deux semis, on constate que le semis précoce présente une valeur moyenne de **(18.47g)** avec une assez grande variabilité entre les génotypes. Par contre, pour le semis témoin, on remarque que la valeur moyenne est légèrement supérieure à celle trouvée au niveau du semis précoce, elle est de **(20.43g)**. (Figure.11).

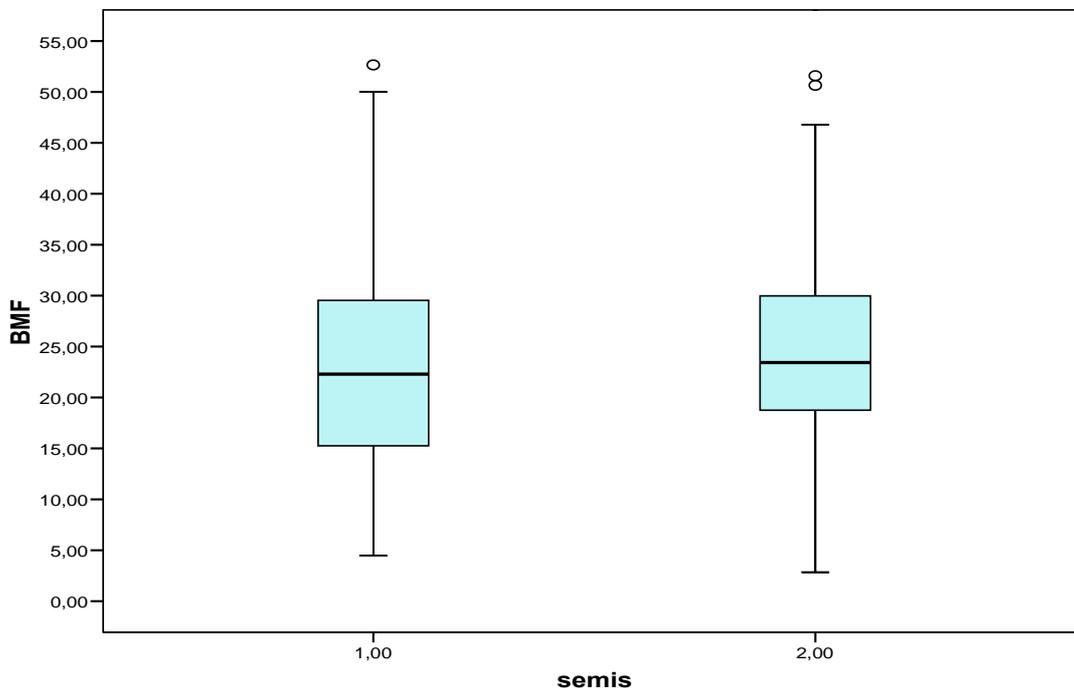


Figure. 11. La valeur moyenne de la biomasse à la floraison entre les deux semis

Un cycle de végétation plus long, généralement dans un semis précoce (Figure.1), favorise l'accumulation de biomasse, mais néanmoins, le semis précoce se trouve également exposé aux basses températures au niveau des premières phases de développement, ce qui pourrait ralentir l'accumulation de la biomasse. C'est le cas du semis précoce, où, on note des valeurs de températures (entre 1.65 CJ° et 3.95CJ°) qui sont inférieures à la température du zéro de végétation pour le tournesol utilisé dans notre expérimentation qui est **4.8CJ°** selon Granier et Tardieu (1998).

L'analyse de variance pour la variable de la biomasse à la floraison s'est avérée non significative entre le semis précoce et le semis témoin comme on le constate dans le Tableau .24.

**Tableau 24. Analyse de variance pour la biomasse à la floraison
Entre les deux semis**

ANOVA						
		Somme des carrés	DL	Moyenne Des carrés	F	Sig.
BMF * semis	Entre Groups	578.678	1	578.678	3.047	0.081 NS

NS : Non Significatif, ($\alpha=0.05$)

Ceci nous amène à dire, que, probablement, les fortes chaleurs et l'absence d'irrigation dans les conditions naturelles ont affecté le comportement des génotypes au niveau des deux semis surtout vers la fin du stade R5 jusqu'au stade R9. Selon Roche (2005) ; Kiani (2007), il faut noter la relation positive entre interception lumineuse par surface foliaire et le rendement, car, la diminution de la biomasse chez le tournesol et chez d'autres plantes est le résultat direct de la diminution de la surface foliaire et celle de la transpiration qui est principalement liée à la fermeture des stomates, il s'en suit une chute de l'assimilation de CO₂ et une baisse de rendement.

Certains recherches ont mis en évidence que le manque d'eau ainsi que les fortes chaleurs pouvaient entraîner un changement dans la composition des lipides des chloroplastes la radiation interceptée n'est plus utilisée correctement, d'où un changement dans le mode d'assimilation du CO₂ qui sera la cause principale de la diminution de la biomasse. La croissance foliaire est réduite en cas de déficit hydrique, avant toute réduction de la photosynthèse ou d'autres processus métaboliques (Boyer, 1970).

Comme la turgescence est le moteur de la croissance, de nombreux programmes génétiques ont visé à favoriser son maintien lors d'un déficit hydrique via l'accumulation de solutés dans la cellule Grieu. (2008). D'autres mécanismes sont impliqués dans le maintien de la croissance comme la division cellulaire (Granier *et al.*, 2000), les caractéristiques mécaniques des parois cellulaires (Cosgrove *et al.*, 2005). D'après Maury (1997), il existe néanmoins différentes stratégies d'adaptation à la sécheresse selon le potentiel génétique régi, notamment, à travers le contrôle stomatique de la face inférieure de la feuille (Planchon, 1990).

3.1.2.5. Effet de la date de semis sur la mesure du poids de mille grains (PMG) :

Le rendement du tournesol peut se décomposer de la façon suivante :

$$\begin{aligned}
 \text{- RDT (/m}^2\text{)} &= \text{Nb pieds/m}^2 \times \text{Nb graines /pieds} \times \text{Poids moyen du grain} \\
 &= \text{Nb d'akènes/m}^2 \times \text{Poids moyen du grain}
 \end{aligned}$$

Dans notre expérimentation, nous avons choisi d'exploiter directement comme une des composantes du rendement : le poids de 1000 grains. Les autres composantes du rendement que nous avons envisagé d'étudier (nombre d'akènes, leur poids, leur taille...) afin de bien mettre en évidence les réactions des génotypes, n'ont pas pu être prises en compte car, le nombre d'individus était insuffisant pour effectuer une comparaison statistique valable.

3.1.2.5.1. Le PMG au niveau du semis témoin (ST) :

Pour le semis témoin, on constate que les valeurs moyennes du poids de mille grains (PMG) (Tableau.25) sont assez proches les unes des autres mais, elles restent assez faibles entre **11g** et **17g**. Les LIR possèdent néanmoins, la moyenne la plus élevée avec un écart type faible ce qui signifie qu'elles sont assez stables dans ce semis, vient par la suite le parent PAC2, mais avec un écart type important par rapport à sa moyenne, en dernier, le parent RHA266 avec la plus petite moyenne et aussi un écart type aussi important.

On peut dire que le comportement des deux parents n'est pas stable pour cette variable du PMG dans ce semis témoin.

Tableau 25. Moyennes du poids de mille grains selon les génotypes (ST)

Génotype	Poids de mille grains PMG (g)	Taux de déviation ±
LIR	17.81	3.02
PAC2	17.62	16.02
RHA266	11.20	10.30

L'analyse statistique (ANOVA) faite pour cette variable du PMG pour le semis témoin (Tableau .26) entre les génotypes, montre l'absence de différences significatives entre les différents génotypes, nous pouvons lier ces résultats aux conditions du milieu, car notre semis témoin a été exposé plus tôt et plus longtemps à des températures très élevées ainsi qu'à un déficit hydrique (Tableau.19) entre le stade de début de floraison (R5), passant par le stade du remplissage du grain jusqu'au stade de récolte (R9).

La sécheresse conduit également à une allocation préférentielle des ressources aux organes reproducteurs. La sénescence foliaire précoce est habituellement corrélée à un faible rendement (Merrien *et al.* 1981).

Tableau 26. ANOVA pour le poids de mille grains entre les lignées de tournesol

ANOVA	Pour les semis précoce (ST)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Poids de mille grains	0.591 NS	0.346 NS	0.985 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

3.1.2.5.2. Au niveau du semis précoce (SP) :

Dans le semis précoce pour la variable du poids de mille grains (tableau.27), on note des valeurs moyennes allant de (5g) à (30g). Le Parent PAC2 présente une moyenne assez élevée (30.62g) par rapport aux autres génotypes, avec une faible variabilité, ce qui indique qu'il était assez stable pour cette variable.

Les LIR avec une moyenne de (**19.40g**) sont eux aussi assez stables en comparant leur écart type avec leur moyenne. Le parent RHA266 possède la plus faible moyenne du PMG (**5.75g**) et un taux de variabilité très élevé par rapport à sa moyenne ce qui implique que ce dernier est le moins stable entre tous les génotypes au niveau de se semis précoce.

Tableau 27. Moyennes du poids de mille grains selon les génotypes (SP)

Génotype	Poids de mille grains PMG (g)	Taux de déviation ±
LIR	19.40	1.80
PAC2	30.62	2.22
RHA266	5.75	9.96

Statistiquement les résultats du tableau.28, montre qu'il y a une différence significative entre le parent PAC2 et le parent RHA266, le parent PAC2 est supérieur de **24.87g** en moyenne par rapport au parent RHA266, il a eu une meilleur réaction vis-à-vis du semis précoce. Entre le parent RHA266 et les LIR, le résultat est non-significatif, ce qui signifie qu'ils ont réagi de la même façon et qu'il n'y a pas de différence. Pour l'analyse de variance entre le parent PAC2 et les LIR on note une différence très significative statistiquement, ce qui indique qu'ils ont eu une réaction différente pour cette variable dans ce semis précoce.

Tableau 28. ANOVA pour le poids de mille grains entre les lignées de tournesol

ANOVA	PMG pour les semis précoce (SP)		
	PAC2 x RHA266	RHA266 et LIR	PAC2 et LIR
Poids de mille grains	0.01* S	0.08 NS	0.002*** HS

NS : ($\alpha= 0.05$), **S** : significative au niveau $\alpha= 0.05$, **HS** : hautement significatif

Selon ces résultats, on constate que le parent PAC2 est un peu distinct du parent RHA266 ce qui est traduit par une ANOVA significative de ($p=0.01^*$ avec $\alpha= 0.05$). Entre le parent PAC2 et les LIR, l'ANOVA est très significative (0.002^{***} avec $\alpha= 0.05$) ce qui nous informe qu'il y a plus de différences entre le parent PAC2 et ses descendants, contrairement au parent RHA266, qui ne présente aucune différence statistique avec les LIR, on peut en déduire que les LIR possèdent plus de caractères en commun avec le parent RHA266 qu'avec le parent PAC2 pour cette variable (PMG) dans ce semis.

3.1.2.5.3. Comparaison entre les deux semis (ST et SP) :

Une comparaison entre les deux semis pour cette variable du poids de mille grains (tableau.29) nous montre qu'il existe une différence d'environ (**0.76g**) entre les moyennes des deux semis, mais, cette valeur reste assez petite.

Tableau 29. Moyennes du poids de mille grains selon les génotypes

semis	PMG en (g) entre SP et ST	
	moyenne	(Écart type) déviation ±
Précoce	19,854	6,87
Témoin	19,095	8,14

Flagella et.,*al* (2002), avaient comme objectif, d'évaluer l'influence de l'irrigation et de deux dates de semis sur le rendement en semences et sur la composition en acides gras de haute valeur oléique chez des hybrides de tournesol, afin de mieux connaître les effets des principales techniques agronomiques adoptées dans un climat méditerranéen sur le rendement en semences et sur la qualité de tournesol.

Les résultats de ces travaux étaient clairs, la date du semis précoce nettement avantagée, par une bonne teneur en eau du sol suite aux pluies de la fin de saison hivernale a permis un meilleur rendement en grains, bien que le rendement total soit faible, c'est le cas pour notre semis précoce, qui a bénéficié d'un important apport en eau de pluies et de neiges contrairement au semis témoin.

L'analyse statistique (tableau.30), est non significative entre les deux semis, ce qui signifie que le rendement en grains n'a pas changé dans les deux cas de semis Témoin et Précoce.

Tableau. 30 Analyse de variance pour le PMG entre les deux semis

ANOVA					
	Somme des carrés	DL	Moyenne des carrés	F	Sig.
PMG	18,068	1	18,068	0,382	0,537 NS

$\alpha = 0.05$, NS : Résultat Non Significatif

Les causes probables de ce résultat sont les hautes températures et la contrainte hydrique qui a suivi, pendant les phases du cycle de développement, qui ont affectées cette variable (PMG) par la diminution du poids des akènes. La contrainte hydrique affecte fortement le nombre d'akènes ce qui influence le rendement en graine s'il est subi en période végétative, en revanche, c'est plutôt le poids des graine qui sera diminué si le déficit a lieu après la floraison, ce qui est largement notre cas pour les deux semis.

Selon le tableau.19, les précipitations sont nettement faibles au niveau du semis précoce, seulement **4.2 mm**, mais en revanche, elles sont quasiment nulles au niveau du semis témoin pour la période post-floraison. Un stress hydrique sévère et brutal pendant le remplissage de la graine affecte les caractéristiques physiques des graines comme leur taille (Baldini *et al.*, 1999), leur poids (Unger, 1982), ce qui est observé pour les deux semis de notre expérimentation. Une bonne gestion des apports hydriques permettrait d'augmenter la durée de la surface foliaire (DSF) et la durée d'efficacité de l'interception (DEI) (Blanchet *et al.*, 1990; Gimenez *et al.*, 1992; Picq, 1989).

Flagella *et al.*, (2002) ont aussi constaté une augmentation du rendement moyen pour le PMG pour le semis précoce contrairement au semis témoin, ce qui concorde avec le résultat moyen du poids de mille grains enregistré, néanmoins, il reste assez faible, suite aux conditions expérimentales. Unger *et.,al* (1983) ont démontré l'effet très significatif de l'irrigation surtout avant le stade R5.1 jusqu'au stade R5.9, elle augmenterait relativement le rendement en grains ce qui est le cas lors d'un semis précoce.

Une étude de corrélations entre variables est plus que nécessaire, afin de mieux confirmer l'effet de chaque variable sur l'autre et en même temps de voir s'il y a une réaction différente des géotypes et si la date de semis a eu un effet ou non sur le comportement variétale pour notre expérimentation.

Tableau 31 (A) : la corrélation pour les variables SF, BMF et PMG pour le semis Témoin

(A)	Les corrélations au niveau du semis témoin (ST)			
		SF	BMF	PMG
SF	Corrélation de Pearson	1	0,468(**)	0,238(*)
BMF	Corrélation de Pearson	0,468(**)	1	0,129
PMG	Corrélation de Pearson	,0238(*)	0,129	1

(* *) Correlation est significative au niveau $\alpha = 0.01$ level

(*) Correlation est significative au niveau $\alpha = 0.05$ level

Le **tableau 31 (A)**, représente les corrélations entre variables du semis témoin ; il nous montre la présence de corrélations à différents taux de signification. Entre la (SF) et la (BMF) la corrélation est très significative (0.468** **TS**) pour $\alpha = 0.01$, entre la (SF) et le (PMG) elle est significative (0.238* **S**) pour $\alpha = 0.05$.

Par contre, il n'existe aucune corrélation entre la (BMF) et le (PMG) pour ce semis témoin (**0.129 NS**), ce qui veut dire qu'il n'y a eu aucun gain dans le rendement qui se traduisant par le transfert d'assimilats de la partie végétative vers les akènes. Celui-ci est un résultat direct de la contrainte hydrique subie (**0.2 mm**) au niveau du semis témoin surtout dans les stades critiques de la floraison (**R5**) au remplissage du grain (**R9**), ceci concorde avec les résultats obtenus par Pattey en (2002), qui a démontré l'effet des déficits hydriques suivant le second stade de développement du soya, car ils ont eu lieu pendant la phase sensible floraison-fructification et ont contribué à réduire le rendement.

Suivant le **tableau.31 (B)**, qui correspond à l'analyse de corrélation entre les variables étudiées au niveau du semis précoce, on note qu'il y a des corrélations positives très significatives entre toutes les variables pour un niveau de signification $\alpha = 0.01$.

Tableau 31 (B) : la corrélation pour les variables SF, BMF et PMG pour le semis Précoce

(B)	Les corrélations au niveau du semis précoce (SP)			
		SF	BMF	PMG
SF	Corrélation de Pearson	1	0,479(**)	0,327(**)
BMF	Corrélation de Pearson	0,479(**)	1	0,384(**)
PMG	Corrélation de Pearson	0,327(**)	0,384(**)	1

(* *) Corrélation est significative au niveau $\alpha = 0.01$

Les corrélations sont très significatives pour $\alpha=0.01$. Pour la surface foliaire à la floraison (SF) est la biomasse à la floraison (BMF) avec une valeur de **0.479****, ce qui concorde avec les résultats obtenus par Malezieux. E (1991), qui a établi la relation directe entre le rayonnement intercepté par la surface foliaire et l'accumulation de la matière sèche chez une culture d'ananas.

De plus, la surface foliaire à la floraison est corrélée positivement avec la variable du poids de mille grains (PMG) avec une valeur de **0.327****. On peut lier ces corrélations positives au niveau du semis précoce aux précipitations importantes qui ont coïncidé avec le début du cycle jusqu'au début du stade R9. Pour le stade floraison début du remplissage du grain, on a enregistré en moyenne (**38.2 mm**), ce qui est très largement supérieur à ce qui a été enregistré au niveau du semis témoin seulement (**0.2 mm**) pour cette même période.

3.1.2.6. Les relations entre la morphologie et le rendement pour les deux dates de semis :

Dans notre étude des 100 lignées de tournesol (98 LIR et leurs deux parents), nous avons choisi de mesurer comme l'un des paramètres morphologiques : la surface foliaire totale à la floraison, en utilisant la surface de la plus grande feuille. Par la suite, on a utilisé cette mesure pour établir une éventuelle corrélation entre cette variable et la biomasse produite ainsi que la production de grains.

Afin de mettre en lumière les éventuelles relations entre les paramètres morphologiques (Architecture) et le rendement (en biomasse, en graines...) nous avons procédé à l'analyse de corrélations entre les différentes variables mesurées précédemment (Tableau. 32).

Rey.H et *al.*, 2004., Casadebaig .P et *al.* 2007, ont travaillé sur le développement d'un modèle de simulation de culture à paramètres génotypiques et ses applications sur le tournesol, ils ont utilisé pour cela, plusieurs méthodes et parmi elles, le formalisme de la plante, en se basant soit sur la physiologie des feuilles, soit sur l'effet des radiations et des températures fluctuantes. Leurs résultats étaient corrélés entre les valeurs observées et les valeurs simulées, ce qui est une grande avancée dans le domaine de la sélection variétale.

Tableau 32. Les différentes corrélations entre toutes les variables mesurées dans les deux semis

Corrélation de Pearson						
	NF	PPGF	SPG	SF	BMF	PMG
NF	1					
PPGF	0,885(**)	1				
SPG	0,252(**)	0,227(**)	1			
SF	0,633(**)	0,577(**)	0,893(**)	1		
BMF	0,156(**)	0,158(**)	0,272(**)	0,296(**)	1	
PMG	0,294(**)	0,281(**)	0,297(**)	0,350(**)	0,227(**)	1

(**) Significative au niveau $\alpha= 0.01$

Les résultats (tableau .32) confirment la relation étroite entre la morphologie de la plante et ses rendements. On constate une forte corrélation (0.633**) entre le nombre de feuilles (NF) et la surface foliaire (SF), une forte corrélation de (0.577**) entre la position de la plus grande feuille (PPGF) et la surface foliaire ; une forte corrélation de (0.885**) est notée entre le nombre de feuilles et la position de la plus grande feuilles. On signale aussi une très forte corrélation de (0.893**) entre la superficie de la plus grande feuille (SPG) et la surface foliaire.

D'autres corrélations positives sont à signaler entre les variables de la morphologie et les variables du rendement: une corrélation de (0.296**) est notée entre la surface foliaire (SF) et la biomasse à la floraison (BMF). Une autre corrélation positive est notée entre la surface foliaire et le poids de mille grains (PMG) d'une valeur de (0.350**).

La surface foliaire est liée au rendement en tant que capteur d'énergie, car il existe une relation positive entre interception lumineuse et production. Aussi, la durée de la surface foliaire (DSF) favorise le rendement (Blanchet *et al.*, 1990; Morizet *et al.*, 1984).

En conclusion et d'une manière générale, dans presque tous les cas de variables étudiées morphologiques et phénologiques on remarque que le parent PAC2 est le mieux adapté aux conditions de semis (date, milieu, climat...etc.) contrairement au parent RHA266 qui a montré une moindre adaptation aux conditions expérimentales. Pour les LIR, dans la plupart des variables mesurées la réaction est assez élevée par rapport aux lignées parentales, ce qui pourrait être dû à un effet éventuel d'hétérosis.

On parle d'effet d'hétérosis lorsque la génération hybride **F1** présente des performances supérieures à la performance moyenne de la génération parente, homozygote ou de lignée pure. L'effet d'hétérosis, nommé également **vigueur hybride**, se traduit par un gain de performances (ou plus exactement une annulation des "tares" des lignées "pures") qui résulte du brassage des différents allèles des différentes lignées. En plus, le semis précoce nous a permis, malgré des conditions climatiques défavorables (surtout de la floraison à la récolte) de mettre en évidence une certaine variabilité au niveau du comportement des génotypes dans ces conditions. Cette variabilité est très utile lors d'une sélection variétale.

3.1.3. EFFET DE LA DATE DE SEMIS SUR LA VARIABILITE GENOTYPIQUE :

Dans nos conditions expérimentales nous avons enregistré d'une part, des températures très basses durant la phase de lancement du semis précoce et d'autre part, des températures assez élevées à la phase de maturité phénologique des génotypes (de Juin à Août), en conséquence, un stress par le froid au début de l'expérimentation peut déclencher différentes réponses à différentes échelles chez les génotypes exposés à ce stress ; ce qui a été mis en évidence par les travaux sur le maïs effectués par Touchard. C (2006) en cherchant des stratégies pour l'amélioration de la tolérance aux basses températures chez le Maïs.

Nous allons essayer d'identifier ces différentes réponses des génotypes sur le plan génétique et cela par la détection de QTLs. On a procédé par une analyse plus détaillée des deux semis (ST, SP) exprimé en degrés jour (C°J) par une série de corrélation entre la durée phase végétative et la phase post-floraison pour les deux semis séparément en incluant tous les paramètres étudiés, pour détecter un éventuel changement du comportement des génotypes vis-à-vis des conditions de cultures (les dates de semis). (Tableau.33) en fixant le zéro de végétation à 4.8°C (Granier and Tardieu, 1998).

Tableau 33. Corrélation entre la durée phase de la phase végétative et la phase post-

Corrélation entre la phase végétative (PV) et la phase poste floraison (PPF) dans les deux semis	
	PV x PPF
Semis Témoin (ST)	0.153 NS
Semis Précoce (SP)	0.260 (**)

floraison pour le semis précoce et le semis témoin

(* *) Corrélation est significative au niveau $\alpha = 0.01$. NS : Non Significatif

Selon le résultat du Tableau 33, on remarque qu'il n'y a pas de corrélation entre les deux phases de développement (Figure.11) pour le semis témoin avec une valeur non significative de (**0.153 NS**), ce qui signifie qu'il n'existe pas de variations dans les C°J nécessaire pour chaque phase et pour chaque génotype, les deux phases (PV-PPF) ayant eux la même durée en C°J soit environ **200C°J** pour l'ensemble des génotypes.

Ce qui serait probablement dû aux conditions environnementales, car le semis témoin a subi plus de chaleur et de manque d'eau que le semis précoce, ce qui se traduit généralement par une réaction directe de la plante qui accélère sa croissance afin d'arriver à maturité et à produire suffisamment de graines. Ce qui concorde avec les travaux de Roche (2005) sur le tournesol, où, elle a mis en évidence l'effet d'un déficit hydrique post-floral qui provoque en plus de la réduction des C°J nécessaire à chaque phase, l'accélération de la sénescence foliaire, une baisse d'activité photosynthétique qui conduit à accélérer les translocations azotées des feuilles vers les graines.

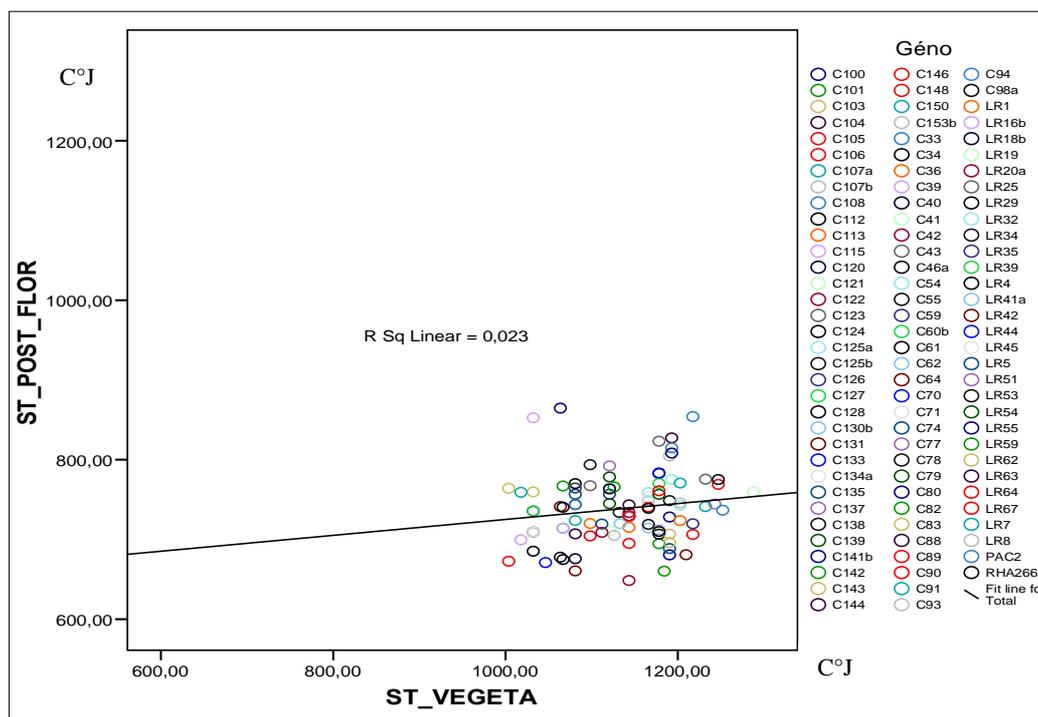


Figure 11. Corrélation entre la durée de la phase végétative et la durée de la phase post-floraison en (C°J) du semis Témoin

Ce qui nous amène à supposer que les fortes chaleurs et l'absence totale de pluie (contrainte hydrique) (Tableau.19) durant la phase post-floraison ont considérablement affecté le cycle de développement. Ce qui est confirmé par les travaux de Bremner *et al.*, (1990) où, ils ont établi le rapport entre la sécheresse prolongée et l'arrêt du développement d'une culture de sorgho. La contrainte hydrique (stress hydrique) diminue la croissance et la productivité des plantes, en ralentissant le taux de division et d'expansion des cellules principalement, en raison d'une perte de turgescence liée à l'altération de l'état hydrique cellulaire.

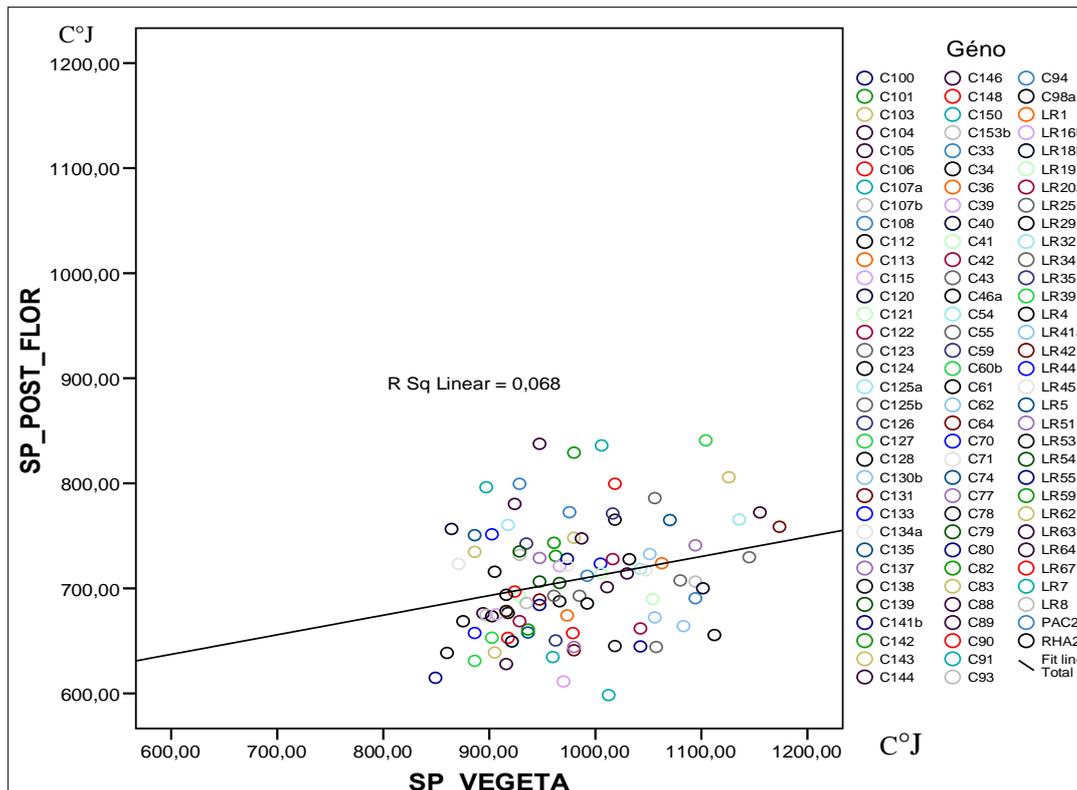


Figure .12. Corrélation entre la durée de la phase végétative et la durée de la phase post-floraison du semis précoce

Par contre, pour le semis précoce, on note la présence d'une corrélation entre ses deux phases (PV-PPF) d'une valeur de (**0.260****). Cette corrélation significative et positive (Figure.12) nous permet de dire que les génotypes ont eu un développement constant dans le temps. On peut supposer l'hypothèse suivante que probablement:

« Les génotypes qui ont levé en premier sont probablement ceux qui ont mûri en premier ».

On note également d'après la (figure.12) que la durée de chaque phase est différente, pour tous les génotypes, la phase végétative s'est étendue sur une durée de **350C°J** (du semis à la phase végétative), on peut lier cette durée aux basses températures enregistrées durant cette dernière, ce qui a permis à certains génotypes et pas à d'autres de se développer, ce qui met en évidence et en une certaine façon, une diversité génotypique exprimée suite aux basses températures.

Nykiforuk *et al.*, (1993) ont démontré à partir de leurs études sur la germination du canola (Colza) que les basses températures exercent un effet délétère, ceci, peut être reflété dans une perte ou un retard de la coordination dans la mobilisation des réserves vers les graines. Touchard (2006) a lié l'apparition de dommages dans les parties aériennes des plantes à des températures dites froides (entre 0° et 10°) et si, celles-ci arrivent à un seuil négatif, elles pourraient causer la mort de ces parties aériennes et par la même celle de la plante.

La phase post-floraison quant à elle (semis précoce), a duré seulement **200C°J** (de la phase végétative à la récolte) en comparaison avec la première phase ; une accélération du développement qui s'est faite presque en même temps pour tous les génotypes malgré l'avancement de la date de semis, celui-ci n'a pas permis d'éviter que la phase critique du développement du tournesol ne coïncide avec les fortes chaleurs estivales et avec un fort déficit hydrique.

On pourrait conclure que le froid, a pu avoir un effet positif sur l'expression des variabilités génétiques des génotypes étudiés dans notre expérimentation ce qui concorde avec les résultats obtenus par Allinne en (2007) sur les même génotypes de tournesol.

3.2. LA DETECTION DES QTLs :

L'étude de l'effet d'interaction **QTLs x Environnement** peut être affiné en décomposant l'effet du milieu en différentes composantes dont la température (Campbell *et al.*, 2004), il est alors possible de déterminer avec précision où se situe l'interaction QTLs X environnement d'un éventuel effet du stress hydrique. La recherche de QTL en condition de stress thermique (froid et hautes températures) et de contraintes hydriques est en fait, un test statistique; plusieurs méthodes de détection des QTLs sont proposées (Broman et Speed, 2002 ; Doerge *et al.*, 1997), et l'analyse des variances est la méthode la plus couramment utilisée et la plus simple (Collard *et al.*, 2005).

Son principe est simple : en comparant les moyennes des paramètres mesurés entre les deux semis ; si, les moyennes sont différentes entre elles (significatives pour $\alpha=0.05$) alors il pourrait y avoir un QTL qui pourrait expliquer cette différence. L'inconvénient de cette méthode est le risque de sous estimer l'effet du QTL quand le marqueur le plus proche du QTL est en fait éloigné : un marqueur proche d'un QTL à effet faible, donnera le même signal qu'un marqueur proche d'un QTL à effet fort ; En plus, on ne sait pas si le QTL se situe avant ou après le marqueur.

Les autres méthodes de calcul dérivent de celle-ci mais prennent en compte d'autres éléments. La cartographie simple d'intervalle (SIM) ou la cartographie d'intervalle composite (CIM) qui résulte de l'addition de marqueurs génétiques à la méthode SIM. Elle permet de détecter d'éventuels QTLs aux effets plus faibles qui auraient été masqués par les QTLs à effet fort.

Dans notre expérimentation (Constantine ; Algérie), des analyses de variances des différents caractères phénologiques et morphologiques étudiés entre les deux semis sont représentées dans le tableau.34, suivies d'une détection de QTLs en utilisant la cartographie d'intervalle composite (CIM).

Tableau. 34. Résultats des ANOVA pour les caractères phénologiques et morphologiques

ANOVA	Sommes des carrés	DL	Moyenne des carrés	F	Sig.
SLCJeff	98302,208	1	98302,208	321,814	0.00***HS
LFCJeff	4882857,341	1	4882857,34	827,515	0.00***HS
DbFFFCJeff	7,099	1	7,099	0,004	0,95 NS
FFMPCJeff	20080,725	1	20080,725	13,845	0.00***HS
MPMRCJeff	52541,243	1	52541,243	39,329	0.00***HS
NF	88,532	1	88,532	21,482	0.00***HS
PPGF	101,577	1	101,577	28,536	0.00***HS
SPG	2709,511	1	2709,511	2,859	0,091 NS
SF	669437,795	1	669437,795	11,314	0,001***HS
BMF	167,677	1	167,677	1,403	0,085 NS
PMG	48,114	1	48,114	0,868	0,352 NS

NS : ($\alpha= 0.05$), S : significative au niveau $\alpha= 0.05$, HS : hautement significatif

Selon le tableau 34, qui représente l'analyse de variances entre les deux semis pour les différentes variables étudiées, phénologiques, morphologiques et rendement, on observe les résultats suivants :

1- Pour les variables phénologiques :

Pour la phase de floraison (DbFFF) (du début à la fin), il n'y a pas de différence significative entre les deux semis suite à l'analyse de variance, ce qui exclu cette dernière de notre recherche de QTLs, par contre, pour les autres phases phénologiques étudiées « la phase du semis-levée (SL) », « la phase levée-début de la floraison (LF) ou phase végétative », « la phase de fin de floraison- début de maturité physiologique (FFMP) qui représente la phase du remplissage du grain » et en dernier « la phase de maturité physiologique-récolte (MPMR) » il y a une différence significative entre les deux semis, d'où la possibilité d'une présence de QTLs.

2- Pour les variables morphologiques et les variables de rendement :

Sur toutes les variables étudiées, on note l'existence de différences significatives pour les trois variables morphologiques : le nombre de feuilles (NF), la position de la plus grande feuille (PPGF) et la surface foliaire (SF) ; par contre, pour les variables du rendement (biomasse à la floraison BMF et le poids de mille grains PMG) il n'y a pas de différences significatives entre semis, ce qui les exclut aussi de la recherche de QTLs.

On constate que les ANOVA pour les variables (**SLC°J, LFC°J, FFMPC°J, MPMRC°J, NF, PPGF, SF**) sont très significatives (pour $\alpha=0.05$) entre les deux semis, ce qui nous amène à supposer l'existence de **QTLs adaptatifs**, qui peuvent être identifiés sur le semis précoce par rapport au semis témoin à l'aide du logiciel QTL CARTWIN (Version 1.17). Les résultats des QTL pour toutes les variables sont représentés dans le tableau.35.

Tableau 35. Principaux QTLs détectés pour les variables phénologiques et morphologiques dans le semis1 (précoce)

	Variable	GDL*	Marqueur	Position (cM)	LODScore	R ² *	Additivité
Variables phénologiques	FFMP	8	20	88,7100	6,6334	0,1575	-9,0248
		15	10	36,8100	3,4257	0,1076	7,3189
	LF	10	67	203,5100	3,9656	0,1854	30,9271
		12	24	83,6100	6,246	0,1489	26,7142
		14	10	44,2100	8,3102	0,1416	-26,7863
		17	24	130,2100	6,762	0,1664	-38,0838
	MPMR	4	28	108,2600	7,4699	0,1775	-14,1914
		5	1	12,0100	7,0639	0,1696	11,3192
		14	18	104,7600	6,3788	0,1515	-11,9502
		15	22	88,3600	4,8414	0,1440	9,9491
	SL	5	12	49,9100	4,9629	0,1471	6,1348
		7	8	22,6600	5,0171	0,1740	5,7033
		8	5	20,3600	7,5865	0,1926	-6,4853
		14	13	75,7600	6,9657	0,2021	-6,3037
		16	47	197,5600	4,832	0,1892	-5,7488
	variables morphologiques	NF	9	23	93,0600	8,0015	0,1328
9			30	104,3600	4,3505	0,0788	-0,7201
13			10	52,6600	6,1603	0,1261	0,7237
PPGF		4	9	48,5600	4,0493	0,0809	0,5194
		5	1	0,0100	5,4871	0,1002	-0,5853
		6	3	26,6600	3,1900	0,0875	-0,6282
		7	16	45,1600	6,7272	0,1119	-0,6017
		7	17	49,7100	5,8701	0,1028	-0,5695
		7	19	57,3100	5,6452	0,1174	-,6014
		13	10	52,6600	6,3534	0,1176	0,6464
SF		6	11	53,4600	4,9003	0,0927	78,7342
		6	18	87,2600	3,3808	0,0648	-66,6656
		10	62	181,3100	5,2182	0,1027	-85,7608
		10	63	185,4100	4,5596	0,1199	-98,0917

* GDL : Groupe de liaison, R² : pourcentage de variation

Les QTLs qui sont représentés dans le tableau.22, représentent les QTLs détectés seulement dans le semis précoce, car, c'est dans ce dernier qu'on peut rechercher les QTLs dits « **adaptatifs** », qui se sont éventuellement manifestés suite à la modification de la date de semis et suite aux conditions environnementales. On constate d'après le tableau 22, en ce qui concerne les caractères phénologiques étudiés lors des phases de développement, qu'il y a présence de plusieurs QTLs sur plusieurs groupes de liaison (4, 5, 7, 8, 10,12, 14, 15, 16 et 17) avec des **LOD** compris entre **3** et **8** et des valeurs de la variance phénotypique (**R²**) relativement élevées entre **10%** et **20%** selon les QTLs.

Plusieurs Co-localisations sont présentes entre les différentes variables phénologiques (Figure.13). Une co-localisation est observée sur le groupe de liaison **5**, pour les variables : SL et MPMR avec une valeur de LOD entre **4** et **7** et un pourcentage de variance phénotypique R² de **14%** et **16%** respectivement. Une co-localisation sur le groupe de liaison **8** pour les variables SL et FFMP, avec un LOD compris entre **6** et **7** (assez élevé) ce qui signifie qu'on a **10⁶** et **10⁷** de chance d'avoir un QTL à cet emplacement : leurs valeurs de **R²** respectives sont : **19%** et **15%**, ce qui est considéré comme assez élevé.

On note également, une co-localisation sur le groupe de liaison **14** pour **3** variables SL, LF et MPMR avec des LOD compris entre 6 et 8 (très élevés) et un R² respectif de (**20%**, **14%** et **15%**). Le QTL détecté et lié à la variable phénologique (SL) est considéré comme étant un QTL à effet fort, car son R² est > 20% (=20.21%) (Allinne. 2006).

Par ailleurs, plusieurs QTLs sont détectés pour les variables morphologiques : leurs LODscore sont comprises entre **3** et **8** et les valeurs de leurs R² sont comprises entre **6%** et **13%**. De plus, des co-localisations entre les QTLs sont détectées : une co-localisation sur le groupe de liaison **13** pour les variables de la position de la plus grande feuille (PPGF) et le nombre de feuilles (NF), leur R² respectif est de **11%** et **12%**. Une autre co-localisation est à signaler sur le groupe de liaison **6** entre la même variable de la **PPGF** et cette fois la **SF**. Leur **R²** respectif est de **8%** et **9%**, ce qui peut signifier que ces **3** variables (PPGF, NF et SF) possèdent une même base génétique.

Un autre type de co-localisation est observé, cette fois, entre les variables phénologiques (phase de développement de la plante) et les variables morphologiques (NF, PPGF et SF), ce type de co-localisation entre caractères différents est le plus recherché par les sélectionneurs, car il offre en plus d'un gain de temps, un gain d'information. On peut facilement associer les caractères entre eux pour mettre en évidence l'interaction qui peut exister entre ce dernier. Si les valeurs additives sont négatives cela signifie que ces caractères sont hérités du parent **PAC2** et si elles sont positives sont héritées du parent **RHA266** selon les résultats calculés par le logiciel QTLCartWin (version 1.17).

Il existe une autre colocalisation entre deux variables différentes, une variable phénologique (phase MPMR) et variable morphologique (PPGF) sur le groupe de liaison **4** avec des LODscore compris entre **4** et **7** et des valeurs de R^2 respectives de 17% et 8%. Sur le groupe de liaison **10**, il y a une autre co-localisation entre une variable phénologique phase Levée-début floraison (LF) et une variable morphologique qui est la surface foliaire à la floraison (SF) avec des valeurs de LOD entre **3** et **5** et un R^2 respectif de 18% et 11%.

Kiani (2007) a mis en évidence que plusieurs QTLs de caractères morphologiques sont situés sur les groupes de liaison **2, 4, 5, et 10** et que ces caractères sont étroitement liés à des QTLs de rendement de la plante, ce qui concorde avec ce qu'on a obtenu. Nous avons détecté sur les mêmes groupes de liaison **4, 5 et 10** des QTLs liés aux caractères morphologiques.

Je rappelle que dans le cadre de notre étude on a essayé de mettre la lumière sur l'effet de la date de semis sur la culture du tournesol et éventuellement sur l'effet des basses températures subies par la culture durant les premières phases de développement suite à l'avancement de la date de semis. Nous avons pu associer les différents QTLs détectés à chaque phase avec les conditions environnementales de notre région.

Nous allons pour cela, associer les deux phases (SL et LF) comme celles ayant subi le froid des premiers mois, et les deux autres phases (FFMP et MPMR) comme celles ayant subi les fortes chaleurs du mois de Juin, Juillet et d’Août.

- **Pour la phase de semis (SL) – levée et levée – floraison (LF) :**

On note l’existence de 5 QTLs différents sur les groupes de liaisons (5, 7, 8, 14 et 16) pour la phase SL avec des LOD entre 4 et 7 et un R^2 entre 14% et 20% ce qui est assez élevé comme valeur de la variance phénotypique. Le marqueur 13 sur le groupe de liaison 14 explique à lui seul 20% de la variabilité phénotypique de cette phase de développement. Cette valeur du R^2 est considérée comme élevée et le QTL lié à cette valeur est considéré comme un QTL à effet fort. Il en va de même du marqueur 5 sur le groupe de liaison 8, il explique lui aussi plus de 19% de la variance du caractère lié à la variable « SL ».

Selon le tableau (22) et pour la phase de SL, nous constatons que tous les QTLs détectés sont des QTLs qui présentent un effet considérable sur ce caractère de part leur R^2 ; nous pouvons les considérer comme des QTLs liés aux basses températures subi durant le début du développement. Ces QTLs peuvent être éventuellement utilisés pour la sélection des génotypes de tournesol, en appuyant ces données avec d’autres mesures liées aux basses températures durant les premières phases de développement.

Pour la phase de « LF » les 4 QTLs détectés sont sur les groupes de liaisons (10, 12, 14 et 17), possèdent des LOD entre 3 et 8 avec des valeurs de R^2 assez élevée. Cette valeur est comprise entre 14% et 18% selon les QTLs, avec une co-localisation sur le groupe de liaison 14 avec la phase de « SL » et une co-localisation avec la phase « MPMR », ce qui signifie qu’ils ont la même base génétique. Ces QTLs sont eux aussi important, car ils se situent au début du développement et précèdent une importante phase qui est la floraison. Ils peuvent donc jouer un rôle important dans la sélection variétale.

- **Pour la phase de fin de floraison (FF) – maturité physiologique et récolte (MPMR) :**

Pour ces deux phases de milieu et de fin de cycle (aussi importantes que les deux premières) qui ont subi les fortes chaleurs du mois de juin, juillet et d'août accompagnées d'une contrainte hydrique importante (absence de précipitations), on a pu identifier plusieurs QTLs qui peuvent être liés à ces conditions défavorables. Ces derniers se localisent sur différents groupes de liaison (4, 5, 8, 14, et 15), avec les LOD entre 3 et 6 pour la phase FFMP et des LOD entre 4 et 7 pour la phase MPMR.

Leurs R^2 respectif est entre 10% et 15% pour la phase FFMP et entre 15% et 17% pour la phase MPMR. Ces valeurs de R^2 sont assez importantes si l'on considère que ces phases se situent directement dans la période des grandes chaleurs et manque d'eau (déficit hydrique) qu'on veut absolument éviter, afin de maximiser le remplissage du grain et par la même le rendement.

Ebrahimi *et al.*, (2008) ont également identifié des QTLs pour des paramètres de qualité de la graine de tournesol en conditions de déficit hydrique. A des fins d'application, l'ensemble des marqueurs SSR identifiés pourraient être testés plus précisément pour envisager une utilisation dans des programmes de sélection assistée par marqueurs (SAM) pour l'amélioration de la tolérance du tournesol à la sécheresse (Grieu. 2008) compte tenu de notre climat méditerranéen.

CONCLUSION ET PERSPECTIVES:

Les résultats de cette étude montrent que les génotypes de tournesol sont très différents quant à leur réaction vis-à-vis des conditions expérimentales. Pour ce qui est des caractères phénologiques (durées des cycles), l'analyse faite entre les deux phases (végétative (PV) et phase poste floraison (PPF)), nous montre une différence dans le comportement des génotypes entre le semis précoce et le semis témoin, on note l'expression d'une variabilité génotypique cette différence est représenté dans le tableau.1.

Cette variabilité est confirmée en s'appuyant sur les analyses de corrélations faites entre ces deux phases (tableau.33). On confirme que dans le semis précoce, il y a une corrélation entre les deux phases et qu'une variabilité génotypique a été observée entre les différents génotypes de part leur classement selon leur développement dans le temps en utilisant les C°J nécessaires pour chaque phase. ceci nous permet de dire que les génotypes qui ont levés en premiers sont les premiers à mûrir avec des C°J différents pour les deux phases de développement dans le semis précoce, contrairement au semis témoin où, aucune variabilité n'a été observée, et les durée de chaque phase en C°J sont presque égales entre elles et aucune corrélation n'a pu être observée.

Ces résultats, peuvent être liés en particulier à des facteurs climatiques (chaleurs et déficit hydrique) surtout au niveau du semis témoin, ce qui a pu inhiber l'expression de la variabilité génétique entre individus. Des génotypes soumis aux mêmes contraintes hydriques ne perçoivent pas de la même façon ces dernières.

Une importante variabilité génotypique est associée à ces mécanismes chez la plupart des espèces cultivées, en particulier chez le tournesol. Ces mécanismes très variés, entrent en jeu à temps différents : le développement d'un système racinaire performant, le contrôle de l'ouverture et fermeture des stomates, le maintien d'un potentiel osmotique stable au moment du stress hydrique en contrôlant les solutés présents au niveau de la cellule et l'évapotranspiration (van Hoorn *et al.*, 1994).

La phénologie est déterminée particulièrement par la durée de l'intégration des efficacités d'interception. Chez le tournesol, les étapes clés de l'ontogénèse de la plante sont l'apparition du bouton étoilé, la floraison, le début du remplissage des graines et la maturité physiologique (Connor et Hall, 1997). Le tournesol présente une grande sensibilité au stress hydrique appliqué entre le début de floraison et la fin du remplissage (Hall *et al.*, 1985; Flénet *et al.*, 1996 ; Chimenti *et al.*, 2001)

Ces étapes déterminent les phases de l'élaboration des composantes du rendement : poids d'une graine, le nombre de graines en plus du poids de mille grains et par conséquent la teneur en huile. Elles délimitent des périodes du cycle en termes de physiologie de la plante pour l'organogénèse, la morphogénèse, l'activité photosynthétique, l'hydrolyse protéique et la lipidogénèse (Grieu, 2008). Les conditions de forts déficits hydriques engendrent un effet négatif considérable sur les apports en eau, se répercutant ainsi, sur la qualité des huiles suite au changement du taux des protéines et de lipides (Roche. 2005).

Dans ce travail nous avons noté que le nombre de feuilles totales entre les deux dates de semis est différent, en faveur du semis précoce. Rawson et Turner, (1982) ont montré qu'un stress durant la phase végétative entraîne une réduction de sa surface foliaire. Lors de sécheresses précoces, la réduction de la surface foliaire est associée à une diminution de l'expansion foliaire et une réduction du nombre de feuilles plus qu'à une sénescence accélérée des feuilles.

Les contraintes hydriques de différentes intensités qui ont été appliquées à plusieurs stades de développement de la feuille chez le tournesol. Granier et Tardieu, 1998 ont montré que tous les déficits hydriques provoquent une réduction de surface finale en limitant la vitesse relative d'expansion. Ce qui est dans l'avantage du semis précoce, car ce dernier profite amplement des pluies d'automne et d'hiver ces dernières aidant à la mise en place d'un meilleur couvert végétal, ainsi, une meilleure assimilation énergétique de la lumière incidente, qui peut jouer un rôle très important dans la production de biomasse.

La position des feuilles joue elle aussi un rôle majeur dans la production de biomasse (caractérisée par le feuillage et le rendement en graines), et ceci, par le type d'interception du rayonnement incident, car l'architecture de la plante y est pour beaucoup. Plusieurs recherches ont été réalisées (Tardieu *et al.*, 1999 ; Rey *et al.*, 2004 ; Casadebaig, P. 2008) et d'autres sont en cours de réalisation dans le domaine de l'architecture de la plante et de la modélisation végétale, pour permettre une meilleur prédiction pour le rendement en biomasse et surtout en graines. Pour notre expérimentation, nous avons constaté un effet positif quant à l'avancement de la date de semis (semis anticipé), ce qui est un résultat encourageant.

Au niveau des paramètres qualitatifs et quantitatifs plusieurs d'autres expérimentations doivent être menées dans notre pays, dans le but de promouvoir au mieux nos conditions climatiques et de mieux étudier les réactions des différents géotypes soumis aux contraintes environnementales de notre climat semi-aride sans négliger pour autant l'étude du sol afin d'apporter les engrais et intrants nécessaires afin d'optimiser le rendement.

On constate également, un autre point positif pour le semis précoce. Pour la surface foliaire à la floraison (SF), elle est nettement supérieure au niveau du semis précoce. Ce résultat est du sans doute, aux précipitations enregistrées dans les premières phases de développement et même jusqu'à la phase de floraison (tableau.19), ce qui indique encore une fois que le semis précoce présente plusieurs avantages, contrairement au semis témoin, où, les précipitations étaient moins importantes et même quasiment nulles au niveau de la même phase de développement (tableau.19) , en effet, cette variable (SF) est le siège principal de la photosynthèse et de la production de biomasse, ce qui pourrait se répercuter positivement sur le rendement,

Roche. J (2005) a établi qu'un stress hydrique appliqué en post-floraison (en conditions contrôlées) présente un effet significatif sur l'évolution de la surface foliaire photosynthétiquement active, et atteste d'une sénescence plus rapide lorsque le stress s'étend du début de la floraison jusqu'au commencement de la maturation des graines (stress long) quel que soit le géotype.

De plus, la diminution de la surface foliaire influe directement sur le rendement en biomasse surtout au moment de la floraison, car, la biomasse stockée est réutilisée par un processus de transfert des assimilâtes vers le capitule et les graines en particulier.

Nos résultats obtenus quant à l'avancement de la date de semis nous ont permis de confirmer la stratégie recherchée qui est : « l'esquive de la période des fortes chaleurs ». Le développement rapide avec une floraison précoce permet à la plante d'éviter les périodes sèches. Cette stratégie appliquée aux espèces cultivées a amené à décaler la date de semis et/ou à sélectionner des variétés plus précoces permettant d'éviter les déficits hydriques de fin de cycle.

L'avancement de la date de semis de deux mois, n'a pas empêché d'éviter les fortes chaleurs qui ont affecté les deux semis vers la fin de la floraison et le début de la phase de remplissage du grain. Ces chaleurs ont directement affecté la biomasse mesurée à la floraison (couvert végétale). La réduction de la biomasse à été observée au niveau des deux semis (Témoin et Précoce) ce qui est confirmé statistiquement par l'absence de différences significatives. Néanmoins, nous avons obtenu un résultat encourageant même si ce dernier est partiel.

La répartition de la biomasse entre les organes est un déterminant majeur de la physiologie de la plante (Yan *et al.*, 2004). La phase de développement et de maturation des graines est influencée considérablement par la physiologie de la plante. Bange *et al.*, (1997) ont utilisé ce caractère physiologique de la biomasse, afin de mettre en évidence l'effet de la date de semis sur les performances du rendement. En 1998, Bange a déterminé que la biomasse est influencée directement par le taux de radiations interceptées ainsi que le taux de radiations efficaces durant toutes les phases du cycle.

Les conditions climatiques (chaleurs et manque de pluies) ont engendré un certain niveau de sécheresse, cette sécheresse peut avoir plusieurs effets selon sa durée dans le temps. Le tournesol comme étant une plante généralement adaptée à des températures assez élevées, réagit néanmoins différemment selon que la sécheresse soit à court, à moyen ou à long terme. À Court terme il réagit par une réduction rapide de la transpiration en réglant la fermeture et l'ouverture des stomates.

À moyen terme, un autre mécanisme intervient dans la régulation de la transpiration, c'est l'ajustement osmotique (AO) qui permet de contourner cette contrainte (Chimenti *et al.*, 2002), en dernier, si la sécheresse perdure plus long temps, on observe la diminution de la surface foliaire, d'où, une baisse dans le rendement en graines, car il existe une forte corrélation entre la durée de la surface foliaire verte après la floraison et le rendement (Grieu. 2008).

L'une des variables les plus affectées par la diminution de la surface foliaire et la biomasse verte à la floraison est le « rendement ». Ce dernier, est le résultat le plus recherché dans toutes les études menées sur le tournesol. Dans notre expérimentation, on a estimé le rendement par la mesure du poids de mille grains (PMG), on a constaté suivant les moyennes de poids, une légère différence entre les deux semis en faveur du premier semis (semis précoce), néanmoins, ces différences sur le plan statistiques se sont avérées non significatives.

De la Vega *et al.*, (2002), ont obtenu un pareil résultat (une légère différence de rendement) entre les deux dates de semis (Octobre et Décembre). Ils ont lié cette petite différence aux interactions qui peuvent exister entre les génotypes et la date de semi, ce qui met en évidence un certain contraste génotypique des réponses vis-à-vis de la date de plantation. Néanmoins, nous pouvons parler du rôle qu'ont joué les fortes chaleurs subies durant la phase de fin de floraison en passant par le remplissage du grain et en terminant avec la maturité physiologique jusqu'à la récolte, au niveau des deux semis, cela, en dépit de l'avancement de la date de semis de deux mois. Les fortes chaleurs qui caractérisent le climat méditerranéen ont malgré tout atteint les phases critiques du développement du tournesol.

Les travaux sur le tournesol dans le climat méditerranéen de Soriano *et al.*, (2004), ont conclu que, plus on avance la date de semis plus on peut profiter d'un grand apport en eau pour la culture, mais sur le plan du rendement estimé par l'indice de récolte (HI ou Harvest index) ils ont également conclu qu'il n'y avait pas de différence entre les dates de semis et que l'indice dépend en grande partie du stress que peut subir la culture et qu'il est variable d'une année à une autre, il est même prévisible selon le climat méditerranéen.

L'association de méthodes d'analyse statistique et de techniques de marquage moléculaire permettraient de localiser les portions du génome responsable de variations qualitatives et quantitatives des caractères cibles de la sélection (rendement, résistance aux pathogènes et aux stress abiotiques, etc...). Dans le monde végétal, les études menées principalement sur les plantes de grande culture montrent que ces caractères sont sous le contrôle principal d'un petit nombre de gènes à effets forts, et donc potentiellement "manipulables" par le sélectionneur (Plomion.C. 2002).

Le développement des techniques de biologie moléculaire via la sélection assistée par marqueurs (SAM) a fourni de nouveaux outils pour l'analyse génétique et l'amélioration de la tolérance des plantes et plus particulièrement le tournesol (notre étude) à différentes contraintes environnementales. Dans notre étude, l'utilisation de la technique « marqueurs QTLs » a permis la détection de plusieurs QTLs. Ils ont été identifiés souvent associés à la fois à des caractères morphologiques (nombre de feuilles, surface foliaire, l'architecture de la plante) et à la fois à des caractères phénologiques.

Les travaux de Kiani (2007) faits sur les mêmes génotypes montrent que des zones chromosomiques (QTLs) associées à la tolérance au déficit hydrique (capacité d'ajustement osmotique (AO) et turgescence foliaire) sont co-localisées avec des QTLs de caractères impliqués dans l'élaboration du rendement (surface foliaire, biomasse de la plante, et poids du capitule). Chez le tournesol, des travaux ont été développés pour sélectionner des pools génétiques tolérants à la sécheresse, avec une forte efficacité d'utilisation de l'eau (Lambrides *et al.*, 2004).

Plusieurs co-localisations entre un QTL lié à la surface foliaire et un QTL lié à la phase du début de floraison ont été détectés, d'autres QTLs ont été identifiés. Un QTL lié à l'architecture de la plante (PPGF) co-localise avec un QTL lié à la phase phénologique de maturité physiologique- récolte ; cette dernière a subi un stress thermique et hydrique important qui pourrait être à l'origine de l'expression de ces QTLs.

D'autres QTLs sont susceptibles d'être détectés, identifiés et localisés, en comparant les résultats trouvés dans notre expérimentation avec les résultats trouvés au niveau de la même expérimentation réalisée en France (Toulouse) ; ceci pourrait, sans aucun doute, apporter un plus à notre étude sur les lignées de tournesol et nous aider ainsi dans la réintroduction de cette culture dans notre système agricole.

D'une manière générale, notre travail est en lui-même une contribution dans l'étude de l'introduction du tournesol en Algérie. Nous avons pu identifier certains aspects négatifs et positifs liés à cette culture ce qui va permettre pour de futures recherches, de se focaliser sur d'autres idées, comme par exemple, par un décalage plus important de la date de semis « automne – hiver », ce qui serait plus avantageux pour nous, car, on pourra profiter amplement des pluies d'automne et d'hiver qui caractérisent le climat méditerranéen et qui aideront à la mise en place d'un meilleur couvert végétal ; celui-ci pourra jouer un rôle très important dans la production de biomasse et dans l'élaboration de meilleurs rendements. Néanmoins, il faudra tenir compte d'un autre facteur climatique éventuel « **le gel** » qui pourrait être une autre difficulté.

Dans ce contexte d'étude, d'autres buts pourraient être exploités comme :

- Étudier l'impact du gel sur le tournesol sur plusieurs points (morphologiques et physiologiques) ;
- Travailler sous des conditions contrôlées dans une chambre de culture avec des géotypes contrastés afin de mieux cibler les QTLs et mieux affiner la sélection, étant donné que le début de la phase auto-trophique s'avère être la phase la plus sensible aux basses températures (Girardin, 1999) ;
- Proposer un type de pratique culturale idéale au développement de la plante durant cette période de stress thermique ;
- Identifier de nouvelles approches, comme l'utilisation d'indicateurs morpho-physiologiques et les marqueurs moléculaires ;
- Utiliser l'un des outils de la sélection assistée par marqueurs qui sont les « QTLs » afin d'identifier et de sélectionner chez les populations de tournesol des géotypes d'intérêt, compatibles avec notre climat ;

De plus, l'étude la combinaison de toutes ces variables physiologiques, agronomiques et génétiques sur la culture de tournesol, pourrait faire ressortir les interactions recherchées entre Génotype x Environnement. Ce qui permettrait de développer des modèles de cultures à paramètres variétaux (une variété est représentée par un ensemble de paramètres propres). Des méthodes de phénotypage à l'échelle de la plante ou du couvert végétal sont développées pour estimer ces paramètres sur un grand nombre de génotypes. Ainsi, différentes populations de génotypes sont étudiées dans le cadre d'analyses génétiques pour évaluer l'héritabilité des paramètres.

L'utilisation de marqueurs liés physiquement aux allèles des QTLs contrôlant la variation d'un caractère quantitatif doit permettre d'accumuler beaucoup plus rapidement dans un même génome les gènes favorables (Gallais. A, 1994).

On pourra ainsi voir éventuellement si semer durant l'hiver peut profiter à la culture. Un apport en eau de pluies et neiges permettrait d'esquiver au mieux la sécheresse qui coïncide généralement avec le stade de floraison et du remplissage du grain, ceci pourrait être un avantage considérable quant au rendement final et avec des pertes sans doute limitées, ce qui permettrait de planifier correctement une réintroduction du tournesol en Algérie.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES :

1. Aboudrare, A., Bouaziz, A., Debaeke, P. (2000). Optimizing rainfed sunflower crop management in the Meknès region (Morocco). II. Investigation using the Epic-Phase model. *Science et changements planétaires / Sécheresse*. Volume 11, Number 1, 19-27.
2. Abou Al Fadil, T. (2006). Déterminisme de la tolérance du tournesol à *Phoma macdonaldii* au collet et sur racines : approches génétiques et histologiques. Thèse de Doctorat de l'Institut National Polytechnique de Toulouse.
3. Aiken, R.M. (2005). Applying thermal time scales to sunflower development. *Agron. J.* 97:746–754.
4. Allinne, C., 2006. Vigueur à la levée et croissance de génotypes de tournesol en conditions froides : Approche fonctionnelle et analyse génétique. UMR ARCHE INRA Toulouse, Diplôme de Master.
5. Amsol. (2001). Amsol: Le marché du colza. Ou sur le site : <http://www.amsol.asso.fr/actualites/march01.PDF>.
6. Baldini, M., Vannozzi, G.P., Bervillé, A., et Tersac, M. (1999). Yield relationships under drought in sunflower genotypes obtained from a wild population and cultivated sunflowers in rain-out shelter in large pots and field experiments. *Helia*, 22, 81-96.
7. Bange, M.P., Hammer, G.L., Milroy, S.P., and Rickert, K.G. (2002). SUNFLOWER: Improving Estimates of Individual Leaf Area of Sunflower. *Agronomy Journal*, Vol : 92, pp 761- 765.
8. Bange, M.P., Hammer, G.L., and Rickert, K.G. (1997). Environmental control of potential yield of sunflower in the subtropics. *Australian Journal of Agricultural Research*, 48, 2, 231-240.
9. Barros J.F.C., de Carvalho M., Basch G. (2004). Response of sunflower (*Helianthus annuus* L.) to sowing date and plant density under Mediterranean conditions. *European Journal of Agronomy* 37, 749-757.
10. Basten, C.J., Weir, B.S., Zeng, Z.B. (2003). QTL cartographer version 1.17e program in statistical genetics, department of statistics, North Carolina State University.
11. Ben, C. (Septembre 2005). Analyse du transcriptome lors de l'embryogenèse précoce chez le Tournesol, Thèse de Doctorat, INP de Toulouse. France.

12. Benassi, J.L., Labonne, M. (2004). Perspectives pour les oléagineux dans les pays du Maghreb : Algérie, Maroc et Tunisie 2000- 2015, Oléagineux, Corps Gras, Lipides. Volume 11, Numéro 2, 92-6.
13. Bessaoud Omar. (1994). L'agriculture en Algérie : de l'autogestion à l'ajustement (1963–1992) Institut des Sciences Economiques, Université d'Alger (Algérie), CIHEAM, Options Méditerranéennes
14. Blanchet, R., Texier, V., Gelfi, N., Viguiet, P. (1990). Articulation des divers processus d'adaptation à la sécheresse et comportements globaux du tournesol. In : CETIOM (Ed.), Le tournesol et l'eau : Adaptation à la sécheresse, Réponse à l'irrigation. Paris, France, pp. 32-44.
15. Bohnert, H.J., Nelson, D.E., and Jensen, R. G. (1995). Adaptations to Environmental Stresses. The Plant Cell, Vol. 7, 1099-1111.
16. Bouniols A., Roche J. (2005). Maîtrise de la composition des graines de grande culture (tournesol, soja, haricot) Impact des interactions ITK*Génotype. UMR 1248, Centre de Toulouse.
17. Boyer J.S. (1970). Leaf enlargement and metabolic rates in corn, bean and sunflower at various leaf water potential. Plant Physiology 46, 233-235. Citer in Grieu. (2008).
18. Broman, K.W., and Speed, T.R. (2002). A model selection approach for the identification of quantitative trait loci in experimental crosses. Journal of Royal Statistical Society. Series B- Statistical Methodology 64 : 641-656.
19. Brunner, H. (1995). Radiations induction mutations of plant selection. Applications of radiated isotopes. 46 :589-594.
20. Campbell, B.T., Baezinger, P.S., Eskridge, K.M., Budak, H., Streck, N.A., Weiss, A., Gillaud, K.S., Erayman, M. (2004). Using environmental covariates to explain Genotype x environment traits on chromosome 3A of wheat. Crop Science 44 : 620-627.
21. Casadebaig, P., Debaeke, P., J., Lecoer. (2008). Thresholds for leaf expansion and transpiration response to soil water deficit in a range of sunflower genotypes. Eur.J. Agronomy 28, 646-654.
22. Casadebaig, P. (2008). Analyse et modélisation des interactions génotype – environnement conduite de culture : application au tournesol (*Helianthus annuus*). Thèse de doctorat à l'Institut National Polytechnique de Toulouse (INPT- INRA-CETIOM).
23. Casasoli, M. (2004). Cartographie génétique comparée chez les Fagacées. Thèse de magistère à l'Université de Bordeaux I des sciences et technologies. France.

24. CETIOM. (2003). Cahier technique, Physiologie du tournesol. Ed Cetiom, BAZIEGE. Toulouse, France. <http://www.cetiom.fr/>.
25. Chimenti, C.A., Hall, A., et Sol Lopez, M. (2001). Embryo-growth rate and duration in sunflower as affected by temperature. *Field Crops Research*, 69, 81-88.
26. Chimenti, C.A., Pearson, J., Hal, A.J. (2002). Osmotic adjustment and yield maintenance under drought in sunflower. *Field Crops Research* 75, 235–246.
27. Collard, B.C.Y., Jahufer, M.Z.Z., Brower, J.B., and, Pang, E.C.K. (2005). An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *Euphytica* 142 : 169-196.
28. Cosgrove D.J., (2005). Growth of the cell wall. *Nature Reviews. Molecular Cell Biology* 6, 850-861.
29. Crossa, J., Varga, M., Van Eeuwijk, F.A., Jiang, C.X., Edmeades, G.O., and, Hoisintron, D. (1999). Interpreting genotype x environment interaction in tropical Maize using linked molecular markers and environmental covariables. *Theoretical and Applied genetics* 99 : 611-625.
30. Darvishzadeh, R. (2007). Déterminisme Génétique de la Résistance du Tournesol au Phoma. Thèse de doctorat à l'INPT, Toulouse.
31. Debaeke, P., Casadebaig, P., Lecoeur, J. (2007). Développement d'un modèle de simulation de culture à paramètres génotypiques (application au tournesol). Document réalisé à l'ENSAT, financé par Filière oléagineuse (Cetiom, Onidol) et les sélectionneurs (Promosol).
32. De la Vega A.J. et Hall A.J. (2002a). Effects of planting date, genotype, and their interactions on sunflower yield: II.Components of oil yield. *Crop Science*, 42, 1202-1210.
33. De la Vega A.J. et Hall A.J. (2002b). Effects of planting date, genotype, and their interactions on sunflower yield: I. Determinants of oil-corrected grain yield. *Crop Science*, 42, 1191-1201.
34. De Vienne, D., Causse, M. (1998). Les marqueurs moléculaires en génétique et biotechnologies végétales. INRA édition, Nancy.
35. Debaeke, P., Triboi, A. M., Vear, F., Lecoeur, J. (2004). Crop physiological determinants of yield in old and modern sunflower hybrids. In : Seiler, G. J. (Ed.), *Proceedings of 16th International Sunflower Conference*. Vol. 1. Fargo, North Dakota, USA., pp. 267-273.

36. Ebrahimi, A., Maury, P., Poormohammad Kiani, S., Berger, M., Grieu, P., Sarrafi, A. (2008). Effects of water stress on sunflower seed quality in Recombinant Inbred Lines (Genome, sous presse).
37. FAO. (2006) : Perspectives de l'alimentation : Analyse des marchés mondiaux Graines Oléagineuses, Huiles et Farines D'oléagineux, Département économique et sociale de la FAO. Ou sur le site : <http://www.fao.org>.
38. Flagella, Z., Rotunno, T., Tarantino, E., Di Caterina, R., De Caro, A. 2002. Changes in seed yield and oil fatty acid composition of high oleic sunflower (*Helianthus annuus* L.) hybrids in relation to the sowing date and the water regime. *European Journal of Agronomy* 17 (2002) 221–230.
39. Flénet, F., Marette, K., et Bouniols, A. (1997). Partitioning of stored and current assimilates in sunflower as influenced by timing of water stress. *Agricultura Mediterranea*, 127, 306-312.
40. Flores Berrios, E., Gentzbittel, L., Kayyal, H., Alibert, G., Sarrafi, A. (2000). AFLP mapping of QTLs for in vitro organogenesis traits using recombinant inbred lines in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Theor Appl Genet* 101:1299–1306.
41. Gallais, A. (1990). Théorie de la sélection en amélioration des plantes. Édition Masson. Paris.
42. Gallais, A., Rives, M. (1993). Detection, number and effect of QTLs for a complex character. *Agronomie Vol 13*, pp 723-738.
43. Gentzbittel, L., Mouzeyar, S., Badaoui, S., Mestries, F., Vear, F., Tourvieille de Labrouhe, D., Nicolas, P. (1998). Cloning of molecular markers for disease resistance in sunflower, *Helianthus annuus* L. *Theor Appl Genet* 96: 519–525.
44. Gimenez, C., Mitchell, V.J., Lawlor, D.W. (1992). Regulation of photosynthetic rate of two sunflower hybrids under water stress. *Plant Physiol* 98: 516–524.
45. Girardin, P. (1999). Écophysiologie du maïs. Éditeur : AGPM, 325p. Pau. France
46. GNIS. Ou sur le site : <http://www.gnis-pedagogie.org>
47. Goyne, P.J., Schneiter A.A., Cleary, K.C., Creelman, R.A., Steg-meier, W.D., and Wooding, F.J. (1989). Sunflower genotype response to photoperiod and temperature in field environments. *Agron. J.* 81: 826–831.
48. Gutiérrez-Rdodriguez, M., Reynolds, M.P., Larqué-Saavedra, A. (2000). Photosynthesis of wheat in a warm, irrigated environment. II. Trait associated with genetic gain in yield. *Field Crop Research*. Volume 66, issue 1, pp 51-62.

49. Granier, C., Tardieu, F. (1998). Is thermal time adequate for expressing the effects of temperature on sunflower leaf development? *Plant, Cell and Environment* 21, 695–703.
50. Grieu, P. (2008). Améliorer la tolérance à la sécheresse du tournesol : apports de l'écophysiologie et de la génétique. *Innovations Agronomiques* (2008) 2, 37-51.
51. Grieu, P., Maury, P., Debaeke, P., Sarrafi, A. (2008). Améliorer la tolérance à la sécheresse du tournesol : apports de l'écophysiologie et de la génétique. *Innovations Agronomiques* 2, 37-51.
52. Haïcour, R. (2002). *Biotechnologies végétales : Techniques de laboratoires*. Ed TEC&DOC, Paris.
53. Hattendorf, M.J., Redelfs, M.S., Amos, B., Stone, L.R., et Gwin, R.E.J. (1988). Comparative water use characteristics of six row crops. *Agronomy Journal*, 88, 80-85.
54. Heiser C.B. (1969). The North American sunflowers (*Helianthus*). *Mem. Torrey Bot. Club* 22: 1-218. Citer in Abou Al Fadil, T. (2006).
55. Hervé Delphine et al. (2001). QTL analysis of photosynthesis and water status traits in sunflower (*Helianthus annuus* L.) under greenhouse conditions, Article paru sur *Journal of Experimental Botany*, Vol 52, N° 362, pp 1857- 1864.
56. Hsiao, T.C., Acevedo, E., Fereres, E., Henderson, D.W. (1976). Water stress, growth and osmotic adjustment. *Philos. Trans.R. Soc.London, Ser. B.* 273, 479-500.
57. Jouffret, P., Labalette, F., Lecomte, V., Penaud, A., Pouzet, A., Quéré, L. (2004). Aspects de la recherche mondiale sur le tournesol : Compte-rendu de la seizième Conférence internationale sur le tournesol : Fargo (USA), INTERNATIONAL SUNFLOWER ASSOCIATION. OCL. Vol 11, n° 6, pp 388-396.
58. Kearsey, M.J., Farquhar, A.G.L. (1998). QTL analysis in plant; where are we now? *Heredity* 80, pp 137-142.
59. Kiani, P.S., (2007). Analyse génétique des réponses physiologiques du tournesol (*Helianthus annuus* L.) soumis à la sécheresse. Thèse de doctorat à l'ENSAT, Toulouse.
60. Lambrides C.J., Chapman S.C., Shorter R. (2004). Genetic Variation for Carbon Isotope Discrimination in Sunflower: Association with Transpiration Efficiency and Evidence for Cytoplasmic Inheritance, *Crop Sci.* 44, 1642–1653.

61. Li, Z.K., Yu, S.B., Lafitte, H.R., Huang, N., Courtois, B., Hittalmani, S., Vijayakumar, C.H.M., Liu, G.F., Wang, G.C., Shashidhar, H.E., Zhuang, J.Y., Zheng, K.L., Singh, V.P., Sidhur, J.S., Srivantaneeyakul, S., and, Khush, G.S. (2003). QTL x environment interaction in rice. I. Heading date and plant height. *Theoretical and Applied Genetics* 108 : 141-153.
62. Long, P.S, Guangzhu, X., Naidu. S and Ort. R.D. (2006). Can improvement in photosynthesis increase crop yields? In *Plant, Cell and Environment*, 29 : 315–330
63. Maisadour Semences. (2005). Ou sur le site : www.maisadour.com.
64. Maury, P. (1997). Adaptation à la sécheresse et photosynthèse chez le tournesol. Thèse de doctorat de l'Institut National Polytechnique de Toulouse, pp.137.
65. Merrien A, Blanchet R, Gelfi N. (1981). Relationships between water supply, leaf area development and survival, and production in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Agronomie* 1: 917–922.
66. Meynard, J. M., Justes, E., Machet, J. M., et Recous, S. (1997). Fertilisation azotée des cultures annuelles de plein champ. In “Maîtrise de l'azote dans les agrosystèmes. Proceedings of a Symposium/Workshop” (G. Lemaire and B. Nicolardot, eds.), pp. 183-199. INRA, Reims, France.
67. Morizet J., Cruiziat P., Chatenoud J., Picot P., et Leclercq P. (1984). Improvement of drought resistance in sunflower by interspecific crossing with a wild species *Helianthus argophyllus*. *Methodology and first results. Agronomie*, 4, 577-585. Citer In Roche, J. 2005.
68. Morot-Gaudry, J. and, Briat, J. (2004). *La génomique en biologie végétale*. Édition INRA. Paris.
69. Muller, C. (2005). Développement d'une méthodologie d'analyse de la conservation de synténie chez les plantes Du génome d'*Arabidopsis* à celui du Tournesol, Thèse de Doctorat, INP de Toulouse. France.
70. National Sunflower Association. (2008). (<http://www.sunflowerlsa.com/stats/>). World supply disappearance.
71. Nobel P.S., Forseth I.N. & Long S.P. (1993). Canopy structure and light interception. In *Photosynthesis and Production in a Changing Environment: A Field and Laboratory Manual* (eds D.O. Hall, J.M.O. Scurlock, H.R. Bolhàr-Nordenkampf, R.C. Leegood and & S.P. Long), pp. 79–90. Chapman & Hall, London, UK.
72. Nykiforuk, C.L., and Johnson-Flanagan, A. M. (1994). Germination and early seedling development under low temperature in canola. *Crop Sci.* 34:1047–1054.

73. Pattey, E. (2002). Etude de cas sur la productivité des cultures de Maïs et de soya face à la variabilité climatique. 65ème congrès de l'ordre des agronomes du Québec. Canada.
74. Picq, G. (1989). Résultats de l'observatoire du tournesol. Ed. CETIOM, 105-124.
75. Planchon, C. (1990). Adaptation du tournesol à la sécheresse : réponse de la photosynthèse au déficit hydrique. *In*: Le tournesol et l'eau: adaptation à la sécheresse, réponse à l'irrigation, 21-31.
76. Plomion, C. (2002). Cartographie génétique chez les végétaux et utilisation des cartes de liaison. Station de Recherches Forestières ; INRA. Cestas. France
77. Proléa. (février 2002). Le tournesol : du soleil dans les rotations , l'agronomie du tournesol. www.prolea.com.
78. Rachid Al-Chaarani, G., Gentzbittel, L., Huang, X., Sarrafi, A. (2004) Genotypic variation and identification of QTLs for agronomic traits using AFLP and SSR in recombinant inbred lines of sunflower (*Helianthus annuus* L.), *Theor. Appl. Genet.* 109 1353-1360.
79. Rawson H.M. et Turner N.C. (1982). Recovery from water stress in five sunflower (*Helianthus annuus* L.) cultivars. I. Effects of the timing of water application on leaf area and seed production. *Australian Journal of Plant Physiology*, 9, 437-448.
80. Rawson H.M., Hindmarsh J.H. (1982). Effects of temperature on leaf expansion in sunflower. *Australian journal of plant physiology* 9 (2): 209-219.
81. Rey, H ; Dauzat, J ; Chenu, K ; Barczi, J.F ; Dosio, G A. A. ; Lecoeur, J. (2008). Using a 3-D Virtual Sunflower to Simulate Light Capture at Organ, Plant and Plot Levels: Contribution of Organ Interception, Impact of Heliotropism and Analysis of Genotypic Differences. *Annals of Botany*. 101 (8):1139-1151.
82. Roche, J. (2005). Composition de la graine de tournesol (*Helianthus annuus* L.) sous l'effet conjugué des contraintes agri-environnementales et des potentiels variétaux, Thèse de Doctorat, INP de Toulouse. France.
83. Santaniello, V. (2005). Agricultural biotechnology: implications for food security. University of Rome "Tot Vergata", Italy.
84. Sax, K. (1923). the association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. *Genetics* 8 : 552-560. Citer dans Casasoli. M. (2004).
85. Schneiter, A.A., and J.F. Miller. (1981). Description of sunflower growth stages. *Crop Sci.* 21:901-903.

86. Somasekahara K., Krishne Gowda K.T., Chikkadevaiah, et Seenappa K. (2000). Studies on agronomic manipulations for improving the seed yield quality of KBSH-1 sunflower hybrid seed production. In: Proc. XV International Sunflower Conference, Toulouse, France, 102-106.
87. Soriano M.A, Orgaz F., Villalobos F.J, Fereres E. (2004). Efficiency of water use of early plantings of sunflower. *European Journal of Agronomy*, 21, 465-476.
88. Sturtevant, A.H. (1913). The linear arrangement of six sex-linked factors in *Drosophila*, as shown by their mode of association. *J. Exp. Zool.* 14 : 43-59. Citer dans Casasoli, M. 2004.
89. Tang S, Yu JK, Slabaugh MB, Shintani DK, Knapp SJ. (2002). Simple sequence repeat map of the sunflower genome. *Theor. Appl. Genet.* 105: 1124–1136. Citer In Kiani, S., P. (2007).
90. Touchard, C. (2006). Recherche de QTLs et choix de cibles stratégiques pour l'amélioration de la tolérance aux basses températures chez le Maïs. Thèse de doctorat à l'Université de technologie de Compiègne. France.
91. Unger P.W., 1982. Planting date effects on sunflower head and seed development. *Agronomy Journal*, 74, 389-395. Citer dans Roche, J. (2005).
92. Unger, P.W. (1982). Time and frequency of irrigation effects on sunflower production and water use. *Soil Sci. Soc. Am. J.* 46, 1072–1076.
93. Vear F., Bony H., Joubert G., Tourveille de Labrouhe D., Pauchet I., et Pinochet X. (2003). 30 years of sunflower breeding in France. *Oléagineux Corps Gras Lipides*, 10, 1, 66-73.
94. Wang, S., Basten C.J., and, Zeng, Z.B. (2007). Windows QTL Cartographer. Version 2.5. Statistical Genetics, North Carolina State University. USA.
95. Wikipédia. L'encyclopédie libre Wikipédia (2007). Ou sur le site : <http://fr.wikipedia.org/wiki/Tournesol>
96. Yan, H.P., Kang, M.Z., Reffye, P., Dingkun, M. (2004). A dynamic, architectural plant model simulating resource-dependent growth. *Annals of Botany* 93, 591-602.

Nom du document : mémoire
Répertoire : G:
Modèle : C:\Documents and Settings\poste03\Application
Data\Microsoft\Modèles\Normal.dot
Titre : République Algérienne Démocratique et Populaire
Sujet :
Auteur : NEDJOUA
Mots clés :
Commentaires :
Date de création : 15/07/2009 15:54:00
N° de révision : 24
Dernier enregist. le : 18/07/2009 12:38:00
Dernier enregistrement par : PC03
Temps total d'édition :40 Minutes
Dernière impression sur : 18/07/2009 12:52:00
Tel qu'à la dernière impression
Nombre de pages : 103
Nombre de mots : 27 922 (approx.)
Nombre de caractères : 153 571 (approx.)