

Exploration de la diversité phénotypique d'une collection marocaine d'orge maintenue *ex-situ* dans la banque de gènes de l'INRA

A. SAHRI¹*, N. QARIOUH¹, H. OUABBOU¹

(Reçu le 12/01/2022; Accepté le 28/01/2022)

Résumé

Cette étude a pour objectif d'analyser l'étendue de la diversité phénotypique d'une collection constituée de 200 populations locales marocaines d'orge, conservée *ex-situ* dans la banque de gènes de l'INRA, sur la base de 12 caractères agro-morphologiques en utilisant les indices de diversité et les analyses multivariées. L'indice de Shannon-Weaver (H') a montré une forte variation pour l'ensemble des caractères étudiés. Le H' moyen obtenu pour l'ensemble de la collection est de 0,63. Par ailleurs, l'analyse en composantes multiples (ACM) ont permis de structurer la diversité observée en deux grands groupes selon l'origine et la proximité géographique de chaque accession. Le premier groupe est constitué principalement des accessions d'orge issues des montagnes de l'Atlas et du Rif et l'autre groupe est composé des accessions originaires des autres régions agro-écologiques du Maroc. Cette diversité pourrait être valorisée pour le développement de variétés à usages multiples.

Mots clés: Diversité phénotypique, populations locales, conservation *ex-situ*, valorisation, banque de gènes, orge

Exploring the phenotypic diversity of a Moroccan barley collection conserved *ex-situ* in the INRA Genebank

Abstract

This study was conducted to analyze the extent of phenotypic diversity of a collection consisting of 200 Moroccan barley landraces, conserved *ex-situ* in the INRA Genebank, on the basis of 12 morphological characters using diversity indices and multivariate analysis. The Shannon-Weaver index (H') showed a strong variation for all the studied traits. The H' mean for the entire collection was 0.63. In addition, the multiple component analysis (MCA) structured the observed diversity into two large groups according to the origin and geographic proximity of each accession. The first group consists mainly of barley accessions from the Atlas and Rif mountains and the other group is composed of accessions from other agro-ecological regions of Morocco. This diversity could be exploited for the development of varieties with multiple uses.

Keywords: Phenotypic diversity, landraces, *ex-situ* conservation, valorization, genebank, barley

INTRODUCTION

L'orge est l'une des plus vieilles céréales cultivées au Maroc. Elle joue un rôle capital aussi bien en alimentation humaine qu'animale et peut être cultivée dans toutes les régions agricoles du pays.

La plupart des agriculteurs au Maroc utilisent leurs propres variétés locales d'orge qui ont été sélectionnées au cours de plusieurs siècles (Sadiki *et al.*, 2002, Saidi *et al.*, 2006). La topographie complexe et l'hétérogénéité environnementale du pays couplées avec l'histoire de longue date et la diversité culturelle de sa population ont favorisé l'évolution et l'existence d'un large éventail de populations locales d'orge (Birouk *et al.*, 1995; Amri *et al.*, 1997, Amri *et al.*, 2005, Jensen *et al.*, 2013). Du fait de leur adaptation ancienne à des conditions environnementales très variables et à des pratiques agronomiques locales, les populations traditionnelles d'orge ont accumulé une vaste gamme de variabilité génétique, ce qui rend leur conservation, caractérisation et utilisation importantes (Newton *et al.*, 2010; Comadran *et al.*, 2011; Yahiaoui *et al.*, 2014; Dwivedi *et al.*, 2017, Piechota *et al.*, 2019).

À cet effet, plusieurs populations locales d'orge issues de différentes régions du Maroc sont conservées dans la banque de gènes de l'INRA. Cette banque de gènes, située dans le Centre Régional de la Recherche Agronomique de Settat, préserve et gère plus de 8600 accessions d'orge (Variétés locales, cultivars, ...etc) originaires du Maroc et de plusieurs régions du Monde.

La gestion des ressources phytogénétiques implique une caractérisation agronomique, morphologique, physiologique et génétique du germoplasme conservé (Gepts, 2006; Upadhyaya *et al.*, 2008; Mascher *et al.*, 2019; Nguyen & Norton, 2020).

De plus, une utilisation optimale de ces ressources génétiques passe nécessairement par la connaissance de la diversité phénotypique de la collection. L'étude de la diversité et la caractérisation morphologique sont la première étape dans la classification et la description de tout matériel génétique végétal (Jain *et al.*, 1975; Assefa, 2003; Gixhari *et al.*, 2014; Chavan *et al.*, 2018).

Plusieurs études ont porté sur la description et l'analyse de la diversité des collections mondiales de populations traditionnelles d'orge aussi bien au niveau morphologique que moléculaire (Jilal *et al.*, 2008; Comadran *et al.*, 2009; Silvar *et al.*, 2010; Pasam *et al.*, 2014; Poets *et al.*, 2015; Milner *et al.*, 2019). Ces études ont révélé de nouveaux génotypes avec des caractères désirables et qui peuvent être utilisés comme matériel de base pour sélectionner des cultivars spécifiques adaptés aux différentes régions de culture de l'orge.

Outre l'analyse de la diversité présente dans les variétés locales d'orge, la compréhension des traits qui structurent cette diversité est essentielle pour une organisation efficace du matériel génétique à conserver (Hamblin *et al.*, 2010; Pasam *et al.*, 2012; Samberg *et al.*, 2013; Dziurdziak *et al.*, 2020). La structure génétique des populations traditionnelles des espèces cultivées reflète les interactions de divers facteurs, y

¹ Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Centre Régional de la Recherche Agronomique de Settat, Maroc

compris l'histoire évolutive à long terme de l'espèce (changements dans la répartition, la fragmentation de l'habitat et l'isolement des populations), la dérive génétique, le flux génétique et la sélection (Schaal *et al.*, 1998; Brush 2000; Leclerc & Coppens d'Eeckenbrugge 2012; Labeyrie *et al.*, 2016a). Tous ces facteurs ont des conséquences directes ou indirectes significatives sur la conservation et l'utilisation durable de la diversité génétique (Muñoz-Amatriaín *et al.*, 2014; Mulugeta *et al.*, 2016).

L'objectif de cet article est d'évaluer la diversité d'une collection composée de populations locales d'orge issues de plusieurs régions géographiques du Maroc et maintenues dans la banque de gènes de l'INRA, en se basant sur les descripteurs agro-morphologiques de Bioversity International. Il s'agit de (i) décrire et comparer, les niveaux de diversité présents dans la collection; (ii) et étudier la diversité présente au niveau de cette collection en tenant compte de l'origine géographique de chaque population d'orge et ainsi lister les patrons qui structurent cette variabilité. Les informations recueillies permettront de mieux exploiter et gérer ce matériel étudié et d'identifier les stratégies à adopter en vue d'une conservation optimale et utilisation durable.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Matériel végétal

Le matériel végétal est constitué de 200 accessions (populations locales) d'orge à six rangs d'origine marocaine, conservées dans la banque de gènes du CRRA de Settat. Elles ont été collectées de différentes régions du pays (Figure 1) et ont été classées selon leurs origines en 6 zones géographiques telles que reporté dans Ben-Ghabrit (2016). En plus de la collection, quatre variétés témoins d'orge ont été utilisées dans cette étude. Il s'agit des variétés: Merzagua, Rabat, Taffa et Oussama.

Installation des essais

Les essais ont été installés durant les campagnes agricoles 2017 – 2018 dans la station expérimentale de Sidi El Aydi (latitude 33° 07' 16''N, longitude 007° 37' 48''W, altitude 240 m) située à 15 Km de la ville de Settat. Le cumul des précipitations enregistrées courant les campagnes agricoles 2017 – 2018 sont de 362 mm. Les températures minimales et maximales enregistrées sont de -1 °C et 42°C.

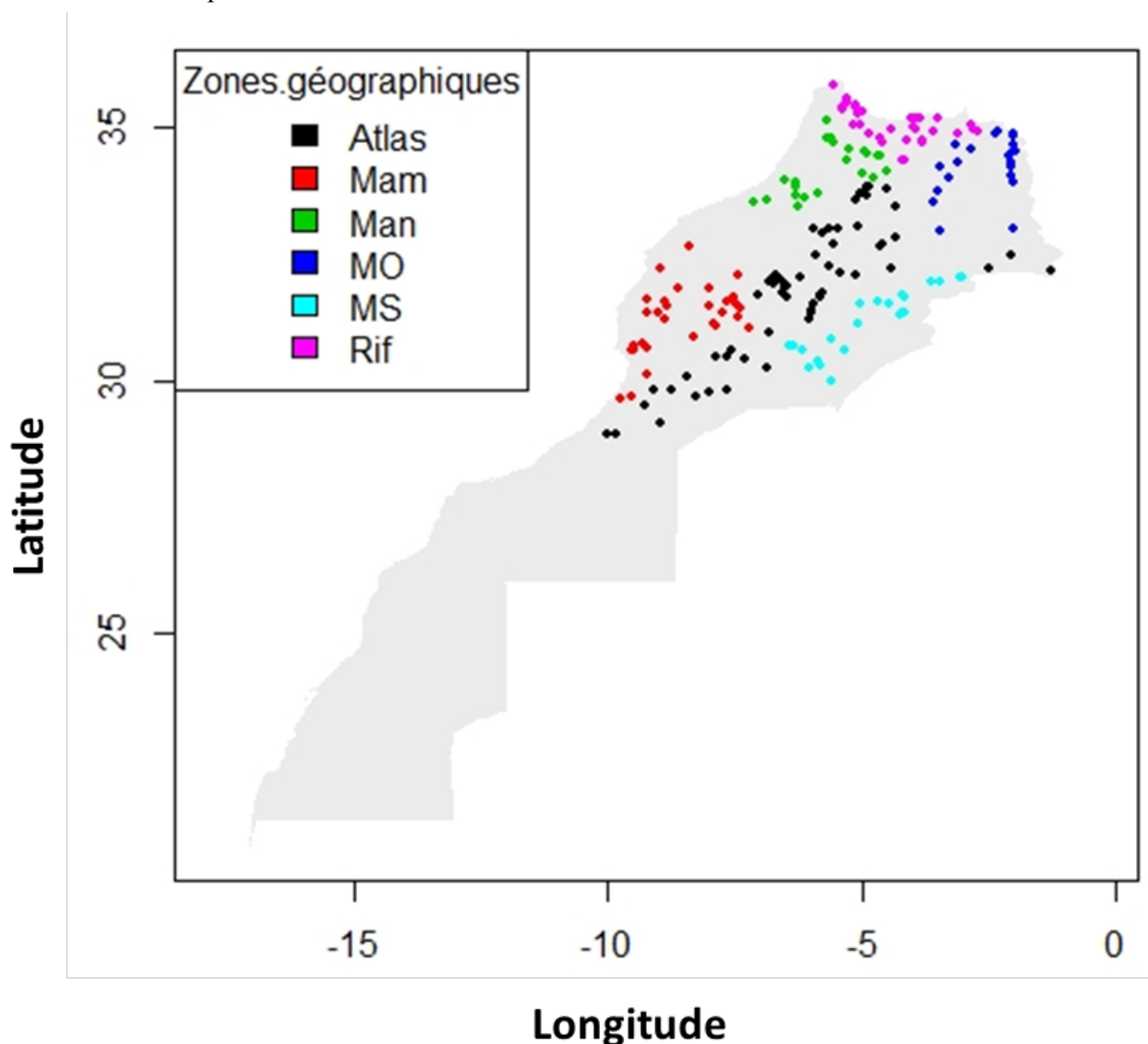


Figure 1: Carte du Maroc indiquant les zones de collecte des accessions d'orge étudiées. Les différentes couleurs représentent les zones géographiques d'origine de chaque accession

Atlas (Atlas Saharien, Anti Atlas, Haut Atlas et Moyen Atlas); Mam (Maroc atlantique moyen); Man (Maroc atlantique nord); MO (Maroc Oriental); MS (Maroc Saharien); Rif (Région du Rif et Nord du Maroc).

Le dispositif expérimental mis en place pour les 200 accessions de la collection marocaine est un dispositif en «augmented design in randomized complete block» (Federer & Raghavarao, 1975). Ce dispositif a été utilisé en raison du nombre élevé des accessions à tester. C'est un dispositif constitué de 20 blocs de 14 parcelles élémentaires chacun. Chaque parcelle élémentaire, a une superficie de 1,2 m² (4 lignes de 1 m espacées de 30 cm). La distance inter-parcellaire est de 0,6 m et la distance inter-bloc est de 1 m.

Un apport d'engrais a été appliqué avant le semis et tout au long de la croissance des plantes. Un désherbage régulier a été effectué pendant toutes les phases de la culture et des traitements phytosanitaires ont été appliqués pour assurer la protection des plantes contre les attaques des virus, champignons et insectes.

Caractérisation agro-morphologique

La caractérisation morphologique des accessions a été effectuée selon des normes internationales, particulièrement celles de «Bioversity International» (ex IPGRI) et ont

porté sur 7 caractères qualitatifs (Port de la plante; Pilosité du rachis; Pigmentation de la tige; Intensité de la cire; Densité de l'épi; Couleur de la barbe; Couleur des grains) et 5 quantitatifs (Longueur de l'épi; Nombre de jours à l'épiaison; Hauteur de la plante; Nombre de grains par épi; Poids de 1000 grains). Pour chacun des traits quantitatifs, les moyennes (M) et les coefficients de variation (SD) ont été calculés et ont servi à classer l'ensemble des lignées en trois classes (Classe 1] < M -SD; Classe 2] > M-SD à < M+SD et Classe 3] > M+SD) comme indiqué dans Zar (1999).

Analyse des données

Les fréquences des différentes classes phénotypiques pour chaque caractère (Tableau 1) et dans chacun des groupes agroécologiques de la collection ont été calculées. Sur la base de ces fréquences, l'indice de Shannon-Weaver (Shannon & Weaver, 1948) a été calculé pour chaque trait dans le but d'estimer la diversité phénotypique au niveau de chaque groupe agroécologique de la collection marocaine. Une analyse en composantes multiples (ACM) a été réali-

Tableau 1: Liste des caractères étudiés, leurs classes phénotypiques respectives et le pourcentage des fréquences de chaque classe dans les différentes collections étudiées

Caractère	Morphotype	Zones géographiques						Pourcentage moyen	Test Chi 2
		Atlas (67)	Mam (30)	Man (23)	MO (21)	MS (24)	Rif (35)		
Pp	Érigé	33	43	26	33	58	17	34	22,1**
	Intermédiaire	40	33	48	43	42	69	46	
	Étalé	27	23	26	24	0	14	21	
Pr	Court	39	27	48	14	38	29	34	25,4**
	Long	61	73	52	86	63	71	67	
Pt	Absente	72	67	70	62	58	63	67	21,4**
	Présente	28	33	30	38	42	37	34	
Ic	Faible /Absente	10	37	35	53	50	9	26	22,4**
	Intermédiaire	43	53	61	43	50	43	48	
	Élevée	46	10	4	5	0	59	26	
DE	Dense	15	13	9	38	8	0	13	17,6*
	Intermédiaire	60	73	70	52	71	83	68	
	Lâche	25	13	22	10	21	17	20	
CB	Blanche	43	23	52	67	29	14	37	20,2*
	Jaune	57	77	48	33	71	86	63	
CG	Bleuâtre	27	47	13	71	21	49	36	70,3***
	Brunâtre	73	53	87	29	79	51	64	
Précocité (jours)	Classe 1 (< 113 j)	0	43	57	29	4	6	18	45,4***
	Classe 2 (113 j – 120 j)	39	57	39	67	54	37	46	
	Classe 3 (> 120 j)	61	0	4	5	42	57	37	
LE (Cm)	Classe 1 (< 7 Cm)	5	37	35	29	13	9	17	102,9***
	Classe 2 (7 – 9,5 Cm)	55	60	65	67	54	68	61	
	Classe 3 (> 9,5 Cm)	40	3	0	5	33	23	23	
Hauteur (Cm)	Classe 1 (< 95 Cm)	0	63	65	48	4	3	23	38,3**
	Classe 2 (95 – 110 Cm)	37	37	26	33	38	43	37	
	Classe 3 (> 110 Cm)	63	0	9	19	58	54	41	
NGE	Classe 1 (< 40)	27	13	17	14	17	46	25	93,2***
	Classe 2 (40 – 50)	48	53	48	38	42	40	46	
	Classe 3 (> 50)	25	33	35	48	42	14	30	
PMG (Grammes)	Classe 1 (< 35 g)	22	3	4	10	17	20	15	18,6*
	Classe 2 (35 – 45 g)	70	53	61	43	75	71	65	
	Classe 3 (> 45 g)	7	43	35	48	8	9	21	

Pp: Port de la plante; Pr: Pilosité du rachis; Pt: Pigmentation de la tige; Ic: Intensité de la cire; DE: Densité de l'épi; CB: Couleur de la barbe; CG: Couleur des grains; LE: Longueur de l'épi; Précocité: Nombre de jours à l'épiaison; Hauteur: Hauteur de la plante; NGE: Nombre de grains par épi; PMG: Poids de 1000 grains. Atlas (Atlas Saharien, Anti Atlas, Haut Atlas et Moyen Atlas); Mam (Maroc atlantique moyen); Man (Maroc atlantique nord); MO (Maroc Oriental); MS (Maroc Saharien); Rif (Région du Rif et Nord du Maroc).

sée, afin d'étudier la structure de la collection marocaine, sur la base des différents traits qualitatifs et quantitatifs. L'ensemble des analyses statistiques ont été réalisées avec le logiciel R (R Core Team, 2021).

RÉSULTATS

Profil de la diversité phénotypique des accessions d'orge

Les pourcentages des fréquences d'apparition des différents types morphologiques à l'intérieur de chaque caractère au niveau de chaque région agroécologique préalablement définie et sur l'ensemble des accessions d'orge étudiées sont présentés dans le tableau 1.

Les 12 caractères examinés présentent chacun 2 à 3 classes phénotypiques et ont permis d'identifier au total 33 phénotypes dans l'ensemble du matériel étudié. Le test Chi 2 indique que la majorité des caractères phénotypiques présentent une distribution dépendante de la zone de collecte (tableau 1). Les valeurs de Chi 2 les plus élevées ont été observées au niveau des caractères CG, Précocité, LE et NGE. De plus, les zones «Atlas» et «Rif» ont montré en général la même tendance de distribution de fréquence pour l'ensemble des caractères.

Ainsi, les accessions d'orge caractérisées par un port de type «intermédiaire» sont les plus observées (46%) dans l'ensemble des zones. Les accessions à port «dressé» représentent 34%, alors que celles à port «étalé» représentent 21%. Pour le caractère pilosité du rachis, les accessions d'orge à poils du rachis longs sont les plus fréquentes dans toutes les zones (67%) alors que celles à poils du rachis courts représentent 34% (Tableau 1). Les accessions d'orge à tiges non pigmentées (vertes) sont les plus fréquentes (67%) et les accessions à tiges pigmentées (au niveau de la base de la plante ou toute la plante) sont moins fréquentes et ne représentent que 34 % de la collection.

Par ailleurs, la majorité des accessions présentent une intensité de la cire intermédiaire avec une fréquence de 48%. Les accessions caractérisées par des niveaux d'intensité, faibles et élevés, représentent chacune 26% de la totalité de la collection. Les accessions ayant des niveaux de cires élevés sont plus fréquentes dans les zones «Atlas» et «Rif».

Sur l'ensemble de la collection, la classe des accessions d'orge à épis moyennement denses est la plus représentée avec une fréquence totale générale de 68%. Les accessions à épis très denses sont plus fréquentes dans la région «Maroc Oriental». Alors que les accessions à épis lâches sont plus présentes dans les zones «Atlas», «Maroc Saharien» et «Rif».

La répartition des accessions d'orge selon la couleur de la barbe montre que 63 % sont de coloration jaune alors que 38 % sont de coloration blanche. Il est à noter que les accessions à barbes jaunes sont prédominantes dans les zones «Mam», «MS» et «Rif» et celles à barbes blanches sont plus fréquentes dans la zone «MO».

La couleur des grains présente également une variation sur l'ensemble des 200 accessions. Les grains de couleur brune représentent 64 %. Ils sont les plus abondants dans la collection que les grains de couleur bleue (36 %).

Une grande partie des accessions d'orge de la collection épiant entre 113 et 120 jours (classe 2). Cette classe

représente environ 46% de l'ensemble des accessions de la collection. Par ailleurs, au niveau des zones «Atlas» et «Rif», la majorité des accessions sont tardives (classe 3) et épiant au-delà de 120 jours.

Les accessions à longueur d'épi moyenne (Classe 2) sont majoritairement représentées, avec une fréquence de 61 %. Dans les zones «Atlas» et «Rif», les accessions d'orge à épi long (supérieur à 9,5 cm) sont plus fréquentes, tandis que les accessions à épi court (inférieur à 7 cm) sont plus répandues dans les zones «Man», «Mam» et «MO».

La distribution phénotypique du caractère hauteur a montré que 41 % des accessions d'orge de la collection dépassent 110 cm (Classe 3). Cette classe prédomine au niveau des zones «Atlas», «MS» et «Rif» et est moins présente dans les zones «Man» et «Mam».

Le nombre de grains par épi (NGE) de la majorité des accessions de la collection varient entre 40 et 50 grains par épi (classe 2). Cette classe représente 46% de l'ensemble des accessions étudiées. Les accessions ayant un NGE supérieure à 50 sont plus fréquentes dans les zones «Man», «Mam» et «MO», tandis que la fréquence des accessions ayant un NGE inférieure à 40 grains par épi est plus élevée dans les zones «Atlas» et «Rif».

Enfin, La fréquence des accessions d'orge ayant un poids de mille grains (PMG) qui varie entre 35 et 45 g est la plus prédominante (65%). Les accessions ayant un PMG inférieur à 35 g sont plus fréquentes dans les zones «Atlas» et «Rif», tandis que les accessions ayant un PMG supérieur à 45 g sont plus répandues dans les zones «Man» et «Mam».

Estimation des indices de diversité

Les valeurs des indices de diversité estimées pour chaque zone géographique et pour chacun des caractères étudiés sont résumées dans le tableau 2. La collection présente une grande variabilité pour les différents caractères mesurés.

L'indice de diversité de Shannon-Weaver (H') moyen, calculé à partir des fréquences des caractères considérés dans cette étude, est de 0,63; indiquant ainsi une importante diversité morphologique des accessions d'orge de la collection étudiée. Cet indice varie entre 0,67 pour les accessions originaires de la zone «Atlas» et 0,59 pour les accessions d'orge originaires de la zone «MS» (Tableau 2).

La diversité élevée de la collection étudiée est due principalement à la présence de plusieurs caractères polymorphes (Tableau 1 et Tableau 2). Individuellement, les caractères ont montré différents niveaux de diversité au sein des six zones. Les indices H' les plus élevés ont été enregistrés pour les caractères «Intensité de la cire», «Port de la plante», «Couleur de la barbe» et «NGE» (Tableau 1). Alors que les indices H' les plus faibles ont été observés pour les caractères «Pilosité du rachis», «Précocité» et le «PMG».

Structuration de la diversité de la collection

Dans le but d'identifier les ressemblances et les dissemblances entre les accessions étudiées ainsi que leur structuration, une analyse des correspondances multiples (ACM) a été réalisée sur les 200 accessions d'orge étudiées à partir des 12 caractères observés, en prenant l'origine géographique des accessions comme critère de classification (Tableau 3 et Figure 2).

L'ACM réalisée sur l'ensemble des accessions d'orge révèle que les 6 premiers axes expliquent plus de 55 % de la variation totale de la diversité (Tableau 3). Les deux premiers axes seront utilisés pour décrire la variabilité totale des accessions, soit 24 % de la variance.

La figure 2 présente la projection des 200 accessions d'orge sur le plan principale (axes 1 et 2) de l'ACM. Le premier axe décrit 15,50 % de la variation. Cette composante est corrélée positivement avec les variables: «précocité»,

«couleur de la barbe» et «port de la plante». Alors que le second axe explique 9,10 % de variance totale. Les variables corrélées positivement à cet axe sont: «densité de l'épi», la «hauteur», le «poids de 1000 grains» et la couleur des grains.

Les deux premiers axes de l'ACM ont permis d'opposer deux grands groupes (Figure 2). Le premier groupe est constitué principalement des accessions d'orge originaires des zones «Atlas», «Rif» et «MS». Ces accessions se caracté-

Tableau 2: Indices H' de Shannon-Weaver estimés pour les différentes variables phénotypiques étudiées

Caractères	Zones géographiques					
	Atlas	Mam	Man	MO	MS	Rif
Pp	0,78	0,77	0,76	0,67	0,49	0,61
Pr	0,58	0,52	0,50	0,45	0,58	0,53
Pt	0,53	0,56	0,54	0,51	0,49	0,58
Ic	0,92	0,80	0,58	0,68	0,60	0,90
DE	0,68	0,55	0,57	0,67	0,56	0,63
CB	0,78	0,64	0,69	0,64	0,60	0,61
CG	0,58	0,69	0,59	0,60	0,61	0,69
Précocité	0,58	0,59	0,60	0,58	0,60	0,61
LE	0,60	0,57	0,57	0,58	0,69	0,58
Hauteur	0,68	0,47	0,61	0,64	0,59	0,57
NGE	0,76	0,70	0,74	0,62	0,74	0,72
PMG	0,56	0,59	0,58	0,58	0,52	0,56
Moyenne	0,67	0,62	0,61	0,60	0,59	0,63

Pp: Port de la plante; Pr: Pilosité du rachis; Pt: Pigmentation de la tige; Ic: Intensité de la cire; DE: Densité de l'épi; CB: Couleur de la barbe; CG: Couleur des grains; LE: Longueur de l'épi; Précocité: Nombre de jours à l'épiaison; Hauteur: Hauteur de la plante; NGE: Nombre de grains par épi; PMG: Poids de 1000 grains. Atlas (Atlas Saharien, Anti Atlas, Haut Atlas et Moyen Atlas); Mam (Maroc atlantique moyen); Man (Maroc atlantique nord); MO (Maroc Oriental); MS (Maroc Saharien); Rif (Région du Rif et Nord du Maroc).

Tableau 3: Valeurs propres et pourcentage de la variation total exprimés pour les six premiers axes à partir des 12 caractères en analyse des correspondances multiples

	Dim 1	Dim 2	Dim 3	Dim 4	Dim 5	Dim 6
Valeur propre	0,33	0,19	0,19	0,17	0,15	0,14
% de la variance totale	15,5	9,10	8,81	8,23	6,98	6,61
% de la variance totale cumulée	15,5	24,6	33,4	41,6	48,6	55,2

Dim: axe factoriel de l'ACM

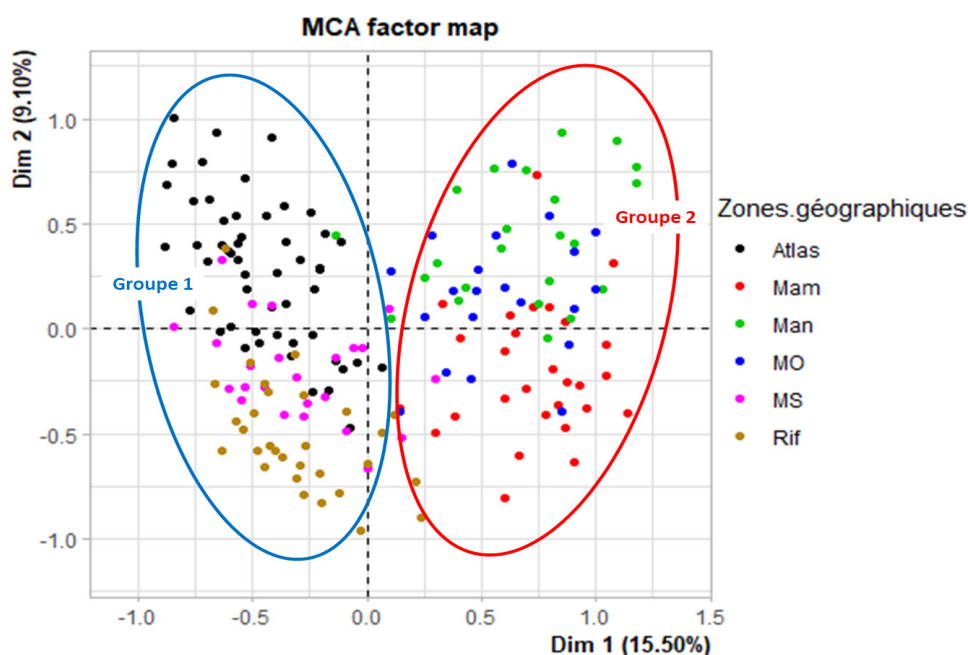


Figure 2 : Projection des 200 accessions d'orge sur les plans des axes 1-2 de l'ACM sur la base des variables phénotypiques et morphologiques considérées dans notre étude

Atlas (Atlas Saharien, Anti Atlas, Haut Atlas et Moyen Atlas); Mam (Maroc atlantique moyen); Man (Maroc atlantique nord); MO (Maroc Oriental); MS (Maroc Saharien); Rif (Région du Rif et Nord du Maroc).

térisent par des plantes hautes, un cycle de développement long, des épis lâches à intermédiaires et un PMG moyen à faible. Le deuxième groupe est composé majoritairement des accessions d'orge issues des zones «Man», «Mam» et «MO». Les accessions de ce groupe sont précoces, de hauteur moyenne et ont un PMG élevé par rapport aux accessions du groupe 1.

DISCUSSION

Les informations sur les populations locales traditionnelles disponibles, leurs origines géographiques et la compréhension de leurs relations peuvent être utilisées pour mieux comprendre la diversité présente dans ces populations. Ces informations peuvent être recueillies à partir des études phénotypiques et génotypiques utilisant soit des marqueurs morphologiques, soit des marqueurs moléculaires ou une combinaison des deux pour une caractérisation optimale des génotypes. Les marqueurs morphologiques ont été largement utilisés pour la description de la diversité des ressources phyto-génétiques, et continuent de jouer un rôle important aujourd'hui même lorsque des marqueurs moléculaires sont utilisés (Jaradat & Shahid, 2006; Hailu *et al.*, 2010; Chentoufi *et al.*, 2014; Sahri *et al.*, 2014a; Lazaridi *et al.*, 2017).

Dans cette étude, une importante diversité agro-morphologique a été observée entre les accessions d'orge marocaines maintenues dans la banque de gènes de l'INRA. Les morphotypes phénotypiques présentent une gamme importante de variation pour la majorité des caractères étudiés. Sadiki *et al.* (2002), Rh'rib *et al.* (2002) et Jilal (2011) ont reportés des résultats similaires pour l'orge au Maroc.

L'indice de Shannon-Weaver moyen estimé pour la collection d'orge est de l'ordre de 0,63. Ce résultat est similaire à ceux reportés pour les populations locales d'orge en Nord de l'Afrique (Allel *et al.*, 2017; Bouhaouel *et al.*, 2019; Rahal-Bouziane *et al.*, 2020), en Espagne (Lasa *et al.*, 2001) et en Ethiopie (Assefa *et al.*, 2004; Gegnaw & Hadado, 2014, Hailu *et al.*, 2016).

De plus, les indices H' estimées pour chaque zone géographique varient d'une région à une autre; ce qui suggère que la variation morphologique des accessions d'orge est fortement influencée par des facteurs environnementaux, climatiques et écologiques. Sahri *et al.* (2014a), ayant étudiés des populations locales de blé dur au Maroc, ont expliqué que la variabilité des indices de H' entre régions peut être associée à l'adaptation de ces populations de blé dur aux différents environnements dans lesquels elles sont cultivées depuis des siècles.

D'autre part, les analyses multi variées ont permis de structurer la diversité observée en deux grands groupes selon l'origine et la proximité géographique de chaque accession. Un groupe est constitué principalement des accessions d'orge issues des montagnes de l'Atlas et du Rif et l'autre groupe est composé des accessions originaires des autres régions agro-écologiques du Maroc. Les résultats de l'analyse des correspondances multiples ont mis en évidence une structuration à caractère régional. Des résultats similaires ont été observés par Kehel *et al.* (2013). En étudiant la structure génétique de variétés locales marocaines de blé dur, Kehel *et al.* (2013) ont observé un regroupement des populations locales de blé dur selon l'origine agroécologique de chaque population. Ils ont conclu que les variétés

locales ont tendance à se regrouper en fonction de leur adaptation agroécologique.

En effet, les variations morphologiques observées entre les différents groupes de diversité phénotypique suggèrent que les accessions d'orge sont maintenues sous des processus évolutifs très différents dans leur agroécosystème respectif. Les agroécosystèmes sont susceptibles d'exercer des pressions sélectives très variables sur l'évolution de ces populations locales (Sadiki *et al.*, 2005; Deu *et al.*, 2008; Samberg *et al.*, 2010) de même que les pressions anthropiques et ethniques (Barnaud *et al.*, 2007; Labeyrie *et al.*, 2014a; Labeyrie *et al.*, 2016b; Kamau *et al.*, 2017).

Cette évolution constante influencée par les facteurs environnementaux dans les différents agroécosystèmes donne aux accessions des caractéristiques qui leurs sont propres (Leclerc & Coppens d'Eeckenbrugge, 2011; Sahri *et al.*, 2014b; Labeyrie *et al.*, 2014b, Mercer & Perales, 2019). Le mode de gestion des semences par les agriculteurs d'une même région tels que la sélection (choix des génotypes les plus adaptés à leurs besoins), les échanges de semences entre voisins et les pratiques agricoles conduisent au maintien, voire la création d'une diversité phénotypique importante (Samberg *et al.*, 2013; Labeyrie *et al.*, 2014b; Thomas *et al.*, 2015). Ces facteurs évolutifs pourraient être les causes de la nette différenciation agro-morphologique observée entre les accessions des deux groupes de l'analyse des correspondances multiples. Ce qui favorise le maintien de la variabilité de chaque groupe qui évolue de façon isolée des autres.

La connaissance du statut et de l'organisation spatiale de la variabilité génétique revêt un intérêt fondamental dans la gestion et la conservation des ressources phyto génétiques (Van Treuren *et al.*, 2009; Casals *et al.*, 2017; Ramirez-Villegas *et al.*, 2020). Les résultats obtenus ont montré que les collections d'orge maintenues dans la banque de gènes de l'INRA présentent une diversité phénotypique importante et structurée; et permettraient ainsi de mettre en place les futures stratégies de prospection, d'acquisition et de conservation des accessions d'orge, qui devraient être adoptées par la banque de gènes de l'INRA.

CONCLUSION

La présente étude a révélé un profil intéressant du niveau et de la structure de la variabilité génétique au sein de la collection marocaine de l'orge conservée dans la banque de gènes de l'INRA. L'importante diversité mise en évidence au niveau agro-morphologique offre un large potentiel pour l'amélioration variétale de l'orge au Maroc. Cette diversité pourrait être valorisée pour l'alimentation, le fourrage ainsi que pour le développement de variétés à usages multiples.

De plus, une bonne adéquation entre l'origine agroécologique et la structure de la diversité a été observée. Le regroupement des accessions d'orge provenant de régions géographiquement proches peut être expliqué par les échanges de semences entre les agriculteurs voisins. Ce flux de semences favorise le maintien d'une variabilité inter- et intra-régions, comme il a été reporté dans plusieurs études antérieures.

Toutefois pour mieux exploiter cette diversité, une analyse de la diversité génétique en utilisant des marqueurs moléculaires doivent être réalisées afin de comprendre la structure de ces accessions.

RÉFÉRENCES

- Allel D., Ben-Amar A., Lamine M. & Abdelly C. (2017). Relationships and genetic structure of North African barley (*Hordeum vulgare* L.) germplasm revealed by morphological and molecular markers: Biogeographical considerations. *South African Journal of Botany*, 112/ 1-10.
- Amri A., Taghouti M., Rh'rib K., Ouassou A. & El Toufiq E. M. (1997). État et utilisations des ressources phyto-génétiques céréalières au Maroc. Proceeding d'un séminaire national. Ressources phyto génétiques et développement durable, édité par Birouk A. et Rejdali M. Actes Éditions, 1997.
- Amri A., Ouammou L. & Nassif F. (2005). Barley-based food in Southern Morocco. Food barley: Importance, uses and local knowledge, 22.
- Assefa A. (2003). Genetic variability and Breeding Potential of Barley (*Hordeum vulgare* L.) Landraces from North Shewa in Ethiopia. PhD Thesis, Faculty of natural and agricultural sciences university of free State, Bloemfontein, South Africa. 226 p.
- Assefa A. & Labuschagne M. T. (2004). Phenotypic variation in barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces from north Shewa in Ethiopia. *Biodiversity & Conservation*, 13: 1441-1451.
- Barnaud A., Deu M., Garine E., McKey D. & Joly H. I. (2007). Local genetic diversity of sorghum in a village in northern Cameroon: structure and dynamics of landraces. *Theoretical and Applied Genetics*, 114: 237-248.
- Ben-Ghabrit S. (2016). Historique et caractérisation de l'invasion de la morelle jaune (*Solanum elaeagnifolium*) au Maroc. *Revue Marocaine de Protection des Plantes*, 10.
- Birouk A., Tazi M., Mellas H. & Maghnoij M. (1995). Rapport de pays pour la conférence technique internationale de la FAO sur les ressources phyto génétiques.
- Bouhaouel I., Medini M., Belhadj H., Ayed O. S., Jabri C. & Slim H. (2019). Phenotypic diversity of barley (*Hordeum vulgare*) landraces from the Center and the South of Tunisia and identification of potential area of on-farm conservation. *New Sci.*, 66: 4157-4169.
- Brush S.B. (2000). The issues of *in-situ* conservation of crop genetic resources. In: Brush SB (ed.) Genes in the Field: On-farm Conservation of Crop Diversity. International Development Research Centre, Ottawa, Canada and International Plant Genetic Resources Institute, Lewis Publishers, Rome, Italy, pp: 3-26.
- Casals J., Casañas F. & Simó J. (2017). Is it still necessary to continue to collect crop genetic resources in the Mediterranean area? A case study in Catalonia. *Econ. Botany*, 71: 330-341.
- Chavan L. N., Patil S. M., Kauthale V. K. & Nalawade A. D. (2018). Morphological characterization of sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] landraces using DUS descriptor. *Agricultural Science Digest-A Research Journal*, 38: 221-224.
- Chentoufi L., Sahri A., Arbaoui M., Birouk A., Roumet P., Muller M. H. & Belqadi L. (2014). Diversité agro-morphologique et gestion variétale par les agriculteurs du blé dur (*Triticum turgidum* ssp. durum) dans le Pré-Rif marocain. *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*, 2: 30-38.
- Comadran J., Thomas W. T. B., Van Eeuwijk F. A., Ceccarelli S., Grando S., Stanca A. M., & Ouabbou H. (2009). Patterns of genetic diversity and linkage disequilibrium in a highly structured *Hordeum vulgare* association-mapping population for the Mediterranean basin. *Theoretical and Applied Genetics*, 119: 175-187.
- Comadran J., Russell J. R., Booth A., Pswarayi A., Ceccarelli S., Grando S., & Benbelkacem A. (2011). Mixed model association scans of multi-environmental trial data reveal major loci controlling yield and yield related traits in *Hordeum vulgare* in Mediterranean environments. *Theoretical and Applied Genetics*, 122: 1363-1373.
- Deu M., Sagnard F., Chantreau J., Calatayud C., Hérault D., Mariac C., & Mamadou A. (2008). Niger-wide assessment of *in-situ* sorghum genetic diversity with microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 116: 903-913.
- Dwivedi S. L., Scheben A., Edwards D., Spillane C. & Ortiz R. (2017). Assessing and exploiting functional diversity in germplasm pools to enhance abiotic stress adaptation and yield in cereals and food legumes. *Frontiers in plant science*, 8: 1461.
- Dziurdziak J., Bolc P., Wlodarczyk S., Puchta M., Gryziak G., Podyma W. & Boczkowska M. (2020). Multifaceted Analysis of Barley Landraces Collected during Gene Bank Expeditions in Poland at the End of the 20th Century. *Agronomy*, 10: 1958.
- Federer W. T. & Raghavarao D. (1975). On augmented designs. *Biometrics*, 29-35.
- Gegnaw S. T. & Hadado T. T. (2014). Genetic diversity of qualitative traits of barley (*Hordeum Vulgare* L.) landrace populations collected from Gamo Highlands of Ethiopia. *International Journal of Biodiversity and Conservation*, 6: 663-673.
- Gepts P. (2006). Plant genetic resources conservation and utilization. *Crop Science*, 46: 2278-2292.
- Gixhari B., Vrapit H. & Hobdari V. (2014). Morphological characterization of pea (*Pisum sativum* L.) genotypes stored in Albanian genebank. *Albanian Journal of Agricultural Sciences*, 169.
- Hailu F., Johansson E. & Merker A. (2010). Patterns of phenotypic diversity for phenologic and qualitative traits in Ethiopian tetraploid wheat germplasm. *Genetic resources and crop evolution*, 57:781-790.
- Hailu A., Alamerew S. & Nigusie M. (2016). Phenotypic Diversity for Qualitative Characters of Some Barley (*Hordeum vulgare* L.) Germplasm. *Elixir Agriculture International Journal*, 91: 38495-38500.
- Hamblin M. T., Close T. J., Bhat P. R., Chao S., Kling J. G., Abraham K. J., & Hayes P. M. (2010). Population structure and linkage disequilibrium in US barley germplasm: implications for association mapping. *Crop Science*, 50: 556-566.
- Jain S. K., Qualset C. O., Bhatt G. M. & Wu K. K. (1975). Geographical Patterns of Phenotypic Diversity in a World Collection of Durum Wheats. *Crop Science*, 15: 700-704.
- Jaradat A. A. & Shahid M. (2006). Patterns of phenotypic variation in a germplasm collection of *Carthamus tinctorius* L. from the Middle East. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53: 225-244.
- Jensen H. R., Belqadi L., De Santis P., Sadiki M., Jarvis D. I. & Schoen D. J. (2013). A case study of seed exchange networks and gene flow for barley (*Hordeum vulgare* subsp. vulgare) in Morocco. *Genetic resources and crop evolution*, 60: 1119-1138.
- Jilal A., Grando S., Henry R. J., Lee L. S., Rice N., Hill H., & Ceccarelli S. (2008). Genetic diversity of ICARDA's worldwide barley landrace collection. *Genetic resources and crop evolution*, 55: 1221-1230.
- Jilal A. (2011). Assessment of genetically diverse international barley germplasm for development of food product applications, PhD thesis, Southern Cross University, Lismore, NSW.
- Kamau J. I., Labeyrie V., Njoroge G. N., Wanjoya A. K., Wambugu P. W., Muthamia Z. K., & Leclerc C. (2017). Dealing with farmers' Ethnolinguistic differences when collecting crop diversity on-farm. *Plant Genetic Resources*, 15: 400-408.
- Khel Z., Garcia-Ferrer A. & Nachit M. M. (2013). Using Bayesian and Eigen approaches to study spatial genetic structure of Moroccan and Syrian durum wheat landraces. *American Journal of Molecular Biology*, 3: 17-31.
- Labeyrie V., Deu M., Barnaud A., Calatayud C., Buiron M., Wambugu P., & Leclerc C. (2014a). Influence of ethnolinguistic diversity on the sorghum genetic patterns in subsistence farming systems in Eastern Kenya. *PLoS One*, 9: e92178.

- Labeyrie V., Rono B. & Leclerc C. (2014b). How social organization shapes crop diversity: an ecological anthropology approach among Tharaka farmers of Mount Kenya. *Agriculture and Human Values*, 31: 97-107.
- Labeyrie V., Deu M., Dussert Y., Rono B., Lamy F., Marangu C. & Leclerc C. (2016a). Past and present dynamics of sorghum and pearl millet diversity in Mount Kenya region. *Evolutionary applications*, 9: 1241-1257.
- Labeyrie V., Thomas M., Muthamia Z. K. & Leclerc C. (2016b). Seed exchange networks, ethnicity, and sorghum diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113: 98-103.
- Lasa J. M., Igartua E., Ciudad F. J., Codesal P., García E. V., Gracia M. P., & Montoya J. L. (2001). Morphological and agronomical diversity patterns in the Spanish barley core collection. *Hereditas*, 135: 217-225.
- Lazaridi E., Ntatsi G., Fernández J. A., Karapanos I., Carnide V., Savvas D. & Bebeli P. J. (2017). Phenotypic diversity and evaluation of fresh pods of cowpea landraces from Southern Europe. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 97: 4326-4333.
- Leclerc C. & Coppens D. E. G (2012). Social organization of crop genetic diversity. The G x E x S interaction model. *Diversity*, 4: 1-32.
- Mascher M., Schreiber M., Scholz U., Graner A., Reif J. C. & Stein N. (2019). Genebank genomics bridges the gap between the conservation of crop diversity and plant breeding. *Nature Genetics*, 51: 1076-1081.
- Mercer K. L. & Perales H. (2019). Structure of local adaptation across the landscape: flowering time and fitness in Mexican maize (*Zea mays* L. subsp. *mays*) landraces. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 66: 27-45.
- Milner S. G., Jost M., Taketa S., Mazón E. R., Himmelbach A., Oppermann M. & Stein N. (2019). Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. *Nature Genetics*, 51: 319-326.
- Mulugeta A., Yao N., Kassahun T., Martina K., Kifle D. & Wegari D. (2016). Molecular genetic diversity and population structure of Ethiopian White Lupin landraces: Implications for breeding and conservation. *PLoS One*, 12: e0188696.
- Muñoz-Amatriain M., Cuesta-Marcos, A., Endelman J. B., Comadran J., Bonman J. M., Bockelman H. E., & Muehlbauer G. J. (2014). The USDA barley core collection: genetic diversity, population structure, and potential for genome-wide association studies. *PLoS One*, 9: e94688.
- Newton A. C., Akar T., Baresel J. P., Bebeli P. J., Bettencourt E., Bladenopoulos K. V., & Koutsika-Sotiriou M. (2010). Cereal landraces for sustainable agriculture. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 30: 237-269.
- Nguyen G. N. & Norton S. L. (2020). Genebank phenomics: A strategic approach to enhance value and utilization of crop germplasm. *Plants*, 9: 817.
- Pasam R. K., Sharma R., Malosetti M., van Eeuwijk F. A., Haseneyer G., Kilian B. & Graner A. (2012). Genome-wide association studies for agronomical traits in a world wide spring barley collection. *BMC plant biology*, 12: 16.
- Pasam R. K., Sharma R., Walther A., Özkan H., Graner A. & Kilian B. (2014). Genetic diversity and population structure in a legacy collection of spring barley landraces adapted to a wide range of climates. *PLoS One*, 9: e116164.
- Piechota U., Czembor P. C., Słowacki P. & Czembor J. H. (2019). Identifying a novel powdery mildew resistance gene in a barley landrace from Morocco. *Journal of Applied Genetics*, 60: 243-254.
- Poets A. M., Fang Z., Clegg M. T. & Morrell P. L. (2015). Barley landraces are characterized by geographically heterogeneous genomic origins. *Genome Biology*, 16: 173.
- R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Rahal-Bouziiane H., Yahiaoui S., Merdas S., Berkani S., Nait-Merzoug S. & Abdelguerfi A. (2020). Qualitative traits variation in barley landraces (*Hordeum vulgare* L.) from Algeria using Shannon-Weaver diversity index. *Rastenievadni nauki*, 57: 41-47.
- Ramirez-Villegas J., Khoury C. K., Achicanoy H. A., Mendez A. C., Diaz M. V., Sosa C. C., & Guarino L. (2020). A gap analysis-modelling framework to prioritize collecting for ex situ conservation of crop landraces. *Diversity and Distributions*, 26: 730-742.
- Rh'rib K., Amri A. & Sadiki M. (2002). Caracterisation agro-morphologique des populations locales d'orge des sites de Tanant et Taounate. *La conservation in-situ de la biodiversité agricole: Un défi pour une agriculture durable*, 286-294.
- Sadiki M., Birouk A., Bouizzgaren A., Belqadi L., Rh'rib K., Taghouti M., Kerfal S., Lahbhili M., Bouhya H., Douiden R., Saidi S. & Jarvis D. (2002). La Diversité Génétique *in-situ* du blé dur, de l'orge, de la Luzerne et de la Fève: Options de Stratégie Pour sa Conservation. *La Conservation in-Situ de la Biodiversité Agricole: un Défi Pour une Agriculture Durable* :37-117.
- Sadiki M., Arbaoui M., Ghaouti L. & Jarvis D. (2005). Seed exchange and supply systems and on-farm maintenance of crop genetic diversity: a case study of faba bean in Morocco. In Seed systems and crop genetic diversity on-farm. Proceedings of a workshop, 16-20 September, 2003, Pucallpa, Peru. International Plant Genetic Resources Institute (Rome, Italy): 83-87.
- Sahri A., Chentoufi, L., Arbaoui M., Muller M. H., Belqadi L. & Birouk A. (2014a). Impact du relief et des circuits semenciers locaux sur la diversité agro-morphologique du blé dur (*Triticum turgidum* ssp. *durum*) dans la vallée d'Er Rich-Imilchil (Maroc). *Revue Marocaine des Sciences Agronomiques et Vétérinaires*, 2: 39-49.
- Sahri A., Chentoufi L., Arbaoui M., Ardisson M., Belqadi L., Birouk A., Roumet P. & Muller M. H. (2014b). Towards a comprehensive characterization of durum wheat landraces in Moroccan traditional agrosystems: analysing genetic diversity in the light of geography, farmers' taxonomy and tetraploid wheat domestication history. *BMC evolutionary biology*, 14: 264.
- Saidi S., Amri A., Jarvis D., Sbeih D., Saad A. (2006). On-farm conservation of barley landraces in Morocco. Conference proceedings: African Regional workshop on sustainable use (focus on agriculture), Nairobi, Kenya, ICARDA, Aleppo, Syria.
- Samberg L. H., Shennan C. & Zavaleta E. S. (2010). Human and environmental factors affect patterns of crop diversity in an Ethiopian highland agro-ecosystem. *The Professional Geographer*, 62: 395-408.
- Samberg L.H., Shennan C. & Zavaleta E. (2013). Farmer Seed Exchange and Crop Diversity in a Changing Agricultural Landscape in the Southern Highlands of Ethiopia. *Human Ecology*, 41:477-485.
- Schaal B. A., Hayworth D. A., Olsen K. M., Rauscher J. T. & Smith W. A. (1998). Phylogeographic studies in plants: problems and prospects. *Molecular Ecology*, 7: 465-474.
- Shannon C. E. & Weaver W. (1948). Biodiversity measurements. *The Mathematical Theory of Communication*. Urbana University Press, Illinois, 117-27.
- Silvar C., Casas A. M., Kopahnke D., Habekuß A., Schweizer G., Gracia M. P., & Ordon F. (2010). Screening the Spanish barley core collection for disease resistance. *Plant Breeding*, 129: 45-52.
- Thomas M., Verzelen N., Barbillon P., Coomes O. T., Caillon S., McKey D., ... & Jarvis D. (2015). A network-based method to detect patterns of local crop biodiversity: validation at the species and infra-species levels. In *Advances in Ecological Research* (Vol. 53, pp. 259-320). Academic Press.

- Upadhyaya HD, Gowda CLL and Sastry DVSSR. (2008). Plant genetic resources management: collection, characterization, conservation and utilization. *Journal of SAT Agricultural Research*, 6.
- Van Treuren R., Engels J. M. M., Hoekstra R. & van Hintum T. J. (2009). Optimization of the composition of crop collections for *ex situ* conservation. *Plant Genetic Resources*, 7:185-193.
- Yahiaoui S., Cuesta-Marcos A., Gracia M. P., Medina B., Lasa J. M., Casas A. M., & Igartua E. (2014). Spanish barley landraces outperform modern cultivars at low-productivity sites. *Plant breeding*, 133: 218-226.
- Zar J. H. (1999). Biostatistical analysis. Pearson Education India.