

لجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
جامعة الإخوة منتوري قسنطينة 1



كلية العلوم الطبيعية والحياة
قسم البيولوجيا وعلم البيئة النباتية

لترتيب: 157 / D3c / 18
06 / Eco.v / 2018 :

لنيل شهادة

: التقنيات الحيوية، البيولوجيا والمحيط
: القواعد البيولوجية للإنتاج والتنوع الحيوي النباتي

**تحت عنوان: دراسة التنوع المرفوفيزيولوجي، البيوكيميائي، الجزيئي، المحصول وتصاب
صنفين من القمح الصلب المنزرع بالجزائر (*Triticum durum* Desf.)**

المرشحة: شهيلي فطيمة الزهراء

لجنة المناقشة:

جامعة الإخوة منتوري قسنطينة 1	أستاذ التعليم العالي	الرئيس: غروشة حسين
جامعة الإخوة منتوري قسنطينة 1	أستاذ التعليم العالي	المشرفة: بودور ليلي
المركز الجامعي عبد الحفيظ بو الصوف ميله	أستاذ التعليم العالي	المتحنيين: يحي عبد الوهاب
جامعة الإخوة منتوري قسنطينة 1	أستاذ محاضر - أ-	شايب غنية
جامعة الإخوة منتوري قسنطينة 1	أستاذ محاضر - أ-	بولعسل معاد

السنة الجامعية 2018-2019

التشكرات

الحمد لله الذي وفقني لإنجاز هذا البحث وجعلني من طلبة العلم ويسرى لي الأمور حتى إتمام هذه الأطروحة.

أتقدم بالشكر والإمتنان إلى الأستاذة الفاضلة بودور ليلي، أستاذة التعليم العالي بجامعة قسنطينة 1، التي أشرفت على انجاز هذا البحث بصبر ولم تبخل علينا بنصائحها القيمة وتوجيهاتها المفيدة فلها كل الشكر والتقدير.

أتقدم بخالص شكري وتقديري للأستاذ الفاضل غروشة حسين، أستاذ التعليم العالي بجامعة قسنطينة 1، لتقبله ترأس لجنة مناقشة هذه الأطروحة.

كما أشكر كثيرا كل من الأستاذة الأفاضل يحي عبد الوهاب، أستاذ التعليم العالي بجامعة ميله، الأستاذة شايب غنية، أستاذة محاضرة بجامعة قسنطينة 1 والأستاذ بولعسل معاد، أستاذ محاضر بجامعة قسنطينة 1 على تكريمهم بقبول مناقشة واثراء هذه الأطروحة بخبرتهم العلمية ومكتسباتهم الثرية.

ولا يفوتني أن أشكر: الأستاذ خليفي، ايناس بمخبر الوراثة، البيوكيمياء وبيوتكنولوجيا، الأستاذة غيوة بوشطب كريمة والأستاذة شايب غنية على الجهود التي بذلوها معي شخصيا أتمنى لهم التوفيق.

وفي الأخير أوجه تشكراتي إلى كل من ساهم من قريب أو بعيد في بلورة واطماف هذه الأطروحة.

الإهداء

أتقدم بأسمى عبارات الإمتنان و خالص شكري إلى أبي و أمي حفظهما الله لي
كما لا أنسى زوجي و أولادي و أخي و أخواتي و صديقاتي الذين شجعوني كثيرا.

الفهرس

فهرس المحتويات

1	المختصات.....
1	المختصرات.....
1	قائمة الأشكال.....
1	قائمة الجداول.....
1	قائمة الملحقات.....
1	المقدمة.....
4	1- استعراض المراجع.....
4	1-1 الناحية النباتية للقمح
5	2-1 الأصل الجغرافي للقمح.....
6	3-1 تصنيف نبات القمح
6	1-3-1 الأصل الوراثي.....
7	2-3-1 المجموع الصبغي للقمح.....
9	3-3-1 التصنيف النباتي للقمح
9	4-3-1 تصنيف الأقماع حسب مواسم الزرع.....
10	4-1 دورة حياة القمح.....
10) طور تكون الحبة.....
10) طور التخزين.....
11) طور الجفاف.....
12	5-1 العوامل المؤثرة على دورة حياة القمح
12	1-5-1 الحرارة
12	2-5-1 الرطوبة
12	3-5-1 الإضاءة.....
13	6-1 معايير الإنتخاب والتحسين المرفوفيزيولوجية والبيوكيميائية.....

131-6-1 المعايير المرفولوجية.
131-1-6-1 طول النبات
142-1-6-1 طول السفاة.
153-1-6-1 طول السنبله.
164-1-6-1 طول عنق السنبله.
165-1-6-1 المساحة الورقية.
162-6-1 المعايير الفيزيولوجية.
171-2-6-1 المحتوى النسبي للماء.
173-6-1- المردود و مكوناته.
181-3-6-1 عدد الحبات بالسنبله.
192-3-6-1 عدد السنييلات بالسنبله.
193-3-6-1 وزن الحبات بالسنبله.
204-3-6-1 وزن ألف حبة.
204-6-1- التركيب البيوكيميائي.
201-4-6-1 التركيب الكيميائي لحبوب القمح.
212-4-6-1 فصل البروتينات بالهجرة الكهربائية.
227-1- التهجين.
238-1- المحدادات الوراثية.
302 - طرق ووسائل العمل.
302-2 المادة النباتية.
302-2 وسط الزرع.
333-2 تنفيذ التجربة.
334-2 القياسات المتبعة خلال دورة الحياة.
331-4-2 القياسات المرفولوجية
342-4-2 القياسات الفيزيولوجية
343-4-2 مكونات المردود
355-2 عملية التصالب.

376-2 الدراسة البيوكيميائية.....
371-6-2 استخلاص البروتينات الكلية.....
397-2 الدراسة الجزيئية.....
391-7-2 المادة النباتية.....
392-7-2 استخلاص المادة الوراثية (ADN).....
403-7-2 محددات SSR المستخدمة.....
414-7-2 تفعيل تسلسل بلمرة خيط ADN: (SSR-PCR).....
435-7-2 تقنية (SSR-HRM).....
448-2 الدراسة الإحصائية.....
453- النتائج و المناقشة.....
451-3 النتائج المورفولوجية، المردود، البيوكيميائية والجزيئية للموسم الزراعي 2014/2013.
451-1-3 المقاييس المورفولوجية.....
45) طول النبات.....
46) طول عنق السنبله.....
46) طول السنبله.....
47) طول السفاة.....
48) مساحة الورقة.....
492-1-3 المقاييس الفيزيولوجية.....
49) المحتوى النسبي للماء.....
503-1-3 مكونات المردود.....
50) عدد السنييلات بالسنبله.....
51) عدد الحبات بالسنبله.....
53) وزن الحبات بالسنبله.....
54) وزن الألف حبة.....
554-1-3 تحليل التنوع المورفولوجي والمردود.....
551-4-1-3 دراسة مصفوفة معامل الارتباط.....
562-4-1-3 دراسة المعايير.....
583-4-1-3 دراسة الأفراد.....

60	3-1-5 الدراسة البيوكيميائية
65	3-1-6 الدراسة الجزيئية
71	3-2-2 النتائج المرفوفيزيولوجية، المردودية، البيوكيميائية والجزيئية للموسم الزراعي 2015/2014
71	3-2-1 المقاييس المرفولوجية
71	ج طول النبات
72	ج طول عنق السنبله
72	ج طول السنبله
73	ج طول السفاة
74	ج مساحة الورقة
75	3-2-2 المقاييس الفيزيولوجية
75	ج المحتوى النسبي للماء
76	3-2-3 مكونات المردود
76	ج عدد السنييلات بالسنبله
78	ج عدد الحبات بالسنبله
79	ج وزن الحبات بالسنبله
80	ج وزن الألف حبة
81	3-2-4 تحليل التنوع المورفوفيزيولوجي والمردود
81	3-2-4-1 دراسة مصفوفة معامل الارتباط
82	3-2-4-2 دراسة المعايير
84	3-2-4-3 دراسة الأفراد
86	3-2-5 الدراسة البيوكيميائية
91	3-2-6 الدراسة الجزيئية
97	3-3 النتائج المرفوفيزيولوجية، المردودية، البيوكيميائية والجزيئية للموسم الزراعي 2017/2016
97	3-3-1 المقاييس المرفولوجية
97	ج طول النبات
97	ج طول عنق السنبله
98	ج طول السنبله
99	ج طول السفاة
100	ج مساحة الورقة
101	3-3-2 المقاييس الفيزيولوجية

101 المحتوى النسبي للماء.....)
102 3-3-3 مكونات المردود.....)
102 عدد السنيبلات بالسنبلة.....)
103 عدد الحبات بالسنبلة.....)
104 وزن الحبات بالسنبلة.....)
105 وزن الألف حبة.....)
107 4-3-3 تحليل التنوع المورفوفيزيولوجي والمردود.....)
107 1-4-3-3 دراسة مصفوفة معامل الارتباط.....)
108 2-4-3-3 دراسة المعايير.....)
110 3-4-3-3 دراسة الأفراد.....)
112 5-3-3 الدراسة البيوكيميائية.....)
116 6-3-3 الدراسة الجزيئية.....)
122 4-3 الدراسة المورفوفيزيولوجية و المردودية لثلاث مواسم 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016
129 5-3 مناقشة نتائج القياسات المورفوفيزيولوجية و مكونات المردود.....)
132 6-3 الدراسة البيوكيميائية للمواسم الثلاثة 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016.....)
134 7-3 مناقشة نتائج البيوكيميائية.....)
135 8-3 الدراسة الجزيئية بين أفراد المواسم الثلاثة 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016.....)
142 9-3 مناقشة الدراسة الجزيئية.....)
 10-3 تحليل التنوع المورفوفيزيولوجي، البيوكيميائي والجزيئي خلال ثلاث مواسم 2014/2013،
143 2015/2014 و 2017/2016.....)
144 11-3 الدراسة البيوكيميائية للهجن.....)
147 12-3 الدراسة الجزيئية للهجن.....)
155 4- الخاتمة والأفاق.....)
 المراجع.....)
 الملحقات.....)

قائمة

المختصرات

قائمة المختصرات

(15)C4: *circumflexum* 2015.

(14)M9: *melanopus* 2014.

(17)C9: *circumflexum* 2017.

ADN: acide désoxyribonucléique.

Am: Ampère.

A.n temps: Annealing temperature.

A-PAGE: Acidic Poly Acrylamide Gel Electrophoresis.

APS: persulfate d'ammonium.

C %: cross-linking, Bisacrylamide (g)/ (Acrylamide+Bisacrylamide) (g) x100.

cir: la variété *circumflexum*.

G: Génotype.

HP: Hauteur de la plante.

HRM: High Resolution Melting.

imp: imperfectrepeat.

ITGC: Institut Technique des Grandes Cultures.

KDa: Kilodalton.

LB: Longueur des barbes.

LC: longueur du col.

LE: Longueur de l'épi.

MB: Méga Base.

mel: la variété *melanopus*.

NE/E: Nombre d'épillets par épi.

NG/E: Nombre de grains par épi.

PCR: polymérase Chain réaction.

P.F: Poids frais.

PG/E: Poids de grains par épi.

PMG: Poids de mille grains.

P.S: Poids sec.

P.T: Poids de turgescence.

SDS-PAGE : Sodium DodecylSulphate Poly Acrylamide Gel Electrophoresis.

SF: Surface foliaire.

SNP: Single-nucléotide polymorphisme.

SSR : Short séquence repeat.

T %: concentration totale, Acrylamide + Bisacrylamide (g)/Total x 100.

TCA: acide trichloroacétique.

TEMED: tétraméthyl-éthylène-diamine.

Tm: température de fusion.

TRE: Teneur relative en eau.

Tris: tris-hydroxyméthyl-aminométhane.

قائمة الأشكال

قائمة الأشكال

- 04 الشكل 01: تركيب نبات القمح (Bogard, 2011)
- 06 الشكل 02: منشأ وانتشار القمح (Zohary and Hopf, (2000).....
- 07 الشكل 03: تطور نسل القمح
- 08 الشكل 04: المجموع الصبغي للقمح (Salamé, 2012).....
- 32 الشكل 05 : كمية الامطار ودرجة الحرارة خلال ثلاث مواسم.....
- 33 الشكل 06: موقع الزرع.....
- 36 الشكل 07: عملية نزع المنبر Castration.....
- 37 الشكل 08: عملية التأبير بتقريب السنابل من بعضها البعض.....
- 43 الشكل 09: المخطط الحراري لتقنية (PCR-HRM).....
- 48 الشكل 10: المقاييس المرفولوجية لعشرين فرد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 49 الشكل 11: مساحة الورقة عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 50 الشكل 12: محتوى الماء النسبي عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 51 الشكل 13: عدد السنبيلات في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 52 الشكل 14: عدد الحبوب في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 53 الشكل 15: وزن الحبات في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 54 الشكل 16: وزن ألف حبة عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 57 الشكل 17: حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 59 الشكل 18: تمثيل الأفراد على المحاور للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 62 الشكل 19: صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات عند الأفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 64 الشكل 20: شجرة القرابة للأفراد المختارة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*
- 66 الشكل 21: منحني تضخم قطع ADN عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms47 ...
- 66 الشكل 22: منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47

- 66 الشكل 23: مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.....
- 67 الشكل 24: منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanops* عند البادئ XWms46..
- 67 الشكل 25: منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms46....
- 68 الشكل 26: مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms46.....
- 68 الشكل 27: منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms499.....
- 69 الشكل 28: منحني الذوبان لتقنية (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms499.....
- 69 الشكل 29: مشتق منحني الذوبان لتقنية (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms499.....
- 70 الشكل 30: منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms132.....
- 70 الشكل 31: منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms132..
- 70 الشكل 32: مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms132.....
- 74 الشكل 33: المقاييس المرفولوجية لعشرين فرد من القمح الصلب *circumflexum* و *melanopus*.....
- 75 الشكل 34: مساحة الورقة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 76 الشكل 35: المحتوى النسبي للماء عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 77 الشكل 36: عدد السنبيلات في السنبله عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 78 الشكل 37: عدد الحبات في السنبله عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 79 الشكل 38: وزن الحبة في السنبله عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 80 الشكل 39: وزن ألف حبة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- الشكل 40: A,B: حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP المتشكلة من: A: Aex1,2 (Plan:1,2) B: Axe1,3 (Plan:1,3) للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 83 الشكل 41: A,B: تمثيل الأفراد على المحاور: A: Aex1,2 (Plan:1,2) B: Aex1,3 (Plan:1,3) للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 85 الشكل 42: صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات عند الأفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 88 الشكل 43: شجرة القرابة للأفراد المختارة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 90 الشكل 44: منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melaopus* عند البادئ Xwms47...
- 92 الشكل 45: منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47....
- 92 الشكل 46: مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.....
- 93 الشكل 47: منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms46.....
- 93 الشكل 48: منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms46....

- 94 **الشكل 49:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms46.....
- 94 **الشكل 50:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms499.....
- 95 **الشكل 51:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms499..
- 95 **الشكل 52:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms499.....
- 96 **الشكل 53:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms132.....
- 96 **الشكل 54:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms132..
- 96 **الشكل 55:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms132.....
- الشكل 56:** المقاييس المرفولوجية لعشرين فرد من القمح الصلب (طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة) للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 99 **الشكل 57:** مساحة الورقة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 100 **الشكل 58:** محتوى الماء النسبي عند الأفراد المدروس للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 101 **الشكل 59:** عدد السنيبلات في السنبل عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 103 **الشكل 60:** عدد الحبات في السنبل عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 104 **الشكل 61:** وزن الحبات في السنبل عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 105 **الشكل 62:** وزن ألف حبة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 106 **الشكل 63:** A,B: حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP المتشكلة من: A : Aex1,2 (Plan :1,2) ، B : Aex1,3
- 109 **الشكل 64:** A,B: تمثيل الأفراد على المحاور : A : Aex1,2 (Plan :1,2) ، B : Aex1,3 (Plan :1,3) للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 111 **الشكل 65:** صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات عند الأفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 113 **الشكل 66:** شجرة القرابة للأفراد المختارة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.....
- 115 **الشكل 67:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms47.....
- 116 **الشكل 68:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47...
- 117 **الشكل 69:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.....
- 117 **الشكل 70:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms46..
- 118 **الشكل 71:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms46....
- 118 **الشكل 72:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms46.....
- 118 **الشكل 73:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms499.....

- 119 **الشكل 74:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms499...
- 120 **الشكل 75:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms499.....
- 120 **الشكل 76:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms132.....
- 121 **الشكل 77:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms132..
- 121 **الشكل 78:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms132....
- 126 **الشكل 79 : A,B :** حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP لثلاث مواسم.....
- 128 **الشكل 80 : A,B :** تمثيل الأفراد على المحاور لثلاث مواسم.....
- 136 **الشكل 81:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms47.....
- 136 **الشكل 82:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47....
- 136 **الشكل 83:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.....
- 137 **الشكل 84:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms46.....
- 137 **الشكل 85:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms46....
- 138 **الشكل 86:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms46.....
- 138 **الشكل 87:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms499.....
- 139 **الشكل 88:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms499..
- 139 **الشكل 89:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms499.....
- 140 **الشكل 90:** منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms132.....
- 140 **الشكل 91:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms132..
- 140 **الشكل 92:** مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms132.....
- 141 **الشكل 93:** شجرة القرابة بين الأفراد تحت الدراسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 145 **الشكل 94:** الرحلان الكهربائي للبروتينات عند الأفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 147 **الشكل 95:** شجرة القرابة للهجن.....
- 148 **الشكل 96:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين وأبويه بدلالة درجة الحرارة....
- 149 **الشكل 97:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة...
- 150 **الشكل 98:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة...
- 151 **الشكل 99:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة...
- 152 **الشكل 100:** منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة.....

قائمة الجداول

قائمة الجداول

- 30 الجدول 01: المميزات الخاصة بالصنفين *melanopus* و *circumflexum* (Boudour, 2006).....
- 31 الجدول 02: كمية الأمطار و درجة الحرارة بولاية أم البواقي خلال موسمي الزراعة 2014/2013 – 2015/2014 وولاية قسنطينة خلال الموسم الزراعي 2016/2017 (ITGC).....
- 35 الجدول 03: مخطط التهجين بين الطرز الوراثية الأبوية (*melanopus* و *circumflexum*).....
- 38 الجدول 04: مكونات جل الفصل وجل التركيز.....
- 41 الجدول 05: وصف مواقع SSR المدروسة من حيث موقعها على الصبغيات، التركيب النيوكليوتيدي لكل منها، مدى أطوال الأليلات الناتجة ضمن الدراسة.....
- 42 الجدول 06: مكونات تفاعل PCR مع التراكيز والكميات المضافة لهذه المكونات.....
- 42 الجدول 07: المراحل الحرارية لتفاعل PCR والمدة الزمانية لكل مرحلة وتكرار كل مرحلة.....
- 55 الجدول 08: نسبة المحاور (1، 2 و 3).....
- 56 الجدول 09: مصفوفة الارتباط للمعايير المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 63 الجدول 10: عدد الحزم و الأوزان الجزيئية الموجودة عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 63 الجدول 11: عدد الحزم المشتركة (Monomorphes) و المتنوعة (Polymorphe) ونسبة Polymorphysme للأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 81 الجدول 12: نسبة المحاور (1، 2 و 3).....
- 82 الجدول 13: مصفوفة الارتباط للمعايير المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 89 الجدول 14: عدد الحزم و الأوزان الجزيئية الموجودة عند الأفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 89 الجدول 15: عدد الحزم المشتركة (Monomorphes) و المتنوعة (Polymorphe) ونسبة Polymorphysme للأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 107 الجدول 16: نسبة المحاور (1، 2 و 3).....
- 108 الجدول 17: مصفوفة الارتباط للمعايير المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 114 الجدول 18: عدد الحزم و الأوزان الجزيئية الموجودة عند الأفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.....
- 114 الجدول 19: عدد الحزم المشتركة (Monomorphes) و المتنوعة (Polymorphe) للصنفين *melanopus* و *circumflexum* ..

الملحقات

قائمة الملحقات

1- استخلاص ADN.

الملحق 1: محلول استخلاص المادة الوراثية (ADN).

2- شروط تفاعل (PCR-HRM).

الملحق 2: المراحل الحرارية لتفاعل (PCR-HRM).

3- النتائج المرفوفيزيولوجية والمردود للموسم الزراعي 2014/2013.

الملحق 3: القياسات المرفوفيزيولوجية والمردودية.

الملحق 4: تحليل التباين ANOVA وتصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% بالنسبة لصفات المرفوفيزيولوجية و المردودية.

الملحق 5: تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي والمردود للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

الملحق 6: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) خلال الموسم الزراعي 2014/2013.

4- النتائج المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود للموسم الزراعي 2015/2014.

الملحق 7: القياسات المرفوفيزيولوجية و المردودية.

الملحق 8: تحليل التباين ANOVA وتصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% بالنسبة لصفات المرفوفيزيولوجية و المردودية.

الملحق 9: تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي والمردود للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

الملحق 10: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) خلال الموسم الزراعي 2015/2014.

5- النتائج المرفوفيزيولوجية والمردود للموسم الزراعي 2017/2016.

الملحق 11: القياسات المرفوفيزيولوجية و المردودية.

الملحق 12: تحليل التباين ANOVA وتصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% بالنسبة لصفات المرفوفيزيولوجية و المردودية.

الملحق 13: تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي والمردود للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

الملحق 14: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) خلال الموسم الزراعي 2017/2016.

6- النتائج الجزيئية للمواسم الثلاثة.

الملحق 15: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) لثلاث مواسم زراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016.

7- الدراسة الجزيئية للهجن.

الملحق 16: درجة حرارة الانصهار الخاصة بتقنية (HRM) للهجن و أباؤها تحت الدراسة.

المُلخَص

العنوان: دراسة التنوع المرفوفيزيولوجي، البيوكيميائي، الجزيئي، المحصول و تصالب صنفين من القمح الصلب المنزرع بالجزائر (*Triticum durum* Desf.)

الملخص

اجريت الدراسة خلال المواسم الزراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 بمنطقتين الأولى بولاية أم البواقي وأخرى بالمعهد التقني للمحاصيل الكبرى (ITGC) بالخروب ولاية قسنطينة.

تهدف هذه الدراسة إلى تمييز الإختلاف الموجود بين 20 نمط وراثي للصنفين *circumflexum* و *melanopus* اللذان ينتميان إلى القمح الصلب المنزرع بالجزائر (*Triticum durum* Desf.) وذلك استنادا إلى بعض الصفات المرفوفيزيولوجية والمردودية. كما تم اخضاع الأباء إلى التهجينات للحصول على أفراد الجيل الأول، من أجل تحديد التنوع داخل أفراد الصنف الواحد وبين الصنفين وإستنباط الأفراد الأعلى إنتاج، كما تطرقت الدراسة إلى تحاليل بيوكيميائية وجزيئية وذلك لتحديد درجة القرابة بين الأفراد المدروسة و الهجن المتحصل عليها.

وضحت النتائج المسجلة اعتمادا على التحاليل الإحصائية العديدة وجود تنوع بين الأفراد المدروسة بالنسبة للمقاييس المرفوفيزيولوجية والمردود. وتميزت الأفراد cir9، mel1، mel2، mel5، mel6، mel10، cir7 و cir10 في المواسم الثلاثة بأعلى القيم للمقاييس المرفولوجية وأعطت أعلى معدل لمردود الحبوب، وسجلت الأفراد cir4، cir8، cir6، cir5 و mel4، mel6، cir5 قيمة مرتفعة للمحتوى النسبي للماء خلال الموسمين الزراعيين 2014/2013 و 2015/2014، والأفراد mel1، cir4، mel3، mel9 و cir8 في الموسم الزراعي 2017/2016.

كشفت النتائج المتحصل عليها من تقنية الرحلان الكهربائي (SDS-PAGE) للبروتينات الكلية خلال المواسم الزراعية الثلاثة عند 30 فرد المختارة لكلا الصنفين *circumflexum* و *melanopus* وستة هجن، وجود تنوع Polymorphisme عالي بنسبة قدرها 66.66 و 83.33% على الترتيب بين الأفراد والتي صنفت بواسطة شجرة القرابة Dendrogramme إلى مجموعات متباينة. ولهذا يمكن استخدام البروتينات الكلية كمحددات بيوكيميائية لدراسة الإختلافات الوراثية.

سمحت الدراسة الجزيئية لتقنية (PCR-HRM) الفصل مابين 30 فرد المختارة في الدراسة البيوكيميائية للصنفين *circumflexum* و *melanopus*، وذلك باستخدام أربع بادئات لمحددات SSR، حيث كشفت عن وجود الإختلاف المتباين للصفات داخل أفراد الصنف وبين أفراد الصنفين حسب درجة حرارة إنصهار ADN. أعطت خلال الموسم الزراعي 2014/2013 الأفراد mel1، mel2 و mel10 مجموعة واحدة متجانسة (homogènes) عند البادئين Xwms46 و Xwms47، كما بينت خلال الموسم الزراعي 2015/2014 الفردين cir9 و cir10 في نفس المجموعة (homogènes) عند البادئ Xwms46. وأوضحت الدراسة الجزيئية خلال الموسم الزراعي 2017/2016 تواجد الفردين cir10 و mel9 في مجموعة واحدة متجانسة عند البادئين Xwms46 و Xwms499. ميزت الدراسة الجزيئية أن البادئ Xwms132 أعطى أحسن تباين للأفراد mel1، cir9 و mel9 بالنسبة للمواسم الثلاثة. حيث ظهر الإختلاف أكثر عند البادئ Xwms132 يليه البادئ Xwms47، Xwms46 و البادئ Xwms499 على الترتيب وذلك بفارق درجة حرارة انصهار ADN بين الأفراد والتي تقدر ب 6، 5.4، 3 و 0.8°م على الترتيب.

بينت الدراسة الجزيئية للأباء مع ستة هجن المتحصل عليها من التصالب بين أفراد الصنفين *circumflexum* و *melanopus*، أنه بناء على درجة القرابة بين الهجن وأبائها تم تقسيم الهجن إلى ثلاث مجموعات: مجموعة تشبه الأب الذكر عند البادئين Xwms47 و Xwms132، مجموعة تشبه كلا الأبوين عند البادئ Xwms499 ومجموعة وسطية لاتشبه كلا الأبوين ظهرت في أغلب الأحيان عند البادئ Xwms46 كما أخذت بعض الهجن مجموعة وسطية عند البادئين Xwms47 و Xwms132.

نستخلص من الدراسة المرفوفيزيولوجية، المردود، البيوكيميائية والجزيئية أن الدراسة الجزيئية المعتمدة على تحليل ADN تتفوق على الدراسات المتبعة، إلا أنه يفضل الإستعانة بكل الطرق المتاحة للدراسة للحصول على صورة شاملة ومحيطية عن مستوى التنوع داخل أفراد الصنف وبين أفراد الصنفين.

الكلمات المفتاحية: القمح الصلب (*Triticum durum* Desf.)، الهجن، المرفولوجية، الفيزيولوجية، مكونات المردود، البيوكيميائية، البروتينات الكلية، التنوع الجزيئية.

**Thème : Etude de la variabilité morphophysio­logique, biochimique, moléculaire,
rendement et croisement de deux variétés de blé dur cultivé en Algérie
(*Triticum durum* Desf.)**

Résumé

L'étude est menée au cours de trois campagnes agricoles 2013/2014, 2014/2015 et 2016/2017 dans deux stations, une à la wilaya d'Oum El Bouaghi et l'autre à l'Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) du Khroub à Constantine.

Cette étude a pour objectif de distinguer la différence entre 20 génotypes de deux variétés, *circumflexum* et *melanopus*, appartenant au blé dur cultivé en Algérie (*Triticum durum* Desf.), sur la base de certaines caractéristiques morphophysio­logiques et du rendement. De plus, les parents ont soumis à des hybridations pour obtenir des génotypes de première génération, afin de déterminer la diversité des génotypes inter et intra-variétale, ainsi le développement des génotypes les plus productifs, aussi, une étude biochimique et moléculaire est réalisée pour déterminer le lien de parenté des génotypes étudiés et des hybrides obtenus.

Les résultats obtenus par des analyses statistiques multivariées, ont montré qu'il existe une diversité entre les génotypes étudiés pour les mesures morphologiques et le rendement, Les génotypes cir9, mel1, mel6, mel2, mel5, mel6, mel10, cir7 et cir10 enregistrent les valeurs les plus élevées pour les paramètres morphologiques et le taux de rendement en grains durant les trois campagnes, les génotypes cir4, cir8, cir6, mel6, mel4 et cir5 ont des valeurs élevées pour la teneur en eau relative pendant les deux campagnes 2013/2014 et 2014/2015, de même les génotypes mel1, cir4, mel3, mel9 et cir8 pendant la saison agricole 2016/2017.

L'analyse des protéines totales par la technique électrophorèse (SDS-PAGE) au cours des trois campagnes chez les 30 génotypes sélectionnés des deux variétés *circumflexum*, *melanopus* et six hybrides, ont révélé un polymorphisme remarquable de 66,66 et 83,33% respectivement. La classification hiérarchique a distingué différents groupes. Les protéines totales peuvent être utilisées pour déterminer les différences génétiques des populations de blé dur.

L'analyse moléculaire par la technique (PCR -HRM) a permis la séparation de 30 génotypes sélectionnés des deux variétés *circumflexum* et *melanopus*, en utilisant quatre amorces SSR, celle-ci a permis de mettre en évidence une variabilité inter et intra-variétale selon le degré de fusion d'ADN. Au cours de la saison agricole 2013/2014 les génotypes mel1, mel2 et mel10 forment un seul groupe homogène chez les deux amorces Xwms47 et Xwms46, de même deux génotypes cir9 et cir10 sont classés dans le même groupe chez l'amorce Xwms46 pendant la saison 2014/2015, la troisième campagne 2016/2017 a classé deux génotypes cir10 et mel9 dans le même groupe chez les deux amorces Xwms46 et Xwms499. Cette analyse a distingué les génotypes mel1, cir9 et mel9 chez l'amorce Xwms132 au cours des trois campagnes en formant des groupes individuels respectivement. Celle-ci a permis de mettre en évidence une variabilité très importante de l'amorce Xwms132 suivi par les trois amorces Xwms 47, Xwms 46 et Xwms 499 selon leur degré de fusion d'ADN des génotypes de 6, 5,4, 3 et 0,8 ° C respectivement, ce qui montre la diversité inter et intra-variétale.

L'étude moléculaire des parents avec six hybrides issus de croisements entre *circumflexum* et *melanopus* a montré que, sur la base du degré de parenté existant entre les hybrides et leurs parents, les hybrides ont été divisés en trois groupes : un groupe ressemblant au père mâle chez les amorces Xwms47 et Xwms132, un groupe similaire aux deux parents de la même amorce Xwms499. et un groupe intermédiaire ne ressemblant à aucun des parents a souvent été trouvée chez l'amorce Xwms46. Certains hybrides ont également pris des groupes intermédiaires chez Xwms47 et Xwms132.

Nous concluons que parmi tous les paramètres et les analyses suivis, soit morpho-physiologiques, rendement, biochimiques et moléculaires, l'étude moléculaire basée sur l'analyse d'ADN est l'approche la plus rigoureuse, mais, il est préférable d'utiliser toutes les méthodes disponibles pour élargir une étude complète riche en informations de la variabilité inter et interspécifique entre les génotypes étudiés.

Mots clés : Blé dur (*Triticum durum* Desf.), hybrides, morphologiques, physiologiques, composantes du rendement, biochimique, protéines totales, diversité et moléculaire.

Title: Study of the morphophysiological, biochemical, molecular variability, yield and crossbreeding of two varieties of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) grown in Algeria.

Abstract

The study was conducted during three agricultural campaigns 2013/2014, 2014/2015 and 2016/2017 in two stations, one at the wilaya of Oum El Bouaghi and the other at the Technical Institute of Field Crops (ITGC) from Khroub to Constantine.

The purpose of this study was to distinguish the difference among 20 genotypes of two varieties, *circumflexum* and *melanopus*, belonging to durum wheat (*Triticum durum* Desf.) grown in Algeria, based on certain morphophysiological characteristics and yield.

In addition, the parents were subjected to hybridizations to obtain first generation individuals, in order to determine the diversity of inter and intra varietal genotypes, thus the development of the most productive genotypes. Also, a biochemical and molecular study was carried out to determine the degree of relationship of the studied genotypes and hybrids obtained.

The results obtained by multivariate statistical analyzes showed that there is a diversity among the studied genotypes from the morphological measurements and the yield. The genotypes cir9, mel1, mel6, mel2, mel5, mel6, mel10, cir7 and cir10 record the highest values from morphological parameters and grain yield during the three agricultural campaigns. The cir4, cir8, cir6, mel6, mel4 and cir5 genotypes had high relative moisture content during the two agricultural campaigns 2013/2014 and 2014/2015 and the mel1, cir4, mel3, mel9 and cir8 genotypes during the agricultural campaigns 2016/2017.

Total protein analysis by electrophoresis (SDS-PAGE) during the three agricultural campaigns of the 30 selected genotypes of the two varieties *circumflexum*, *melanopus* and six hybrids revealed a remarkable polymorphism of 66.66 and 83.33%, respectively. . The hierarchical classification distinguished different groups. Total protein can be used to determine genetic differences in durum wheat populations.

The molecular analysis by the technique (PCR -HRM) permitted the separation of 30 selected genotypes of the two varieties *circumflexum* and *melanopus*, using four SSR primers. This technique allowed to highlight inter and intra varietal variability according to the degree of DNA fusion. During the agricultural campaign 2013/2014 the mel1, mel2 and mel10 genotypes form a single homogeneous group for both primers Xwms47 and Xwms46, and two genotypes cir9 and cir10 were classified in the same group for the primer Xwms46 during the agricultural campaign 2014/2015, but the third agricultural campaign 2016/2017 has classified two genotypes cir10 and mel9 in the same group for the two primers Xwms46 and Xwms499. This analysis distinguished the genotypes mel1, cir9 and mel9 for the primer Xwms132 during the three agricultural campaigns by forming individual groups respectively. This later allowed to highlight a very important variability of the primer Xwms132 followed by the three primers Xwms 47, Xwms 46 and Xwms 499 according to their degree of DNA fusion of the genotypes of 6, 5,4, 3 and 0,8 ° C, respectively, which show inter and intra-varietal diversity.

The molecular study of parents with six hybrids from crosses between *circumflexum* and *melanopus* showed that, based on the degree of relationship between hybrids and their parents, the hybrids were divided into three groups: a group resembling the male father for primers Xwms47 and Xwms132, a group similar to both parents for the same primer Xwms499, and an intermediate group resembling none of the parents was often found for the primer Xwms46. Some hybrids have also taken intermediate groups for Xwms47 and Xwms132.

We conclude that among all followed parameters and analyzes, morpho-physiological, yield, biochemical and molecular, molecular study, based on DNA analysis, is the most rigorous approach, but it is best to use all available methods in order to have a complete study rich with the information about inter and interspecific variability among studied genotypes.

Key words: Durum wheat (*Triticum durum* Desf.), Hybrids, morphological, physiological, yield components, biochemical, total protein, diversity and molecular.

المقدمة

المقدمة

تحتل زراعة الحبوب في العالم مكانة هامة جدا لأنها تشكل الغذاء الرئيسي للإنسان والحيوان، ويعتبر القمح من محاصيل الحبوب الأولى من حيث الأهمية الاقتصادية والمساحة المزروعة عالمياً والتي تقدر بـ 46.1 مليون فدان لعام 2017 (NASS, 2017)، حيث يمثل الغذاء الأساسي لحوالي 43 دولة والتي تشكل ثلث سكان العالم، بذور القمح تحتوي على مركبات هامة من الناحية الغذائية وتتمثل في الكربوهيدرات (1.78%)، البروتينات (7.14%)، الليبيدات (1.2%)، أملاح معدنية (1.2%) والفيتامينات بكميات معتبرة نسبياً. تنتشر زراعة القمح في مناطق عديدة من العالم لكن المناطق الأكثر إنتاجاً تتركز ضمن شمال أمريكا وحوض البحر الأبيض المتوسط حيث يوفر هذا الأخير حوالي 75% من الإنتاج العالمي (Marccaferrri et al., 2008). ووفقاً لمنظمة الأغذية والزراعة للأمم المتحدة (FAO, 2015)، يوفر ثلاثون محصولاً 90% من الاحتياجات الغذائية للإنسان، وهناك أربع محاصيل فقط وهي الأرز، القمح، الذرة والبطاطا قادرة أن توفر أكثر من 60% من هذه الاحتياجات والتي يبلغ محصولها (الأرز، القمح والذرة) السنوي حوالي 5.2 مليار طن، إذ تستأثر بنحو 5.42% من إمدادات السرعات الحرارية الغذائية في العالم. وعلى الصعيد العالمي، تأتي مساهمتها في إمدادنا بالبروتينات - حوالي 37% - في المرتبة الثانية بعد المنتجات السمكية والحيوانية. ويوفر كل من الذرة والأرز وحتى القمح 6% من الدهون في نظامنا الغذائية (FAO, 2016).

تعد الجزائر واحدة من الدول المنتجة لمحصول القمح، وتتحصر زراعة مثل هذه المحاصيل في مساحات مخصصة تتمثل في المناطق الداخلية الجافة وشبه جافة.

حاول العلماء منذ زمن بعيد، دراسة إستجابة النبات للجفاف، الذي يعتبر اليوم من أهم العوائق التي تواجه زراعة المحاصيل في العالم وخاصة إفريقيا والوطن العربي، لكن يمكن رفع إنتاج الحبوب في المناطق شبه جافة وذلك بإجراء إنتخاب على أساس الصفات الفينولوجية كتقليص دورة حياة النبات وحجمها، والمورفولوجية كمساحة الأوراق، والفيزيولوجية للنبات كدرجة حرارة الغطاء النباتي والمحتوى المائي النسبي للأوراق، والتي تساهم في التكيف مع ظروف الإجهادات اللاحيوية (Boudour, 2006). كما بين العديد من الباحثين أن الاختلاف في الإنتاجية للحبوب بين مختلف الأصناف يعود إلى تلك الصفات (الفينو-مرفو-فيزيولوجية)، ويؤكدون على أهمية توسيع القاعدة الوراثية للعشائر الإنعزالية المنحدرة من

التهجينات بين الأصناف، ويأملون أن يحصلوا منها على أصناف متفوقة في العديد من مكونات الغلة الحبية عند محاصيل الحبوب .

فتحقيق زيادة في إنتاجية الأصناف تعتبر من أكبر التحديات أمام المنزعين وتتطلب وقفة جدية وداعية للتفكير بمصادر الغذاء، ومن هنا يأتي الدور الهام والأساسي لاختبار واستنباط الأصناف الجديدة الملائمة للظروف البيئية السائدة، بدءا من تحديد الطرز الأبوية التي تدخل في عملية التهجين وانتخاب أفضل التراكيب الوراثية في الأجيال الإنعزالية وذات الخواص والمواصفات المرغوبة التي تزيد في الإنتاج وتحسين نوعيتها.

كما يعتبر التباين الوراثي أمرا لا بد منه ليتمكن منزرع النبات من ممارسة عمله الزراعي في التحسين الوراثي لأي محصول، وبالتالي لا بد من إيجاد تباينات وراثية جديدة باستمرار لمتابعة عملية التحسين، وتعد عمليات الإدخال Introduction والانتخاب Séléction والتهجين Hybridation، الطرق الأساسية لإحداث هذه التباينات في المحاصيل ذاتية التلقيح، كما تؤدي الطفرات دورا مهما أيضا (Chahal et Gosal, 2002)، وعلى مستوى علم البيولوجيا الجزيئية كان هنالك تقدم جوهري في استخدام الطرق الجزيئية في مجال زراعة النبات، في الوقت الذي كان فيه التوصيف المورفولوجي هو الطريقة الوحيدة المستخدمة منذ اعتماده من قبل العالم النمساوي جورج ماندل. لذا تمثل عملية تحديد هوية الأصناف والفصل بينها القاعدة الأساسية في مجال تداول البذور وحماية حقوق المنزعين، بالإضافة إلى أهميتها في مجال الصناعة. كما أن استخدام المؤشرات المظهرية لمثل هذه الأهداف قد أظهر محدودية في عملية التمييز والفصل فيما بينها، وكذلك في دراسة مستوى التشابه الوراثي بين الأصناف.

ولأهمية هذا المحصول تتواصل الجهود لتطويره وتحسين نوعيته وإنتاجيته وهذا لا يتم إلا باستخدام مادة وراثية ذات تنوع وراثي ملائم للبيئة ويساعد تقييم هذه الأصناف عن طريق تحديد مواصفات فينولوجية ومورفولوجية وإنتاجية ودراستها جزيئيا بأحد طرق التقنيات الحيوية لربط الصفات التي يتم الحصول عليها بالدراسة التقليدية مع الدراسة الجزيئية للتمييز والاستفادة منها في برنامج التحسين.

وبعد فهم ودراسة التركيب الوراثي للقمح اللبنة الأساسية لنجاح برامج تربية النبات التي ازداد اعتمادها على طرق جديدة أسرع وأكثر فعالية لتطوير وإنتاج أصناف محسنة ولزيادة الغلة، كاستخدام المحديدات الوراثية في دراسة التنوع الوراثي، تعريف الأصناف، تحديد القرابة الوراثية فيما بينها، رسم الخرائط الوراثية وفي برامج زراعة النبات.

- وهدفنا من هذه الدراسة هو تقييم أداء صنفين من القمح الصلب (*Triticum durum* Desf.) المنزرع في الجزائر تحت ظروف الزراعة الحقلية استنادا على بعض الصفات المرفوفيزيولوجية، المردود، البيوكيميائية والجزئية خلال ثلاثة مواسم زراعية 2014/2013، 2015/2014 و2017/2016 والتي تتمثل في:
- اجراء دراسة مقارنة داخل أفراد نفس الصنف وبين أفراد الصنفين خلال المواسم الثلاثة من أجل تحديد التنوع بين الأفراد مع استنباط الأفراد الأكثر مقاومة والأعلى انتاج.
 - خضع الأباء إلى التهجينات للحصول على أفراد الجيل الأول.
 - استخدام البروتينات الكلية كمحددات بيوكيميائية لدراسة الإختلافات الوراثية بين الأفراد المدروسة والهجن المتحصل عليها.
 - التحليل الجزيئي لتحديد درجة القرابة بين الأفراد المدروسة والهجن المتحصل عليها.

استعراض

المراجع

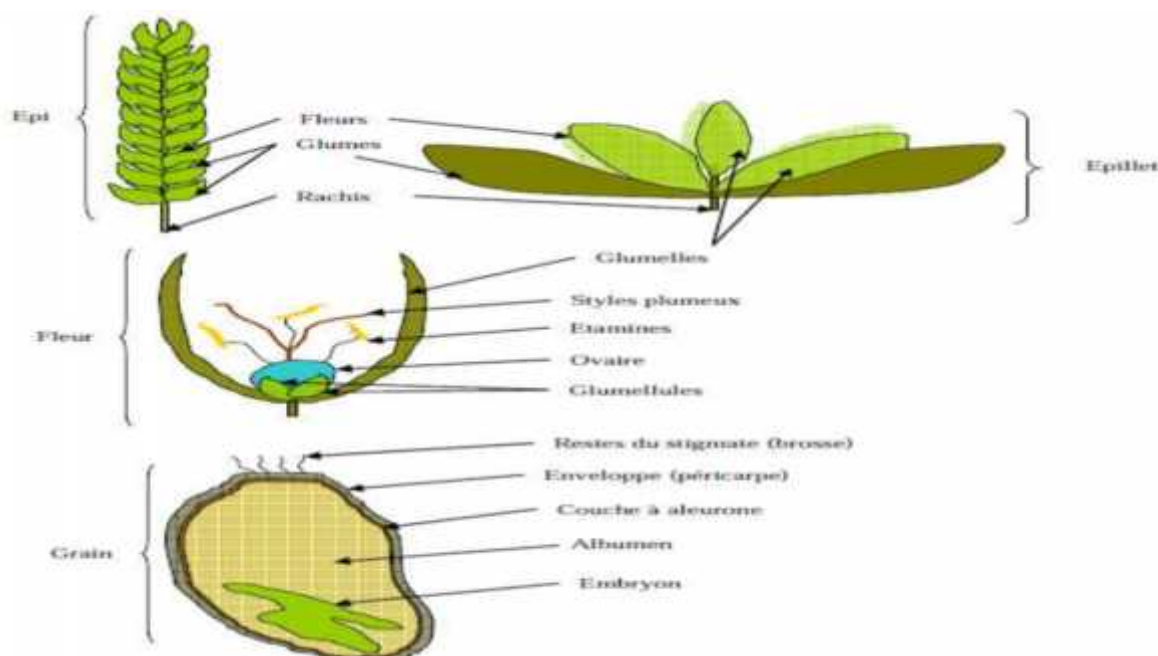
1- إستعراض المراجع

1-1 الناحية النباتية

القمح نبات نجيلي حولي، يستعمله الإنسان في غذائه اليومي وهو الغذاء الرئيسي في جميع أنحاء العالم (FAO, 2012)، تتوقف دورة حياته على النوع، موعد الزرع، الظروف المناخية، التربة، نوعيتها وخصوبتها (Fellahi, 2013 ; Jonard,1970) .

يعتبر إنتاج القمح من أغني النباتات ذات الفلقة الواحدة (Monocotylédone) وهي أعشاب معمرة سنوية، تضم 800 جنس وأكثر من 6700 نوع. إذ يوجد العديد من الأنواع الأخرى لكن تزرع بكميات قليلة جدا (حامد، 1979).

القمح نبتة ذاتية التلقيح، تساعد على حفظ نقاوة الأصناف من جيل إلى آخر حيث تمنع حدوث التلقيح الخلطي. يصل طول نبات القمح إلى 1.5 متر وتزن حبة قمح واحدة ما بين 45 إلى 60 ملغ وتأخذ شكلا متطاولا وهي ثمرة التصق بها الغلاف الثمري مما يجعلها لا تنفتح عند نضجها (Soltner,1980)، تعتبر نورة القمح سنبله مركبة من عدة سنبيلات تحتوي كل منها من 2 إلى 5 أزهار أو أكثر، ثنائية الصف سفوية أو عديمة السفاة (الخطيب، 1991)(الشكل 1).



(1): تركيب نبات القمح (Bogard, 2011).

1-2 الأصل الجغرافي للقمح

حسب (Harlan, 1966) يتمركز الأصل الجغرافي للقمح ضمن المناطق الغربية لإيران، شرق العراق، جنوب وشرق تركيا. ويعتبر القمح أحد الأنواع النباتية الأولى التي زرعت وحصدت من قبل الإنسان منذ حوالي 7000 - 10000 سنة ضمن منطقة الهلال الخصيب، هذه المنطقة تغطي كل من فلسطين، سوريا، العراق وجزء كبير من إيران (Croston et William, 1981). وجدت العديد من بقايا القمح، ثنائي الصيغة (Diploid) ورباعي الصيغة الصبغية (Tetraploid) محفوظة ضمن بقايا آثار يرجع عمرها إلى 7 آلاف سنة قبل الميلاد ضمن مناطق الشرق الأدنى (Harlan, 1975).

تم تقسيم الموقع الأصلي لمجموعات القمح حسب (Vavilov, 1934) إلى ثلاث مناطق:

] منطقة سوريا وشمال فلسطين: تمثل المركز الأصلي لمجموعة الأقماح الثنائية.

] المنطقة الأثيوبية: تعتبر المركز الأصلي لمجموعة الأقماح الرباعية.

] المنطقة الأفغانية-الهند: حيث تعد المركز الأصلي لمجموعة الأقماح السداسية.

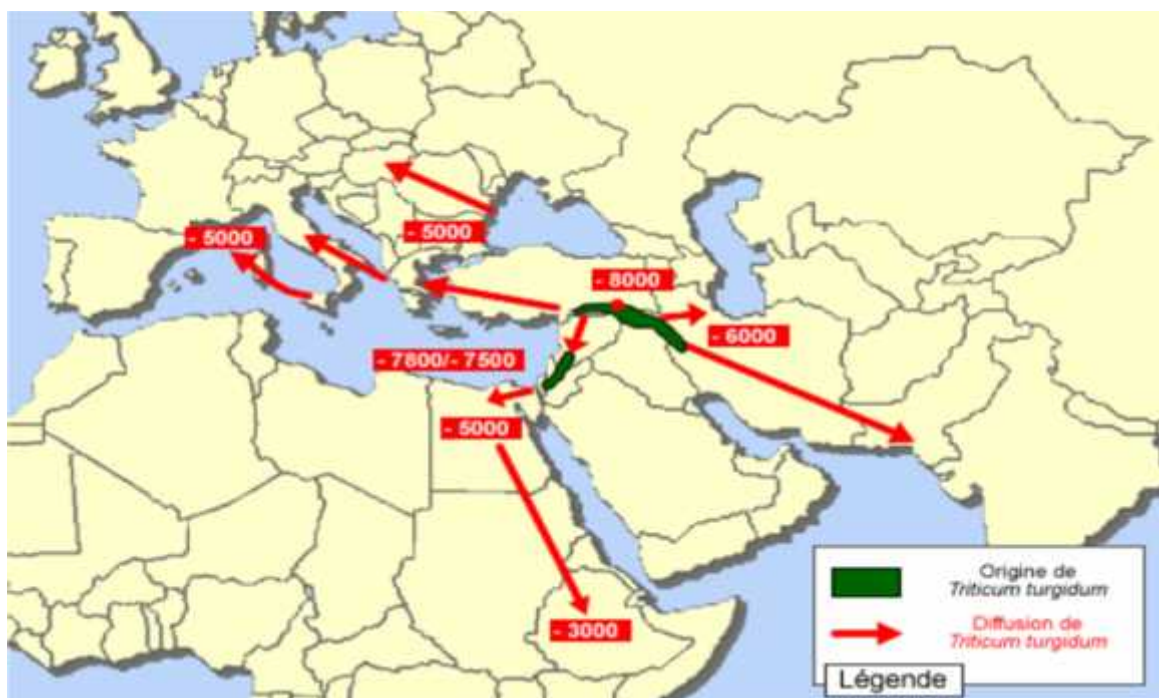
تشير الدلائل التاريخية الحديثة إلى أن منشأ الأقماح البرية (Einkom) (*T.monococcum*) والأقماح (*T. dicoccum*) Emmer كان ضمن مواقع أبي هريرة على ضفاف نهر الفرات بدليل وجودها ضمن هذا المواقع حتى الآن. وتفيد الآثار بأن عملية استئناس القمح قد تمت في ثلاث مواقع متقاربة بمنطقة الهلال الخصيب حسب ما ذكر (Hillman et al., 2001) كما يلي:

] الموقع الأول تمركز ضمن موقع أبي هريرة في سوريا.

] الموقع الثاني تمركز في منطقة أريحا بالضفة الغربية في فلسطين.

] الموقع الثالث في منطقة cayonu بتركيا.

ويعتقد أن القمح الصلب جاء من نواحي تركيا، سوريا، العراق وإيران حسب ما ذكر (Feldman, 2001)



الشكل (2): منشأ وانتشار القمح (Zohary and Hopf, 2000).

1-3-1 تصنيف نبات القمح

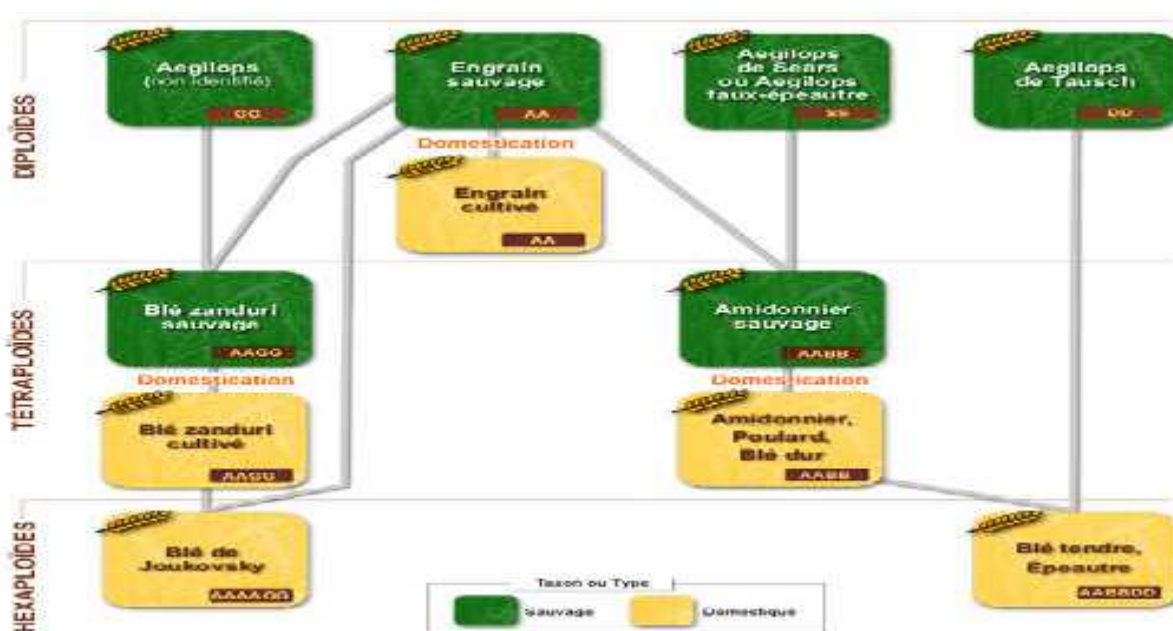
1-3-1-1 الأصل الوراثي للقمح

يعد البحث عن طرق لزيادة التنوع البيولوجي والمحافظة عليه هو النقطة الرئيسية في علم الأحياء من القرن الحادي والعشرين، في حين أن الحفاظ على التنوع البيولوجي لأنواع القمح المزروعة هو مهمة استراتيجية للأمن الغذائي (Concharov, 2011; Hammer et al., 2011).

أشار Lupton عام 1987 إلى الأنواع البرية للقمح أنها قد نشأت عن التهجين الطبيعي أو الطفرات أو الاصطفاء. ويعتبر القمح من أكثر النباتات تنوعاً وتعقيداً من حيث التركيب الوراثي لكنها تتبع كلها الجنس تريتيكم *Triticum* والذي يضم عدة أنواع منها المهجنة ومنها البرية. ينتج القمح الصلب (AABB) (*Triticum durum* Desf., $2n=4x=28$, genome) من تهجين بين أجناس برية ذات الصيغة الصبغية (BB) وتعرف باسم *Aegilops speltoides* و *Triticum monococcum* ذات الصيغة الصبغية (AA) (الشكل 3) (Feillet, 2000). ويعتبر جنس *Triticum durum* Desf. الأكثر انتشاراً مقارنة بالأجناس رباعية الصيغة الصبغية الأخرى (Croston and Williams, 1981).

يتكون العدد الصبغي الأساسي للقمح من 7 صبغيات (Feldman et al., 1995) حيث تنتج عنه ثلاث مجموعات (Concharvo, 2011; Hammer et al., 2011; Feldman, 2001)، (الخطيب، 2014):

- المجموعة الأولى Diploides: تحتوي نباتات المجموعة الأولى على $14=2x=2n$ صبغي، والتي تعد الأصل الذي تطورت منه المجموعة الأخرى.
- المجموعة الثانية Tétraploides: رباعيات الصبغيات $28=4x=2n$ وهي نتيجة لتجهين الأنواع البرية المزروعة (ثنائية الصبغيات).
- المجموعة الثالثة Hexaploides: سداسية الصبغيات وتتكون من أنواع ذات $42=6x=2n$ صبغي، وهي أحدث المجاميع تكوينا. نشأت هذه المجاميع الثلاثة طبيعيا دون تدخل الإنسان، وهناك مجموعة أخرى نشأت صناعيا بواسطة الإنسان هي:
- القمح الثماني Oktaploides و فيها $56=8x=2n$ (Zhukovsky, 1964).



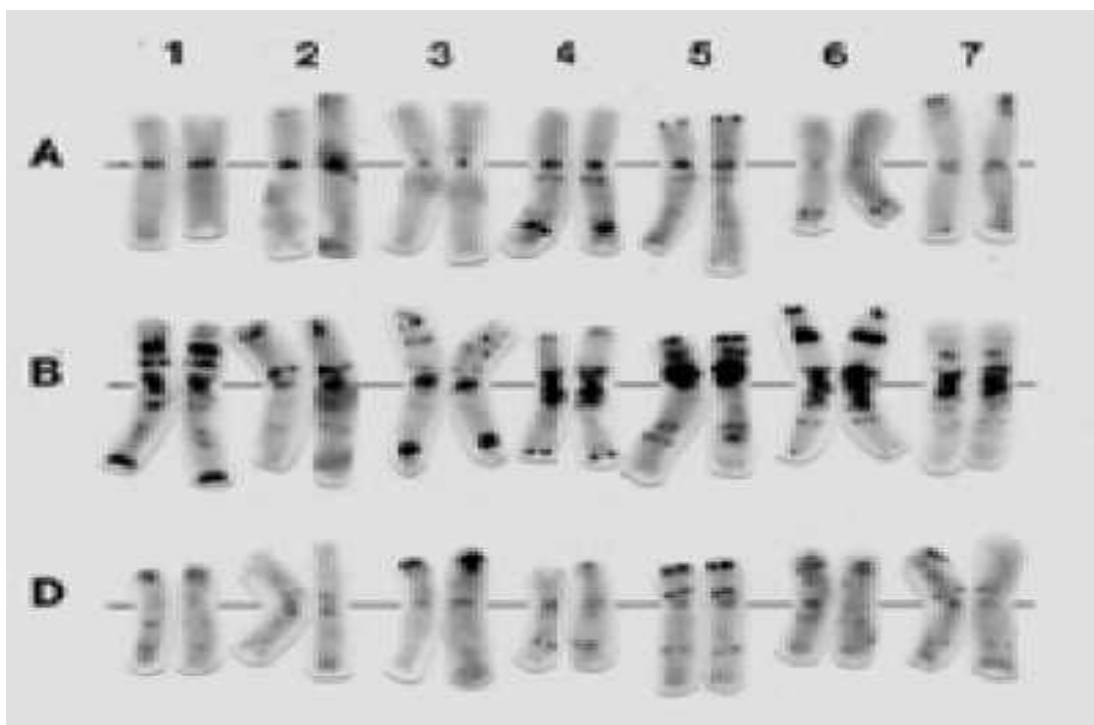
الشكل (3): تطور نسل القمح - (Source: <http://vulgariz.com/medecine-sante/genetique/domestication-du-ble-levolution-desgenes-fait-bien-les-choses/>)

1-3-2 المجموع الصبغي للقمح

يتألف 80% من المجموع الصبغي للقمح من قطع ADN متكررة (Repetitive) sequences (Smith and Flavell, 1974) ويبلغ متوسط طول صبغي القمح حوالي 810 MB أي أكبر 25 مرة من صبغي نبات الأرز. ويعود سبب ضخامة حجم المجموع الصبغي لكونه يتألف من ثلاث مجموعات صبغية وهي A, B, D (Talbert et al., 1998) (الشكل 4)، ولاحتواء 85% منه على سلاسل متكررة

(Moore et al., 1993). يتراوح عدد المورثات الموجودة في النباتات الراقية ما بين 25000-42000 مورثة (Miklos and Rubin, 1996) أما في القمح فيبلغ عدد المورثات المتحكمة بالشكل المظهري حوالي 30000 مورثة تم تحديد مواقع بضع منها ضمن الخريطة الوراثية.

إن المورثات هي الوحدات المتحكمة بالموصفات المختلفة للنبات وتكون متوضعة على قطع محدودة من كل صبغي. ويعرف (King and Stansfield, 1990) المجموع الصبغي أو الجينوم بأنه مجموع كامل المورثات المحمولة على الخلايا الجنسية المفردة (Single gamete). إن الترتيب التسلسل النيوكليوتيدي لكامل المجموع الصبغي قد تم تحديده لبعض الأنواع النباتية كالنوع *Arabidopsis thaliana* والأرز وذلك لتحديد أماكن مورثات معينة على الصبغي حيث أن معظم الباحثون يستخدمون المحديدات الوراثية للقيام بهذه الوظيفة.



الشكل (4): المجموع الصبغي للقمح (Salamé, 2012).

1-3-3 التصنيف النباتي للقمح حسب APG III (Mark et al., 2009).

Clade	Angiospermes.
Clade	Monocotylédones.
Clade	Commélinidées.
Ordre	Poales.
Famille	Poaceae.
Genre	<i>Triticum</i> .
Espèce	<i>Triticum durum</i> .

1-3-4 تصنيف الأقمح حسب مواسم الزراعة

من حيث الاحتياجات المناخية يقسم القمح إلى قمح شتوي وقمح ربيعي، أما القمح الشتوي فيزرع في الشتاء ويحصد في أواخر الربيع أو بداية الصيف. والقمح الربيعي يزرع في الربيع ويحصد في أواخر الصيف، فهو يحتاج إلى درجات حرارة متوسطة البرودة حتى ينبت ويسبل (الخطيب، 2014). وحسب Soltner, (2005) تم تصنيف الأقمح حسب موسم الزراعة إلى ثلاث مجموعات:

القمح الشتوية les blés d'hiver

تتروح دورة نموها بين 9 إلى 11 شهر وتتم زراعتها في فصل الخريف، وتميز المناطق المتوسطة والمعتدلة. تتعرض هذه الأقمح إلى فترة إرتباع تحت درجة حرارة منخفضة من 1 إلى 5°م تسمح لها بالمرور من المرحلة الخضرية إلى المرحلة التكاثرية.

القمح الربيعية les blés de printemps

لاستطيع العيش في درجة حرارة منخفضة، تتراوح دورة نموها 3 إلى 6 أشهر، وتتعلق مرحلة الإسبال في هذه الأقمح بطول فترة النهار.

القمح الإختيارية les blés alternatifs

هي الأقمح وسطية بين الأقمح الشتوية و الربيعية و تتميز بأنها أنواع مقاومة للبرودة.

1-4 دورة حياة نبات القمح

تمر محاصيل الحبوب منذ بداية إنتاش حبوبها وحتى تكوين حبوب جديدة على النبات بمراحل نمو أساسية (تتخللها أطوار عدة) وتحدث خلال مراحل النمو تغيرات شكلية في النبات، وظهور أعضاء نباتية جديدة، ويرتبط ظهور المراحل والأطوار بشكلٍ رئيسي بالسنف ودرجة الحرارة وطول الفترة الضوئية، ويعد التعرف على الفترات الحرجة من عمر النبات خلال دورة حياته مهماً جداً لكل من المزارعين والمشتغلين بالبحوث الزراعية ولاسيما تلك العوامل التي تؤثر في الغلة ومكوناتها (عبد الحميد وآخرون، 2004).

يمكن تقسيم دورة حياة النبات النجيلي حسب (Zadock's et al., 1974) إلى عدة مراحل هي: الإنبات نمو البادرات، الإشطاء، تطاول الساق، الحبل، طرد السنابل، الإزهار والنضج.

وبين (Kayyal, 1974) أن مرحلة النضج يمكن أن تتضمن الأطوار الآتية:

أ) طور تكوين الحبة

يتكون الجنين بعد التلقيح، وتأخذ الحبة أبعادها النهائية المعروفة وتزداد نسبة المادة الجافة في الحبوب بشكلٍ واضح خلال هذا الطور، كما يزداد محتواها من الماء حتى يصل من 60 إلى 65 % من وزن الحبة، في حين تنخفض النسبة المئوية للماء مع تقدم هذا الطور، وينتهي طور تكوين الحبة مع بدء ثبات وزن الماء داخل الحبوب، وتختلف مدة هذا الطور بحسب الأصناف.

ب) طور التخزين

يبدأ هذا الطور من بدء ثبات وزن الماء داخل الحبوب وينتهي مع نهاية هذا الثبات أي مع بدء انخفاض وزن الماء داخل الحبوب، ويسمى بطور الخزن الغذائي، حيث تستقبل الحبوب خلاله أكثر من 50 % من وزنها الجاف، وحوالي 80 % من مادتها الأزوتية. ويزداد الوزن الجاف للحبوب خلال هذا الطور حتى يصل إلى أعلى مستوى له عند نهايته أي عند مرحلة النضج الكامل. ويمكن القول: إن امتلاء الحبوب هي الفترة الممتدة من الإسبال وحتى النضج الفيزيولوجي (Talbert et al., 2001). ويعتقد (Grignac, 1965) أن نمو الجنين يكتمل عند نهاية طور الخزن الغذائي، ويصبح قادراً على الإنبات إذا توافرت له الشروط المناسبة. أما وزن الماء فيبقى ثابتاً طوال هذا الطور، مما دعا بعضهم إلى تسميته بطور الثبات المائي (Triboi, 1992).

ج) طور الجفاف

تصل الحبوب في هذا الطور إلى الوزن الجاف النهائي، ويتسم فقط بتراجع محتوى الحبوب المائي، حيث تنخفض نسبة الماء من 45 % في بدايته إلى 10 % في نهايته. ويمكن بالاستناد إلى Zadock's et al., (1974) تقسيم مرحلة النضج إلى عدة أطوار وهي:

ج) النضج اللبني ونميز ضمنه أربعة أطوار وهي:

- **الطور المائي:** ويستمر من أسبوع إلى أسبوعين، ويتراوح فيه محتوى الحبوب المائي من 80% إلى 85% في بدايته و65% في نهايته.
- **طور النضج اللبني المبكر والنضج اللبني المتوسط** ويحدث في هذين الطورين تراكم الذائبات الصلبة Soluble solids في خلايا الاندوسبرم. وتسمى الأطوار الثلاثة السابقة بفترة امتلاء الحبوب.
- **طور النضج اللبني المتأخر:** تنخفض خلاله محتويات الحبة من الماء من 65% في بداية الطور المبكر إلى 38% في نهايته.

ج) النضج العجيني: ونميز فيه ثلاثة أطوار أيضاً:

- **النضج العجيني المبكر:** يتسم بانخفاض المحتوى المائي قليلاً عن النضج اللبني المتأخر حيث يصل المحتوى المائي إلى 35%، ويستمر هذا الطور مدة أسبوع واحد تقريباً.
- **النضج العجيني الطري:** حيث تنخفض المحتويات المائية في الحبوب (30 إلى 35%) ويستمر حوالي عشر أيام.
- **النضج العجيني الصلب:** حيث تنخفض المحتويات المائية في الحبوب لتصل إلى 35% وحتى 25% من وزنها.

ج) **النضج التام:** تصل نسبة الماء في الحبوب في نهايته إلى 12% وحتى 15%، ويتوقف انتقال المواد الغذائية من المصدر (الساق والأوراق) إلى الحبة وتصبح الحبوب أكثر قساوةً. ويتراوح طول الفترة من الإزهار وحتى النضج الفيزيولوجي التام من 30 إلى 40 يوماً بالنسبة للأقماع الربيعية في المناطق الجافة (Baldy, 1973).

1-5 العوامل المؤثرة على دورة حياة القمح (الاحتياجات البيئية لنمو نبات القمح)

بين (Elzbieta et al., 2016) أن الطقس له تأثير كبير على مكونات المردود خاصة درجة الحرارة وكمية وتوزع الأمطار بإضافة إلى المغذيات الموجودة في التربة.

1-5-1 الحرارة

تعتبر درجة الحرارة العامل الرئيسي المحدد للنمو بسبب الدور الأساسي الذي تلعبه في حياة النبات فهي إما تشجع أو تأخر النمو.

تؤثر درجة الحرارة العالية على ظهور الورقة، كما تقلص مدة استطالتها وتزيد في عدد أوراقها (Bos et al., 2000; Prasad et al., 2000) وقد تؤدي إلى شيخوختها (Dias and Lidon, 2009 ; Priyanka and Gurmeet, 2016).

وجد (Din et al., 2010) أثناء دراسته لتأثير الحرارة على بعض خصائص القمح مثل مدة ملأ الحبوب، وزن وعدد الحبات أن درجة الحرارة المرتفعة تخفض من ملأ ووزن الحبوب في حين لا تأثر على عدد الحبات.

1-5-2 الرطوبة

تلعب رطوبة التربة دورا حيويا خلال دورة حياة المحصول، حيث تتناسب طردا مع هطول الأمطار وكمية المياه المروية وعكسا مع التبخر ونتج النبات، فالتباين في رطوبة التربة أثناء دورة حياة المحاصيل لها تأثيرا فعالا على نمو النبات. وتختلف متطلبات رطوبة الماء أو التربة في محصول القمح خلال المراحل المختلفة لنموه، حيث تزيد حاجة القمح للماء في مرحلة الخضرية تليها مرحلة الإزهار ومن ثم مرحلة تشكل الحبوب (Imran et al., 2013).

1-5-3 الإضاءة

يعتبر القمح من نباتات النهار الطويل حيث إذا لم يتجاوز طول النهار عشر ساعات فالقمح لا يزهر علما أن أفضل فترة إضاءة لعملية الإزهار ما بين (12-14سا) وذلك حسب (Soltner, 2007). وحسب (Gate, 1995) فإن محاصيل الحبوب بشكل عام تعتبر من نباتات C3 وهي أقل إحتياجا للضوء مقارنة مع النباتات C4 مثل الذرى، لكن يبقى الضوء عاملا محددًا في بعض الظروف مثل كثافة البذر،

فورقة القمح في أقصى نموها تحتاج لتمثيل غاز CO2 بمعدل جيد إلى مستويات إشعاع ضوئي بين 7.0 - 8.0 كالوري/سم/دقيقة.

1-6 معايير الانتخاب والتحسين المورفوفيزيولوجية والبيوكيميائية

تعتبر الصفات المورفوفيزيولوجية أساس البحوث الحالية بالإضافة إلى الصفات البيوكيميائية والتي بدورها أخذت حيزا هاما في برامج التحسين، حيث تنصح الكثير من الدراسات بالاهتمام بها أكثر مستقبلا.

1-6-1 المعايير المرفولوجية

حاول العلماء منذ زمن بعيد دراسة استجابة النباتات للجفاف والإجهادات اللاحيوية، وفهم أنواع الاستجابات المختلفة للنباتات تحت ظروف الجفاف، وكانت الاستجابات المورفولوجية والتشريحية هي أولى الظواهر التي درست (عولمي، 2015).

كما يمكن استعمالها لدراسة الاختلاف بين أنواع الأقماح الرباعية فحسب دراسة (Boudour, 2006) للصفات المرفولوجية عند 19 صنف من القمح الصلب المزروع في الجزائر. *Triticum Durum* Desf. تبين وجود اختلاف في ارتفاع الساق، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة والمساحة الورقية. في حين أظهرت (Belattar et al., 2016) أن الدراسة المرفولوجية للمعايير: طول النبات، طول السنبل، طول عنق السنبل وطول السفاة تعطي ارتباطا معنويا بينها وكذلك الأصناف التي أخذت أكبر قيمة لهذه المقاييس تكون جد مهمة.

1-1-6-1 طول النبات

يعتبر طول النبات معيار اساسي لانتخاب انواع الأقماح خاصة في المناطق الجافة (Benmahammed, 2005; Labdelli, 2011) فحسب (Allam et al., 2015) فإن أصناف الحبوب الأكبر طولاً هي الأكثر مقاومة للجفاف، وهي تتوافق مع النتائج المتوصل إليها من طرف (Meziani et al., 1992).

أظهرت نتائج (Mohtasham et al., 2012) وجود علاقة ايجابية بين طول النبات ومحصول الحبوب في مواقع عالية الإجهاد، ويفسر حقيقة ذلك أن ارتفاع النبات غالبا يكون مصحوبا بنظام جذري عميق يعطي النبات قدرة متفوقة على استخراج المياه (Salmi, 2015).

أكدت نتائج Alam et al., (2003) وجود زيادة معنوية في ارتفاع نباتات القمح عند زيادة عدد الريات، وأن صفة ارتفاع النبات تتناسب طردياً مع زيادة عدد الريات، إذ وجد إن ارتفاع نباتات القمح كان (73.70، 96.90 و102.16) سم في الوقت الذي كانت فيه أعداد الريات (2، 3 و4) رية (Sial et al., 2009). وجد الباحثان (Abo-Ghalia et khalafallah, 2008) إن معاملة الإجهاد المائي قصرت من ارتفاع نبات القمح، وحدث القصر في ارتفاع نبات القمح عند تعرضه للإجهاد المائي المبكر (Moayed et al., 2010). ووجد (AL-Tabbal et al., 2006) انخفاضاً في ارتفاع النبات عند تعرض نباتات القمح للإجهاد المائي، إذ كان متوسط ارتفاع النبات تحت الإجهاد المائي هو 63.5 سم قياساً إلى معاملات المقارنة المروية 98.6 سم. وأكد (Khayatnizhad et al., 2010) إن تعريض نباتات القمح إلى إجهاد مائي في مرحلة التزهير (بعد 60، 70 و80 يوماً من الزرع) أدى إلى انخفاض معنوي في صفة ارتفاع النبات بمقدار 33 % بالنسبة لمعاملة المقارنة. لاحظ الباحثان (Ghamarnia et Gowing, 2005) انخفاضاً معنوياً في ارتفاع نبات القمح مع زيادة الإجهاد المائي الذي يتعرض له في مراحل النمو المختلفة. وأكدت عدة دراسات أن ارتفاع نباتات القمح قد انخفض معنوياً عند التعرض للإجهاد الرطوبي في مراحل النمو المختلفة (Hossain et al., 2008). كما أشار (Youssef et al., 2012) إلى عدم وجود فروقات معنوية في ارتفاع النبات بعد قطع الري في مرحلتي التسنبل والطور العجيني مقارنةً مع الري الكامل.

1-6-1-2 طول السفاة

يمكن أن يزيد طول السفاة في القمح من إمكانية استخدام المياه وتطوير المادة الجافة خلال مرحلة النضج، ووفقاً لما ذكره كل من (Blottière, 2003) et (Nemmar, 1980) أن طول السفاة يساهم أيضاً في الحد من فقدان الماء، كما يبدو أن هذا المعيار المرفولوجي يرتبط ارتباطاً وثيقاً بالعجز المائي على الأقل بالنسبة للقمح الصلب (Slama, 2005).

بين (Ayeneh et al., 2002) على أهمية الدور التي تؤديه السفاة كمخفف لدرجة الحرارة المحيطة بالسنبلة، نتيجة البنية التركيبية لها. كما أظهرت الدراسات أن وجود السفاة في أصناف القمح الحديثة يقلل من حاجة الحبوب لنواتج البناء الضوئي من الأوراق السفلى (عبدالرزاق وآخرون، 2015) وتتفق النتيجة مع (Xiaojuan et al., 2008) الذي أكد على أهمية دور السفاة في زيادة الإنتاجية الحبية للسلاسل ذات

السفاة مقارنة مع السلالات بدون سفاة وذكر أن هذه الأهمية تتجلى بشكل كبير جدا في مرحلة امتلاء الحبوب.

تسهم السفاة بنسبة تتراوح ما بين 40 - 80 % من كامل نواتج التركيب الضوئي في فترة امتلاء الحبوب (Balkan and Genctan, 2009)، ووجد (Yehoshua et al., 2010) أن للسفاة دور بالغ الأهمية في زيادة الغلة الحبية وخاصةً تحت ظروف الجفاف.

فحسب نتائج Al- Sheladeh et al., (1986) الذين أكدوا على أهمية طول السفاة، حيث كانت النسبة الصافية للتمثيل الضوئي للسنابل طويلة السفاة أعلى بكثير من نسبة قصيرة السفاة، كما اعتبرت إحدى الصفات التي تنبئ بإنتاج حبي جيد. حيث تعد السفاة أقرب الأجزاء النباتية إلى الحبوب، وتؤدي دورا مهما في زيادة الغلة الحبية خلال مساهمتها في زيادة وزن الحبوب لأنها من المصادر الهامة في تزويد الحبوب بنواتج عملية التركيب الضوئي لقربها من الحبوب وكذلك بقائها خضراء فعالة في عملية التركيب الضوئي لفترة زمنية أطول وبالتالي سهولة وسرعة انتقال نواتج التمثيل الضوئي التي تقوم بها السفاة إلى المصب، وتتمتع السفاة بإمكانية القيام بدور كبير في التركيب الضوئي خلال مرحلة إمتلاء الحبوب، لأنها تبقى خضراء وفعالة في عملية التمثيل الضوئي بالمقارنة مع باقي أوراق النبات (Li et al., 2002 ; Zhang and lin, 2006).

1-6-1-3 طول السنبل

بينت دراسة Boudour, (2006) تميز العشائر ذات السيقان الطويلة بسنابل طويلة في حين تميزت العشائر ذات السيقان القصيرة بسنابل قصيرة.

تعتبر صفة طول السنابل من الصفات المرفولوجية ذات تأثير المعنوي بالمرودود وذات معامل توريث مرتفع، والتي يمكن استعمالها كمقياس للإنتخاب (Natasia et al., 2014).

وحسب Desimir et al., (2013) بين من تحليل التباين المظهري إلى أن العوامل الوراثية لها تأثير أعلى (49.68 %) على التعبير عن طول السنبل في القمح من العوامل البيئية (40.41 %).

وعن Ijaz and Kashif, (2013) فإن طول السنبل له تأثير غير مباشر على المرودود من خلال عدد السنبيلات، وعدد السنبيلات الخصبة، وعدد الحبات بالسنبل، لذا لا بد لمربي النبات إعطاء أهمية كبيرة لهذه الميزة.

1-6-1-4 طول عنق السنبله

حسب (Boudour, 2006) و (Mekliche et al., 2003) يعتبر طول عنق السنبله من الصفات المورفولوجية المرتبطة بالتأقلم مع ظروف الإجهاد المائي. كما أكد كل من (Kiliç and Ya basanlar, 2010) أن طول عنق السنبله مؤشر مورفولوجي جد حساس للجفاف.

1-6-1-5 مساحة الورقة

تعتبر الورقة من المحددات الهامة للنتح، كما أنها العضو الأكثر حساسية للإجهادات المائية، إذ تقلص في مساحتها عند وجود عجز مائي (Lebon et al., 2004).

أشار (Belkharouch et al., 2009) أن مساحة الورقة مؤشر جيد لمقاومة الجفاف، حيث يكون فقدان الماء في المساحة الورقية الكبيرة مرتفعا مقارنة بالمساحة الصغيرة، كما بين أن الوزن النوعي للأوراق يزيد مع زيادة المساحة وأبعاد الورقة.

بين جابر، (2003) أن الإنتاجية القصوى لمحصول القمح والشعير تعتمد على عوامل كثيرة أهمها فعالية التمثيل الضوئي الكلي للورقة العلم لأنها المسؤولة بشكل رئيسي عن انتاجية المادة الجافة خلال نمو ونضج الحبة. كما وجدت اختلافات وراثية بالنسبة لشيخوخة الأوراق (استمرار التمثيل الضوئي) أثناء فترة امتلاء الحبوب في كل من الذرة والسرغم والقمح (Xiaojuan et al., 2008).

1-6-2 المعايير الفيزيولوجية

اقترح علماء فيزيولوجيا النبات ضرورة البحث عن الصفات الفيزيولوجية التي تساعد في زيادة الغلة الحبية للمحاصيل الزراعية تحت ظروف الجفاف. يمكن أن تكون هذه الاستراتيجيات مفيدة جدا إذ ما ترافقت مع ظروف التربية التقليدية (El Jaafari, 2000)، حيث بين (Almeselmani et al., 2012) أهمية المؤشرات الفيزيولوجية في زيادة مقدرة النبات على تحمل الإجهاد المائي، وأكد المسلماني وآخرون، (2012) على أهمية استخدام كل من المعايير الفيزيولوجية في برنامج تربية القمح الهادفة لرفع الإنتاج تحت ظروف الإجهاد المائي، وأكدوا أن استخدام هذه المعايير في برنامج التربية قد يسرع في التحسين الوراثي والمحافظة على ثباتية الإنتاج والحصول على أصناف جديدة تتميز بقدرة أكثر على تحمل الإجهاد المائي.

1-2-6-1 المحتوى النسبي للماء

المحتوى النسبي للماء هو مؤشر جيد للحالة المائية لنبات، والذي يستخدم أساسا لتقييم الإجهاد المائي والملحي. ويعد نقص الماء عاملا رئيسيا لنمو النبات، ولا سيما المناطق الجافة والشبه الجافة (Albouchi et al., 2000).

حسب (Safia et al., 2016) لدراسة المحتوى النسبي للماء لخمسة أصناف من القمح وجد أن (TRE%) يتناقص مع تراجع محتوى التربة من الماء، حيث لاحظ (Boutraa et al., 2010 ; Thameur et al., 2012) أن هذا التناقص يكون سريعا عند الأنواع الحساسة أكثر من الأنواع المقاومة. على العكس بالنسبة لسوجا تحتفظ بمحتوى نسبي عالي خلال الإجهاد المائي. من جهة أخرى بين (Thameur et al., 2012) أن أصناف القمح التي لها محتوى مائي معتبر تكون أكثر تسامحا.

أكدت النتائج المتحصل عليها من طرف (Sassi et al., 2012) أن المحتوى النسبي للماء مؤشر جيد لتحمل الجفاف يمكن استعماله في برنامج انتخاب القمح في الظروف الجافة. إذ وجد أن الإجهاد المائي الناتج عن النقص المائي يسبب هبوط المحتوى النسبي للماء عند كل الأنواع المختبرة، كما أن الأنواع الوراثية التي تحتفظ بمحتوى نسبي عالي من الماء تكون أكثر مقاومة وإنتاجية (Bayoumi et al., 2008).

1-6-3 المردود ومكوناته

مردود الحبوب هو محصلة عوامل متعددة، منها صفات مرتبطة بالمحصول نفسه وعوامل وراثية تحكم الصفة إضافة إلى عوامل بيئية مؤثرة في نمو النبات (حمادة، 2010).

كما تعتبر الغلة الحبية للقمح هي ناتج تفاعل عدد كبير من مكوناتها (Mohtasham et al., 2014)، لذا من المهم دراسة الارتباطات بين الغلة ومكوناتها وكذلك دراسة التأثير المباشر وغير المباشر لمكونات الغلة (Gezahegn et al., 2015)، ففي العديد من الدراسات ذكر أن عدد الحبوب في السنبله له تأثير إيجابي على المردود وكذلك وزن الألف حبة (Dogan, 2000 ; Din et al., 2010)،

(Vahid and Shahryari, 2011)، كما قام (Sunil et al., 2014) بدراسة الارتباط بين الغلة ومكوناتها لثلاث أصناف من القمح في الهند ووجد أن الغلة الحبية ارتبطت إيجابا مع عدد الإسطوانات في النبات. ووجد (Asim et al., 2014) أن وزن الحبوب في السنبله يرتبط معنويا وبالعلاقة ايجابية مع وزن الألف حبة

كما ارتبط وزن الألف حبة بعلاقة موجبة مع الغلة الحبية، بينت نتائج (Suleiman et al., 2014) أن الغلة الحبية لنبات ارتبطت بعلاقة موجبة معنووية مع كل من وزن الألف حبة وعدد الحبوب بالسنبلة كما ارتبط عدد الحبوب في السنبلة معنوويا مع وزن الألف حبة، وتوصل نبيل وآخرون، (2016) أن مكونات الغلة المتمثلة في وزن الحبوب بالسنبلة ووزن الألف حبة من أكثر الصفات تأثيرا على الغلة الحبية للقمح إيجابا.

ويشير العديد من الباحثين إلى أن تأثير مكونات المردود على كمية المحصول لا يمكن تحديدها بدقة وذلك بسبب اختلاف نوعية الأصناف ومكان الزرع (Rudnicki, 2000)، (Klimont, 2007)، (Sokoto et al., 2012).

1-3-6-1 عدد الحبات بالسنبلة

تعد من الصفات المهمة المرتبطة بحاصل الحبوب، وهي صفة متأثرة بالطبيعة الوراثية للنبات فضلا عن عامل البيئة المؤثر في زيادة عدد حبوب السنبلة، فالزيادة في عدد الحبوب بالسنبلة يعتمد على انخفاض السيادة القمية في النبات وكذلك انخفاضها في زهيرات السنبلة، وتعتمد أيضا على إتمام عملية التلقيح. لذا فهي صفة وراثية وإن عامل الوراثة الذي يحكم الصفة قد يتغير بتأثير المطفرات أو عامل الإشعاع. ولذلك اختلفت التراكيب الوراثية (حمادة، 2010).

أشار (Erchidi et al., 2000) و (Belkharchouche et al., 2009) أن مردود القمح جد مرتبط بخصوبة السنبلة، حيث تعتبر هذه الصفة من الصفات المهمة التي تشارك في المردود، وذلك عن طريق عدد الحبوب في السنبلة الذي يساهم بصفة مباشرة في مردود الحبوب، كما يمكن استخدامه كدليل انتخاب للغلة الحبية في برنامج التربية، حيث أظهرت نتائج كل من (Yao et al., 2014)، (Zafarnaderi et al., 2013) أن عدد الحبوب بالسنبلة ارتبط ارتباطا إيجابا مع الغلة الحبية للنبات.

فسر العودة وآخرون، (2008) أن تراجع عدد الحبوب المتشكلة في السنبلة الواحدة سببه زيادة نسبة الحبوب الصغيرة الطرفية المتشكلة في السنبلة الرئيسية والسنابل الثانوية، لأنه من المعروف أن تشكل الزهيرات في سنبلة القمح يبدأ من المركز ويتجه نحو الأعلى والأسفل، وبالتالي فإن الفترة الزمنية اللازمة لنمو الحبوب الطرفية ستكون قصيرة جدا، ما يقلل من الحبوب المتشكلة.

كما أكد محمد وآخرون، (2011) أن عدد الحبوب في السنبله ذو أهمية في زيادة الغلة الحبية للقمح القاسي. في حين وجد Camberato et al., (1995) انخفاض عدد الحبوب في السنبله يكون نتيجة لانخفاض الحاصل في معدل التمثيل الضوئي وخاصة لدى تعرض النبات للجفاف خلال فترة الإزهار.

وجد مصطفى، (2010) أن انخفاض عدد الحبوب بالسنبله بسبب قلة الماء يؤدي إلى انخفاض الغلة الحبية بشكل معنوي. وأشار أيضا Katerji et al., (2009) أن الجفاف سبب تراجع الغلة الحبية بنسبة 37 % كما قلل من جميع مكونات الغلة خصوصا عدد الحبوب بالسنبله.

1-3-6-2 عدد السنبيلات بالسنبله

يتزامن تكون أقصى عدد من السنبيلات مع بدء استطالة الساق لذلك فإن معظم المواد المصنعة تخصص باتجاه دعم واتمام مرحلة الاستطالة، وهذا يؤدي إلى اجهاض وموت للسنبيلات لعدم كفاية المواد الممثلة لإتمام عملية تكون السنبال (بشرى، 2015). ان استجابة هذه الصفة للإجهاد المائي تختلف باختلاف الصنف ودرجة الإجهاد المائي والمراحل التي يحدث فيها الإجهاد (Sial et al., 2009) وحسب Moayedi et al., (2010) فإن النقص الماء في مرحلة بدء التزهير سبب انخفاضا معنويا ملحوظا لعدد السنبيلات في السنبله.

كما بينت دراسة Abd El-Gany et al., (2012) على محصول القمح، أن معاملة الري الكامل أعطت أعلى متوسط لعدد السنبيلات في السنبله بلغ 23.17 سنبيلات في السنبله وقد اختلفت معنويا مع معاملتي قطع الري في مرحلتي التفرعات و الإزهار اذ أعطيا متوسطين بلغا 22.28 و 21.48 سنبيلات في السنبله وأظهرت نتائج Aldesuquy et al., (2012) عند دراستهم لنبات القمح وجود انخفاض في عدد السنبيلات. السنبله عند تعرضه للإجهاد المائي.

1-3-6-3 وزن الحبات بالسنبله

يتسبب الجو الجاف في تخريب الحالة الفيزيولوجية الطبيعية في الخلايا فتتغير العمليات الحيوية فيها وتؤدي إلى خلل في الثباتية المائية في الحبوب، مما يؤدي إلى صغر حجم الحبوب وتكون حبوب فارغة، فينخفض وزن الحبات بالسنبله، وتراجع الغلة الحبية، وتجدر الإشارة أيضا إلى أن تطور النبات بشكل صحيح قبل الإزهار (غياب الرقاد، والآفات المرضية، وعدم ملاحظة أي إجهاد جفافي) ينعكس بشكل إيجابي على عملية نضج الحبوب (حامد وآخرون، 2006).

فحسب (Bahlouli et al., 2005) فإن درجة الحرارة المرتفعة تؤثر على الوزن النهائي للحبة كما تؤثر أيضا على عدد الحبوب في السنبله في وحدة المساحة.

1-6-3-4 وزن ألف حبة

تعتبر هذه الصفة عن درجة امتلاء الحبوب، التي تعتمد على قوة المصب (الحبوب) كمستلم لنواتج التمثيل وعلى مدى قوة وجاهزية المصدر على توزيع نواتج التمثيل (حمادة، 2010).

يرتبط وزن ألف حبة ارتباطا ايجابيا مع معدل استخراج السميد، حيث في المناطق الساخنة لزراعة القمح الصلب مثل شمال افريقيا يكون (PMG) منخفض نتيجة قصر فترة موسم التكاثر (Grignac, 1981)، (Benbelkacem et Kellau, 2000)، كما بينت نتائج (Polat et al., 2015) أن وزن الحبوب بالسنبله يرتبط ايجابا مع الغلة الحبية للنبات في حين لاحظ (Gelalcha and Hanchinal., 2013) أن وزن الألف حبة يرتبط مع الغلة الحبية بعلاقة غير معنوية.

1-6-4 التركيب البيوكيميائي

1-4-6-1 التركيب الكيميائي لحبوب القمح

القمح هو من أكثر الحبوب المزروعة ومصدر بروتيني هام للاستهلاك البشري، تحتوي حبوب القمح ما بين 10-15 % من البروتينات، والتي تعد المعيار الرئيسي لتحديد جودة السميد على حسب محتوى ونوعية البروتين المتواجدة بها (Battais et al., 2002 ; Carson & Edwards, 2009)، وتعتبر هي المسؤولة عن تشكل عينة ذات ثباتية عالية أثناء مراحل التكوين (Lazaridou et al., 2007) كذلك تعد مقياس أساسيا لتحديد جودة الخبز (Baun et al., 2011). يتميز القمح الصلب بإرتفاع نسبة البروتين ويلتزم صناعة الخبز والبيتزا والمعكرونة والسباغيتي، كما يستخدم للحصول على بعض المنتجات (عبود وآخرون، 2017). تتألف بروتينات القمح من بروتينات الغليتين تدعى بروتينات التخزين وتشكل 80-85% من البروتينات الكلية، والتي تتألف بدورها من الغليادين والغلوتيلين، وبروتينات غير غليتين وتشكل من 15-20 % من البروتينات الكلية مثل الألبومين الغلوبولين (Veraverbek and Delcour, 2002; Shewry et al., 2002).

تعتبر بروتينات التخزين الفريدة من نوعها والموجودة في القمح المسؤولة عن خصائص المقاومة والمطاطية للعجين والتي تعود إلى طبيعتها البوليميرية ويعود اختلاف العجين إلى التباين في كمية ونوعية بروتينات القمح (Veraverbeke and Delcour, 2002).

تحتوي البروتينات من الناحية الكيميائية على الكربون والهيدروجين والأكسجين وذلك يماثل تركيب كل من الكربوهيدرات والدهون، إلا أن البروتينات تختلف عنهما في احتوائها على النتروجين الذي يكون ما يقارب (16%) من وزنها، كما تتكون من وحدات أساسية تسمى الأحماض الأمينية (محمد، 2017).

1-6-4-2 فصل البروتينات بالهجرة الكهربائية Eléctrophorèse

تعتبر البروتينات منذ عشر سنوات الأخيرة المادة المختارة داخل البحث الجيني، ودراستها تكون مستعملة داخل المخبر بموجب العديد من التقنيات.

يكون فصلها عن طريق جهاز الفصل الكهربائي أحادي وثنائي الأبعاد الكهربائية، وتعتمد طريقة فصلها على أساس أن البروتينات لديها شحنة كهربائية وتستطيع أن تتحرك تبعاً لنوع الشحنة إذا وضعت في مجال كهربائي حيث حركة الجزيء البروتيني تتناسب طردياً مع شدة التيار (من السالب إلى الموجب) وتتناسب عكسياً مع الوزن الجزيئي للبروتينات، تحدث بعدها Denaturation للبروتينات وتفقد شكلها المنتظم وشحنتها الكهربائية باستعمال محلول (Tompon) المحتوى على مادة Sodium Dodecyl Sulphat (SDS) ويكتسب المعقد المكون من البروتين ومادة SDS شحنة سالبة حيث يكون تحرك البروتين في المجال الكهربائي تبعاً لوزنه الجزيئي فقط (Branlard et Chevalet, 1984).

بينت سها، (2009) فيما يتعلق بالتوصيف البيوكيميائي لأصناف من القمح الصلب واللين باستخدام الطريقتين (A-PAGE) و (SDS-PAGE) من إظهار حزم متباينة بين الأصناف المدروسة بلغ عددها الكلي 25 حزمة. كما بلغت نسبة التنوع الوراثي 56% و 100% لكل من الأصناف الصلبة واللينية على التوالي. وأظهرت شجرة القرابة انفصال الأصناف إلى عنقودين مستقلين استناداً إلى مستوى الجينوم الرباعي (القمح الصلب) والسداسي (القمح اللين). استنتج من هذه الدراسة إمكانية استخدام البروتينات كمؤشر مفيد لوصف الأصناف ودراسات التنوع الوراثي، وتسجيل أصناف جديدة، واختبارات النسب. من ناحية أخرى فقد استخدمت الطريقتان المذكورتان لكشف الاختلافات الوراثية ضمن ثلاثة أصناف من القمح اللين وثلاثة من القمح الصلب (اختبار نقاوة) وذلك بتحليل 48 حبة من كل صنف.

تشير النتائج المتوصل اليها من طرف (Khelfi et al., 2004) أن وسط الزرع يمكنه التدخل في تغيير كمية البروتينات الموجودة داخل حبة القمح.

كما ذكر (Shewry et al., 2002) أن الظروف البيئية قد تؤثر على نسبة البروتينات الكلية أثناء امتلاء الحبات وهي تتوافق مع النتائج المتحصل عليها من طرف (Gerba et al., 2013) حيث بين أن نوعية القمح تتوقف على تكون البروتينات والتي تتأثر بالنمط الجيني والظروف البيئية المختلفة (Bogard, 2011).

7-1 التهجين

يعد التهجين أحد أهم وسائل التحسين المهمة لإيجاد التباينات الوراثية والعمل على انتخاب أهمها والمحافظة عليه عبر اختيار طريقة الانتخاب المناسبة والوقت المناسب لإجراء عملية الانتخاب إضافة إلى الشدة المرغوبة، وذلك للوصول إلى طرز وراثية جديدة تتميز بصفات زراعية ونتاجية يرغب بها الفلاح (عقل، 2015). ومن هنا برز اهتمام زارع النبات بدراسة مكونات التباين المختلفة، لأهمية ذلك في اختيار الطرز المرغوبة، من خلال اختيار طريقة الانتخاب الفعالة والوقت المناسب، أي تحديد الأجيال الإنعزالية المناسبة للبدأ بعملية الانتخاب وشدته أيضا، وذلك بهدف عزل طرز وراثية ذات غلة عالية وصفات مرغوب (Baloch et al., 2001; Bhutta et al., 1997; Singh et al., 1979).

يعد اختبار الهجن في الأجيل المبكرة في ذاتيات التلقيح أمرا في غاية الأهمية، لأن ثبات وتفوق مثل هذه الهجن يعكس الإمكانات الوراثية الحقيقية لها، ويسمح بالتحقق من أفضل الهجن مبكرا، مما يتيح الفرصة لمربي النبات بتتبع التراكيب الوراثية المرغوبة في الأجيال الإنعزالية التالية في برامج التهجين واستنباط الأصناف (Ieffel and Monson, 1961)، و إن تقييم الطرز الداخلة ضمن برنامج التربية يعتمد على تحليل هجينها ومن ثم الإستفادة من هذا التحليل للهجين في اختبار الأباء الواجب ادخالها ضمن هذه البرامج بحيث يمكن أن تحقق قوة هجين مرغوبة في الجيل الأول F1 وباقي الأجيال (Krystkouiak et al., 2009)، (Rousselle et al., 2010).

وقوة الهجين هي الزيادة الملحوظة في قوة وحجم وحاصل نباتات الجيل الأول مقارنة مع الأبوين. وتكون هذه الظاهرة مصاحبة دائما للحالة الخلطية التي تحدث نتيجة التهجين بين الأبوين ولوحظت هذه الظاهرة بوضوح عند تهجين السلالات النقية الناتجة من التربية الداخلية في الاصناف التجارية لعدد من المحاصيل (نمام وآخرون، 2014).

توصل خوري، (2006) أثناء دراسته لثلاث هجن بطريقة العشائر الستة إلى أن الهجن الثلاثة في الجيل الأول حققت مستوى أعلى في قوة الهجين للغلة الحبية ومكوناتها وكذلك في دليل الحصاد مقارنة مع الأب الأعلى، وبالتالي يمكن استغلال هذه الهجن كمادة أولية للوصول إلى أعلى طاقة كامنة من الغلة الحبية.

1-8 المحدادات الوراثية

تعرف المحدادات الوراثية بعدة تعريفات:

هي قطعة محددة من ADN ذات مكان محدد على المجموع الصبغ
(Wikipedia-the free encyclopedia/ genetic-marker).

هي عبارة عن محدد مرتبط بمورث ذات أثر مرفولوجي معروف، ويمكن تمييزه بحيث يمكن استخدامه لتحديد هوية فرد أو خلية تحمل هذه المورثة، أو يستخدم كمسبر لتعليم نواة أو صبغي أو موقع وراثي (locus) وذلك بحسب تعريف (King and Stansfield, 1990).

تنقسم المحديدات الوراثية إلى ثلاث أنواع، فهي إما موصفات ترى وتلاحظ بالعين المجردة، كالمواصفات المرفولوجية والزراعية أو أنها نواتج تعبير مورثي معين كالمحددات البيوكيميائية، أو تلك التي تعتمد على تجارب ADN وتسمى بالمحددات الجزيئية (Marqueurs moléculaires) (سها، 2009).

1-8-1 المحدادات الجزيئية (المعلومات)

تستخدم المحديدات الجزيئية بشكل واسع للبحث في القاعدة الوراثية للصفات الزراعية وفي تسريع نقل وتراكم الصفات المرغوبة في سلالات التربية. إضافة إلى الدور الهام في التوصيف الوراثي وتحسين عدد كبير من الأنواع النباتية كما أنها تساهم في توسيع إمكانية تقدير التنوع الحيوي وإنشاء شجرات تحدد درجة قرابة الطرز الوراثية والعلاقات بينها. كما تظهر أنظمة المعلومات الجزيئية الاختلافات في تسلسلات "ADN" الجينومية (لعياضي، 2009).

وتعد المعلومات الجزيئية أدوات ذات قدرة عالية للاستخدام كوسائل مساعدة في الانتخاب لتطوير أو تحسين تحمل الجفاف والإنتاجية في القمح الصلب في منطقة حوض المتوسط، وأكد أن هذه التقنيات سوف تساهم في تطوير برامج التهجين وانتخاب الطرز الوراثية (Nachit and Eloufi, 2004).

أوضح Ramsay et al., (2000) أن استخدام التقنيات الجزيئية، يمكن أن يقلل من تعقيدات إدخال عدد من الصفات المرغوب فيها في النمط الوراثي الواحد، كذلك يمكن استخدام المحديدات الجزيئية بشكل فعال في تحاليل التنوع الوراثي وتقدير التشابه الوراثي (Eleuch et al., 2008).

1-1-8-1 المحدادات القائمة على مبدأ التفاعل التسلسلي للبوليميراز (PCR)

إن اختراع تقنية التفاعل التسلسلي للبوليميراز PCR (Polymerase Chain Reaction) لتضخيم قطع صغيرة من "ADN" فسح المجال أمام جيل ثان من المعلمات أو المحديدات الذي امتاز بالسرعة في انجازه وقلة التكلفة. وأكثر التقنيات التي تعتمد على مبدأ PCR استخداما هي: التعدديات الشكلية الناجمة عن شدة مضخة AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphis)، التعدديات الشكلية المضخمة عشوائيا RAPD (Randomly Amplified Polymorphism ADN) والتكرارات البسيطة من تسلسلات "ADN" أو الميكروساتلايت SRR (Simple Sequence Repeat) (Matus et Hayes, 2002)، (Ozkan et al., 2005)، (لعياضي، 2009).

(Randomly Amplified polymorphic ADN) RAPD)

تعتبر RAPD من أوائل الطرق المستخدمة في دراسة التنوع والقربية الوراثية التي تعتمد على PCR (Polymerase chain reaction) ويستخدم فيها بادئات عشوائية لا تحتاج للمعرفة المسبقة للتسلسل النيكليوتيدي وترتبط بالمواقع المتوافقة مع قواعدها، فهي أرخص وأسهل من بقية التقنيات، مفيدة في تقسيم التنوع الوراثي في القمح لإنتخاب آباء ذات قاعدة وراثية واسعة ويمكن تطبيقها في أي مخبر ويمكن الوثوق بنتائجها (Jan et al., 2011; Skaria et al., 2011).

من دراسة Sun et al., (2003) للتنوع الوراثي بين 35 صنفا من القمح الربيعي مستخدما 160 بادئا، أعطي 17 بادىء منها حزم مختلفة، كما لاحظ أن نسبة التشابه والقربية الوراثية كانت ما بين 64% إلى 98%، وتم فصلها بواسطة التحليل العنقودي إلى مجموعتين حسب نوعها. وبالتالي يمكن الاعتماد على RAPD كتقنية لتوضيح التنوع الوراثي بين السلالات والأنواع المدروسة.

كما درس Wjhani, (2004) الاختلافات لثمانية أصناف من القمح باستخدام 26 بادىء أعطت 262 حزمة بمتوسط 10.1 حزمة/ بادىء و 132 حزمة مختلفة و 130 حزمة متماثلة.

وبين (Aydogan and Yagdi, 2012) الاختلافات لنحو 16 صنف من القمح اللين وحصل على مجموع من الحزم وصل إلى 142 حزمة كان بينها 110 متعددة الشكل و32 متشابهة بمتوسط 8.35 حزمة / بادىء وكانت أوزانها 300-2800 bp.

(Amplified Fragment Length Polymorphism) AFLP

تعتبر تقنية التعدد الشكلي لأطوال القطع المضخمة AFLP من الواسمات التي تعتمد على القطع بواسطة إنزيمات التحديد ثم التضخيم بواسطة المدور الحراري، الذي يؤمن الحصول على الكمية الكافية من الحمض النووي ADN لدراسته ومقارنته دون الحاجة لعملية الوسم بالنيوكليوتيدات المشعة التي كانت ضرورية في حالة استخدام الهضم الإنزيمي لوحده (خالد وآخرون، 2016).

وتعتمد واسمة AFLP على فكرة دمج مزايا نوعين من الواسمات الجزيئية وهما واسمة الـ RFLP والـ RAPD (Jonah et al., 2011) مما يتيح الحصول على أكبر عدد من التباينات الشكلية والذي هو ناتج بالأساس من عملية قطع الحمض النووي إلى قطع متعددة الأطوال والأشكال وذلك بواسطة إنزيمات التحديد بناء على فكرة واسمة RFLP إضافة إلى إمكانية الحصول على نفس النتائج عند تكرار نفس التجربة مما يمنح هذه الواسمة صفة الثبات وهي من المميزات المهمة في دراسة التحليل الوراثي للكائنات الحية، كما أن فكرة RAPD تقوم بعملية تضخيم هذه القطع المتباينة في وقت قصير وبكميات كبيرة عن طريق تفاعل البلمرة المتسلسل PCR مما يمنح هذه الواسمة السرعة والدقة.

تنتج هذه التقنية قطعاً من الحمض النووي ADN متضاعفة بواسطة بادئات خاصة بالهضم التحديدي digestion Restriction لجينوم الكائن المراد دراسته وبالإعتماد على اختلاف ترتيب النيوكليوتيدات تعطي هذه التقنية البصمة الوراثية لأي كائن حي ومن أي مصدر دونما حاجة مسبقة لمعرفة تتابعات حمضه النووي ADN، و قراءة البيانات بهذه الطريقة تعتمد على مبدأ وجود أو عدم وجود مواقع الجينات بدلاً من تحديد موقعها أو طولها، حيث تعتمد الطريقة على هضم الحمض النووي بإنزيمات التحديد وربط ملاتمات Adaptors على قطع ADN ثم مضاعفة تلك القطع ويمكن تضخيم أكثر من 100 قطعة Fragment لكل توليفة بادئات مستخدمة في الإختبار، وبذلك يتم الحصول على معلومات واسعة جداً بحسب تعدد البادئات المستخدمة، وتمثل كل قطعة تم تشخيصها بهذه الطريقة موقعا جينيا مميزا عن غيره، مما يمكن واسمة AFLP من إنتاج أكبر عدد من التعدد الشكلي (الساهوكي، 2006؛ حسين، 2012).

تستخدم واسمة AFLP في عدد كبير من الدراسات والأبحاث، فقد استخدمت في دراسة التنوع الوراثي Genetic diversity، وفي إنشاء خرائط الارتباط الوراثي لعدد من الأنواع النباتية والمحاصيل الزراعية (Becker et al., 1995)، وفي تحليل الصفات الوراثية الكمية في بعض المحاصيل الحقلية (Powell et al., 1997).

(Simple Sequence Repeat) SSR الميكروساتلايت

يتمتع محدد SSR بكفاءة عالية في كشف التباينات الوراثية الموجودة بين وضمن المجتمعات الحيوية وهي عبارة عن توابع دقيقة أو Microsatellite وتعرف (simple sequence length polymorphism) وهي متوافرة بكثرة ومنتشرة بشكل عشوائي على طول الجين، ويتراوح طولها من 1-6 bp في حقيقيات النوى (Nurdan et al., 2001)، (Jaing, 2013) وتعطي مستويات عالية من التعددية الشكلية لحمض الريبسي النووي منقوص الأكسجين DNA. تستخدم هذه التقنية كمحدد جزئي في دراسات البنية الوراثية والتنوع الوراثي والخصائص التحسينية لطرز الوراثية المدروسة (Fu-Rong et al., 2007)، وتتنوع التوابع الدقيقة عادة بكمية متناسبة في المجين (الجينوم) (Ziekiewicz., 1994) و (Born et al., 2002) تعتمد تقنية SSR على تضخيم المواقع (100-3000 نكليوتيد) بين التوابع الدقيقة المتقاربة والمتوضعة على نحو متعكس (Ziekiewicz., 1994)، باستخدام بادئات وحيدة طولها (16-18 نكليوتيد)، مؤلفة من نكليوتيدات متكررة، محاطة في أغلب الأحيان بـ (2-4 نكليوتيدات) إما في المنطقة 5' أو 3' (Korbin et al., 2002)، وعادة ما يضخم SSR 25-50 منتجاً في التفاعل الواحد، ويمكن أن يكون عدد الحزم المنتجة مرتبطة عكسياً مع عدد النكليوتيدات في وحدة التكرار، فهي مناسبة لدراسات علم الوراثة العرقي وتقييم التنوع الوراثي (Cavan et al., 2000)، (Raina et al., 2001)، (Korbin et al., 2002). إن بساطة معلمات SSR تزيد من إمكانية استخدامها في الوسم المجهني (Ammiraju et al., 2001)، ولكون معلمات SSR تمتاز بغزارتها فإنها تعطي عدداً كبيراً من الحزم، ومستوى التعددية الشكلية عالي إلى متوسط، وطبيعة التوريث سائد إلى متنحي، والقدرة على التضخيم عالية إلى متوسطة، والتكاليف منخفضة، كما أن جهد تنفيذها منخفض (Van et al., 2000).

في الوقت الحالي يتم تحليل الحمض النووي (ADN) عن طريق تقنية التحليل الذويان عالي الدقة (HRM) وهي من تقنيات ال SSR الجديدة نسبياً.

تتميز تقنية التحليل الذوبان عالية الدقة (Le High-Resolution Melting Analysis) لتحليل ما بعد PCR (post-PCR) بقدرة على تحديد الإختلافات الجينية ضمن التسلسل المتكرر، كما استخدمت في البداية لتكشف التعددية الشكلية النكليوتيدية (Single-nucleotide polymorphism SNP)، ويتم استخدامها بشكل متزايد لتقييم الطفرات والأنواع (Balic et al., 2009)، (Taylor et al., 2009) وتكشف عن تعديلات ADN (Castellanos et al., 2010).

تعتمد تقنية (HRM) على خصائص الأصباغ المفلورة التي ترتبط فقط بالحمض النووي المزدوج، كما تصدر هذه الأصباغ اشعاع قوي عندما تتصل بالحمض النووي، ولما يتم تسخين عينة الحمض النووي ينحل ببطء ويحرر الصبغة المفلورة مما يؤدي إلى انخفاض الفلورة، وعندما تصل درجة الحرارة إلى نقطة الإنصهار للجزء الذي يتم تحليله، يلاحظ انخفاض سريع في الفلورة (Reed et al., 2007).

لقد أتاح ظهور جزيئات Sybr® الخضراء الجديدة المسببة لتداخل، والمستقرة والمبتكرة، وكذلك أجهزة PCR المتزايدة، تطوير هذه الطريقة الجديدة لتحليل الذوبان (الإنصهار). وبالتالي فإن ذوبان عالي الدقة يجعل من الممكن التمييز بين تسلسلين على تركيبها الأساسي وطولهما ونسبة المئوية لقواعد G/C، وبذلك من الممكن فصل تسلسلين يختلفان في قاعدة واحدة، حيث يؤثر الإختلاف في قاعدة واحدة على شكل منحنى الإنصهار. لهذا يمكن استخدام خاصية منحنى الذوبان (الإنصهار) لتمييز بين مجموعات (عشائر) تختلف في قاعدة أزوتية واحدة فقط (SNPs).

فحسب دراسات (Sonia et al., 2009) أثبتت جدوى استخدام تقنية (HRM) لتقييم التغيرات الجينية، SNPs والطفرات، داخل موضع الجين TP53، أبعد من SNPs يمكن أيضا تحليل محديدات الميكروستلايت بواسطة (HRM) ويكون الفرق بين الانفصال واضح من خلال منحنيات الإنصهار.

كما تمكن (Eva et al., 2017) من الفصل بين الجنسين Ophiopogon و Liriope اللذان كان يصعب التمييز بينهما بواسطة التقنيات الأخرى ولكن من خلال تقنية (HRM) تم تحديد الإختلاف بين الجنسين في قاعدة أزوتية واحدة، مما أثر على شكل منحنى الإنصهار بينهما ب 2°م.

كما قام (Distefano et al., 2012) بمقارنة قوة التمييز بين تقنية (HRM) وطريقة التمييز الجيني القديمة (méthode classique de génotype de microsatellites) عند الحمضيات حيث أعطت تقنية (HRM) منحنيات انصهار متعددة الأشكال، بإضافة إلى ذلك تمكنت تقنية (HRM) من كشف وجود

SNPs في ADN المضاعف (amplicons) والتي لا يمكن أن تظهر من خلال الطريقة التقليدية للميكروستيلايت.

لذلك فهي تقنية فعالة يمكن أن تكون بديلا لطريقة الكهربية الشعرية التقليدية (électrophorèse capillaire)، وحتى لطرق الهلام (méthodes sur gel).

وجد وسام وآخرون.، (2013) أن عدد الحزم النهائي الناتج عن تحليل 75 طرازا وراثيا من القمح القاسي باستخدام 49 محديد من محديدات 182 Microsatellite حزمة، وبلغ عدد الحزم ذات التعددية الشكلية 180 حزمة بنسبة 98.9 % وهذا يدل على قدرة التقنية المستخدمة بتمييز الطرز والكشف عن الاختلافات فيما بينها. وقد تراوح عدد الأليلات الناتجة عن مضاعفة مواقع SSR من أليل واحد وذلك في الموقع GWM107 الموجود على الصبغي 4B عند حجم 150bp إلى 10 أليلات على الموقع GWM311 الموجود على الصبغي 2A. تراوح الطول الجزيئي للأليلات الناتجة من 85bp ضمن الموقع GWM413 على الصبغي 1B إلى 310bp في الموقع GWM369 على الصبغي 3A.

وفي دراسة أجريت من قبل Roder et al., (2002) تبين أن 19 محديد من محديدات SSR كانت كافية للفصل بين 500 صنف من القمح الأوروبي. أي أنه من الممكن تسجيل وتوصيف الأصناف باستخدام الطرق البيولوجية بسهولة وبدون كلفة عالية في الوقت الذي كانت تتم بالطرق الشكلية. كما وأن هذه الطريقة متبعة في إدارة البنوك الوراثية لتحديد المداخلات متماثلة التركيب الوراثي إضافة لتحديد العلاقات الوراثية ضمن مجاميع محددة من المداخلات والمجموعة بناء على مواصفات خاصة ضمن هذه البنوك (Huang et al., 2002).

كما وجدت سها، (2009) العدد النهائي من الحزم المتباينة الناتجة عن تحليل 49 طرز من القمح باستخدام 32 محديد من محديدات 200 microsatellite أليلا بمتوسط عدد أليلات 7.97 للموقع الواحد. تراوح عدد الأليلات الناتجة عن مضاعفة موقع SSR من أليلين (كحد أدنى) وذلك في الموقع xgwn232 الموجودة ضمن المجموعة الجينومية D إلى 18 أليلا كحد أقصى ضمن الموقع xgwm46 في المجموعة الجينومية A لم يعطي أيًا من التباينات الوراثية بل أعطي حزمة وحيدة متماثلة تميزت بطول جزيئي 246 bp وظهرت ضمن كل الطرز المدروسة.

تم التوصل إلى أن أغلب الدراسات لتقييم وتوصيف التنوع الوراثي في القمح باستخدام محددات عديدة أعطت مستوى منخفض من التباينات الوراثية. أما محدد SSR فقد تم التأكيد على أنه من الطرق الفعالة في تقييم التنوع الوراثي (Khlestkina et al., 2004)، (Chenyang et al., 2006)، (Yifru et al., 2006)، (Landjeva et al., 2006)، (Roussel et al., 2010). كما استخدمت هذه التقنية في التنبؤ عن الاختلافات في الأنسال وتحديد المجموعات المتغيرة خلال برنامج التهجين (Bohn et al., 1999).

طرق ووسائل

العمل

2- طرق ووسائل العمل

2-1 المادة النباتية

تتمثل العينة النباتية المستعملة لهذه الدراسة في مجموعة متكونة من 20 نمط وراثي للصنفين *circumflexum* و *melanopus* اللذان ينتميان إلى القمح الصلب المزروع بالجزائر (Boudour, 2006) (*Triticum durum* Desf.).

الجدول (1): المميزات الخاصة بالصنفين *circumflexum* و *melanopus* (Boudour, 2006).

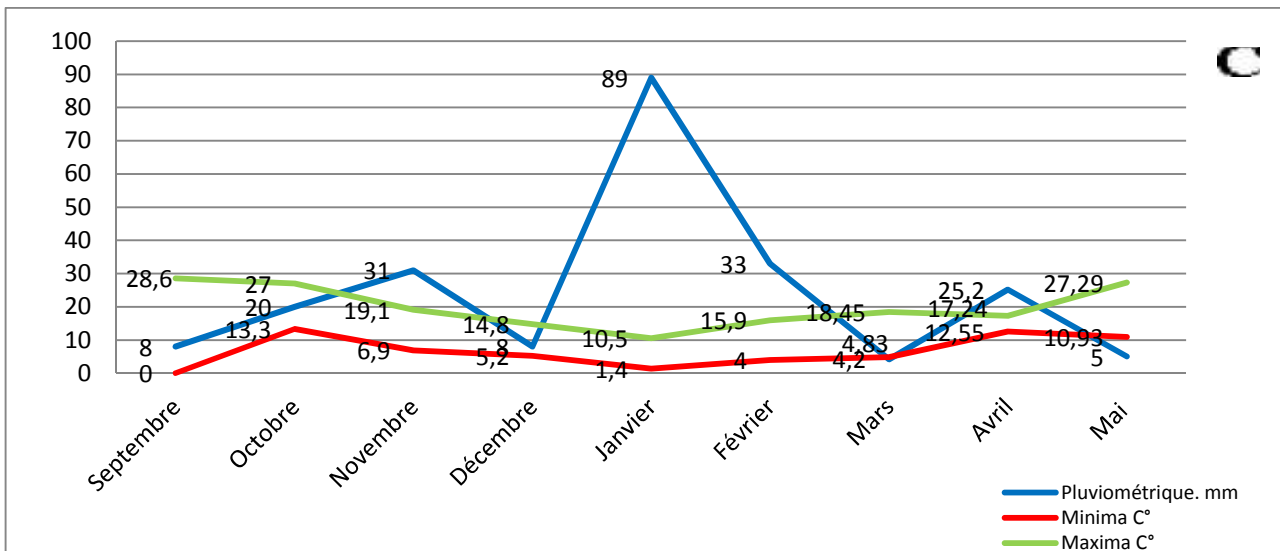
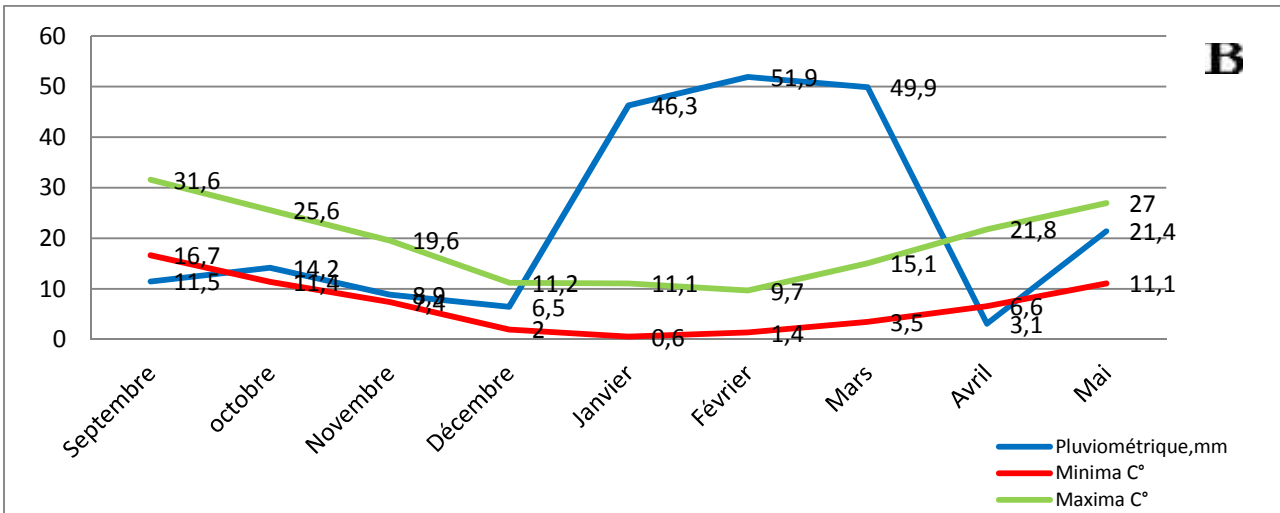
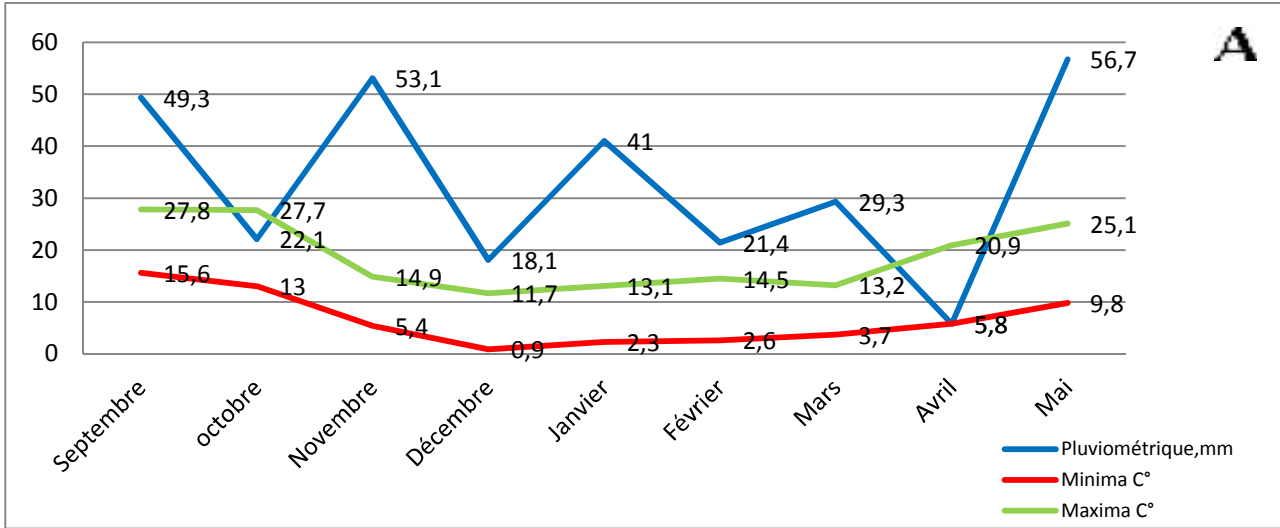
التكبير	القصب	التراص	لون الحبة	لون السفاة	لون السنبلية	الصنف Variété
نضج نصف مبكر	فارغة إلى نصف فارغة	متراص	حمراء ضخمة ممتدة	بيضاء	مزغبة بيضاء	<i>circumflexum</i>
نضج نصف مبكر	فارغة إلى نصف فارغة	متراص	بيضاء ضخمة ممتدة	سوداء	مزغبة بيضاء	<i>melanopus</i>

2-2 وسط الزرع

تم انجاز التجارب خلال المواسم الزراعية 2014/2013 - 2015/2014 - 2017/2016 بموقعين إحداهما تابع لولاية أم البواقي دائرة سيقوس التي تقع شمال ولاية قسنطينة وعلى ارتفاع 800 م عن مستوى سطح البحر، حيث كانت كمية الأمطار للموسمين 2014/2013 و 2015/2014 381.2mm و 221.6mm على التوالي، والأخر بمحطة الأبحاث الزراعية التابعة للمعهد التقني للمحاصيل الحقلية (ITGC) بدائرة الخروب، الواقعة على بعد 14 كم جنوب شرق ولاية قسنطينة وعلى ارتفاع 640 م، بحيث قدرت كمية الأمطار خلال الموسم 2017/2016 بمعدل 236.4mm وبيبين الجدول (2) والشكل (5) كمية الأمطار ودرجة الحرارة في موقعي التجربة.

الجدول(2): كمية الأمطار ودرجة الحرارة بولاية أم البواقي خلال موسمي الزراعة 2014/2013-
2015/2014 وولاية قسنطينة خلال الموسم الزراعي 2017/2016 (ITGC).

ولاية قسنطينة			ولاية أم البواقي						
2017/2016			2015/2014			2014/2013			
الحرارة العضوى (C°)	الحرارة الصغرى (C°)	الأمطار (mm)	الحرارة العضوى (C°)	الحرارة الصغرى (C°)	الأمطار (mm)	الحرارة العضوى (C°)	الحرارة الصغرى (C°)	الأمطار (mm)	الأشهر
28.6	/	8	31.6	16.7	11.5	27.8	15.6	49.3	سبتمبر
27	13.3	20	25.6	11.4	14.2	27.7	13	22.1	أكتوبر
19.1	6.9	31	19.6	7.4	8.9	14.9	5.4	53.1	نوفمبر
14.8	5.2	8	11.2	2	6.5	11.7	0.9	18.1	ديسمبر
10.5	1.4	89	11.1	0.6	46.3	13.1	2.3	41	جانفي
15.9	4	33	9.7	1.4	51.9	14.5	2.6	21.4	فيفري
18.45	4.83	4.2	15.1	3.5	49.9	13.2	3.7	99.3	مارس
17.24	12.55	25.2	21.8	6.6	3.1	20.9	5.8	5.8	أفريل
27.29	10.93	5	27	11.1	21.4	25.1	9.8	56.7	ماي
/	/	13	30	14.5	7.9	30	14.8	14.4	جوان
/	/	236.4	/	/	221.6	/	/	381.2	المجموع الكلي

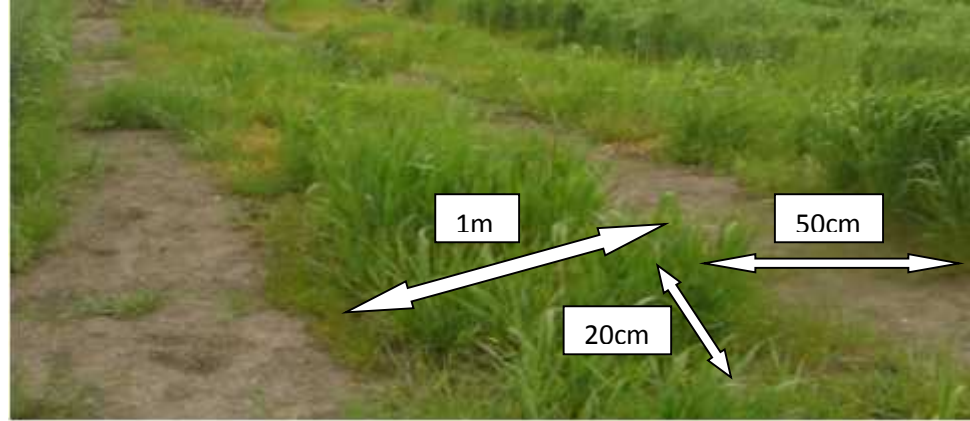


الشكل (5): كمية الأمطار ودرجة الحرارة خلال ثلاث مواسم: A: 2014/2013 بولاية أم البواقي، B:

2015/2014 بولاية أم البواقي، C: 2017/2016 بولاية قسنطينة.

2-3 تنفيذ التجربة

تم زرع 20 فرد للصفين *circumflexum* و *melanopus* بأربع مكررات يدويا، في خطين بطول 1م ومسافة 20 سم بين الخطوط لكل فرد خلال المواسم الزراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2016/2017 كما هو موضح في الشكل (6).



الشكل (6): موقع الزرع.

2-4 القياسات المتبعة خلال دورة الحياة

أخذت القياسات المتبعة لهذه الدراسة خلال ثلاث مواسم:

2-4-1 القياسات المرفولوجية

تم أخذ أربعة تكرارات لكل المقاييس المدروسة، مع استعمال مسطرة مدرجة.

- طول النبات (HP, cm)

تم قياس طول النباتات من بداية الساق (سطح التربة) حتى قمة السفاة خلال مرحلة النضج.

- طول عنق السنبل (LC, cm)

قدر طول عنق السنبل بداية من آخر عقدة إلى بداية السنبل.

- طول السنبل (LE, cm)

تم تقدير طول السنبل ابتداء من نهاية عنق السنبل حتى قمة السنبل النهائية.

- طول السفاة (LB, cm)

قدر طول السفاة ابتداء من 1 / 3 السنبل حتى قمة السفاة، وذلك خلال مرحلة النضج.

- المساحة الورقية (SF, cm²)

تم قياس مساحة الورقة ماقبل الأخيرة مباشرة بعد قطعها بواسطة جهاز قياس المساحة الورقية Digital planimetre.

2-4-2 القياسات الفيزيولوجية

أثناء المرحلة الخضرية لنمو نباتات القمح، تم تقدير بعض الصفات الفيزيولوجية من خلال الورقة التوجيهية ماقبل الورقة العلم ومن بينها

- المحتوى النسبي للماء (TRE)

قدر المحتوى النسبي للماء في الورقة اعتمادا على طريقة (Barrs, 1968) والتي يمكن تلخيصها فيمايلي:

- قطعت الأوراق من قاعدة النصل، وتم وزنها مباشرة للحصول على الوزن الطازج Poids frais (P.F).

- وضعت الأوراق مباشرة في أنابيب مملوءة بالماء المقطر Eau distillée، ثم وضعت في مكان مظلم ورطب.

- بعد 24 ساعة، تم استخراج الأوراق من الأنابيب، ثم مررت في ورق التجفيف لإمتصاص الماء الزائد على سطح الورقة، ثم تم وزن الأوراق مباشرة لتقدير وزن التشبع Poids turgescence (P.T).

- وضعت العينات في حاضنة معدلة على درجة (80م°) لمدة 48 ساعة لتجفيفها، ثم وزنت للحصول على الوزن الجاف للأوراق Poids sec (P.S).

- تم حساب المحتوى النسبي للماء حسب المعادلة

$$TRE(\%) = [(PF - PS) / (PT - PS)] \times 100$$

2-4-3 مكونات المردود

يتكون المردود حسب الأتي:

- عدد السنبلات بالسنبلة (NE/E)

تم العد المباشر لعدد الحبوب في كل سنبلة.

- وزن الحبات بالسنبلة (PG/E)

وزنت الحبات بالسنبلة، وقدر القياس بوحدة الغرام (g)

- وزن ألف حبة (PMG)

تم تقدير وزن ألف حبة انطلاقاً من الحبوب المتوفرة.

2-5 عملية التصالب (croisement)

تمت عملية التصالب بين الطرز الوراثية الأبوية للصنفين *circumflexum* و *melanopus* (الجدول 3) للحصول على أفراد الجيل الأول خلال مرحلتين أساسيتين:

الجدول (3): مخطط التهجين بين الطرز الوراثية الأبوية (*melanopus* و *circumflexum*).

mel1	cir5	cir4	cir3	cir2	cir1	P1(F)
						P2(M)
					x	mel5
				x		mel6
			x			mel7
		x				mel8
	x					mel9
x						cir7

2-5-1 عملية نزع المنبر (castration)

ويمكن تلخيص هذه العملية في الخطوات التالية حسب الشكل (7):

- تم اختيار السنبلة في بداية الإسبال بحيث تم نزع السنبيلات القاعدية والقمية للسنبلة لأنها تكون عقيمة في الغالب.

- تم نزع الأزهار الوسطية في كل سنبلة بهدف تخفيف الأزهار.

- قطعت ثلث العصاف والعصيفات وهي أغلفة الأزهار مع السفاة.

- نزع الأسدية الثلاث لكل زهرة بملقط رقيق مع أخذ الإحطياط اللازم لعدم عطب المبيض أو استئصاله.

- تغليف السنبلة المهيأة (الأنثى) بكيس واقي بهدف حمايتها من أي حبوب لقاح خارجية.

- تمت كتابة اسم الصنف وتاريخ عملية نزع الأسدية (Cartraction) على الكيس الواقي.



الشكل (7): عملية نزع المثبر Castration.

2-5-2 عملية التأيير: Pollinisation

تمت عملية التأيير بعد يومين أو ثلاث أيام حسب الصنف بعد عملية نزع الأسدية مع الملاحظة أن هذه المدة تقل مع ارتفاع درجة الحرارة وتزيد مع انخفاضها، أجرينا هذه العملية بطريقتين:

1) تم نثر حبوب الطلع الناضجة المجمعة من السنابل الخنثى على ميسم السنبل الأنثى بشق الكيس الورقي بفتحة من الأعلى ثم غلقه ثانية مع تدوين اسم الذكر وتاريخ التأيير.

2) باستعمال الأنابيب قمنا بقطع السنبل الخنثى (الذكر) وربطها مع السنبل الأنثى على أنبوب اختبار به ماء لإبقاء السنبل الذكر في نشاط لمدة أطول لزيادة نسبة الإخصاب مع حفظ كلا السنبلتين في نفس الكيس الواقي مع اضافة كتابة الصنف الذكر وتاريخ التأيير بشرط أن يكون حامل السنبل الذكر أعلى من السنبل الأنثى لضمان نجاح الإخصاب.



الشكل (8): عملية التأبير بتقريب السنابل من بعضها البعض.

2-6 الدراسة البيوكيميائية

تم انجاز هذه الدراسة في مخبر الوراثة، البيوكيمياء وبيوتكنولوجيا بمجمع شعب الرصاص بجامعة قسنطينة 1.

استعملت في هذه الدراسة تقنية الرحلان الكهربائي أحادي البعد Monodimensionnelle SDS-PAGE حسب طريقة (Laemmli, 1970) المعدلة من طرف (Singh et al., 1991)، والتي تعتمد على فصل البروتينات تبعا لوزنها الجزيئي تحت تأثير حقل كهربائي في هلامة Polyacrylamid. يكون الفصل على الجل بطريقة رأسية، مع الإهتمام بطبيعة المحاليل المنظمة لأنها تعمل على الإحتفاظ بالرقم الهيدروجيني (PH) ثابت أثناء زمن الفصل.

2-6-1 استخلاص البروتينات الكلية

تمت عملية استخلاص البروتينات الكلية كما هو موضح فيما يلي:

1) سحق حبة قمح لكل صنف تحت الدراسة بواسطة هاون وتوضع في أنابيب Eppendorf.

2) أضيف لها 100ul من محلول الإستخلاص الذي يتركب من:

- 12.5% من tampon Tris HCl pH6.8.
- 24.1% من الماء المقطر (l'eau distillée).
- 0.02% de bleu de Bromophenol.
- 20% من الغليسيرول (Glycérol).
- 0.1% من SDS و 2.5% من ميركبتوايثانول (mercaptoéthanol).

3) تم رجها جيدا بواسطة Vortex.

- ل وضعت في حمام مائي درجة حرارته 65° م لمدة 30 دقيقة.
- ل تم استعمال الطرد المركزي (12000دورة/ الدقيقة) لمدة دقيقة.
- ل حفظنا المحلول في درجة حرارة 4° م إلى غاية الاستعمال.

2-6-2 تحضير محلول السريان: Tampon d'électrophorèse

يتركب محلول السريان من:

غليسين (1.4 %)، Tris (0.3 %) و (0.1 SDS %).

2-6-3 تحضير جل: Préparation des gels

يتكون الجل من جل الفصل Gel de Séparation و جل التركيز Gel de Concentration

الجدول(4): مكونات جل الفصل و جل التركيز .

جل الفصل gel de séparation C=0.97%, T=12.58%	جل التركيز gel de concentration C=1.4%, T=2.88%	مكونات الجل
2	23.9	Acrylamide
0.6	4.7	Bisacrylamide
20.4	16.5	Eau distillée
—————	29.3	Tris-HCl pH 8.8
3.4	—————	Tris-HCl pH 6.8
1.40	1.93	APS à 1%
28	0.039	TEMED

- ل تم تحضير جل الفصل أولا ثم يوضع بين قطعتين زجاجيتين على سمك 1.5 سم لمدة تتراوح ما بين 20-30 د.

ل اضيفت طبقة من إيزوبروبانول Isopropanol من أجل التخلص من الفقاعات الهوائية.

ل تم سكب جل التركيز بعد التخلص من طبقة Isopropanol.

- ل غمس المشط بسرعة في الجل ونتركه لمدة 30 د، ثم يتم نزعها في الأخير نتحصل على فراغات في مستوى الجل.

ل أخذنا 10ul من العينات ووضعت في العيون (Puits).

ل ملاً الحوض بمحلول السريان للفصل الكهربائي Tapon d'électrophorèse.

وضعت الطبقة الزجاجية في حوض جهاز الرحلان الكهربائي الموصول مع مولد كهربائي بحيث يكون التوتر من 100 إلى 150 v، وشدة كهربائية 8 Am. بعد تشغيل الجهاز تنتقل البروتينات ذات الشحنة السالبة إلى القطب الموجب وذلك حسب وزنها الجزيئي، وتنتهي هذه المرحلة بعد وصول صبغة Bleu de Bromophénol إلى أسفل الجل.

2-6-4 تثبيت، تلوين وإزالة التلوين

بعد ظهور الحزم الناتجة عن الهجرة، نزع جل التركيز ووضع جل الفصل في حوض به محلول يحتوي على عامل تثبيت البروتينات (TCA (acide trichloracétique) بتركيز 60% ومحلول الصبغة (bleu de Coomassie R250) بتركيز 1%).

عرض الحوض لتحريك مدة 24 ساعة، بعدها نقوم بنزع الصبغة وذلك بوضع الجل في ماء الحنفية ليلة كاملة، في الأخير تم حفظ الجل وتصويره.

تم تحليل الجل وتحديد الحزم مع إعطاء الوزن الجزيئي لها وذلك من خلال الوزن الجزيئي للمحدد (marqueur).

2-7-7 الدراسة الجزيئية

تمت هذه الدراسة بمخبر ADNucleis بليون فرنسا سنة 2018.

2-7-1 المادة النباتية

تتمثل العينة النباتية المستعملة في هذه الدراسة من 10 أفراد لكل موسم زراعي 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 و 6 هجن وأبائها التابعة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

2-7-2 استخلاص المادة الوراثية (ADN)

تم أخذ وحد أو اثنين من الحبوب لكل عينة وأعدنا ترطيبها لمدة 24 ساعة على الأقل في الماء، بعدها تم استخلاص الحمض الريبي منقوص الأكسجين بحسب طريقة Dellaporta et al., (1983) وفقا للخطوات التالية:

سحق حبة قمح لكل صنف تحت الدراسة باستخدام الأوزوت السائل حتى تصبح العينة بشكل مسحوق.

نقلت المادة المطحونة إلى أنابيب Eppendorf سعة 2 مل.

- أضيف 500 مل من محلول الإستخلاص (الملحق 1) لكل عينة من العينات المطحونة.
- حضنت العينات ضمن حمام مائي على درجة حرارة 65°م لمدة تتراوح من 15-20 دقيقة.
- أضيف 180ul من محلول أسيتات البوتاسيوم تركيز M5.
- رجت العينات بقوة ثم حضنت ضمن الثلجة لمدة 10 دقائق.
- تم الطرد المركزي للعينات بسرعة 14000 دورة/دقيقة لمدة تتراوح من 25-30 دقيقة وذلك لفصل الوسط المائي الذي يحتوي على الأحماض النووية بشكل ذائب عن الراسب المكون من البقايا النباتية.
- نقلت الرشاحة (الطور العلوي) المحتوي على الأحماض النووية إلى أنبوب حديد يحتوي على 500ul من كحول أيزوبروبانول واستبعد الراسب ثم قلب الأنبوب عدة مرات بهدوء لحين بدأ ظهور ADN.
- تم الطرد المركزي للعينات لمدة 15 دقيقة وذلك لإستبعاد الرشاحة (الأيزوبروبانول) والإحتفاظ ب ADN في قعر الأنبوب.
- غسل ADN ب 40ul من الكحول الإيثيلي تركيز 70% وعند الضرورة يعاد الغسل والطرْد المركزي مرة أخرى.
- تم التخلص من بقايا الكحول بالماصة ثم تركت بقايا الكحول لمدة 3-5 دقائق.
- أذيب ADN الناتج ب 50ul ماء معقم وحفظت على درجة حرارة 4°م.
- أضيف 4ul من أنزيم RNase تركيز 10 مغ/مل لكل عينة ثم حضنت على درجة حرارة 37°م لمدة نصف ساعة.

3-7-2 محددات SSR المستخدمة

استخدمت 5 محددات من محددات SSR أعطت 4 منها تباينات واضحة مع العينات المدروسة وهي: Xwms47، Xwms46، Xwms499 و Xwms132 (الجدول 5)، والتي تم اختيارها بناء على الخريطة الوراثية للقمح الموضوع من قبل (Roder et al., 1998).

الجدول(5): وصف مواقع SSR المدروسة من حيث موقعها على الصبغيات، التركيب النيوكليوتيدي لكل منها، مدى أطوال الأليلات الناتجة ضمن الدراسة.

الإيلات (bp)	(A.n temp)	(Motif)	Right	Left	Microsatellite
150	60°	(CT)7TT (CT)16	TTC ACC TCG ATT CAG GTC CT	TTG CTA CCA TGC ATG ACC AT	XWms 47. 1- 2A/2- 2A/2B
179	60°	(GA)2GC (GA)33	TGA CCC AAT AGT GGT GGT CA	GCA CGT GAA TGG ATT GGA C	XWms 46- 7B
117	60°	(GA)32	GGG GAG TGG AAA CTG CAT AA	ACT TGT ATG CTC GAC TAT GCA CAC T	XWms 499-5B
116	60°	(GA) 24 (GAA) 6 imp	CAT ATC AAG GTC TCC TTC CCC	TAC CAA ATC GAA ACA CAT CAG G	XWms 132 -6B

4-7-2 تفعيل تسلسل بلمرة خيط ADN : (SSR-PCR)

- تفاعل التسلسلي للبوليميراز

هو جهاز الغرض منه إكثار وتضاعف ADN، حيث يعتمد هذا الجهاز على ارتفاع وانخفاض درجة الحرارة. وتكون درجة الحرارة التي يفصل عندها خيطي ADN أعلى من 60°م. أجري هذا التفاعل باستخدام تقنية microsatellite أو SSR (Simple Sequence Repeat) حسب طريقة Roder et al., (1998) والتي تضمنت إضافة مكونات التفاعل ذو الحجم النهائي 25ul بحسب الجدول(6).

الجدول(6): مكونات تفاعل PCR مع التراكيز والكميات المضافة لهذه المكونات.

كميات المكونات / 25ul	تراكيز مكونات تفاعل PCR	مكونات تفاعل PCR
5	100-50 نانوغرام	ADN القالب
2.5	1M Tris-Hcl PH8 1M KCl, 1M MgCl2 dH2O	محلول منظم ل PCR (buffe 10xPCR)
2	10Mm لكل نيوكليوتيد	dNTPs مزيج من النكليوتيدات الأربعة (A, T, G, C)
1	10Mm	البادئة اليسارية (Left primer)
1	10Mm	البادئة اليمينية (Right primer)
0.4	وحدة انزيمية واحدة (1unit)	انزيم Taqpolymerase
5	/	SYBR Green
لإكمال التفاعل حتى 25	/	H2O

- شروط تفاعل ال(PCR-SSR) المتبعة ضمن هذه التجربة

يمر تفاعل PCR بثلاث مراحل مذكورة ضمن الجدول(7) حسب طريقة (Roder et al., 1998).

الجدول(7): المراحل الحرارية لتفاعل PCR والمدة الزمانية لكل مرحلة وتكرار كل مرحلة.

التكرارات (الدورات)	الزمن	درجة حرارة/س°	مراحل تفاعل ال PCR
1	5 د	95	مرحلة تمهيدية
45	10 ثا	95	فصل سلاسل (Denaturation)
	40 ثا	60-55-50	التصاق البادئة ب ADN القالب (Annealing)
	2 د	72	مرحلة استطالة (ADN extension)
1	10 د	72	مرحلة نهائية

درجة حرارة Annealing المتبعة ضمن هذه التجربة هي 50 أو 55 أو 60°م حسب البادئة المستخدمة.

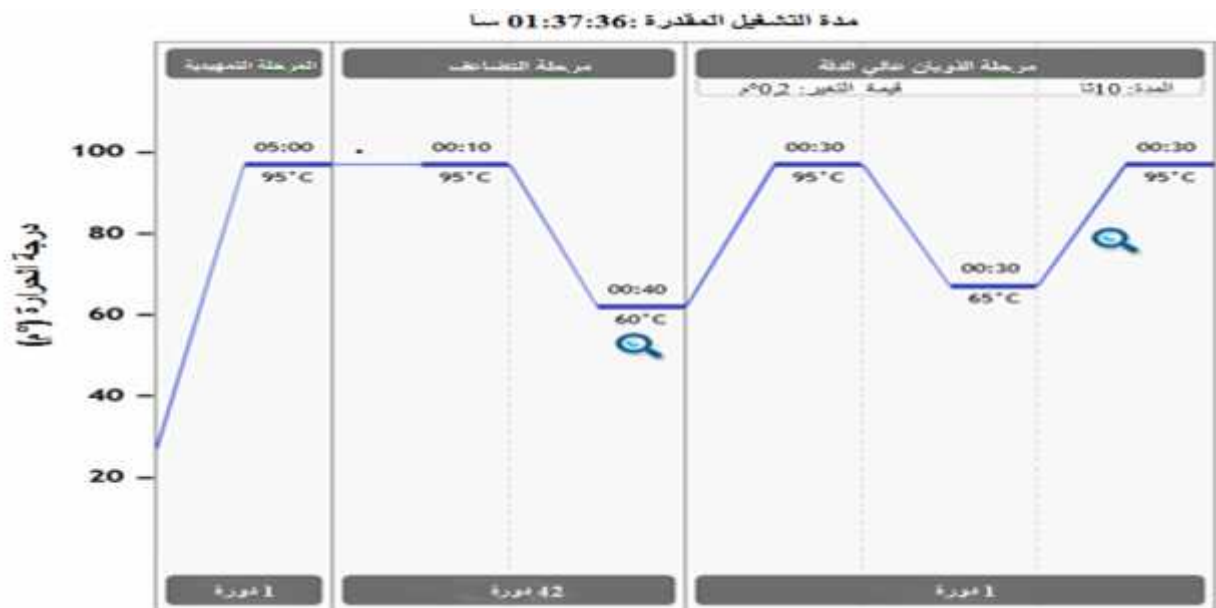
3-7-5 تقنية (SSR-HRM) (تقنية الذوبان عالي الدقة لتكرار تسلسل بسيط)

تعتمد تقنية (HRM) على خطوات الأنصهار (الذوبان) في نهاية الوقت الحقيقي لل-PCR.

في الواقع، في بداية الانفصال 100% من ADN المضخم (amplicons) في شكل مزدوج. وعندما ترتفع درجة الحرارة، ينفصل ADN المضخم المزدوج (amplicons) وفي نهاية الإنصهار يكون ADN المزدوج في شكل خيط واحد. حيث درجة حرارة الإنصهار (الذوبان) تعكس درجة الحرارة المتولدة خلال تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR)، ويتم تسجيل درجة حرارة انصهار ADN عندما يصبح 50% من ADN المضخم في حالة مزدوجة و 50% في حالة تفكك وبالتالي درجة حرارة الإنصهار محددة لكل ADN مضخم (amplicons) (Eva et al.,2017).

يتبع عملية التضخيم مباشرة خطوات الذوبان عالية الدقة (HRM) كمايلي: 95°م لمدة 30 ثانية ثم يتم خفض درجة الحرارة إلى 65°م لمدة 30 ثانية بعدها ترفع إلى 95°م لمدة 30 ثانية، حيث يتم رفع وخفض درجة الحرارة بمقدار 0.2°م لكل خطوة.

في الأخير يقيس جهاز الذوبان عالي الدقة خلال فترة التسخين الكاملة لتوليد منحنى الإنصهار، حيث تكون درجة حرارة انصهار ADN المزدوج على حسب طوله و تسلسله، فكلما كانت التسلسلات مختلفة تولدت منحنيات انصهار مختلفة، ويتم تحليلها من خلال محددات الميكروستلايت (SSR) (الشكل 9) و(الملحق 2).



الشكل (9): المخطط الحراري لتقنية (PCR-HRM).

8-2 الدراسة الإحصائية

تمت عدة تحاليل احصائية على النتائج المتحصل عليها.

1-8-2 الدراسة المرفوفيزيولوجية و المردود

تم تحليل النتائج المتحصل عليها باستعمال برنامج XLstat 2017 بتطبيق الطرق الإحصائية التالية:

دراسة تحليل التباين ANOVA (Analyse de la variance) لمعرفة الاختلاف ودرجة المعنوية بين الأصناف بالنسبة للمقاييس المدروسة، وتحليل المجموعات بتطبيق اختبار NEWMAN-Keuls عند الحد 5%.

تحليل المكونات الأساسية ACP (Analyse en Composantes Principales) لدراسة التنوع المرفوفيزيولوجي.

2-8-2 الدراسة البيوكيميائية

Classification ascendante hiérarchique (CAH) الذي يبين درجة القرابة للأفراد المدروسة.

3-8-2 الدراسة الجزيئية

تم تحليل نتائج الدراسة الجزيئية و رسم شجرة القرابة بين الأفراد باستعمال برنامج .Varsion-1.5.Agilent AriaMx (2014-2016)

النتائج والمناقشة

3- النتائج والمناقشة

دونت النتائج المتحصل عليها في اعمدة بيانية لكل من القياسات المدروسة لمختلف الأفراد تحت الدراسة خلال المواسم الزراعية 2014/2013 - 2015/2014 - 2017/2016.

3-1 النتائج المرفوفيزيولوجية، المرود، البيوكيميائية والجزئية للموسم الزراعي 2013/2014

3-1-1 المقاييس المرفولوجية

سجلت النتائج المبينة في الشكل (10) و (الملحق 3) للقياسات المرفولوجية (LB,LE,LC,LP) مايلي

ل طول النبات (LP)

اتضح أن طول النبات عند عشرين فرد تراوح ما بين 1.5 ± 61.75 - 4.12 ± 108.5 سم. بحيث بلغ أعلى القيم عند الأفراد cir10، cir9، mel2، cir7، mel10، mel1، mel5 و mel6: 4.12 ± 108.5 ، 6.99 ± 106.57 ، 0.5 ± 91.25 ، 3.20 ± 85 ، 1.73 ± 82.5 ، 1.73 ± 82.5 ، 1.89 ± 82.25 ، 4 ± 82 سم على الترتيب. بينما أعطت الأفراد cir6، cir5 و cir3 أقل قيمة لطول النبات قدرها 1.5 ± 61.75 ، 4.12 ± 64.5 ، 6.99 ± 66.75 سم على التوالي.

ومن تحليل التباين ANOVA (الملحق 4) تبين الاختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة بالنسبة لطول النبات ($F=44.373$ *** عند الحد $a=0.0001$).

في حين أظهر تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 4) وجود ثمانية مجموعات متميزة

(A، B، C، CD، CDE، DE، E و F):

- المجموعات A، B، C و CD: تتميز بأكبر متوسط لطول النبات و تتكون من الأفراد cir10، cir9،

mel2، cir7، mel10، mel1، mel5 و mel6.

- المجموعات CDE، DE و E: تتكون من الأفراد cir4، mel9، mel3، cir8، cir2، mel7، cir1،

mel4 و mel8 بقيم متوسطة لطول النبات.

- المجموعة F: تضم الأفراد cir6، cir5 و cir3 بأقل القيم.

ج طول عنق السنبله (LC)

تتراوح قيم طول عنق السنبله بين 0.57 ± 17.5 - 4.34 ± 43.25 سم، حيث سجلت أعلى القيم عند الأفراد cir9، cir10، mel2، cir8 و mel1: 4.34 ± 43.25 ، 2.16 ± 42 ، 3.65 ± 31 ، 2.38 ± 30.5 ، 3.10 ± 29.5 سم على التوالي، فيما أظهر الفرد (cir3) أقل طول لعنق السنبله قدر بقيمة 0.57 ± 17.5 سم.

أظهرت الأفراد المدروسة من خلال تحليل التباين (الملحق4) وجود اختلاف معنوي عالي جدا بالنسبة لطول عنق السنبله ($F=19.782$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وبين تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق4) لطول عنق السنبله أن هناك سبعة مجموعات (A، B، BC، BCD، CD، D و E):

- المجموعات A، B و BC: ضمت الأفراد cir9، cir10، mel2، cir8 و mel1 وتميزت بأعلى معدل لطول عنق السنبله.

- المجموعات BCD، CD و D: تحتوي على الأفراد mel10، cir1، cir4، mel5، mel4، mel3، mel6، cir7، mel8، mel9، cir2، mel7 و cir5 والتي أعطت قيم متوسطة لطول عنق السنبله.

- المجموعة E: مثلت أقل قيمة لطول عنق السنبله والمتمثلة عند الفرد cir3.

ج طول السنبله (LE)

بينت النتائج أن طول السنبله عند الأفراد المدروسة تتراوح بين 0.75 ± 7.37 - 0.47 ± 10.5 سم، حيث ظهرت الأفراد mel10، mel6، mel2، cir4، cir1، mel8 و mel1 بأعلى طول بقيم قدرها 0.57 ± 10.5 ، 0.81 ± 10 ، 0.5 ± 9.75 ، 0.47 ± 9.62 ، 0.57 ± 9.5 ، 0.57 ± 9.5 ، 0 ± 9 على الترتيب. بينما أعطت الأفراد cir5، cir6، cir3، mel7، cir7 و mel3 أقل قيم لطول السنبله قدرها 0.5 ± 7.75 ، 0.5 ± 7.75 ، 0.75 ± 7.62 ، 0.57 ± 7.5 ، 1 ± 7.5 ، 0.75 ± 7.37 على التوالي.

وبين تحليل التباين (الملحق4) وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=8.202$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وحسب اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 4) بين وجود عشرة مجموعات

(A, AB, ABC, ABCD, BCDE, BCDEF, CDEF, DEF, EF و F):

- المجموعات A, AB, ABC, ABCD و BCDE: تضم الأفراد mel10, mel6, mel2, cir4, cir1 و mel8 بأعلى معدلات لطول السنبلة.
- المجموعات BCDEF, CDEF و DEF: تشمل الأفراد mel5, cir2, mel9, cir9, cir8, cir10 و mel4 والتي أخذت قيم متوسطة لطول السنبلة.
- المجموعتين EF و F: تتكون من الأفراد cir5, cir6, cir3, cir7, mel7 و cir7 و mel3 وتتميز بمعدلات أقل لطول السنبلة.

ج طول السفاة (LB)

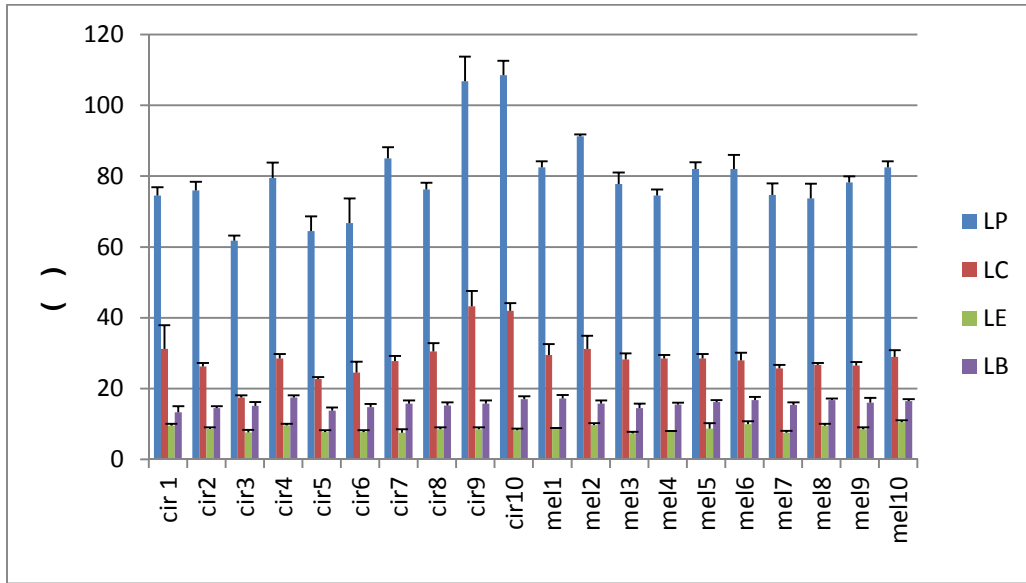
سجلت النتائج لطول السفاة أنها تتراوح ما بين 1.70 ± 13.37 - 0.57 ± 17.5 سم، حيث أعطت الأفراد cir4, mel1, cir10, mel8, mel6, mel10 و mel5 أعلى القيم بلغت 0.57 ± 17.5 ، 0.95 ± 17.25 ، 0.81 ± 17 ، 0.5 ± 16.75 ، 0.95 ± 16.75 ، 0.57 ± 16.5 ، 0.5 ± 16.25 سم على التوالي، بينما كانت أقل القيم المسجلة لطول السفاة عند الأفراد cir5 و cir1 بقيمة 0.95 ± 13.75 ، 1.70 ± 13.37 سم على الترتيب.

أظهر تحليل التباين (الملحق 4) لمقياس طول السفاة وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة حيث أعطت ($F=5.608$ *** عند الحد $a=0.0001$).

ومن تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 4) سجل احدى عشرة مجموعة متميزة

(A, AB, ABC, ABCD, ABCDE, ABCDEF, BCDEF, CDEF, DEF, EF و F):

- المجموعات A, AB, ABC و ABCD: تضم الأفراد cir4, cir10, mel10, mel6, mel8 و mel5 بأعلى القيم لطول السفاة.
- المجموعات ABCDE, ABCDEF, BCDEF, CDEF و DEF: تشمل الأفراد mel9, mel2, cir9, cir7, mel4, mel7, cir8, cir3, cir6 و cir2 بقيم متوسطة لطول السفاة.
- المجموعتين EF و F: تتمثل في الأفراد cir5 و cir1 بأقل معدل لطول السفاة.



الشكل(10): المقاييس المرفولوجية لعشرين فرداً للصفين *Melanopus circumflexum* و *Melanopus melanopus* من القمح الصلب (طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة).

ج) مساحة الورقة (SF)

يتضح من الشكل (9) و(الملحق3) أن القيم المسجلة للمساحة الورقية عند الأفراد تتراوح ما بين $1.46 \pm 32.84 - 1.76 \pm 16.88$ سم²، حيث سجلت أعلى القيم عند الأفراد cir1، cir2، cir4، cir6، cir9 و mel9 بمعدل 1.46 ± 32.84 ، 2.19 ± 29.35 ، 2.67 ± 23.99 ، 2.35 ± 24.87 ، 1.62 ± 25.16 ، 2.67 ± 25.88 ، 0.69 ± 27.39 ، 3.59 ± 23.86 ، 2.72 ± 23.68 ، 3.24 ± 23.11 ، 1.09 ± 22.21 ، 1.27 ± 22.13 سم² على الترتيب، في حين سجلت أقل القيم عند الأفراد cir3، mel3 و mel6 قدرها 1.52 ± 18.03 ، 2.48 ± 17.12 ، 1.76 ± 16.88 على التوالي.

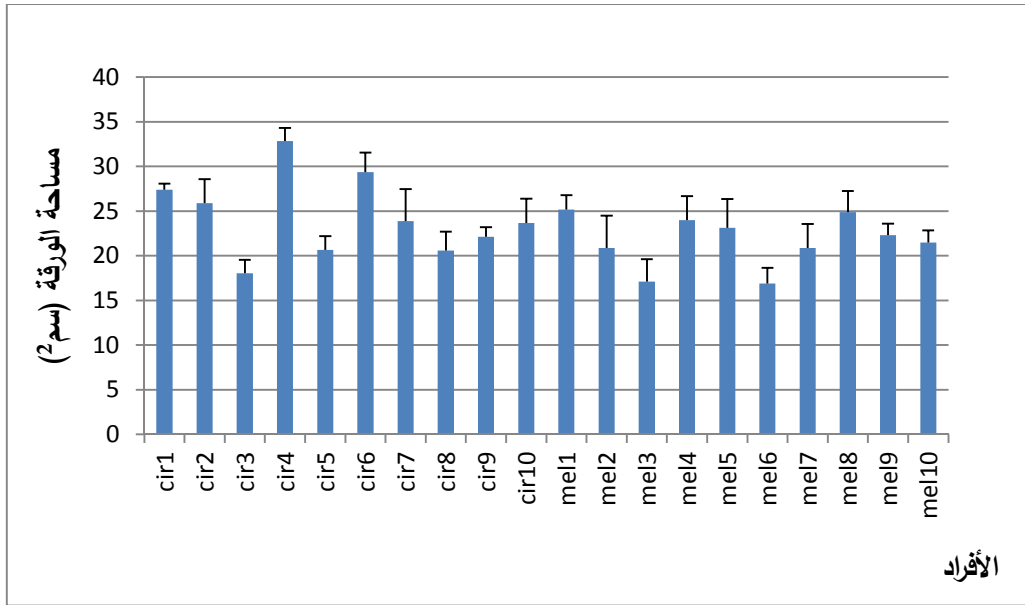
أعطت الأفراد المدروسة من خلال تحليل التباين (الملحق4) لمساحة الورقة اختلاف معنوي عالي جداً $(F=11.959^{***} \text{ a}=0.0001)$.

كما أوضح اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق4) أن الأفراد تحت الدراسة تنقسم إلى إحدى عشرة مجموعة (A، B، BC، BCD، CD، CDE، CDEF، DEFG، EFG، FG و G):

- المجموعات A، B، BC، BCD، CD، CDE و CDEF: تميزت بأعلى معدل للمساحة الورقية عند الأفراد cir4، cir6، cir1، cir2، mel1، mel8، mel4، cir7، cir10، cir9 و mel9.

- المجموعة DEFG: تشمل كل من الأفراد cir5، cir8، mel2، mel7، mel10 بمعدل متوسط لمساحة الورقة.

- المجموعات EFG، FG و G: تتكون من الأفراد cir3، mel3 و mel6 بأقل مساحة ورقية.



الشكل (11): مساحة الورقة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-1-2 المقاييس الفيزيولوجية

المحتوى النسبي للماء (% TRE)

سجلت النتائج المبينة في (الشكل 12) و (الملحق 3) أن المحتوى النسبي للماء عند الأفراد المدروسة تتراوح ما بين 1.70 ± 49.75 - 2.88 ± 85.85 %، أعطى كل من الأفراد cir4، cir8، cir6، mel8، mel6، mel4، cir5 و mel5 أعلى النسب من المحتوى النسبي المائي بلغت قيمتها 2.88 ± 85.85 ، 3.57 ± 75.99 ، 1.16 ± 76.72 ، 2.64 ± 77.5 ، 2.58 ± 79 ، 5.68 ± 79.68 ، 5.05 ± 84.22 ، 1.29 ± 74.5 % على التوالي. في حين سجلت الأفراد cir3، mel1، mel10، cir7 و mel9 أقل القيم قدرها 1.70 ± 49.75 ، 4.82 ± 51.01 ، 1.29 ± 56.5 ، 2.28 ± 58.85 ، 1.36 ± 58.89 على الترتيب.

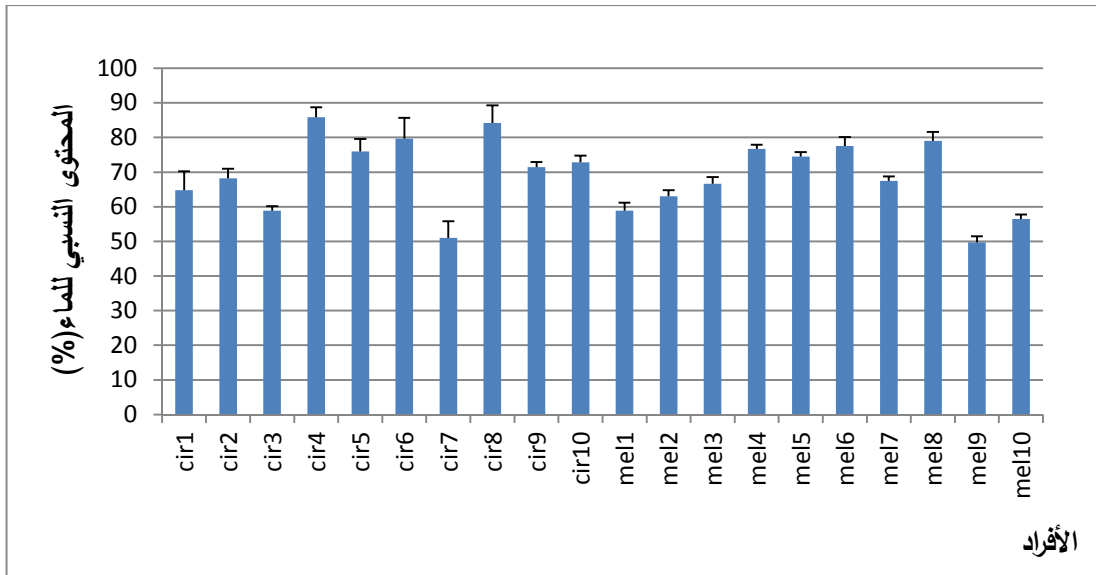
تبين من تحليل التباين (الملحق 4) بالنسبة للمحتوى النسبي للماء أن هناك اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=46.935$ *** عند الحد $a=0.0001$).

كما كشف تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 4) عن وجود ثلاثة عشرة مجموعة (A, B, BCD, BC, CDE, DEF, EFG, G, GH, HI, I و J):

- المجموعات A, B, BC و BCD: تتمثل في الأفراد cir4, cir8, cir6, cir5, mel4, mel6, mel8 و mel5 بأكبر معدل للمحتوى النسبي للماء.

- المجموعات CDE, DEF, EFG, G, GH: تشمل الأفراد cir10, cir9, cir2, mel3, mel7 و cir1 و mel2 بقيم متوسطة للمحتوى النسبي للماء.

- المجموعات HI, I و J: تضم الأفراد cir3, mel1, mel10, cir7 و mel9 بأقل معدل للمحتوى النسبي للماء.



الشكل (12): محتوى الماء النسبي عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-1-3 مكونات المردود

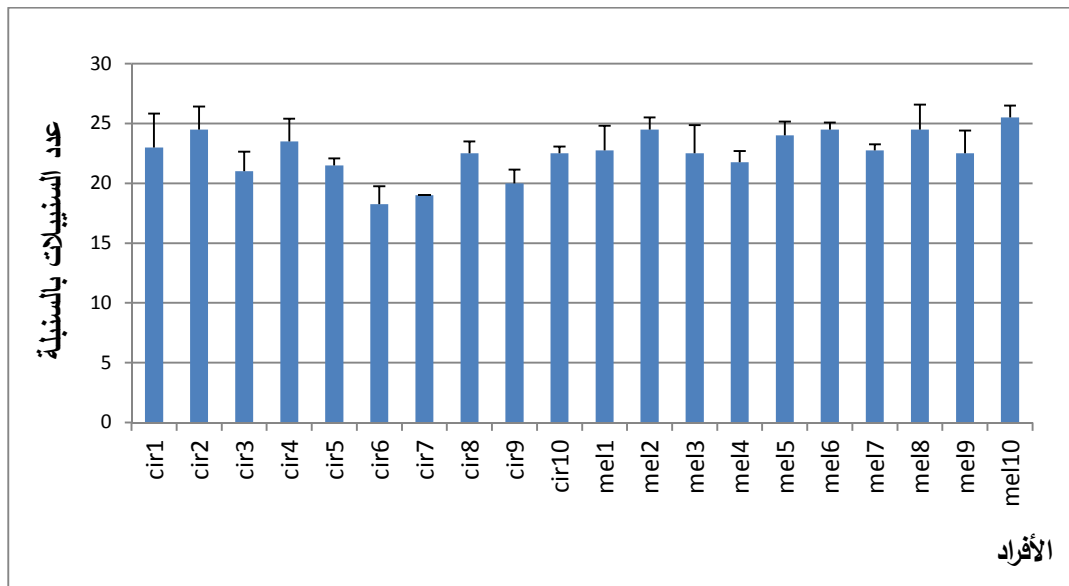
ج) عدد السنييلات بالسنبلة (NEP/EP)

يتضح من (الشكل 13) و (الملحق 3) أن عدد السنييلات في السنبلة المسجل عند الأفراد المدروسة تراوح بين $1 \pm 25.5 - 0.5 \pm 18.25$ سنييلة في السنبلة. أخذت الأفراد cir2, mel10, mel8, mel6 و mel5 أعلى القيم بلغت 1 ± 25.5 , 1.91 ± 24.5 , 2.08 ± 24.5 , 1 ± 24.5 , 1.15 ± 24.5 سنييلة في السنبلة على الترتيب. في حين بلغت أقل القيم لعدد السنييلات في السنبلة عند الأفراد cir9, cir7 و cir6 بمعدل قدره 0.5 ± 18.25 , 0 ± 19 , 1.15 ± 20 سنييلة في السنبلة على الترتيب.

من خلال تحليل التباين (الملحق4) لمقياس عدد السنييلات في السنبلة تبين أن هناك اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=6.938$ *** عند الحد $a=0.0001$).

من تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق4) صنف الأفراد إلى عشرة مجموعات (A, AB, ABC, ABCD, BCDE, BCDEF, CDEF, DEF, EF و F):

- المجموعات A, AB و ABC: تحتوي على الأفراد cir2, mel10, mel8, mel6 و mel5 التي تمثل أعلى معدل لعدد السنييلات في السنبلة.
- المجموعات ABCD, BCDE, BCDEF و CDEF: تحتوي على الأفراد cir4, cir1, mel1, mel7, mel9, cir8, mel3, mel4 و cir10 التي أخذت قيمة متوسطة لعدد السنييلات بالسنبلة.
- المجموعات DEF, EF و F: تتمثل في الأفراد cir9, cir7 و cir6 التي أعطت أقل معدل لعدد السنييلات بالسنبلة.



الشكل(13): عدد السنييلات في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

ج) عدد الحبات بالسنبلة (NG/E)

يتبين من (الشكل 14) و(الملحق3) أن النتائج المتحصل عليها بالنسبة لعدد الحبوب في السنبلة تتراوح معدلاتها بين 2.16 ± 32.5 و 4.19 ± 62.25 حبة، حيث تم تسجيل أعلى قيمة عند الأفراد cir4, mel6, cir1, cir3, mel9, cir7, mel1, mel10, cir8 و cir9 وقدرت بقيمة 4.19 ± 62.25 , 2.06 ± 59.75 , 2.87 ± 52.75 , 2.38 ± 53.5 , 2.62 ± 54.25 , 1.89 ± 54.75 , 6.70 ± 57.75 , 2.16 ± 59

2.5±52.75، 1.73±52.5 حبات في السنبلية على التوالي. في حين تم تسجيل أقل القيم عند الأفراد cir5 و cir6 قدرت بقيمة 2.16±35 ، 2.88±32.5 حبات في السنبلية على التوالي.

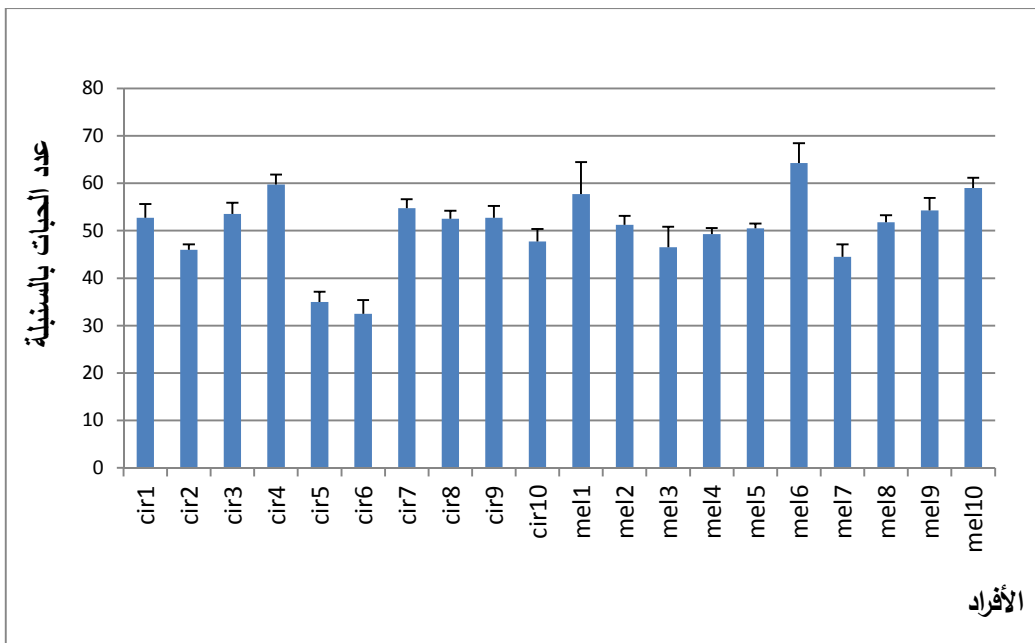
من تحليل التباين (الملحق4) بالنسبة لعدد الحبوب في السنبلية تبين وجود اختلاف معنوي عالي جدا (F=23.335*** عند الحد a=0.0001).

وقد سجل تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق4) عن وجود ستة عشرة مجموعة (A ، AB ، ABC ، ABCD ، BCDE ، BCDEF ، CDEF ، DEFG ، DEFCH ، EFGH ، EFGHI ، FGHI ، GHI ، I و J):

- المجموعات A ، AB ، ABC ، ABCD ، BCDE ، BCDEF ، CDEF و DEFG: تميز بأكبر معدل لعدد الحبوب بالسنبلية عند الأفراد cir4 ، mel6 ، cir1 ، mel9 ، cir3 ، mel1 ، mel10 ، cir7 ، cir9 ، cir8 و cir10.

- المجموعات DEFCH ، EFGH ، EFGHI ، FGHI ، GHI و I: تشمل الأفراد mel2 ، mel8 ، mel5 ، mel4 ، cir10 ، mel3 ، cir2 و mel7 التي تميزت بمعدل متوسط لعدد الحبات بالسنبلية.

- المجموعة J: تتمثل في الفردين cir5 و cir6 اللذان أعطيا أقل معدل لعدد الحبات بالسنبلية.



الشكل(14): عدد الحبوب في السنبلية عند الأفراد المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

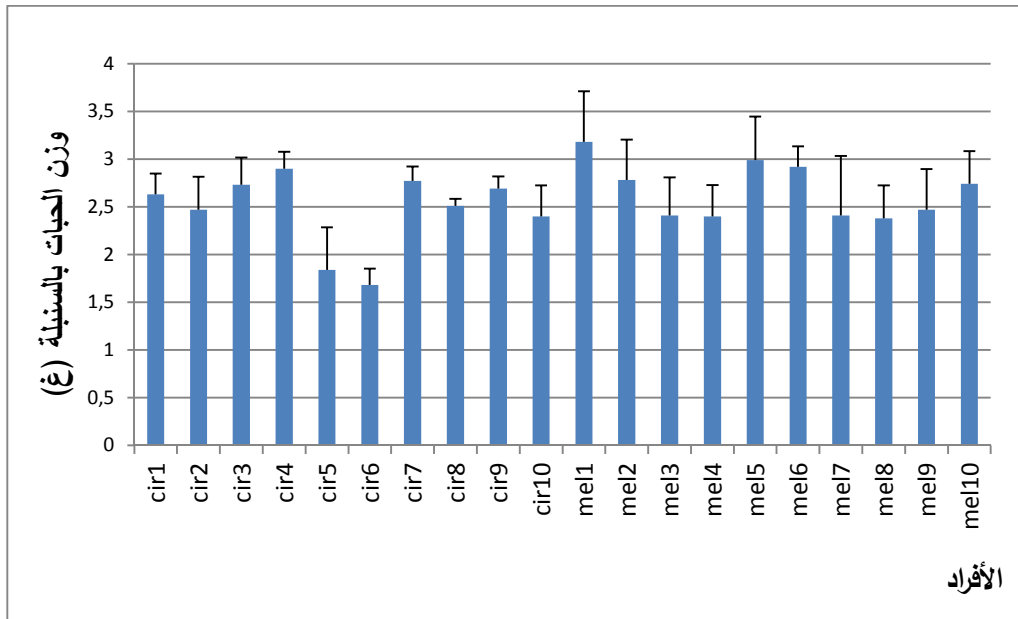
ل وزن الحبات بالسنبلة (PG/E)

تبين من (الشكل 15) و (الملحق 3) أن وزن الحبات بالسنبلة تراوح ما بين 0.17 ± 1.68 - 0.53 ± 3.18 غ على الترتيب، وتم تسجيل أعلى القيم عند الأفراد cir3, mel10, cir7, mel2, cir4, mel6, mel5, mel1 و cir9 بقيم قدرها 0.42 ± 2.78 , 0.17 ± 2.90 , 0.21 ± 2.92 , 0.45 ± 2.99 , 0.53 ± 3.18 , 0.15 ± 2.77 , 0.34 ± 2.74 , 0.28 ± 2.73 , 0.12 ± 2.69 غ على الترتيب، في حين تم تسجيل أضعف القيم عند الأفراد cir6 و cir5 قدرت بمعدل 0.44 ± 1.84 , 0.17 ± 1.68 غ على التوالي.

كما اتضح من تحليل التباين (الملحق 4) بالنسبة لوزن الحبات بالسنبلة وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=4.182$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وكشف تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 4) تميز خمسة مجموعات متميزة (A, AB, ABC, BC و C):

- المجموعة A: تشمل الأفراد cir3, mel10, cir7, mel2, cir4, mel6, mel5, mel1 و cir9 بأكبر معدل لوزن الحبات بالسنبلة.
- المجموعتين ABC و BC: تشمل الأفراد cir1, cir8, cir2, mel9, mel3, mel4, mel7, mel10 و mel8 بقيمة متوسطة لوزن الحبات بالسنبلة.
- المجموعتين BC و C: تضم الأفراد cir5 و cir6 التي أعطت أقل معدل لوزن الحبات بالسنبلة.



الشكل (15): وزن الحبات في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

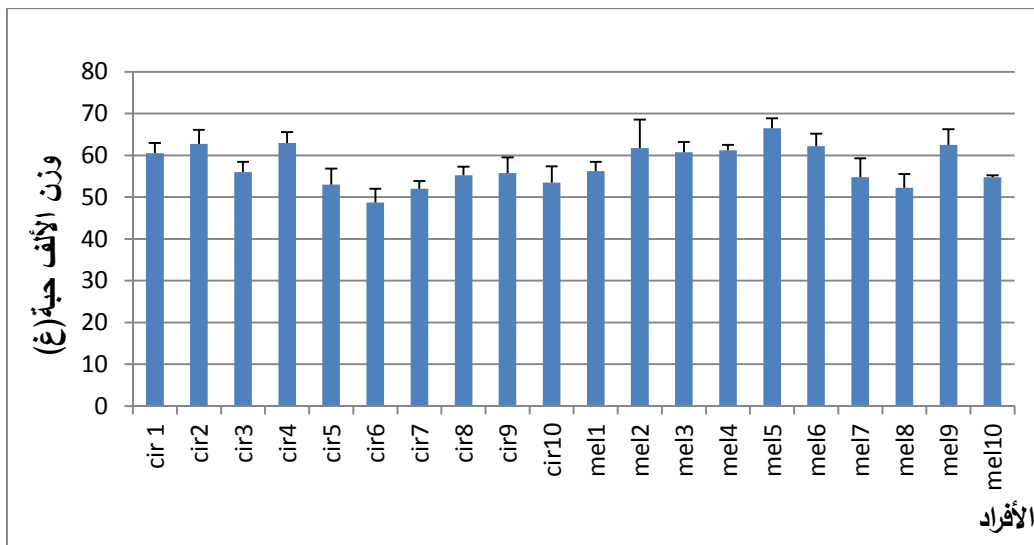
ل وزن الألف حبة (PMG)

يتضح من (الشكل 16) و (الملحق 3) أن النتائج المتحصل عليها بالنسبة لوزن الألف حبة تتراوح معدلاتها بين 3.30 ± 48.75 و 3.82 ± 66.5 غ، حيث تم تسجيل أعلى قيم عند الأفراد mel5، cir4، cir2، mel9، mel6، mel2، mel4، mel3 و cir1 وقدرت بقيمة 3.82 ± 66.5 ، 2.58 ± 63 ، 3.40 ± 62.75 ، 2.51 ± 60.5 غ على الترتيب. في حين تم تسجيل أقل القيم عند الأفراد cir5، mel8، cir7 و cir6 وقدرت بقيمة 3.82 ± 53 ، 3.30 ± 52.25 ، 1.82 ± 52 ، 3.30 ± 48.75 غ على التوالي.

من خلال تحليل التباين (الملحق 4) بالنسبة لوزن الألف حبة تبين وجود اختلاف معنوي عالي جدا ($F=8,565$ عند الحد $=0,0001$).

ومن تحليل اختبار Newman-Keuls عند المستوى 5% (الملحق 4) صنفت الأفراد إلى ثمانية مجموعات (A، AB، ABC، ABCD، BCDE، CDE، DE، E):

- المجموعات A، AB، ABC و ABCD: تحتوي على الأفراد mel5، cir4، cir2، mel9، mel6، mel2، mel4، mel3 و cir1 التي تمثل أعلى قيمة لوزن ألف حبة.
- المجموعات BCDE، CDE و DE: تضم الأفراد mel11، cir3، cir9، cir8، mel10، mel7 و cir10 التي تميزت بقيم متوسطة لوزن ألف حبة.
- المجموعة E: تتمثل في الأفراد cir5، mel8، cir7 و cir6 التي أعطت أقل معدل لوزن ألف حبة.



الشكل (16): وزن ألف حبة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-1-4 تحليل التنوع المورفوفيزيولوجي والمردود Analyse de la variabilité morphophysologique et rendement

تم تحليل المكونات الأساسية (ACP) لعشرة أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*، بحيث يضم التحليل 10 معايير.

سجلت نسبة المعلومات (الجدول 8) المعطاة على المحاور (Axe1)F1، (Axe2)F2 و (Axe3)F3 على الترتيب 38,22%، 18,63% و 14,38% بمجموع كلي يساوي 71.22% وتعتبر هذه نسبة كافية لإظهار التنوع.

الجدول (8): نسبة المحاور (1، 2 و 3)

	F1	F2	F3
Valeur propre	3.822	1.863	1.438
Variance	38.215	18.630	14.377
Totales	71.222		

3-1-4-1 دراسة مصفوفة معامل الارتباط Matrice de corrélation

كشفت تحليل الارتباط بين المقاييس المدروسة (الجدول 9) وجود ارتباطا ايجابيا معنويا جدا وايجابيا معنويا بين مختلف المعايير المورفوفيزيولوجية ومكونات المردود.

- سجل طول عنق السنبله ارتباطا ايجابيا معنويا جدا مع طول النبات ($r=0.92$).
- وجد ارتباطا ايجابيا معنويا جدا بين طول السنبله مع عدد السنيبلات في السنبله ($r=0.72$) وعدد الحبوب في السنبله ($r=0.62$).
- تم تسجيل وجود ارتباطا ايجابيا معنويا جدا بين عدد الحبات بالسنبله مع طول السفاة ($r=0.61$) بإضافة إلى وجود ارتباط ايجابي معنوي مع وزن الحبات بالسنبله ($r=0.56$).
- سجل وزن الحبات بالسنبله ارتباطا ايجابيا معنويا جدا مع عدد الحبات بالسنبله ($r=0.87$).
- وجد ارتباط ايجابيا معنويا بين وزن ألف حبة مع عدد السنيبلات بالسنبله ($r=0.54$) ووزن الحبات بالسنبله ($r=0.51$).

الجدول (9): مصفوفة الارتباط للمعايير المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

	SF	LP	LB	Lé	LC	TRE(%)	NEP/EP	NG/E	PG/EP	PMG
SF	1									
LP	-0,017	1								
LB	0,147	0,470	1							
Lé	0,177	0,227	0,445	1						
LC	0,100	0,926	0,293	0,214	1					
TRE(%)	0,268	-0,074	0,059	0,074	0,123	1				
NEP/EP	-0,127	0,074	0,313	0,728	0,018	0,052	1			
NG/E	-0,102	0,312	0,615	0,628	0,188	-0,232	0,459	1		
PG/EP	-0,077	0,364	0,561	0,492	0,201	-0,291	0,429	0,870	1	
PMG	-0,040	0,065	0,082	0,325	0,010	-0,001	0,542	0,407	0,514	1

2-4-1-3 Etude des variables دراسة المعايير

من (الشكل 17 : A,B) و(الملحق 5) توزعت المقاييس المدروسة على المحاور الأول، الثاني والثالث (Axe1، Axe2 وAxe3) بحيث:

تتمثل المقاييس المتوزعة على المحور الأول (Axe1) في: طول السفاة (LB)، طول السنبلية (LE)، عدد السنيبلات بالسنبلية (NEP/EP)، عدد الحبات بالسنبلية (NG/E)، وزن الحبات بالسنبلية (PG/EP) ووزن ألف حبة (PMG). وذلك من الناحية الموجبة.

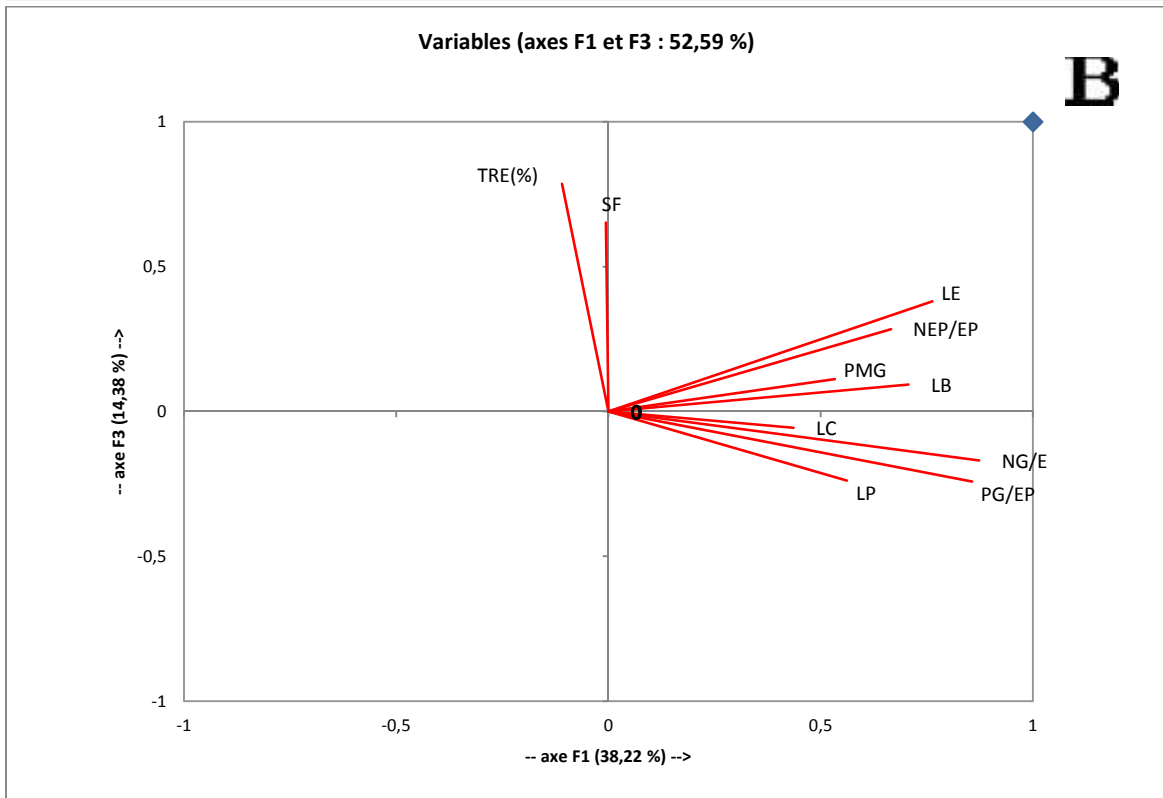
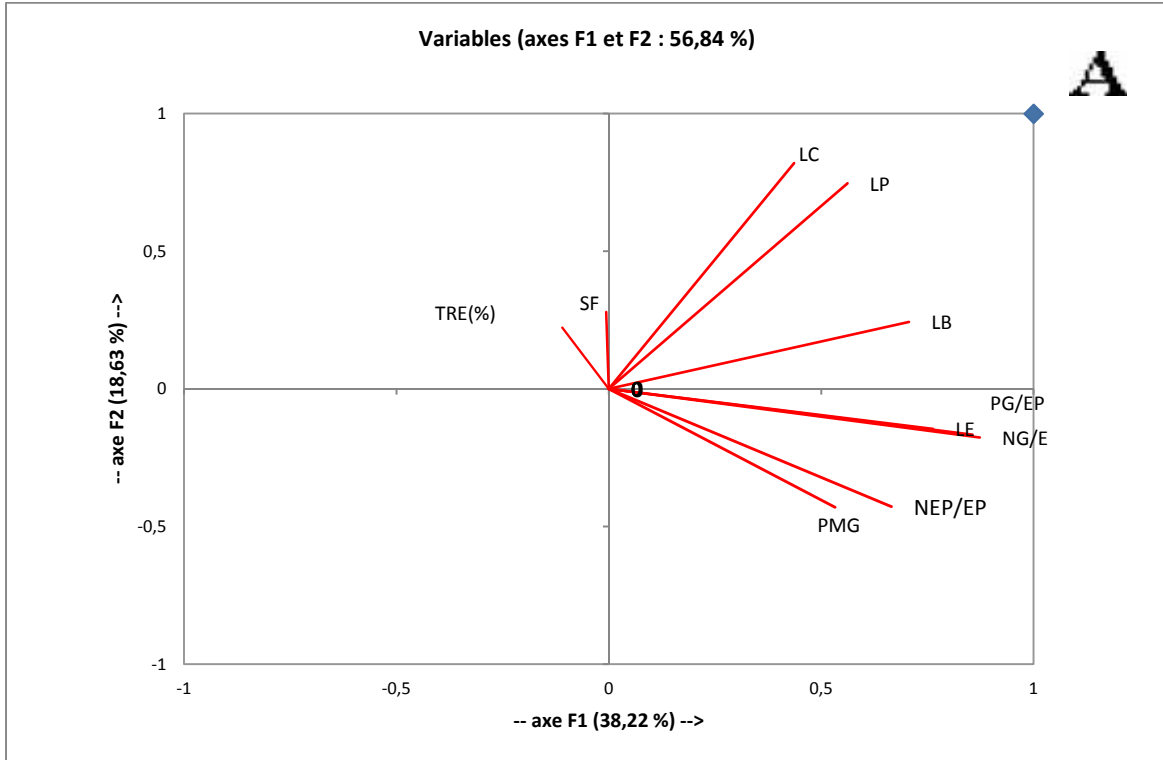
كشفت التحليل أن المحور الأول (Axe1) يتميز بمقاييس مرفولوجية ومردودية.

يتشكل المحور الثاني (Axe2) من الجهة الموجبة بالمقاييس طول النبات (LP) وطول عنق السنبلية (LC).

بين التحليل أن المحور الثاني (Axe2) يتصف بمقاييس مرفولوجية.

أما المحور الثالث (Axe3) فتميز بالمعيارين: مساحة الورقة (SF) والمحتوى النسبي للماء (TRE).

يتكون المحور الثالث (Axe3) من المقاييس المرتبطة بالمعايير المرفوفيزيولوجية.



الشكل (17 : A,B) : حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP المتشكلة من : A : Aex1,2 (Plan :1,2) :B (Plan :1,3) :Axe1,3 للمصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-1-4-3 دراسة الأفراد

اتضح من توزيع الأفراد على المحاور 1، 2 و 3 المبينة في (الشكل 18 : A,B) و (الملحق 5) أن الأفراد mel1، mel2، mel5، mel6 و mel10 توجد في الجهة الموجبة من المحور الأول وتتميز بالمقاييس التالية: طول السفاة (LB)، طول السنبله (LE)، عدد الحبات بالسنبله (NG/E)، عدد السنيبلات بالسنبله (NEP/EP)، وزن الحبات بالسنبله (PG/EP) ووزن ألف حبة (PMG).

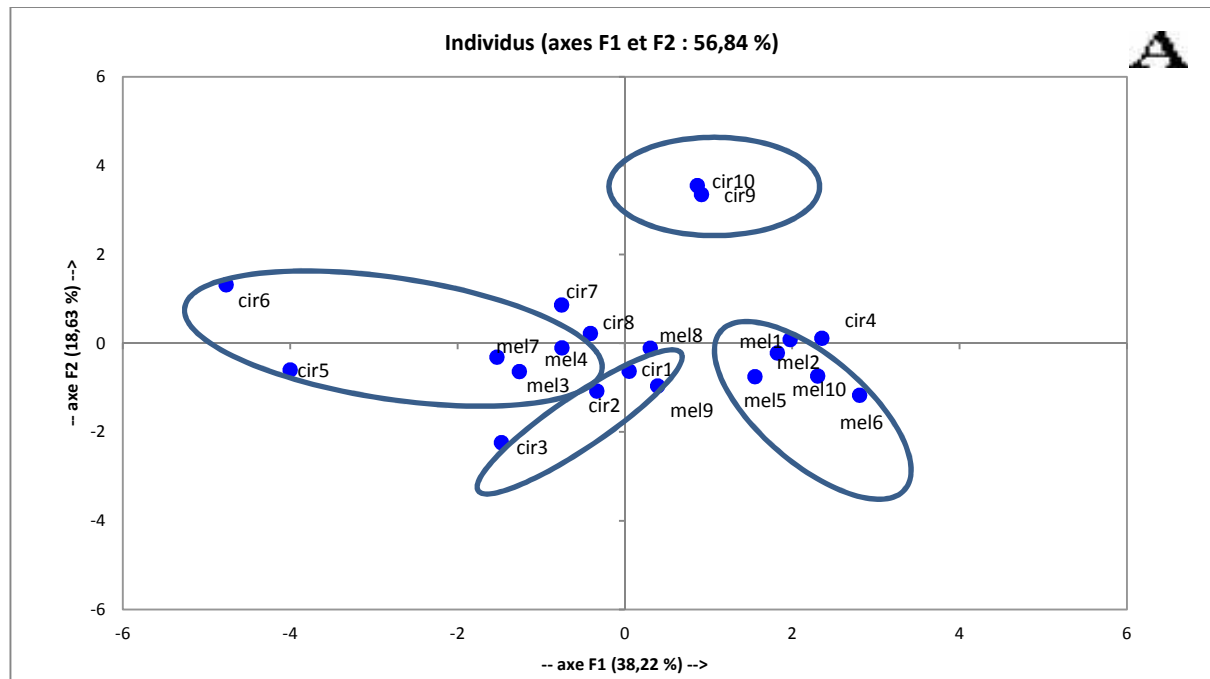
فيما وجد الأفراد cir5، cir6، mel3، mel4 و mel7 في الجهة السالبة من المحور الأول والتي أخذت قيم أقل أهمية فيما يخص المقاييس سابقة الذكر.

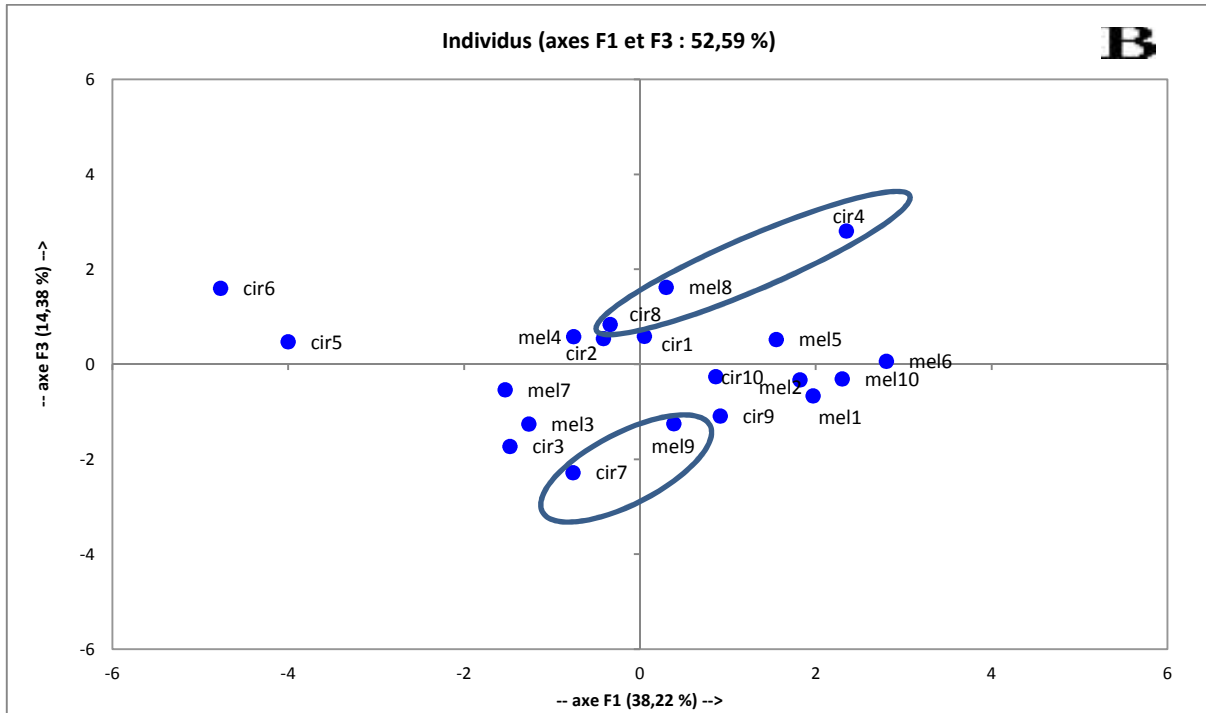
توزع كل من الفردين cir9 و cir10 في الجهة الموجبة من المحور الثاني وأعطى كلا الفردين أعلى القيم بالنسبة للمقاييس: طول النبات (LP) وطول عنق السنبله (LC).

في حين تواجدت الأفراد cir1، cir2 و cir3 في الجهة السالبة للمحور الثاني وأخذت قيم أقل بالنسبة للمقاييس المذكورة مع الفردين cir9 و cir10.

بينما توزعت الأفراد cir4، cir8 و mel8 في الجهة الموجبة من المحور الثالث واتصفت بالمقاييس التالية: مساحة الورقة (SF)، المحتوى النسبي للماء (TRE).

أما الفردين cir7 و mel9 تواجدا في الجهة السالبة من نفس المحور وتميزا بقيم أقل فيما يتعلق بالمعايير السابقة الذكر.





الشكل (18 : A,B): تمثيل الأفراد على المحاور: A: Aex1,2 (Plan:1,2) B: Aex1,3 (Plan:1,3) للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

نستخلص من الدراسة الإحصائية للتنوع المورفولوجي والمردود بتميز 6 مجموعات مما يبين وجود اختلاف في سلوك المعايير بين الأفراد:

- 1) المجموعة الأولى تضم الأفراد mel1، mel2، mel5، mel6 و mel10 التي تميزت بأكبر القيم بالنسبة: طول السفاة (LB)، طول السنبلية (LE)، عدد الحبات بالسنبلية (NG/E)، عدد السنيبلات بالسنبلية (NEP/EP)، وزن الحبات بالسنبلية (PG/EP) ووزن ألف حبة (PMG).
- 2) المجموعة الثانية تحتوي على الأفراد cir5، cir6، cir3، mel4 و mel7 التي أعطت أضعف القيم بالنسبة لطول السفاة (LB)، طول السنبلية (LE)، عدد الحبات بالسنبلية (NG/E)، عدد السنيبلات بالسنبلية (NEP/EP)، وزن الحبات بالسنبلية (PG/EP) ووزن ألف حبة (PMG).
- 3) المجموعة الثالثة تشمل الفردين cir9 و cir10 اللذان يحتويان على أعلى القيم بالنسبة لطول النبات (LP) وطول عنق السنبلية (LC).
- 4) المجموعة الرابعة تتشكل من الأفراد cir1، cir2 و cir3 التي بينت أضعف القيم لطول النبات (LP) وطول عنق السنبلية (LC).

المجموعة الخامسة تتكون من الأفراد cir4، cir8 و mel8 التي تميزت بأعلى القيم بالنسبة لمساحة الورقة (SF) والمحتوى النسبي للماء (TRE).

المجموعة السادسة ضمت الفردين cir7 و mel9 اللذان كشفوا أقل القيم لمساحة الورقة (SF) والمحتوى النسبي للماء (TRE).

3-1-5 الدراسة البيوكيميائية

تمت الدراسة البيوكيميائية على عشرة أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus* بحيث تم اختيار الأفراد ذات القيم العالية وذلك لتحليل البروتينات الكلية، وأظهرت النتائج من خلال الأوزان الجزيئية للحزم لكل فرد.

بينت النتائج المتحصل عليها من خلال الرحلان الكهربائي للبروتينات الكلية عدد مختلف من الأحزمة وأوزانها الجزيئية، ومن تحليل الهلام الشكل (19)، الجدول (10 و 11) تم كشف وجود 20 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين KDa79 - KDa10. منها 8 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد تحت الدراسة وذات أوزان جزيئية: 37، 36، 35، 33، 32، 14، 12 و KDa 10.

تبين من النتائج أن أكبر عدد للحزم ظهر عند الأفراد mel9، mel10، cir7 و cir8 بمجموع 15 حزمة لكل فرد ذات أوزان جزيئية: 79، 70، 50، 45، 40، 37، 36، 35، 33، 32، 25، 17، 14، 12 و KDa10، وتميزت هذه الأفراد بأكثر تنوع Polymorphisme قدر بنسبة 46.66%.

بين الفرد mel5 كشف وجود 15 حزمة ذات أوزان جزيئية: 79، 70، 58، 50، 45، 40، 37، 36، 35، 33، 32، 17، 14، 12 و KDa10. كما أوضح تنوع Polymorphisme بنسبة 46.66%.

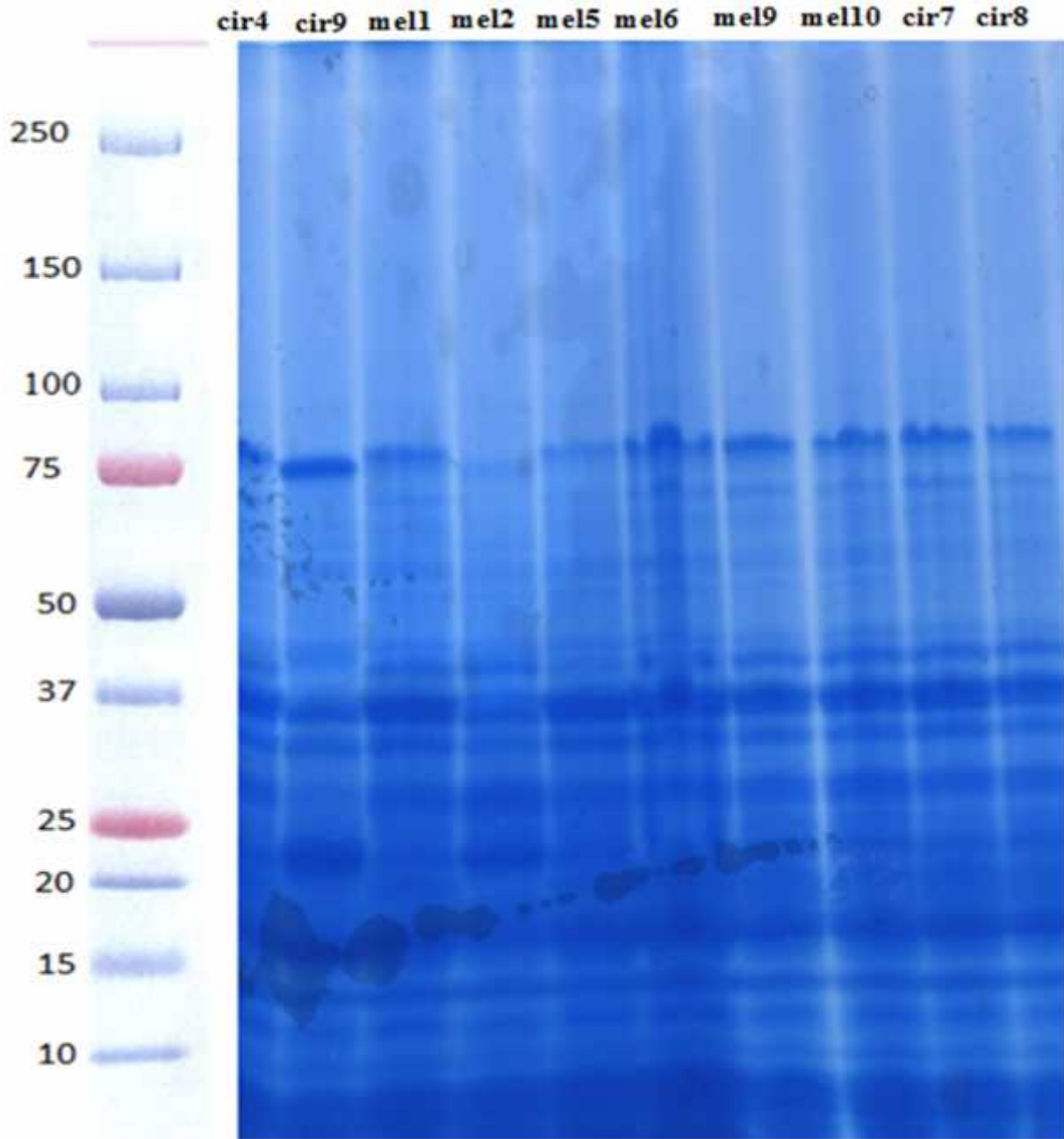
أعطى الفرد mel6 14 حزمة ذات أوزان جزيئية: 79، 70، 50، 45، 40، 37، 36، 35، 33، 32، 17، 14، 12 و KDa10. مع تنوع Polymorphisme بنسبة 42.85%.

أعطى الفرد mel11 مجموع 13 حزمة ذات أوزان جزيئية: 79، 70، 58، 45، 40، 37، 36، 35، 33، 32، 14، 12 و KDa10. مع تنوع Polymorphisme بنسبة 38.46%.

سجل الفرد cir4 مجموع 14 حزمة بأوزان جزيئية: 32، 33، 35، 36، 37، 40، 45، 58، 59، 79، حزمة ذات وزن جزيئي 59 KDa، كما تم به كشف تنوع Polymorphisme بنسبة 42.85%.

أظهرت النتائج أن عدد الحزم للفرد mel2 قدرت ب13 حزمة ذات أوزان جزيئية: 37، 40، 45، 58، 36، 35، 33، 32، 23، 22، 14، 12 و10 KDa، كما بين هذا الفرد تنوع Polymorphisme قدر بنسبة 38.46%.

كشف الفرد cir9 مجموع 12 حزمة، قدرت أوزانها الجزيئية ب: 23، 32، 33، 35، 36، 37، 58، 75، حزمة ذات وزن جزيئي 75 KDa و10 و12 KDa، كما سجل وجود حزمة نوعية خاصة موجبة ذات وزن جزيئي 75 KDa وحزمتين نوعيتين سالبتين ذات وزن جزيئي 40 و45 KDa وتميز هذا الفرد بتنوع Polymorphisme بنسبة 33,33%.



الشكل(19): صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات الكلية عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.

النتائج والمناقشة

الجدول(10): عدد الحزم و الأوزان الجزيئية الموجودة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

n b	PM	cir4	cir9	mel1	mel2	mel5	mel6	mel9	mel10	cir7	cir8	
1	79	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	P
2	75	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	U(+)
3	70	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	P
4	59	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	U(+)
5	58	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	P
6	50	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	P
7	45	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	U(-)
8	40	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	U(-)
9	37	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
10	36	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
11	35	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
12	33	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
13	32	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
14	25	-				-	-	+	+	+	+	P
15	23	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	P
16	22	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	P
17	17	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	P
18	14	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
19	12	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
20	10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
	Total	14	12	13	13	15	14	15	15	15	15	T=141

+: Présence, -: Absence, M: monomorphes, P: Polymorphique, U: bande unique.

الجدول(11): عدد الحزم المشتركة (Monomorphes) و المتنوعة (Polymorphe) ونسبة Polymorphisme للأفراد

المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

(Génotypes)	(Monomorphes)	(Polymorphe)		(Total)	(Polymorphe%)
		Bonde unique	Bonde non unique		
cir4	8	1	5	14	42.85 %
cir9	8	1	3	12	33.33 %
mel1	8	0	5	13	38.46 %
mel2	8	0	5	13	38.46 %
mel5	8	0	7	15	46.66 %
mel6	8	0	6	14	42.85 %
mel9	8	0	7	15	46.66 %
mel10	8	0	7	15	46.66 %
cir7	8	0	7	15	46.66 %
cir8	8	0	7	15	46.66 %

دراسة شجرة القرابة Dendrogramme

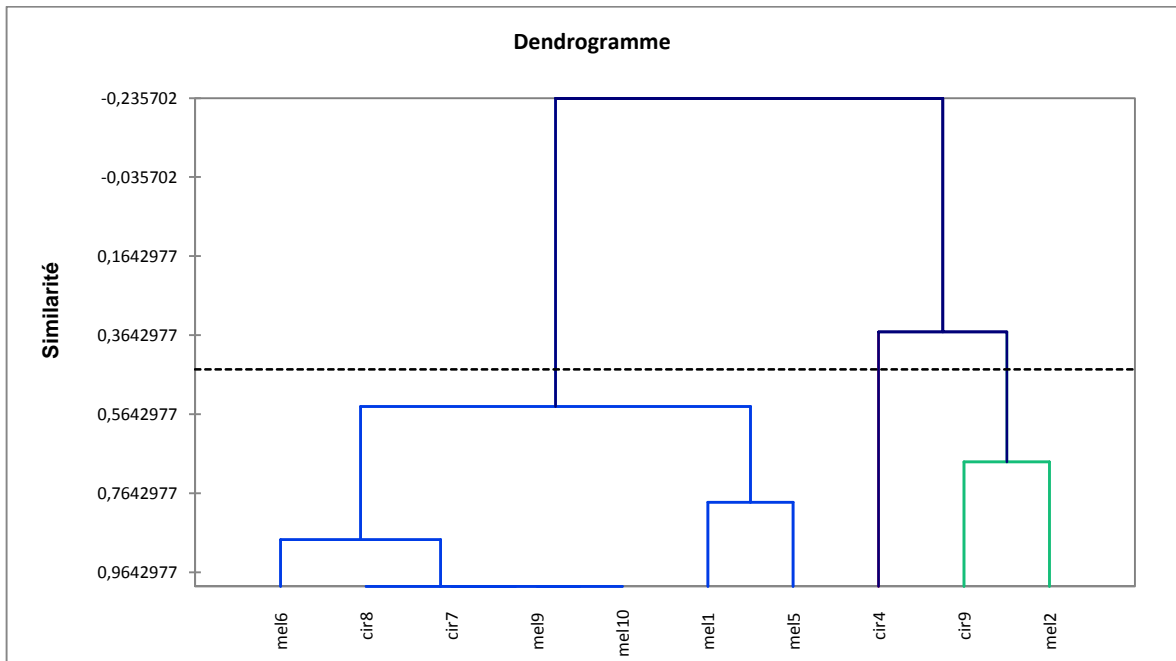
تم انشاء شجرة القرابة للأفراد المختارة من خلال صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات (الشكل 19)، والتي تبين العلاقة الوراثية بين 10 أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*. من خلال الشكل (20) لشجرة القرابة تبين وجود مجموعتين رئيسيتين في مستوى حوالي 46% من نسبة التقارب Similarité:

المجموعة الأولى تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى تنقسم إلى مجموعتين احدهما ضمت الأفراد mel6، cir8، cir7 حيث سجلت نسبة تقارب وراثي بينهم قدر ب 90% وأخرى احتوت على الفردين mel9 و mel10 وتم تسجيل أعلى قرابة وراثية بينهما بنسبة 96%.
- تحت المجموعة الثانية ضمت الفردين mel1 و mel5 والتي توضح وجود قرابة وراثية بين الفردين بنسبة بلغت حوالي 76%.

المجموعة الثانية تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى تتمثل في الفرد cir4 وهو منفرد.
- تحت المجموعة الثانية تضم الفردين cir9 و mel2 حيث تبين وجود تقارب وراثي بين هذين الفردين في مستوى حوالي 66%.



الشكل (20): شجرة القرابة للأفراد المختارة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

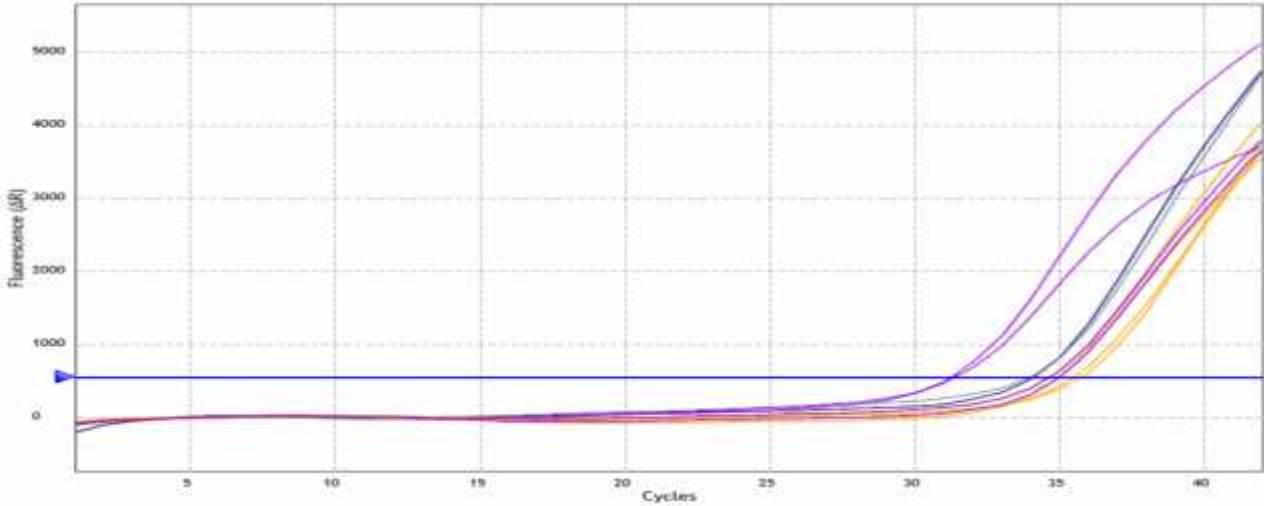
نستخلص من الدراسة البيوكيميائية خلال الموسم الزراعي 2014/2013 وجود مجموع 20 حزمة ذات أوزان جزيئية 10-79 KDa. منها 8 حزم مشتركة بين الأفراد المدروسة، مع تسجيل حزمة نوعية خاصة عند الفرد4cir و 3 حزم نوعية خاصة عند الفرد cir9 ذات وزن جزيئي 59، 75، 45 و KDa40 على الترتيب، كما كشفت الأفراد mel5، mel9، mel10، cir7 و cir8 أكبر عدد من الحزم بلغ 15 حزمة وأكبر نسبة تنوع polymorphisme قدر بنسبة 46.66%.

3-1-6 الدراسة الجزيئية

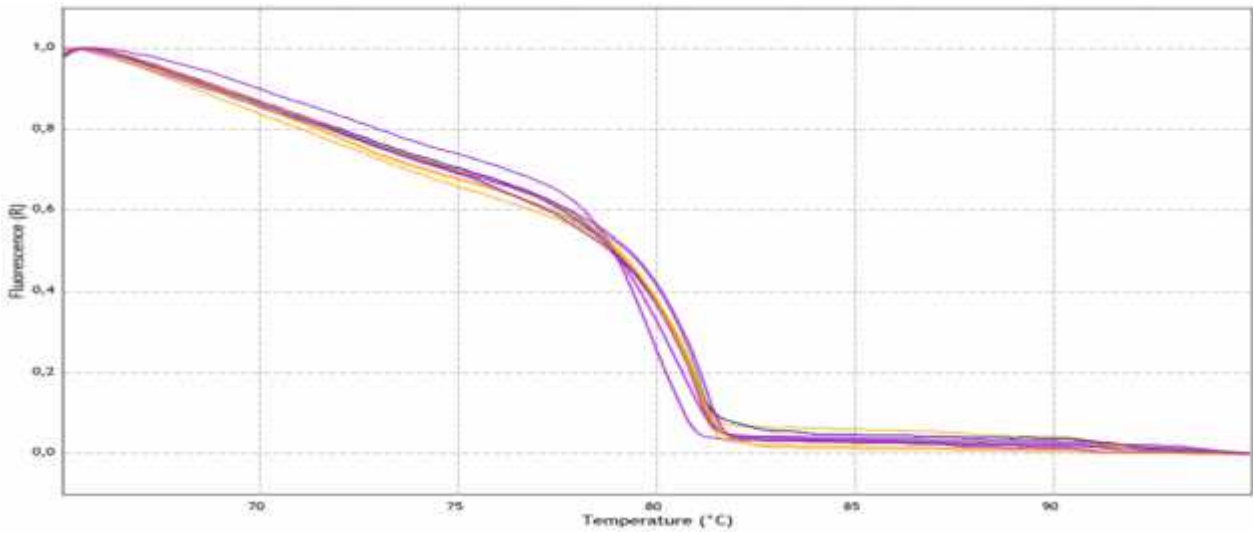
تمت الدراسة الجزيئية على عشرة أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus* بحيث تم اختيار الأفراد ذات القيم العالية خلال الموسم الزراعي 2014/2013، وتم تجريب 5 بادئات منها بادئة لم تعطي تفاعلا مع ADN المستخلص من الأفراد محل الدراسة، بينما أعطت 4 بادئات تفاعلا مع جميع الأفراد. سجلت النتائج المبينة في الشكل (21، 24، 27 و 30) أنه كلما زادت عدد الدورات لتقنية (PCR) تزداد الفلورة وهي تعبر عن تزايد كميات سلاسل ADN المتكونة (ADN amplification) بحسب البادىء المستعمل.

- البادىء Xwms47

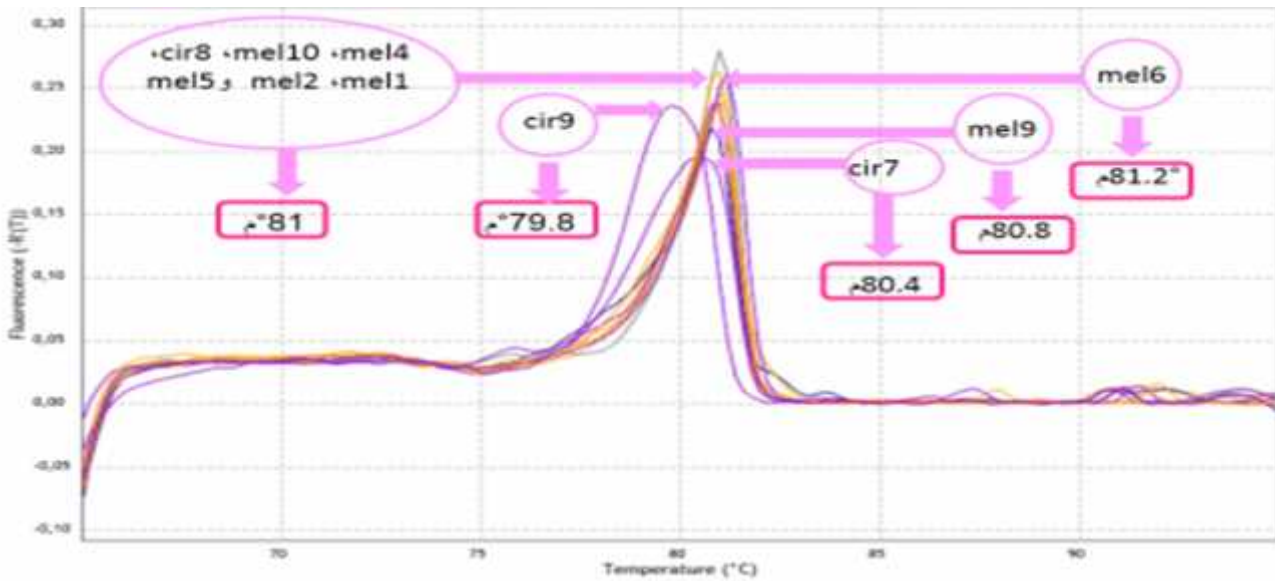
اتضح من نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادىء Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 79.8-81.2°م. بحيث تميزت الأفراد mel4، mel10، cir8، mel1، mel2 و mel5 بنفس درجة حرارة الإنصهار قدرت ب 81°م، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أعطت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes) في حين الأفراد cir9، cir7، mel9 أعطت قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار قدرت ب 80.8، 80.4، 79.8 و 81.2°م على الترتيب، مما يفسر وجود اختلاف وراثي بينها ومع بقية الأفراد تحت الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضح الشكل (22 و 23) والملحق (6).



الشكل(21): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus circumflexum* عند البادئ Xwms47.



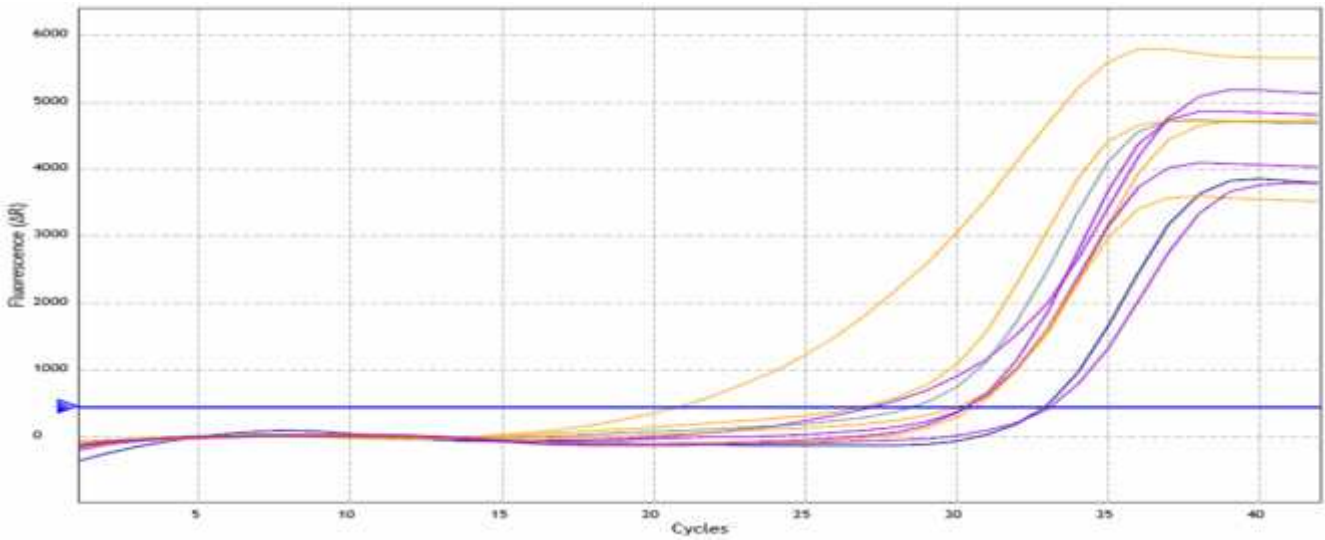
الشكل(22): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47.



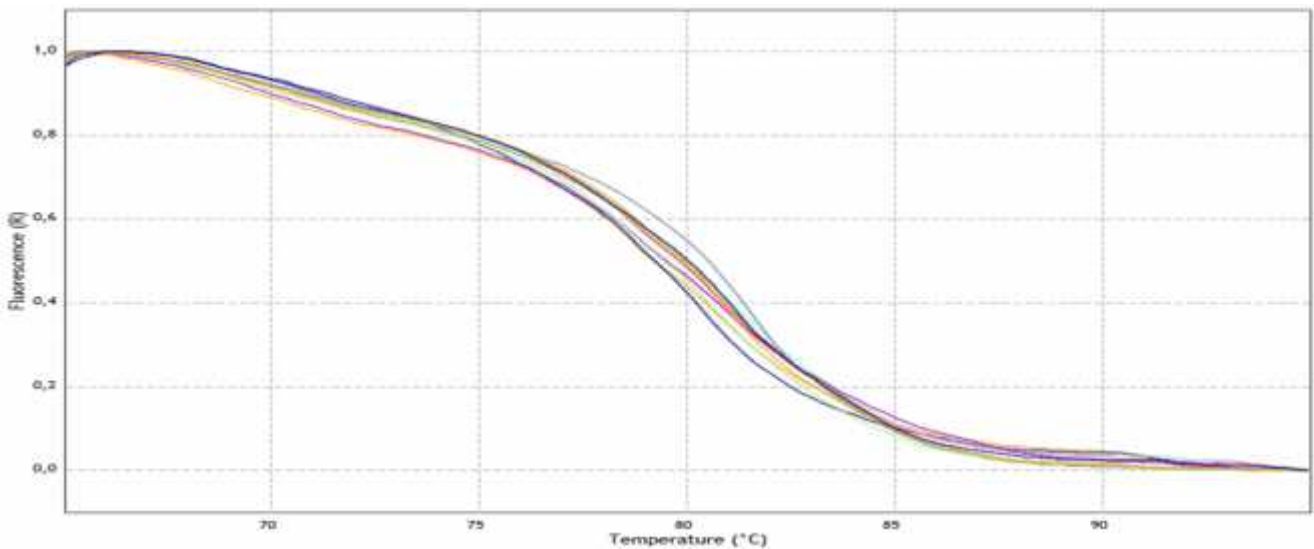
الشكل(23): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.

البادئ Xwms46

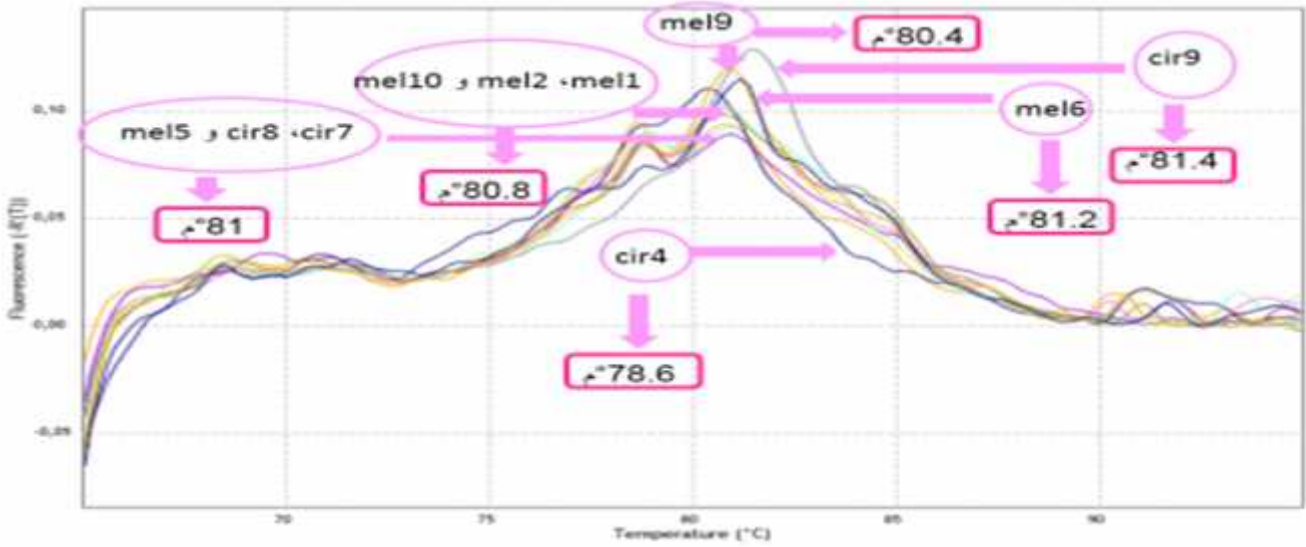
تبين من نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms46 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 78.6-81.6°م. بحيث أعطت الأفراد cir7، cir8 و mel5 نفس درجة حرارة الإنصهار قدرت ب 81°م وكذلك الأفراد mel1، mel2 و mel10 تميزت بنفس درجة حرارة الإنصهار بلغت 80.8°م، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أخذت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، في حين الأفراد cir9، mel6، mel9 و cir4 أعطت قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار قدرت ب 81.6، 81.2، 80.4 و 78.6°م على الترتيب، مما يفسر وجود اختلاف وراثي بينها ومع بقية الأفراد محل الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (25 و 26) والملحق (6).



الشكل (24): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms46.



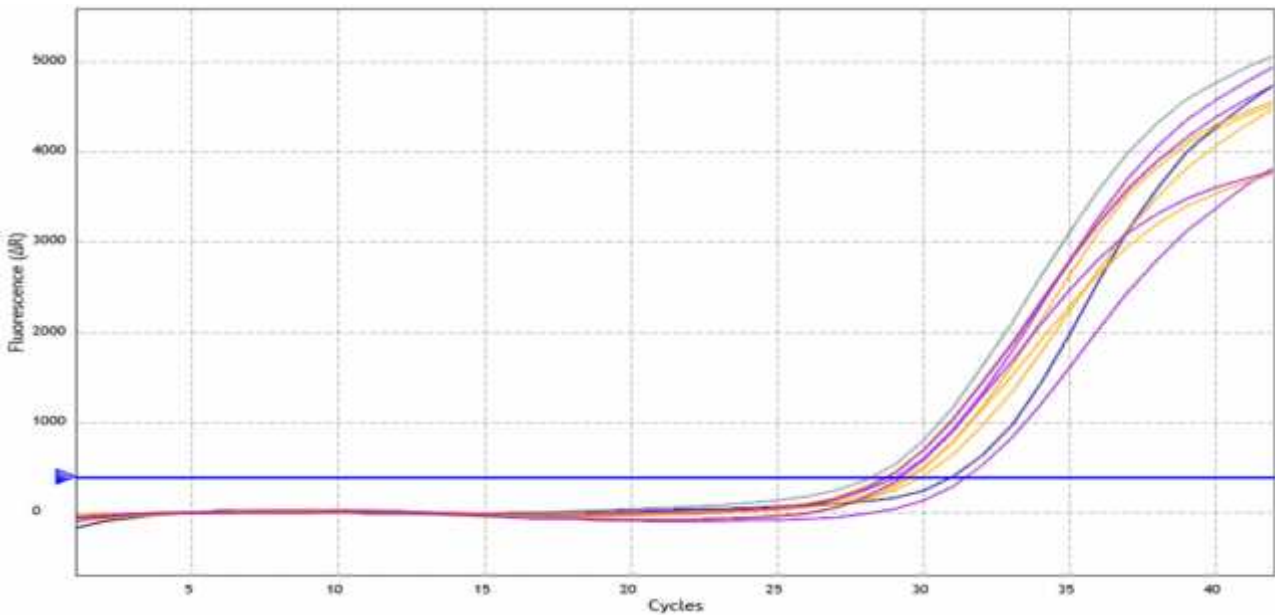
الشكل (25): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms46.



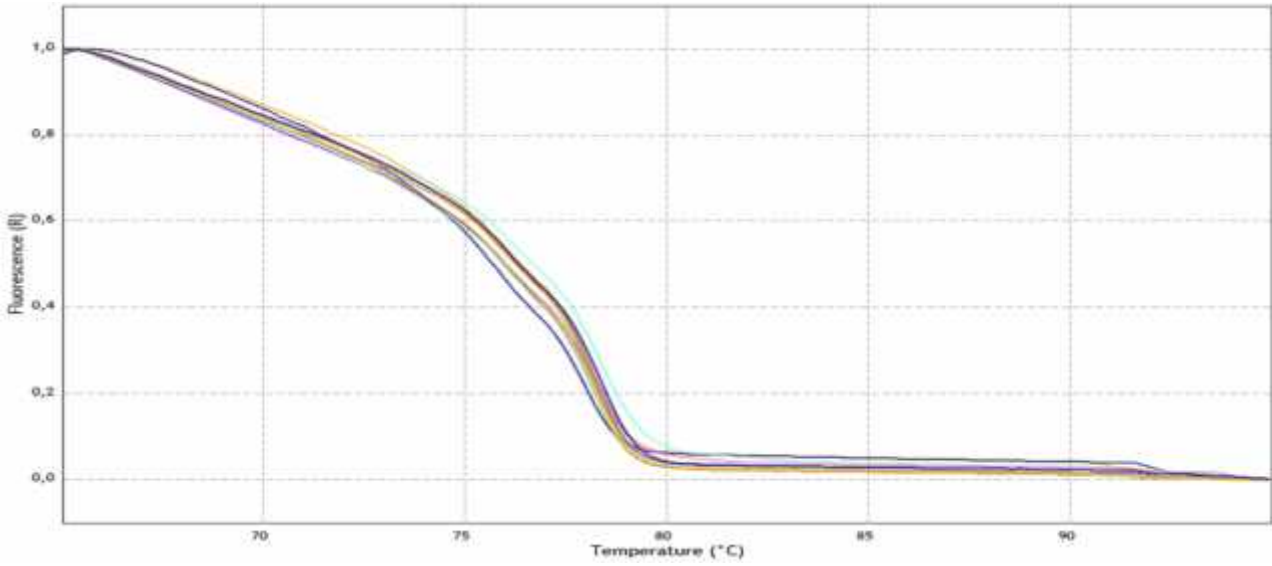
الشكل (26): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms46.

البادئ Xwms499

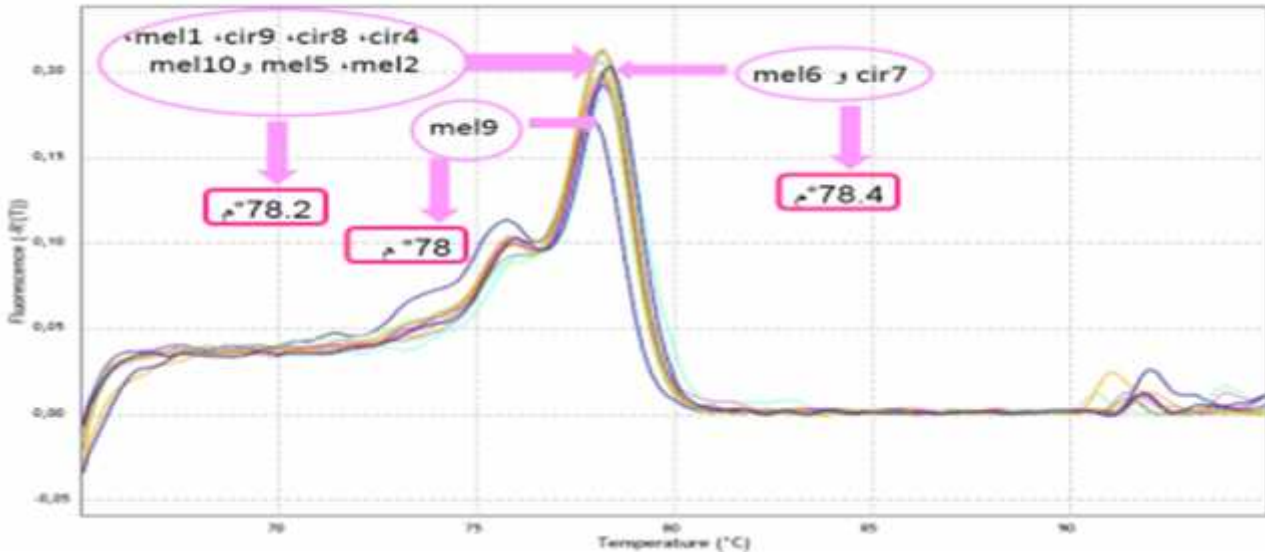
سجلت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms499 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 78-78.4 م. حيث أعطت الأفراد cir4، cir8، cir9، mel1، mel2، mel5 و mel10: 78.2 م وكذلك الفردين cir7 و mel6: 78.4 م، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي تميزت بنفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، فيما أظهر الفرد mel9 درجة حرارة انصهار مختلفة قدرت بقيمة 78 م، مما يفسر اختلافه عن بقية الأفراد تحت الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (28 و 29) والملحق (6).



الشكل (27): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصفين *melanopus circumflexum* عند البادئ Xwms499.



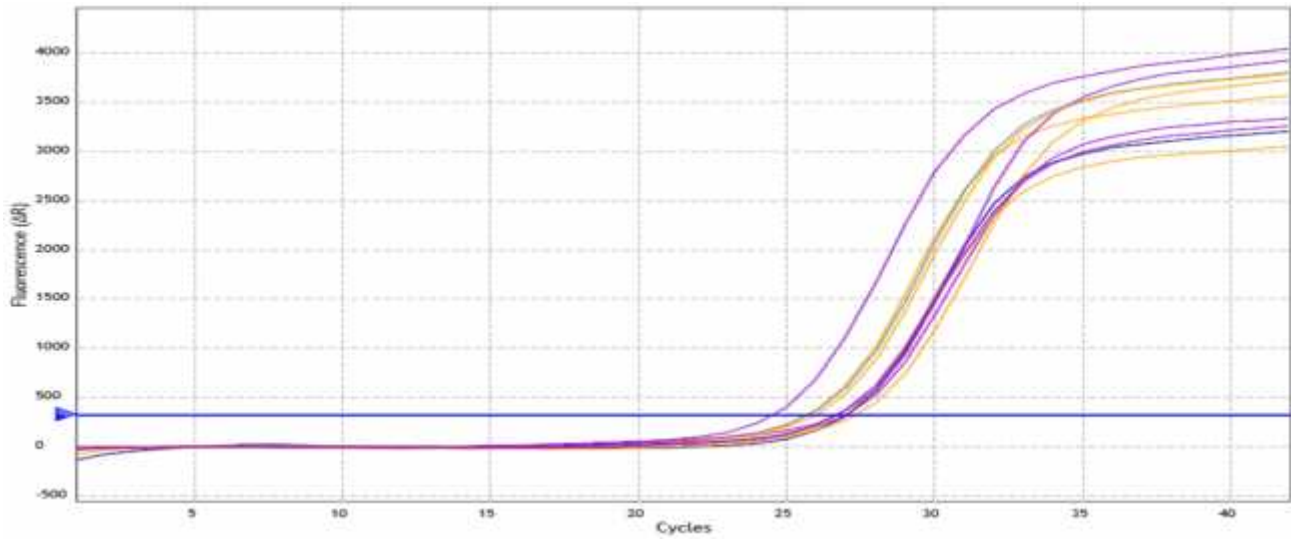
الشكل (28): منحنى الذوبان لتقنية (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms499.



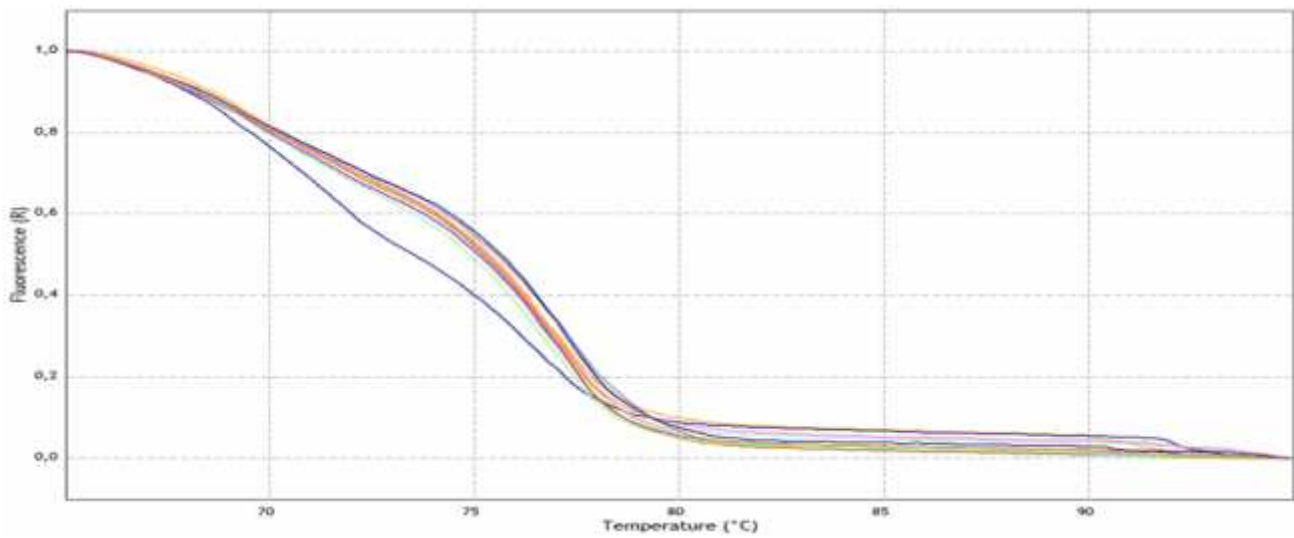
الشكل (29): مشتق منحنى الذوبان لتقنية (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms499.

البادئ Xwms132

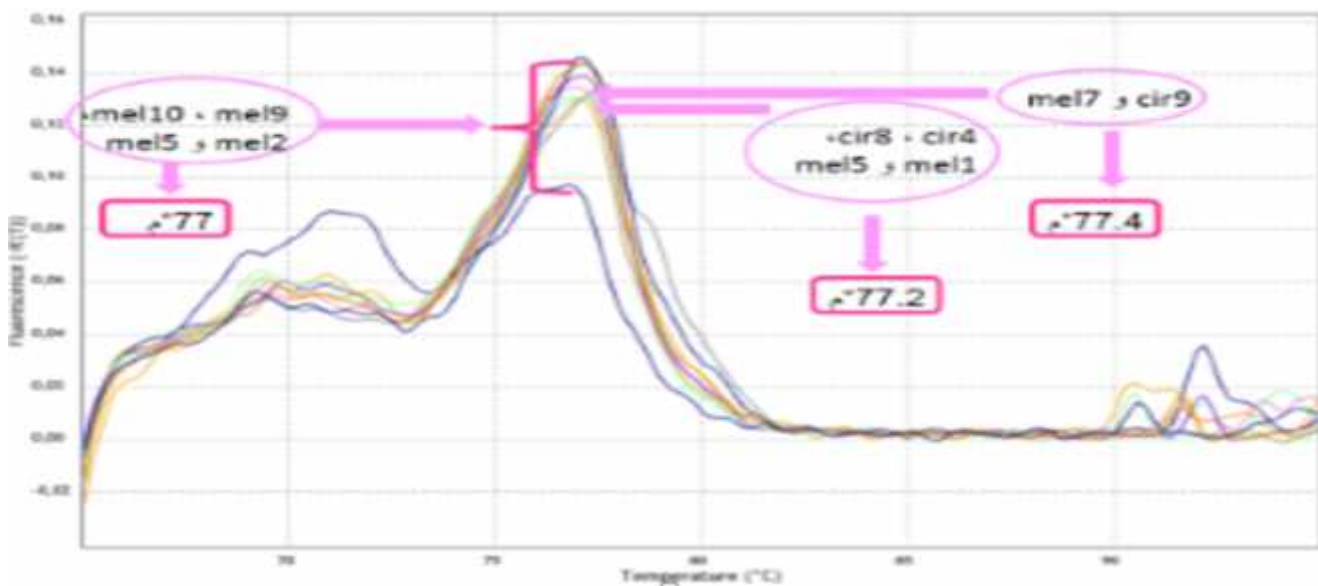
أظهرت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms132 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 77-77.4°C. حيث أخذت الأفراد cir4، cir8، mel1 و mel5: 77.2°C وكذلك الأفراد mel9، mel10، mel2 و mel6: 77°C كما أظهر الفردين cir7 و cir9 درجة حرارة انصهار قدرت ب 77.4°C، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أعطت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes). وهو ما يوضحه الشكل (31 و 32) والملحق (6).



الشكل(30): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة لصنفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms132



الشكل(31): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms132.



الشكل(32): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms132.

بناء على درجة القرابة باستعمال الأنظمة الجزئية، أمكن تمييز الأفراد mel1، mel2 و mel10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئات Xwms47، Xwms46 و Xwms499، كذلك الفردين cir8 و mel5 أعطيا نفس درجة حرارة الإنصهار عند البادئات Xwms47، Xwms46، Xwms499 و Xwms132، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بينهما.

3-2 النتائج المرفوفيزيولوجية، المردودية، البيوكيميائية والجزئية للموسم الزراعي 2015/2014

3-2-1 المقاييس المرفولوجية

أعطت النتائج المبينة في الشكل (33) و (الملحق 7) للقياسات المرفولوجية (LB,LE,LC,LP) مايلي

ج طول النبات (LP)

سجلت النتائج المتحصل عليها لطول النبات أنها تتراوح ما بين 2.21 ± 58 - 5.19 ± 105.5 سم، حيث أعطت الأفراد cir9، cir10، mel2، cir7، mel1، mel5، mel10 و mel6 أعلى القيم بلغت 5.19 ± 105.5 ، 3.30 ± 104.75 ، 2.21 ± 85.75 ، 3.10 ± 83.25 ، 1.89 ± 78.75 ، 2.21 ± 78.25 ، 1.8 ± 78 ، 4.08 ± 78 سم على التوالي، بينما كانت أقل القيم المسجلة لطول النبات عند الأفراد cir6، cir5 و cir3 بقيمة 2.21 ± 58 ، 2.44 ± 60 ، 3.55 ± 62 سم على الترتيب.

أظهر تحليل التباين (الملحق 8) لمقياس طول النبات وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=63.395$ *** عند الحد $a=0.0001$).

ومن تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) سجل سبع مجموعات متمايزة (A، B، BC، CD، DE، E و F):

- المجموعات A، B، BC و CD: تضم الأفراد cir9، cir10، mel2، cir7، mel1، mel5، mel10 و mel6 بأعلى القيم لطول السفاة.
- المجموعتين DF و E: تشمل الأفراد cir4، mel9، mel3، cir8، cir2، cir1، mel7، mel4 و mel8 بقيم متوسطة لطول السفاة.
- المجموعة F: تتمثل في الأفراد cir6، cir5 و cir3 بأقل معدل لطول النبات.

ج طول عنق السنبلية (LC)

بينت النتائج أن طول عنق السنبلية عند الأفراد المدروسة تراوح بين 1.25 ± 10.25 - 2.44 ± 38 سم، حيث ظهرت الأفراد $cir9$ ، $cir10$ ، $cir1$ ، $cir8$ و $mel2$ بأعلى طول بقيم قدرها 2.44 ± 38 ، 2.62 ± 37.75 ، 2.21 ± 27.25 ، 0.5 ± 25.75 ، 3.10 ± 25.5 على الترتيب. بينما أعطى الفردين $cir5$ و $cir3$ أقل القيم لطول عنق السنبلية قدرها 0.5 ± 18.25 ، 1.25 ± 10.25 على التوالي.

وبين تحليل التباين (الملحق 8) وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=35.619$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وحسب اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) بين وجود عشر مجموعات (A، B، BC، BCDE، CDEF، DEF، EF، F و G):

- المجموعات A، B، BC و BCDE: تضم الأفراد $cir8$ ، $cir1$ ، $cir10$ ، $cir9$ و $mel2$ بأعلى معدلات لطول عنق السنبلية.
- المجموعات BCDE، CDEF، DEF و EF: تشمل الأفراد $cir4$ ، $mel10$ ، $mel5$ ، $mel11$ ، $mel3$ ، $mel6$ ، $mel4$ ، $cir7$ ، $cir2$ ، $mel8$ ، $mel9$ و $mel7$ بقيم متوسطة لطول عنق السنبلية.
- المجموعتين F و G: تتكون من الأفراد $cir5$ و $cir3$ وتتميز بمعدلات أقل لطول عنق السنبلية.

ج طول السنبلية (LE)

اتضح أن طول السنبلية عند عشرين فرد تراوح ما بين 0.47 ± 4.37 - 0.62 ± 7.87 سم. بحيث بلغ أعلى القيم عند الأفراد $cir4$ ، $cir1$ ، $mel2$ ، $mel10$ و $cir2$: 0.62 ± 7.87 ، 0.95 ± 7.25 ، 0.95 ± 7.25 ، 0.81 ± 7 ، 0.95 ± 6.75 سم على الترتيب. بينما أعطت الأفراد $cir5$ ، $mel4$ ، $mel7$ و $mel3$ أقل قيمة لطول السنبلية قدرها 0.5 ± 4.75 ، 0.95 ± 4.75 ، 0.75 ± 4.37 ، 0.47 ± 4.37 سم على التوالي.

ومن تحليل التباين ANOVA (الملحق 8) تبين الاختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة بالنسبة لطول السنبلية ($F=5.270$ *** عند الحد $a=0.0001$).

في حين أظهر تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) وجود خمسة مجموعات متمايزة (A، AB، ABC، BC و C):

- المجموعتين A و AB: تتميز بأكبر متوسط لطول السنبلة وتتكون من الأفراد cir1، cir4، cir1، mel2، mel10 و cir2.
- المجموعة ABC: تتكون من الأفراد cir7، cir8، cir8، cir8، mel9، mel8، mel1، cir6، cir10، cir10، mel5 و cir9 التي أعطت قيم متوسطة لطول السنبلة.
- المجموعتين BC و C: تضم الأفراد cir5، cir4، mel4، mel7، mel3 و mel3 بأقل القيم.

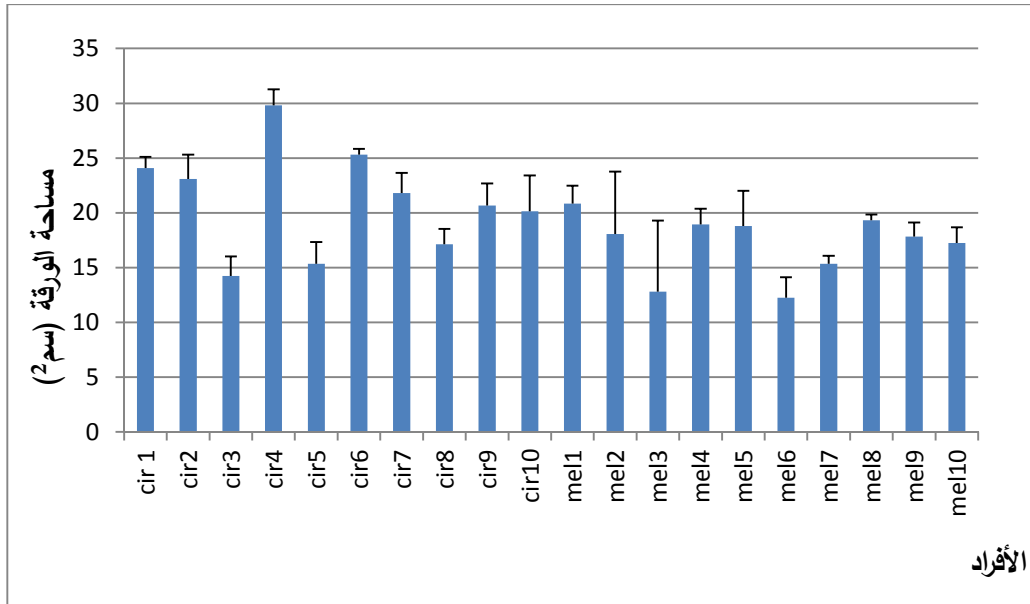
ج طول السفاة (LB)

نتراوح قيم طول السفاة بين 1.5 ± 10.25 - 0.81 ± 14 سم، حيث سجلت أعلى القيم عند الأفراد cir4، cir10 و mel1: 0.81 ± 14 ، 0.95 ± 13.75 ، 0.81 ± 13 سم على التوالي فيما أظهرت الأفراد cir5، cir1 و mel3 أقل طول لسفاة قدرت ب 0.81 ± 11 ، 1.29 ± 10.25 ، 1.5 ± 10.25 سم. أظهرت الأفراد المدروسة من خلال تحليل التباين (الملحق 8) وجود اختلاف معنوي عالي جدا بالنسبة لطول السفاة ($F=3.712$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وبين تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) لطول السفاة أن هناك سبعة مجموعات (A، AB، ABC، ABCD، BCD، CD و D):

- المجموعات A، AB و ABC: ضمت الأفراد cir4، cir10 و mel1 وتميزت بأعلى معدل لطول السفاة.
- المجموعتين ABCD و BCD: تحتوي على الأفراد mel8، mel6، cir9، mel5، cir7، mel10، cir8، mel7، mel2، mel9، mel4، cir3، cir6 و cir2 التي أخذت قيم متوسطة لطول السفاة.
- المجموعتين CD و D: مثلت أقل قيمة لطول عنق السنبلة والمتمثلة عند الأفراد cir5، mel3 و cir1.

- المجموعات DEFG، EFGH، EFGH، FGHI وGHI: تشمل الأفراد mel2، mel5، mel4، mel8، mel9، mel10، cir5، cir8، mel7 و cir3 بقيم متوسطة لمساحة الورقة.
- المجموعتين HI وI: تضم الفردين mel3 و mel6 بأقل معدل لمساحة الورقة.



الشكل (34): مساحة الورقة عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.

2-2-3 المقاييس الفيزيولوجية

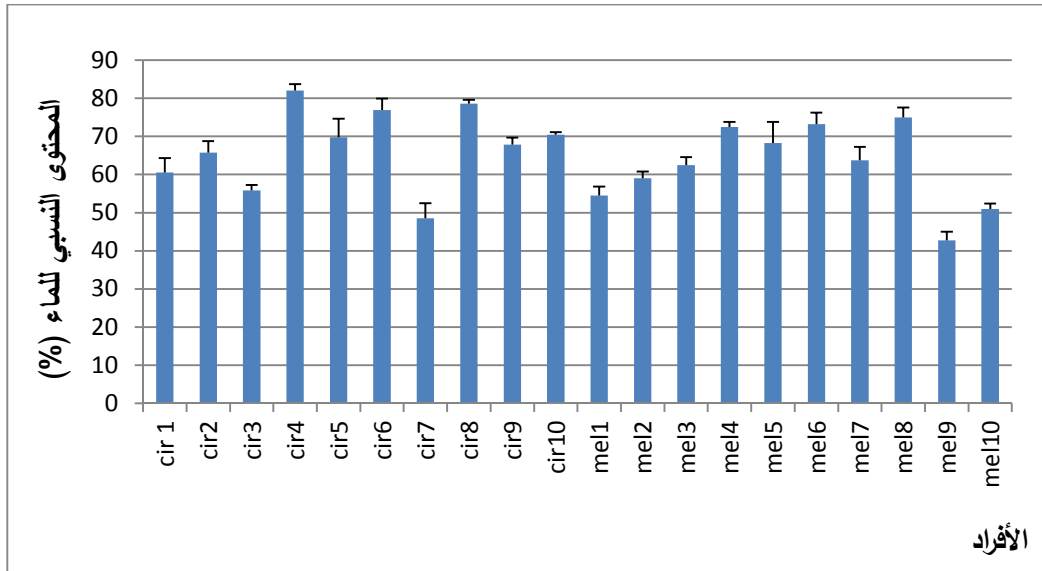
ج) المحتوى النسبي للماء (TRE%)

يتضح من (الشكل 35) و (الملحق 7) أن القيم المسجلة لمحتوى النسبي للماء عند الأفراد تتراوح ما بين 1.71 ± 81.99 - 2.21 ± 42.75 %، حيث سجلت أعلى القيم عند الأفراد cir4، cir8، cir6، mel8، mel6، mel4، cir10 و cir5 بمعدل 1.71 ± 81.99 ، 1.04 ± 78.55 ، 3.01 ± 76.93 ، 2.58 ± 75 ، 2.98 ± 73.25 ، 1.29 ± 72.5 ، 0.67 ± 70.47 ، 4.84 ± 69.77 % على الترتيب، في حين سجلت أقل القيم عند الأفراد cir3، mel1، mel10، cir7 و mel9 قدرها 1.38 ± 55.87 ، 2.38 ± 54.5 ، 1.41 ± 51 ، 3.96 ± 48.60 ، 2.21 ± 42.75 على التوالي.

أعطت الأفراد المدروسة من خلال تحليل التباين (الملحق 8) لمقياس مساحة الورقة اختلاف معنوي عالي جدا ($F=55.463$ *** عند الحد $\alpha=0.0001$).

كما أوضح اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) أن الأفراد تحت الدراسة تنقسم إلى ثمانية عشرة مجموعة (A, AB, BC, BCD, BCDE, CDE, DEF, EFG, FGH, GHI, HI, HIJ, JK, LM, M و N):

- المجموعات A, AB, BC, BCD, BCDE, CDE وتميزت بأعلى معدل لمحتوى الماء النسبي عند الأفراد cir4, cir6, cir8, cir10, mel4, mel6, mel8.
- المجموعات DEF, EFG, FGH, GHI, HI, HIJ و IJK: تشمل كل من الأفراد mel5, cir9, cir2, cir1, mel3, mel7 و mel2 بمعدل متوسط لمحتوى الماء النسبي.
- المجموعات JK, LM, M و N: تتكون من الأفراد cir3, mel1, mel10, cir7 و mel9 بأقل محتوى نسبي للماء.



الشكل (35): المحتوى النسبي للماء عند الأفراد المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-2-3 مكونات المردود

ل عدد السنييلات بالسنبلة (NE/E)

يتبين من (الشكل 36) و (الملحق 7) أن النتائج المتحصل عليها بالنسبة لعدد السنييلات في السنبلة تتراوح معدلاتها بين 0.81 ± 16 و 0.95 ± 23.5 سنبلة في السنبلة، حيث تم تسجيل أعلى قيمة عند الأفراد cir2, mel10, mel8, mel6, mel2, mel5, cir4 و cir8 وقدرت بقيمة 0.95 ± 23.5 , 1.29 ± 21.5 , 1.70 ± 22.75 , 2.08 ± 22.5 , 0.81 ± 22 , 2.16 ± 22 , 0.95 ± 21.75

2.62±21.25 سنييلات في السنبلية على التوالي. في حين تم تسجيل أقل القيم عند الأفراد cir9، cir5، cir6 و cir7 قدرت بقيمة 0.95±17.75، 1.29±17.5، 1.70±16.75، 0.81±16 سنبلية في السنبلية على التوالي.

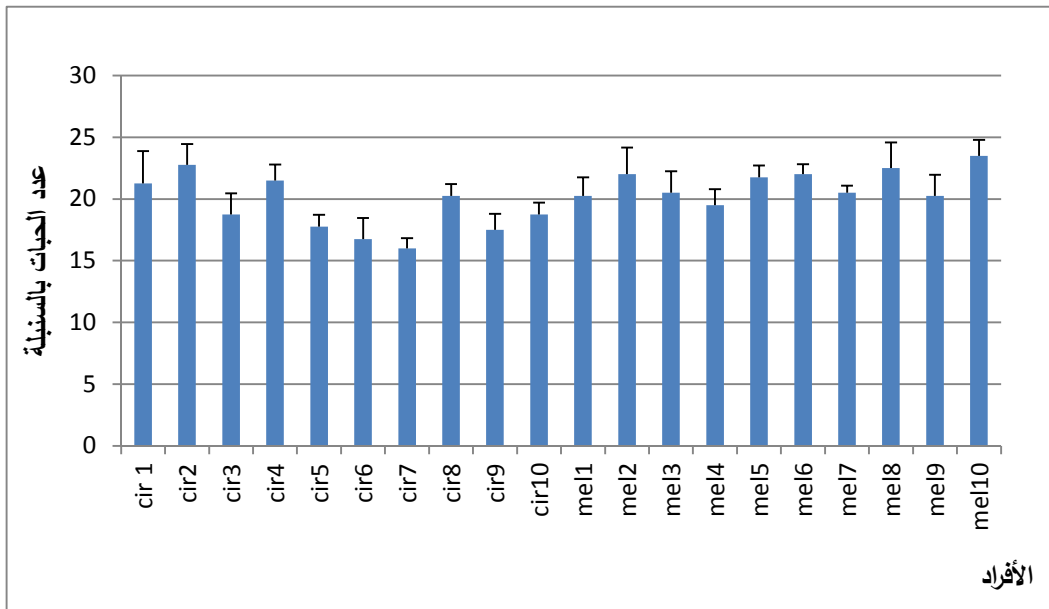
من تحليل التباين (الملحق 8) بالنسبة لعدد السنييلات في السنبلية تبين وجود اختلاف معنوي عالي جدا (F=7.708 *** عند الحد a=0.0001).

وقد سجل تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) عن وجود تسع مجموعات (A، AB، ABC، ABCD، BCDE، CDEF، DEF، EF و F):

المجموعات A، AB و ABC: تميز بأكبر معدل لعدد السنييلات في السنبلية عند الأفراد mel10، cir2، mel8، mel6، mel2، mel5، cir4 و cir8.

المجموعات ABCD، BCDE و CDEF: تشمل الأفراد mel3، mel7، mel9، cir8، mel1، mel4، cir10 و cir3 التي أخذت قيم متوسطة لعدد السنييلات بالسنبلية.

المجموعة DEF، EF و F: تتمثل في الأفراد cir5، cir9، cir6 و cir7 التي أعطت أقل معدل لعدد السنييلات بالسنبلية.



الشكل (36): عدد السنييلات في السنبلية عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

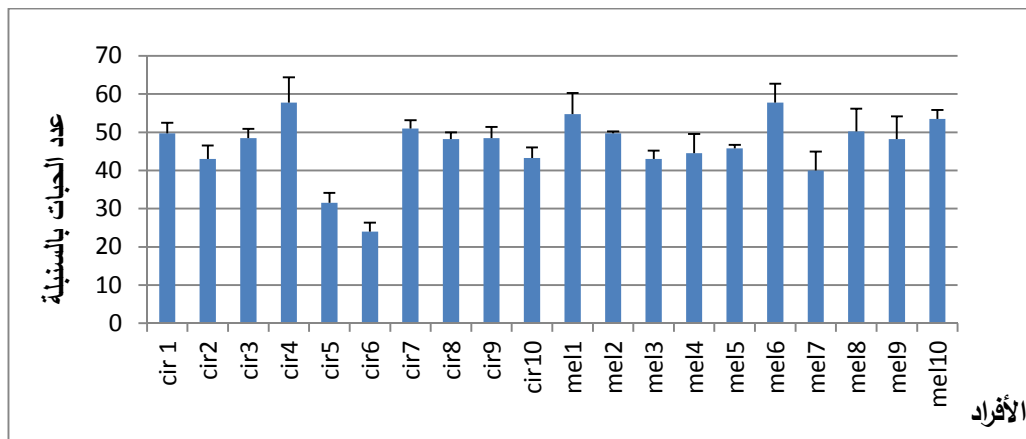
ج) عدد الحبات بالسنبلة (NG/E)

يتضح من (الشكل 37) و (الملحق 7) أن عدد الحبات في السنبلة المسجل عند الأفراد المدروسة تراوح بين 2.30 ± 24 - 4.92 ± 57.75 حبة في السنبلة. أخذت الأفراد cir4، mel6، cir7، mel10، mel1، cir1، mel8 و mel2 أعلى القيم بلغت 4.92 ± 57.75 ، 5.5 ± 57.75 ، 5.5 ± 54.75 ، 2.38 ± 53.5 ، 2.16 ± 51 ، 5.96 ± 50.25 ، 2.75 ± 49.75 ، 0.5 ± 49.75 حبة في السنبلة على الترتيب. في حين بلغت أقل القيم لعدد الحبات في السنبلة عند الأفراد cir10، mel4، cir2، cir10، mel4، cir5، mel7، mel3، cir2، cir10، mel4، cir6 و cir5 بمعدل قدره 2.64 ± 31.5 ، 4.96 ± 40 ، 2.16 ± 43 ، 3.55 ± 43 ، 2.75 ± 43.25 ، 5.06 ± 44.5 حبة في السنبلة على الترتيب.

من خلال تحليل التباين (الملحق 8) لمقياس عدد الحبات في السنبلة تبين أن هناك اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=18.008$ *** عند الحد $a=0.0001$).

من تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) صنفنا الأفراد إلى عشرة مجموعات (A، AB، ABC، ABCD، BCDE، CDE، DE، E، F و G):

- المجموعة A، AB، ABC و ABCD: تحتوي على الأفراد cir4، mel6، cir7، mel10، mel1، cir1، mel8 و mel2 التي تمثل أعلى معدل لعدد الحبوب في السنبلة.
- المجموعة ABCDE: تحتوي على الأفراد cir3، cir9، cir8، mel9، cir8 و mel5 التي أعطت قيم متوسطة لعدد الحبات بالسنبلة.
- المجموعات CDE، DE، E، F و G: تتمثل في الأفراد cir2، cir10، mel4، cir5، mel7، mel3 و cir6 التي أعطت أقل معدل لعدد الحبات في السنبلة.



الشكل (37): عدد الحبات في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

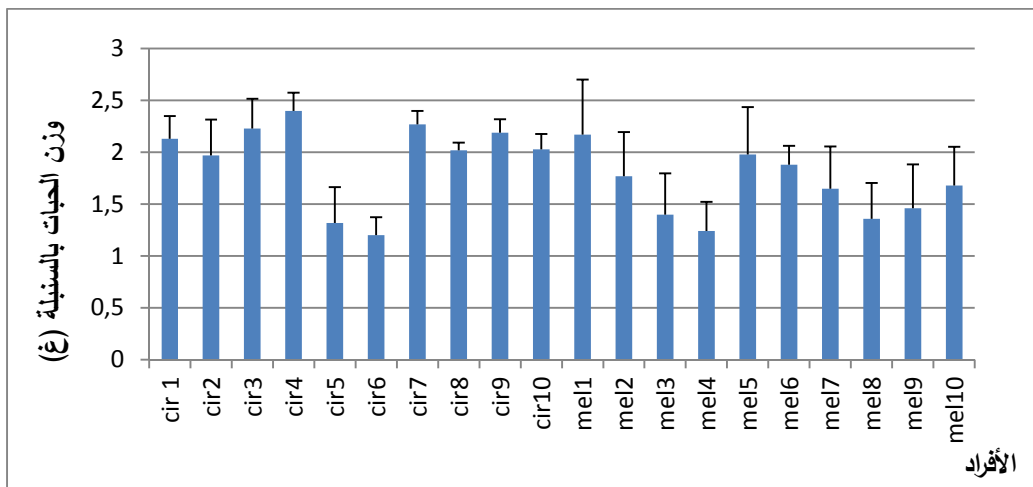
ج) وزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)

يتضح من (الشكل 38) و (الملحق 7) أن النتائج المتحصل عليها بالنسبة لوزن الحبات في السنبلة تتراوح معدلاتها بين 0.17 ± 1.20 و 0.17 ± 2.40 غ، حيث تم تسجيل أعلى قيم عند الأفراد cir3، cir7، cir4، cir9، cir1، mel1، cir8 و cir10 وقدرت بقيمة 0.17 ± 2.40 ، 0.12 ± 2.27 ، 0.28 ± 2.23 ، 0.12 ± 2.19 ، 0.5 ± 2.17 ، 0.21 ± 2.13 ، 0.14 ± 2.03 ، 0.07 ± 2.02 غ على الترتيب. في حين تم تسجيل أقل القيم عند الأفراد mel9، mel3، mel8، cir5، mel4 و cir6 وقدرت بقيمة 0.42 ± 1.46 ، 0.39 ± 1.40 ، 0.34 ± 1.36 ، 0.34 ± 1.32 ، 0.28 ± 1.24 ، 0.17 ± 1.20 غ على الترتيب.

من خلال تحليل التباين (الملحق 8) بالنسبة لوزن الحبات بالسنبلة تبين وجود اختلاف معنوي عالي جدا ($F=5,663$ عند الحد $=0,0001$).

ومن تحليل اختبار Newman-Keuls عند المستوى 5% (الملحق 8) صنفت الأفراد إلى احدى عشرة مجموعة (A، AB، ABC، ABCD، ABCDE، ABCDEF، BCDEEF، CDEF، DEF، EF و F):

- المجموعات A، AB، ABC و ABCD: تحتوي على الأفراد cir4، cir7، cir3، cir9، cir1، mel1 و cir10 و cir8 التي تمثل أعلى قيمة لوزن الحبات في السنبلة.
- المجموعة ABCDE و ABCDEF: تضم الأفراد mel5، cir2، mel6، mel2، mel10 و mel7 التي أخذت قيم متوسطة لوزن الحبات بالسنبلة.
- المجموعات BCDEF، CDEF، DEF، EF و F: تتمثل في الأفراد mel9، mel3، mel8، cir5 و mel4 التي أعطت أقل معدل لوزن الحبات بالسنبلة.



الشكل (38): وزن الحبة في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

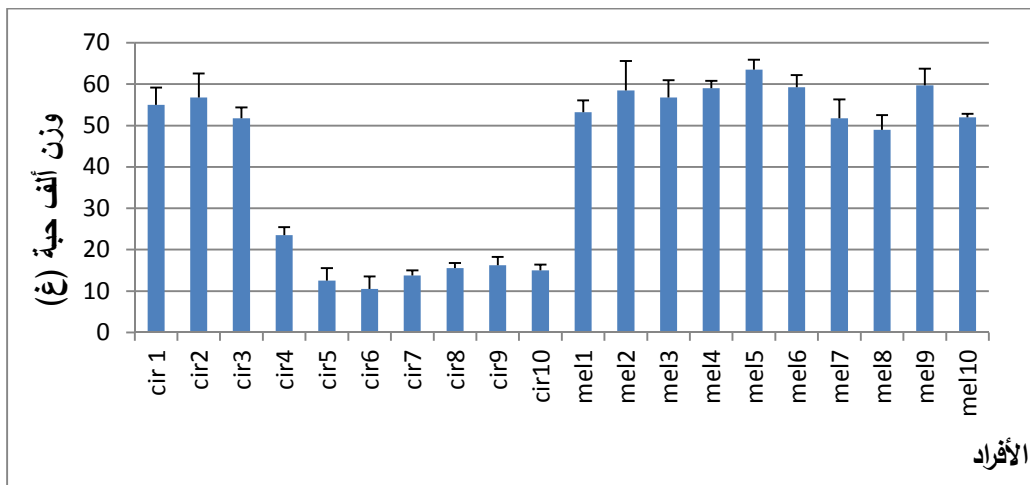
ل وزن ألف حبة (PMG)

تبين من (الشكل 39) و(الملحق 7) أن وزن ألف حبة تراوح ما بين 2.38 ± 63.5 غ - 3 ± 10.5 غ على الترتيب، وتم تسجيل أعلى القيم عند الأفراد mel5، mel9، mel6، mel4، mel2، cir2 و mel3 بقيم قدرها 2.38 ± 63.5 ، 4.03 ± 59.75 ، 2.98 ± 59.25 ، 1.82 ± 59 ، 7.14 ± 58.5 ، 5.85 ± 56.75 ، 2.62 ± 56.75 غ على الترتيب، في حين تم تسجيل أضعف القيم عند الأفراد cir4، cir8، cir10، cir9، cir7 و cir5، cir6 قدرت بمعدل 1.91 ± 23.5 ، 1.29 ± 15.5 ، 1.41 ± 15 ، 2 ± 15 ، 1.25 ± 13.75 ، 3 ± 12.5 ، 3 ± 10.5 غ على التوالي.

كما اتضح من تحليل التباين (الملحق 8) بالنسبة لوزن ألف حبة وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=141.133$ *** عند الحد $\alpha=0.0001$).

وكشف تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 8) وجود ثمانية مجموعات متميزة (A، AB، ABC، BCD، CD، D، E و F):

- المجموعة A، AB و ABC: تشمل الأفراد mel5، mel9، mel6، mel4، mel2، cir2 و mel3 بأكبر معدل لوزن ألف حبة.
- المجموعات BCD، CD و D: تشمل الأفراد cir1، mel1، mel10، cir3، mel7 و mel8 بقيم متوسطة لوزن ألف حبة.
- المجموعتين E و F: تضم الأفراد cir4، cir8، cir10، cir9، cir7، cir5 و cir6 التي أعطت أقل معدل لوزن ألف حبة.



الشكل (39): وزن ألف حبة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

اتضح من النتائج الإحصائية المتحصل عليها من الدراسة المورفوفيزيولوجية والمردودية في الموسم الزراعي 2015/2014 من خلال تحليل التباين واختبار Newman-Keuls عند المستوى 5% للصنفين *melanopus* و *circumflexum* وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد.

تميزت الأفراد *mel10* و *mel1*، *cir4*، *mel1*، *cir7*، *mel2*، *cir10*، *cir9* بأعلى القيم فيما يخص مقياس طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة. في حين أعطت الأفراد *cir1*، *cir6*، *cir4*، *cir2*، *cir7*، *mel1*، *cir9* و *mel10* أعلى القيم بالنسبة للمساحة الورقية.

كشفت الأفراد *cir4*، *cir8*، *cir6*، *mel8*، *mel6*، *mel4*، *cir10* و *cir5* أعلى القيم فيما يخص محتوى الماء النسبي.

تميزت الأفراد *mel10*، *mel6*، *mel2*، *cir4* و *cir8* بمكونات المردود حيث أظهرت أعلى القيم بالنسبة لعدد السنبيلات في السنبل، عدد الحبوب في السنبل، وزن الحبوب بالسنبل ووزن ألف حبة.

3-2-4 تحليل التنوع المورفوفيزيولوجي والمردود Analyse de la variabilité morphophysologique et rendement

تم تحليل الأساسي التركيبي (ACP) لعشرة أفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*، ويضم التحليل 10 معايير.

سجلت نسبة المعلومات (الجدول 12) المعطاة على المحاور (Axe1)F1، (Axe2)F2 و (Axe3)F3 على الترتيب 32.85%، 24.32% و 14.43% بمجموع كلي يساوي 71.61% و تعتبر هذه نسبة كافية لإظهار التنوع.

الجدول (12): نسبة المحاور (1، 2 و 3).

	F1	F2	F3
Valeur propre	3.285	2.432	1.444
Variance	32.854	24.322	14.435
Totales	71.611		

3-2-4-1 دراسة مصفوفة معامل الارتباط Matrice de corrélation

بين تحليل الارتباط بين المقاييس المدروسة (الجدول 13) وجود ارتباط ايجابي معنوي جدا و ايجابي معنوي

بين مختلف المعايير المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود.

- سجل وزن ألف حبة ارتباطا إيجابيا معنوي جدا مع عدد السنبيلات بالسنبلة (r=70).
- تميز وزن الحبات بالسنبلة بارتباطا إيجابيا معنوي مع عدد الحبات بالسنبلة (r=0.60) وطول السنبلة (r=0.52).
- وجد ارتباطا إيجابيا معنويا بين عدد الحبات بالسنبلة مع طول السنبلة (r=0.52).
- تم تسجيل وجود ارتباطا إيجابيا معنوي جدا بين طول النبات وطول عنق السنبلة (r=0.92)، كما سجل وجود ارتباطا إيجابيا معنوي مع طول السفاة (r=0.51).
- تميزت مساحة الورقة بارتباطا إيجابيا معنوي مع طول السنبلة (r=0.57).

الجدول(13): مصفوفة الإرتباط للمعايير المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.

	PMG	PG/EP	NG/E	NEP/EP	TRE(%)	LC	LE	LB	LP	SF
PMG	1									
PG/EP	-0,141	1								
NG/E	0,358	0,605	1							
NEP/EP	0,700	0,002	0,489	1						
TRE(%)	-0,361	-0,099	-0,220	0,028	1					
LCO	-0,369	0,245	0,147	-0,087	0,235	1				
Lé	0,016	0,525	0,521	0,397	-0,017	0,088	1			
LB	-0,243	0,415	0,437	0,056	0,261	0,474	0,216	1		
LP	-0,215	0,426	0,330	-0,075	-0,048	0,923	0,149	0,510	1	
SF	-0,355	0,326	0,007	-0,094	0,238	0,234	0,578	0,294	0,133	1

Etude des variables 2-4-2-3 دراسة المعايير

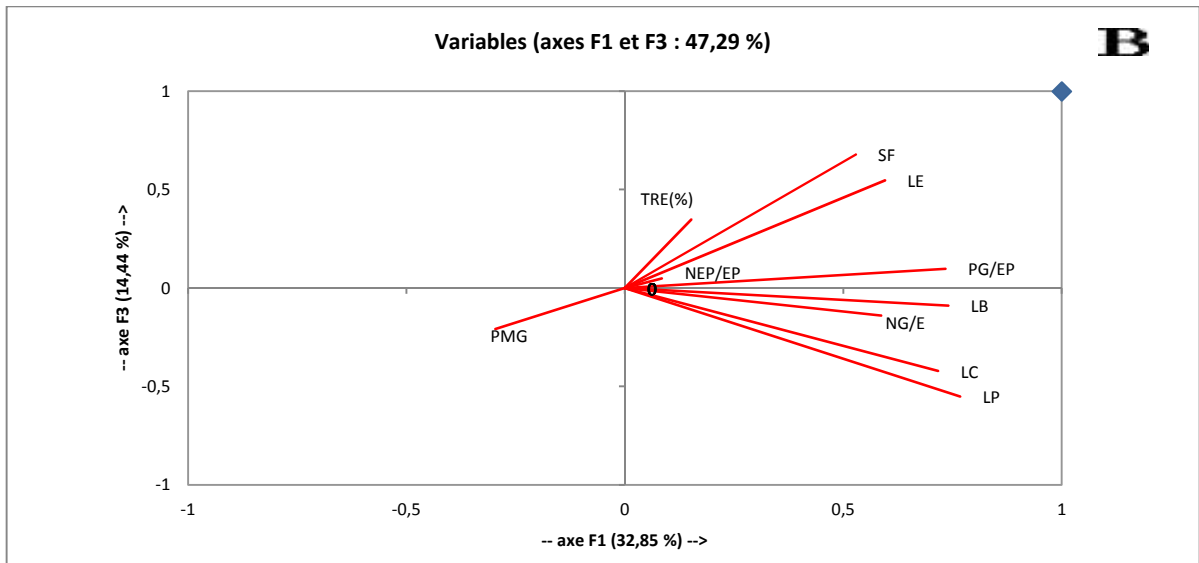
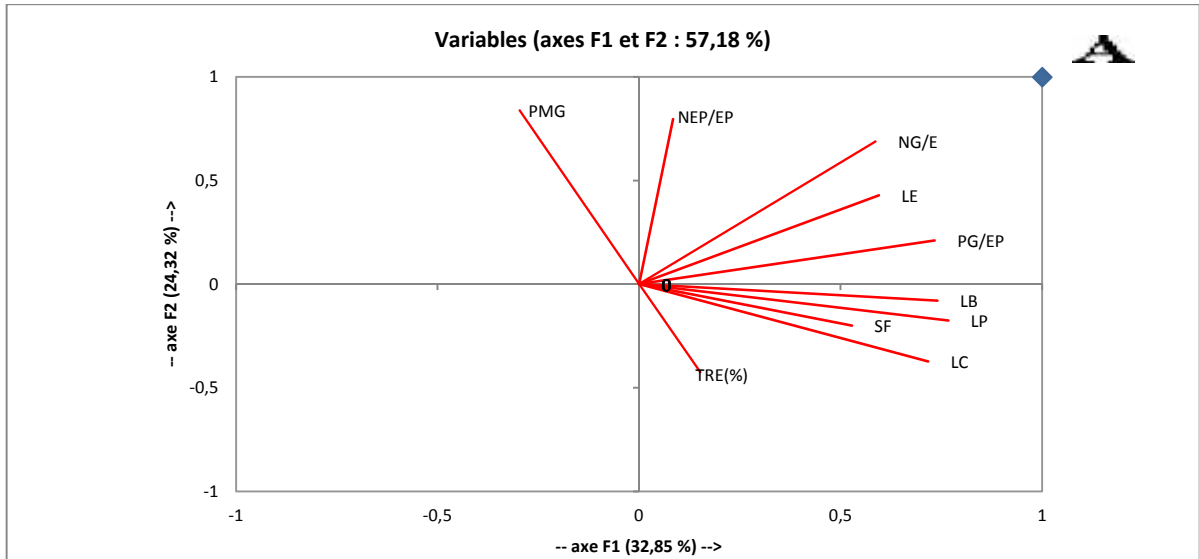
توضح من الشكل(40 : A,B) و(الملحق 9) توزع المقاييس المدروسة على المحاور الأول، الثاني والثالث (Axe1، Axe2 وAxe3) بحيث:

تتمثل المقاييس المتوزعة على المحور الأول (Axe1) في: وزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)، طول عنق السنبلة (LC)، طول السنبلة (LE)، طول السفاة (LB) وطول النبات (LP) وذلك من الناحية الموجبة. (بين التحليل أن المحور الأول (Axe1) يتميز بمقاييس مرفولوجية و مردودية (الشكل 40:A).

يحتوي المحور الثاني (Axe2) من الجهة الموجبة على المقاييس التالية: وزن ألف حبة (PMG)، عدد الحبات في السنبل (NG/E) وعدد السنيبلات في السنبل (NEP/EP) بينما يعاكسها معيار المحتوى النسبي للماء (TRE).

كشفت التحليل أن المحور الثاني (Axe2) يتصف بمقاييس فيزيولوجية و مردودية (الشكل 40:A).

وتتميز المحور الثالث (Axe3) بالمعيار التالي: مساحة الورقة (SF) من الناحية الموجبة. يتكون المحور الثالث (Axe3) من المقاييس المرتبطة بالمعايير مرفولوجية (الشكل 40:B).



الشكل (40 : A,B): حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP المتشكلة من: A :Axe1,2 (Plan :1,2) :B Axe1,3 (Plan :1,3) للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-4-2-3 دراسة الأفراد

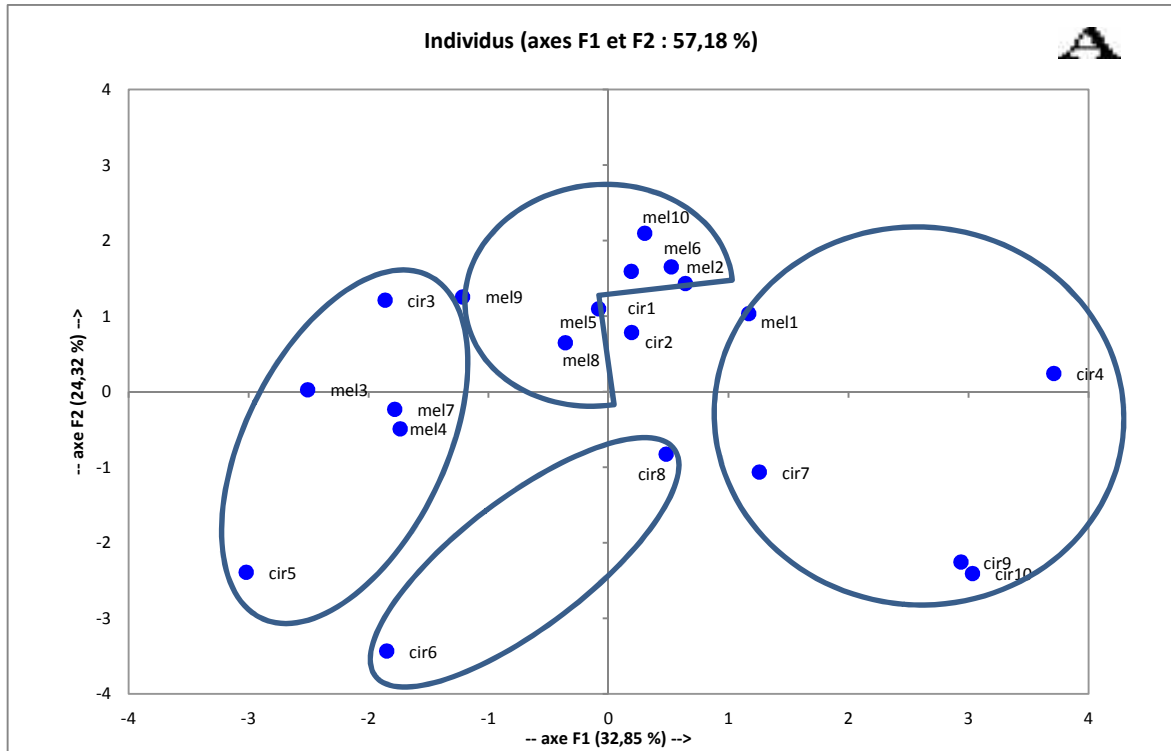
اتضح من توزيع الأفراد على المحاور 1، 2 و 3 المبينة في الشكل (41 : A,B) و (الملحق 9) أن الأفراد cir4، cir7، cir9، cir10 و mel1 توجد في الجهة الموجبة من المحور الأول وبالتالي تتميز بالمقاييس التالية: وزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)، طول عنق السنبلة (LC)، طول السنبلة (LE)، طول السفاة (LB) وطول النبات (LP).

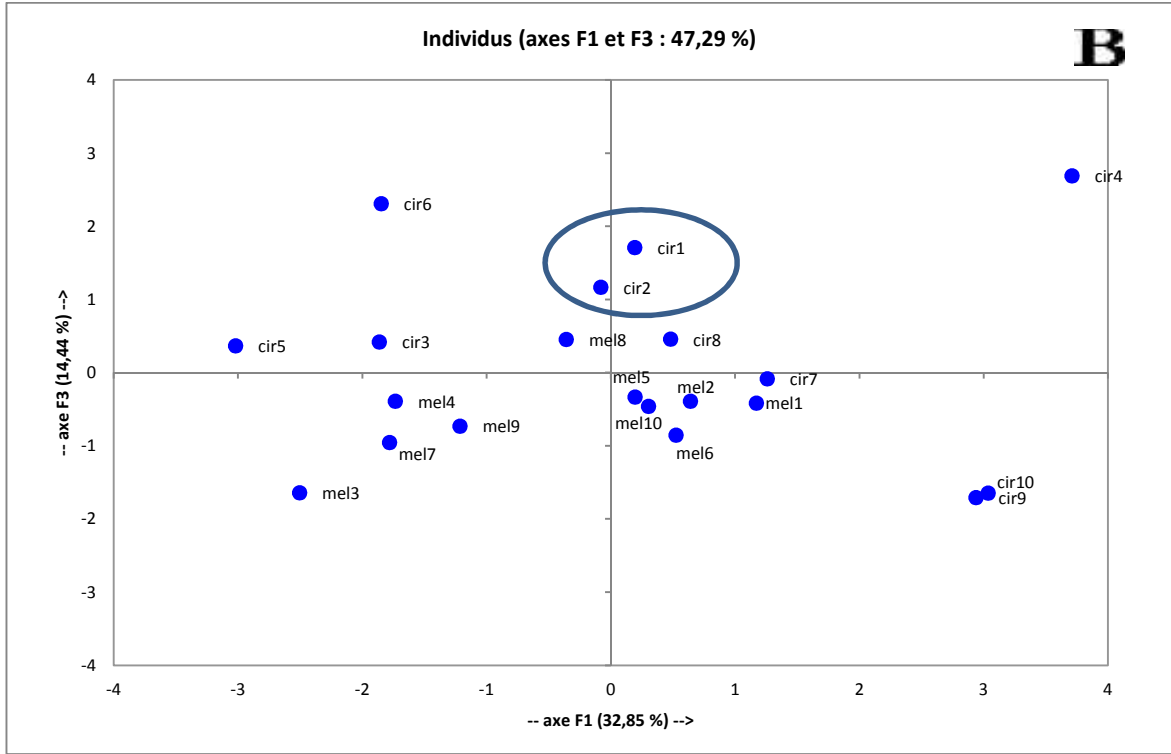
أما الأفراد cir3، cir5، mel3، mel4 و mel7 تواجدت في الجهة السالبة من نفس المحور وتميزت بأقل القيم السابقة الذكر.

توزع الأفراد mel2، mel5، mel6، mel8، mel9 و mel10 في الجهة الموجبة من المحور الثاني وأعطت أعلى قيمة بالنسبة للمقياس: وزن ألف حبة (PMG)، عدد الحبات في السنبلة (NG/E) وعدد السنيبلات في السنبلة (NEP/EP).

في حين تواجد الفردين cir6 و cir8 في الجهة السالبة للمحور الثاني و اللذان اتصفا بمقياس: المحتوى النسبي للماء (TRE).

بينما توضع الفردين cir1 و cir2 في الجهة الموجبة من المحور الثالث و اتصفا بالمقياس التالي: مساحة الورقة (SF).





(الشكل 41 : A,B): تمثيل الأفراد على المحاور: A: Aex1,2 (Plan:1,2) B: Aex1,3 (Plan:1,3) للـ *circumflexum* و *melanopus*.

تبين من خلال التحليل التركيبي وجود 5 مجموعات تتميز بالمقاييس المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود مما يتضح وجود إختلاف في سلوك المعايير بين الأفراد:

- المجموعة الأولى تضم الأفراد cir4، cir7، cir9، cir10 و mel1 التي أعطت أكبر القيم بالنسبة لوزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)، طول عنق السنبلة (LC)، طول السنبلة (LE)، طول السفاة (LB) وطول النبات (LP).
- المجموعة الثانية شملت الأفراد cir3، cir5، mel3، mel4 و mel7 التي أعطت أضعف القيم بالنسبة لوزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)، طول عنق السنبلة (LC)، طول السنبلة (LE)، طول السفاة (LB) وطول النبات (LP).
- المجموعة الثالثة تتكون من الأفراد mel2، mel5، mel6، mel8، mel9 و mel10 التي تميزت بأعلى القيم لوزن ألف حبة (PMG)، عدد الحبات في السنبلة (NG/E) وعدد السنييلات في السنبلة (NEP/EP).

- المجموعة الرابعة تشمل الأفراد cir6 و cir8 التي تحتوي على أعلى القيم بالنسبة للمحتوى النسبي للماء (TRE).
- المجموعة الخامسة تحتوي على الفردين cir1 و cir2 اللذان أخذتا أكبر القيم بالنسبة لمساحة الورقة (SF).

3-2-5 الدراسة البيوكيميائية

تمت الدراسة البيوكيميائية على عشرة أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus* بحيث تم اختيار الأفراد ذات القيم العالية بالنسبة للمعايير المرفوفيزيولوجية و المردود وذلك لتحليل البروتينات الكلية، وأظهرت النتائج من خلال الأوزان الجزيئية للحزم لكل فرد.

أظهرت النتائج المتحصل عليها من خلال الرحلان الكهربائي للبروتينات الكلية عددا مختلفا من الأحزمة وأوزانها الجزيئية. ومن تحليل الهلام الشكل (42) والجدول (14 و 15) تم كشف وجود 20 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين KDa85 - KDa10. منها 4 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة وذات الأوزان الجزيئية: 42، 29، 12 و 10 KDa.

تبين من النتائج أن عدد الحزم عند الفرد mel2 ظهر بمجموع 12 حزمة ذات أوزان جزيئية: 85، 50، 46، 42، 31، 29، 25، 18، 17، 15، 12 و KDa10 وتميزت بأكثر تنوع Polymorphisme قدر بنسبة 66.66%.

سجل الفرد mel9 مجموع 12 حزم، قدرت أوزانها الجزيئية ب: 85، 75، 62، 50، 46، 42، 29، 25، 18، 17، 12 و KDa10، كما سجل وجود حزمة خاصة ذات وزن جزيئي: KDa75 وتميز هذا الفرد بتنوع Polymorphisme قدر بنسبة 66.66%.

أظهرت النتائج أن عدد الحزم للفرد cir9 قدرت ب 11 حزمة ذات أوزان جزيئية: 85، 62، 44، 42، 36، 34، 29، 23، 17، 12 و KDa10، كما بين هذا الفرد تنوع Polymorphisme قدر بنسبة 63.63%.

سجل الفرد cir7 مجموع 10 حزم، قدرت أوزانها الجزيئية ب: 85، 68، 42، 36، 34، 29، 18، 17، 12، KDa10، وتميز هذا الفرد بتنوع Polymorphisme قدر بنسبة 60%.

أعطى الفرد cir8 مجموع 10 حزمة ذات أوزان جزيئية: 85، 44، 42، 36، 34، 29، 18، 17، 12 و 10 KDa. مع تنوع Polymorphisme بنسبة 60%.

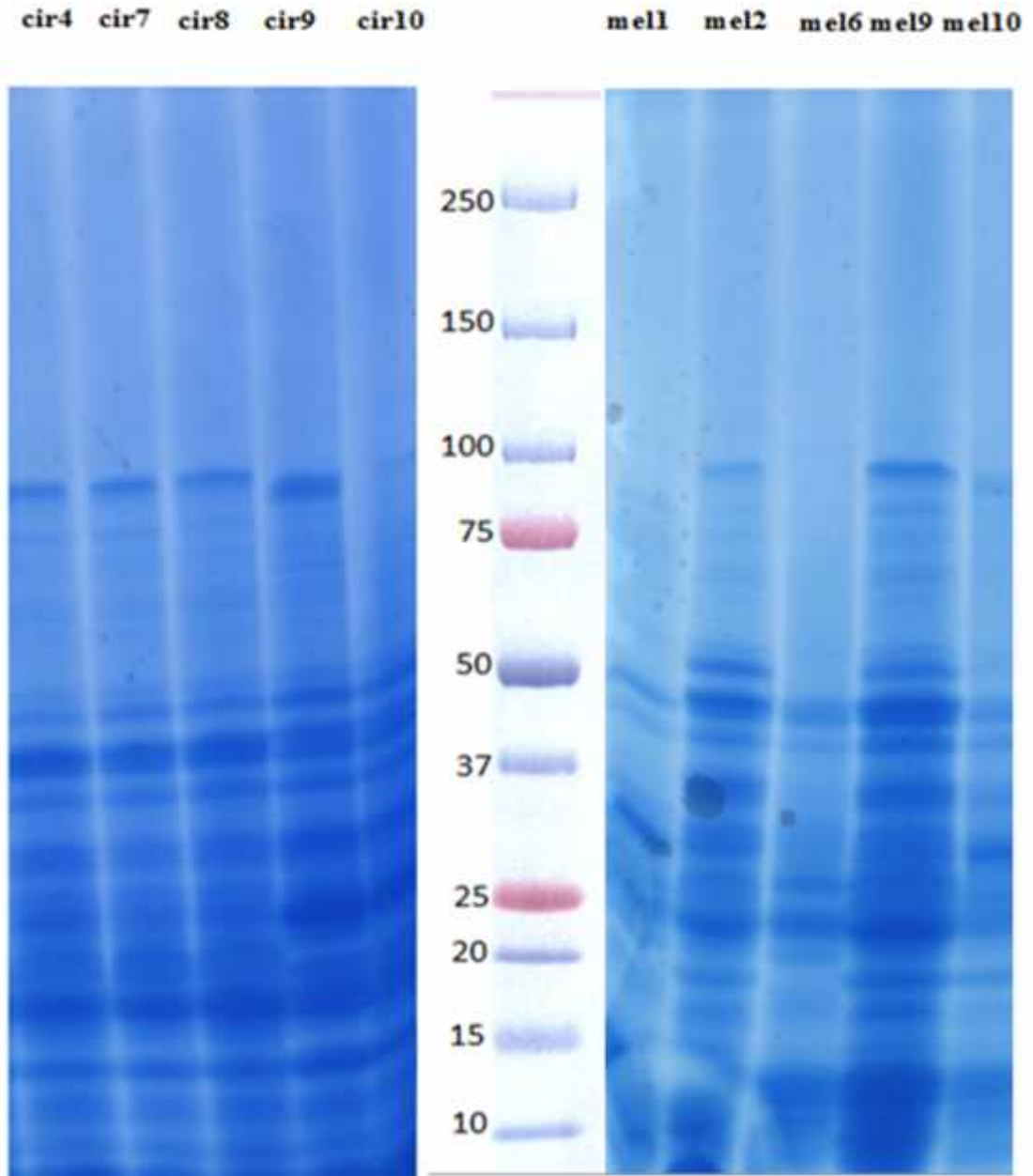
كشف الفرد cir4 مجموع 9 حزم بأوزان جزيئية: 85، 68، 42، 36، 34، 29، 17، 12 و 10 KDa كما كشف على تنوع Polymorphisme بنسبة 55.55%.

بين الفرد cir10 كشف وجود 9 حزم ذات أوزان جزيئية: 44، 42، 36، 34، 29، 23، 17، 12 و 10 KDa. كما أوضح تنوع Polymorphisme بنسبة 55.55%.

كشف الفرد mel10 مجموع 9 حزم بأوزان جزيئية: 85، 46، 42، 31، 29، 25، 18، 12 و 10 KDa كما تم به كشف تنوع Polymorphisme بنسبة 55.55%.

أعطى الفرد mel1 8 حزم ذات أوزان جزيئية: 46، 42، 31، 29، 25، 15، 12 و 10 KDa. مع تنوع Polymorphisme بنسبة 50%.

أظهر الفرد mel6 مجموع 7 حزم ذات أوزان جزيئية: كما أظهر وجود حزمة خاصة ذات وزن جزيئي: 20 و 10 KDa. 46، 42، 29، 25، 20، 12 و 10 مع تنوع Polymorphisme بنسبة 42.85%.



الشكل(42): صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات عند الأفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

الجدول(14): عدد الحزم و الأوزان الجزيئية الموجودة عند الأفراد للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

n b	PM	الأفراد										الحزم
		cir4	cir7	cir8	cir9	cir10	mel1	mel2	mel6	mel9	mel6	
1	85	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	P
2	75	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	U(+)
3	68	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	P
4	62	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	P
5	50	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	P
6	46	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	P
7	44	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	P
8	42	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
9	36	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	P
10	34	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	P
11	31	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	P
12	29	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
13	25	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	P
14	23	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	P
15	20	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	U(+)
16	18	-	+	+	-	-	-	+	-	+	+	P
17	17	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	P
18	15	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	P
19	12	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
20	10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
	Total	9	10	10	11	9	8	12	7	12	9	T=141

+: Présence, -: Absence, M: monomorphes P: Polymorphique, U: bande unique.

الجدول(15): عدد الحزم المشتركة (Monomorphes) والمنتوعة (Polymorphe) ونسبة Polymorphisme للأفراد المدروسة

للصفتين *circumflexum* و *melanopus*.

الأفراد (Géotypes)	الحزم المشتركة (Monomorphes)	الحزم المنتوعة (Polymorphe)		مجموع الحزم (Total)	نسبة الحزم المنتوعة (Polymorphe%)
		Bonde unique	Bonde non unique		
cir4	4	0	5	9	55.55 %
cir7	4	0	6	10	60 %
cir8	4	0	6	10	60 %
cir9	4	0	7	11	63.63 %
cir10	4	0	5	9	55.55 %
mel1	4	0	4	8	50 %
mel2	4	0	8	12	66.66 %
mel6	4	1	3	7	42.85 %
mel9	4	1	8	12	66.66 %
mel10	4	0	5	9	55.55 %

دراسة شجرة القرابة Dendrogramme

تم انشاء شجرة القرابة للأفراد المختارة من خلال صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات (الشكل 42)، والتي تبين العلاقة الوراثية بين 10 أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*. من خلال شجرة القرابة (الشكل 43) تبين وجود مجموعتين رئيسيتين في مستوى حوالي 35% من نسبة التقارب Similarité:

المجموعة الأولى تنقسم إلى تحت مجموعتين

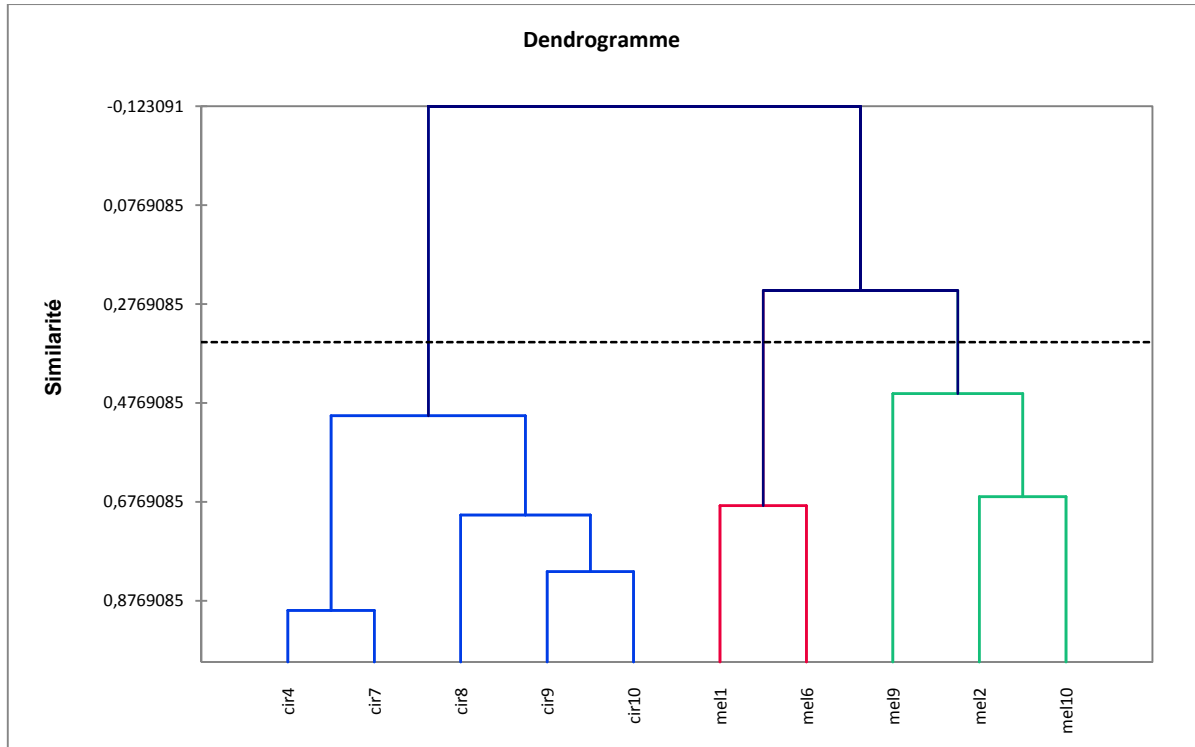
- تحت المجموعة الأولى ضمت الفردين cir4 و cir7 وتم تسجيل أعلى نسبة تقارب بينهما قدرت بحوالي 90%.

- تحت المجموعة الثانية ضمت الأفراد cir8، cir9 و cir10 مما يبين وجود صلة قرابة بينها.

المجموعة الثانية تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى تتمثل في الفردين mel1 و mel6، حيث تبين وجود تقارب وراثي بين هذين الفردين في مستوى حوالي 67%.

- تحت المجموعة الثانية تضم الأفراد mel9، mel2 و mel10.



الشكل (43): شجرة القرابة للأفراد المختارة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

بينت الدراسة البيوكيميائية خلال الموسم الزراعي 2015/2014 وجود مجموع 20 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين KDa85 - KDa10 . منها 4 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة، كما تم تسجيل حزمة خاصة عند الفردين mel6 و mel9 ذات وزن جزيئي 20 و KDa75 على الترتيب، وأعطت الأفراد mel2 و mel9 أكبر عدد من الحزم بلغ 12 حزمة وأكبر نسبة تنوع polymorphisme قدر بنسبة 66.66%.

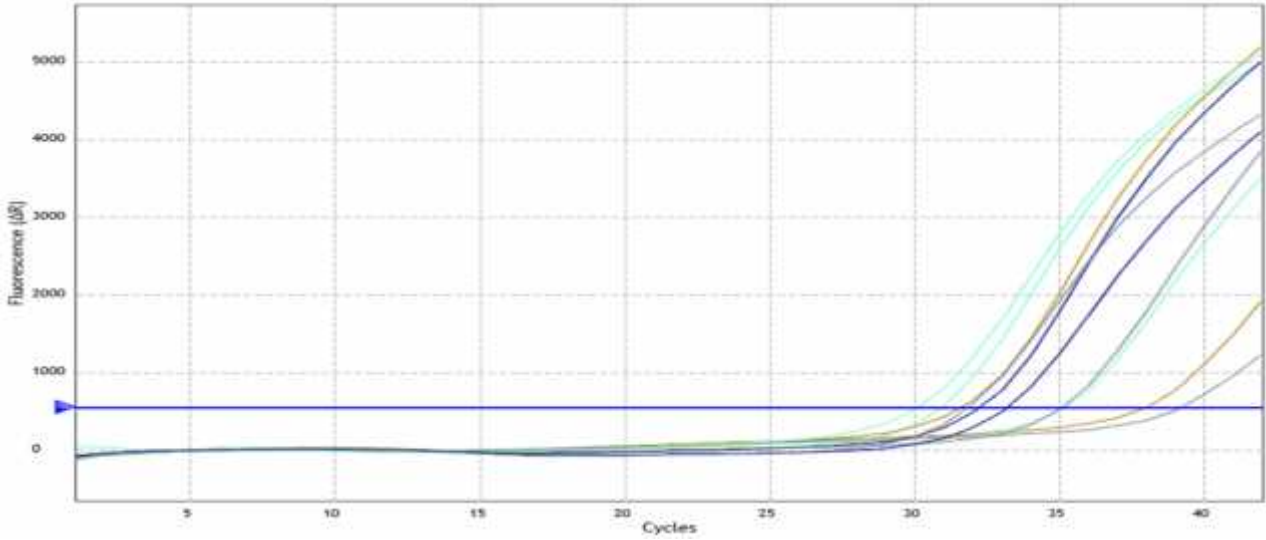
3-2-6 الدراسة الجزيئية

تمت الدراسة الجزيئية على عشرة أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus* التي أخذت أكبر القيم بالنسبة للمعايير المرفوفيزيولوجية والمردود خلال الموسم الزراعي 2015/2014، حيث تم تجريب 5 بادئات منها بادئة لم تعطي تفاعلا مع ADN المستخلص من الأفراد محل الدراسة، بينما أعطت 4 بادئات تفاعلا مع جميع الأفراد.

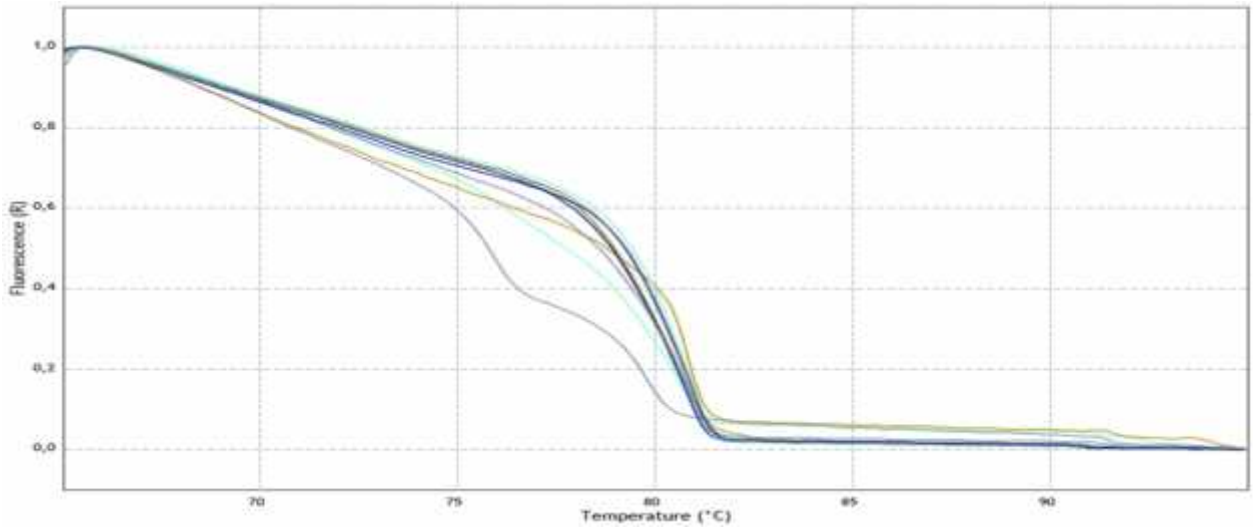
أظهرت النتائج المبينة في الشكل (44، 47، 50 و 53) أنه كلما زادت عدد الدورات لتقنية (PCR) تزداد الفلورة وهي تعبر عن تزايد كميات سلاسل ADN المتكونة (ADN amplification) بحسب البادىء المستعمل.

- البادىء Xwms47

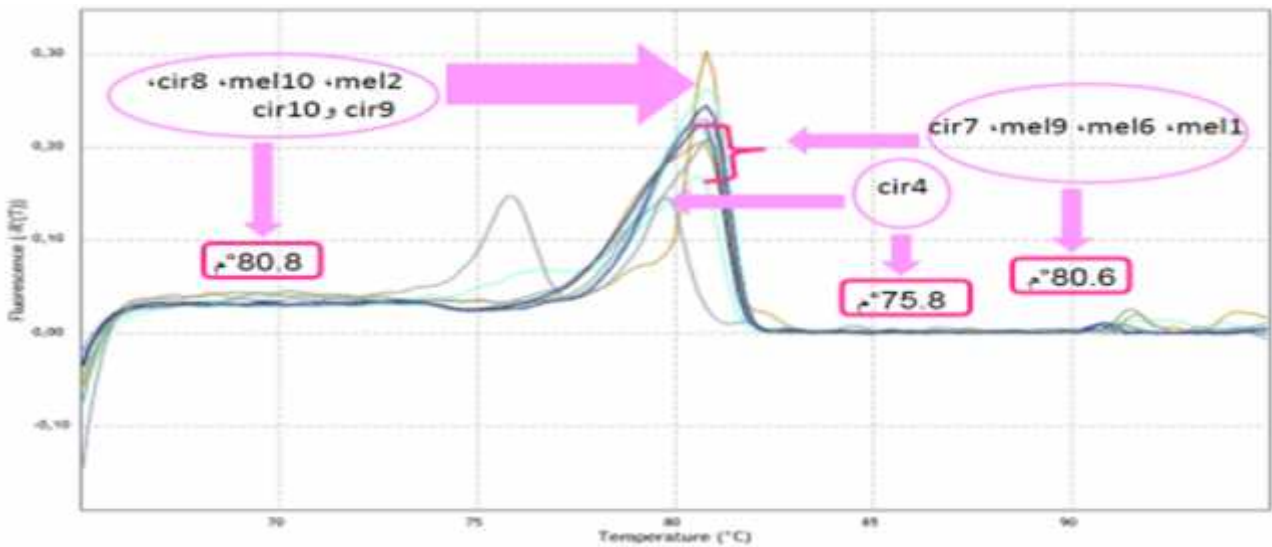
سجلت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادىء Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 75.8-80.8°م. حيث أعطت الأفراد mel2، mel10، cir8، cir9 و cir10: 80.8°م وكذلك الأفراد mel1، mel6، mel9 و cir7: 80.6°م، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أخذت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، فيما أظهر الفرد cir4 درجة حرارة انصهار مختلفة قدرت ب 75.8°م، مما يفسر اختلافه عن بقية الأفراد تحت الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (45 و 46) والملحق (10).



الشكل (44): منحى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* . Xwms47



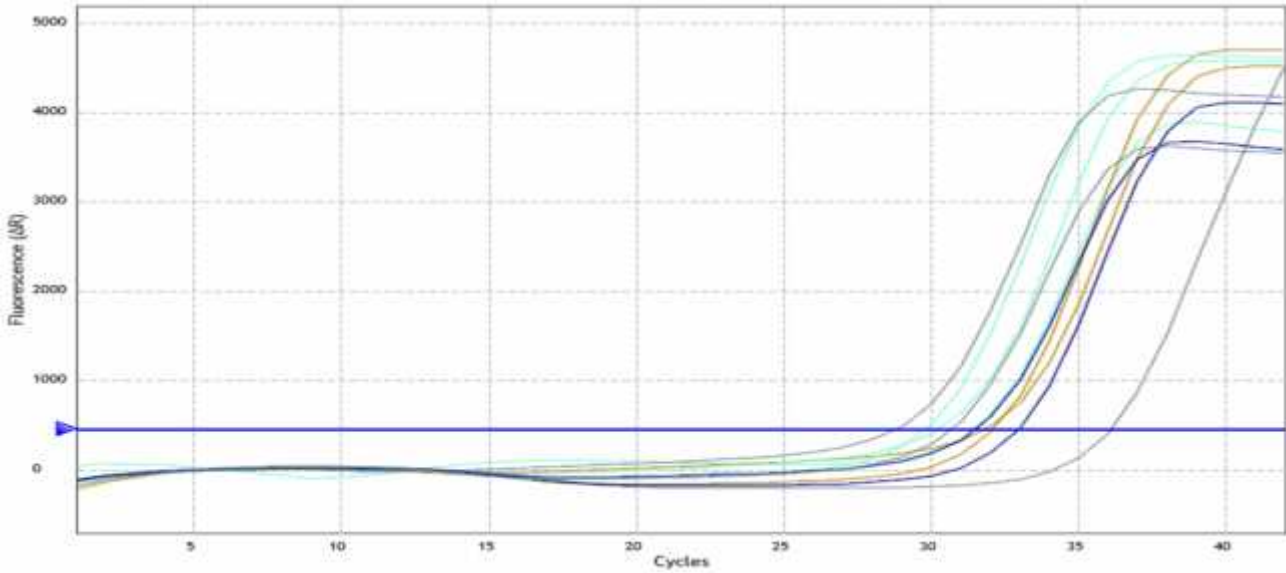
الشكل (45): منحى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة .Xwms47



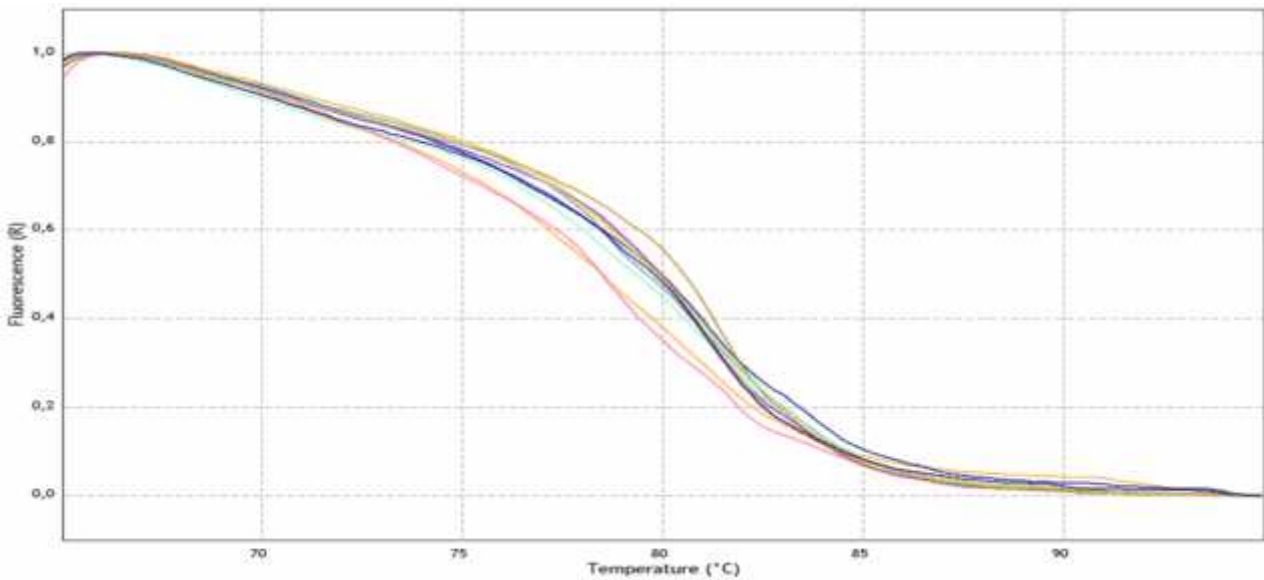
الشكل (46): مشتق منحى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة .Xwms47

- البادىء Xwms46

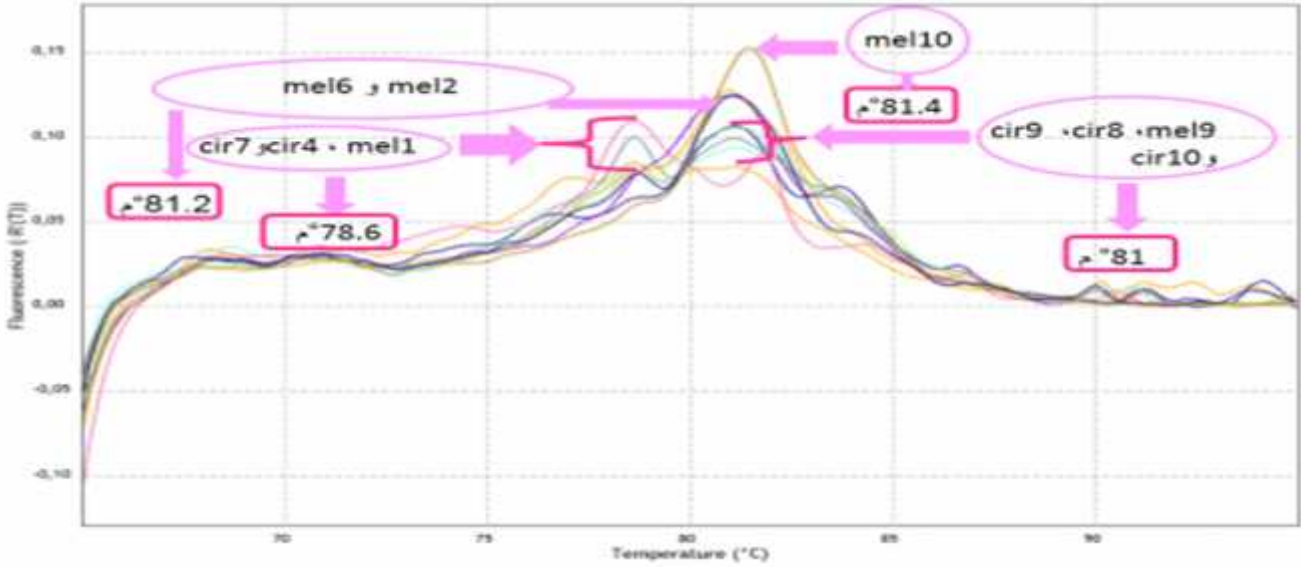
أظهرت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادىء Xwms46 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تتراوح ما بين 78.6-81.4°م. حيث أخذ الفردين mel2 و mel6: 81.2°م وكذلك الأفراد mel9، cir8، cir9 و cir10: 81°م كما أظهر الأفراد mel1، cir4 و cir7 درجة حرارة انصهار قدرة بقيمة 78.6°م، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي تميزت بنفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، فيما أعطى الفرد mel10 درجة حرارة انصهار قدرت بقيمة 81.4°م، مما يفسر اختلافه عن بقية الأفراد تحت الدراسة. وهو ما يوضحه الشكل (48 و 49) والملحق (10).



الشكل (47): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصفين *melanopus* و *circumflexum* .Xwms46



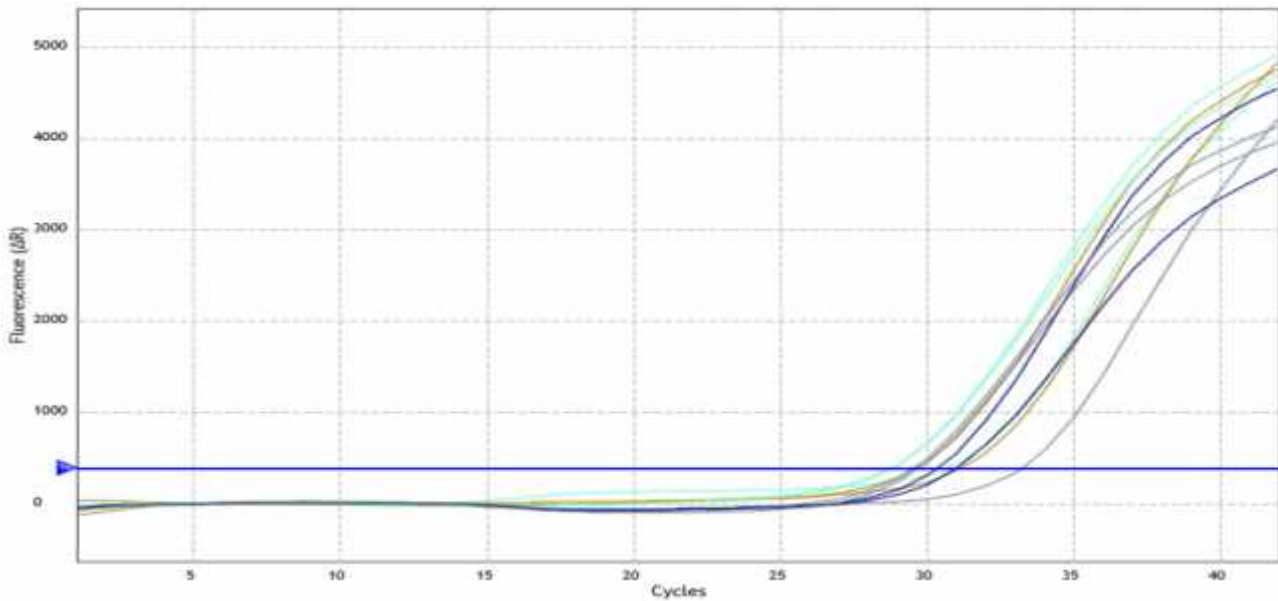
الشكل (48): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة .Xwms46



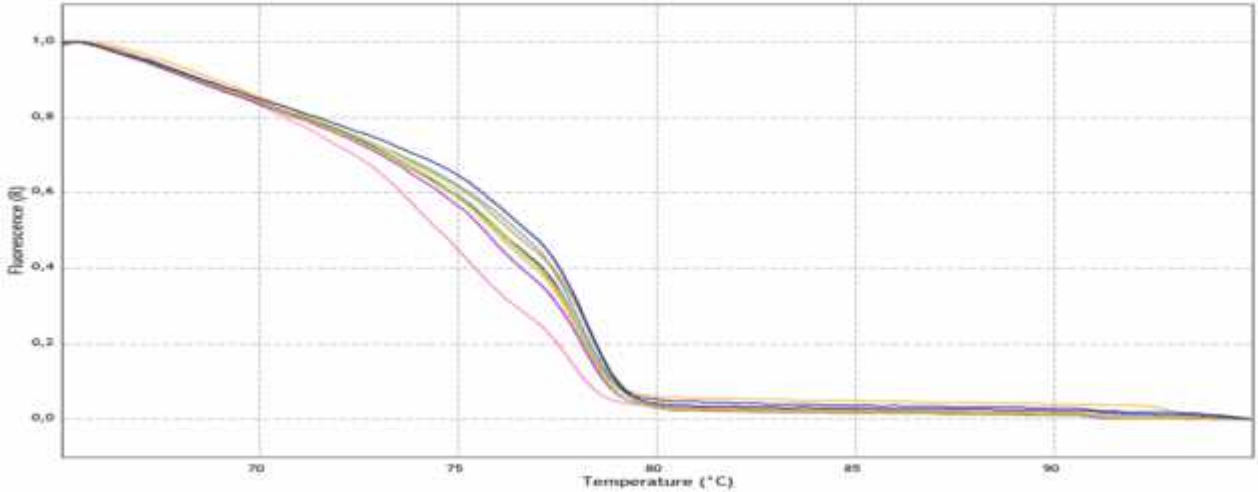
الشكل (49): مشتق منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة .Xwms46

البادىء Xwms499

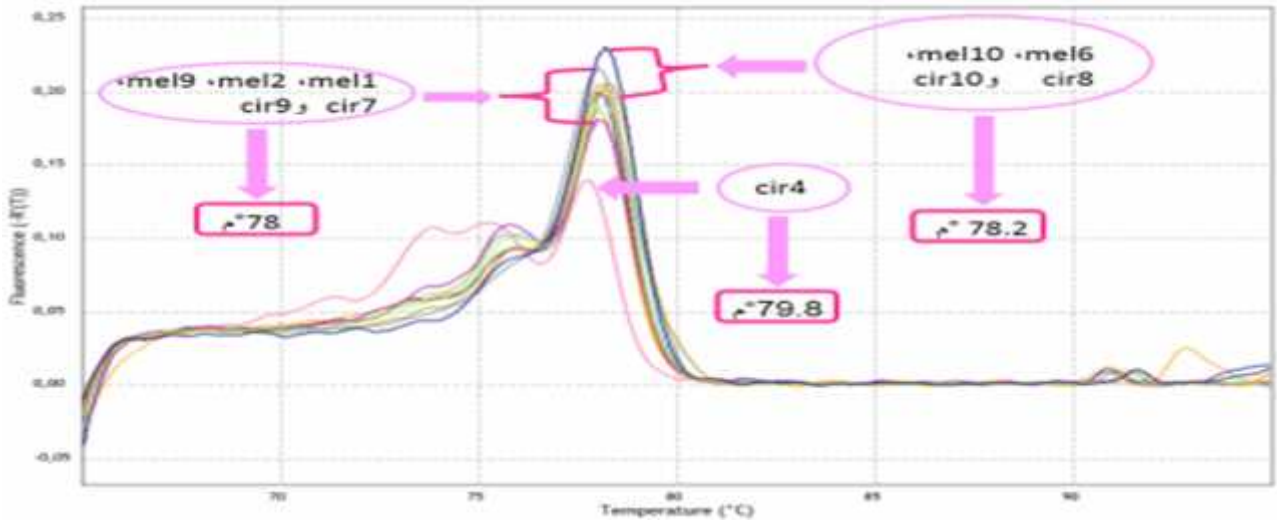
سجلت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادىء Xwms499 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 77.8-78.2°C. حيث أعطت الأفراد mel10، mel6، cir8، و cir10: 78.2°C وكذلك الأفراد mel1، mel2، mel9، cir7، و cir9: 78°C، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أخذت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، فيما أظهر الفرد cir4 درجة حرارة انصهار مختلفة قدرت بقيمة 77.8°C، مما يفسر اختلافه عن بقية الأفراد تحت الدراسة. وهو ما يوضحه الشكل (51 و 52) والملحق (10).



الشكل (50): منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* .Xwms499



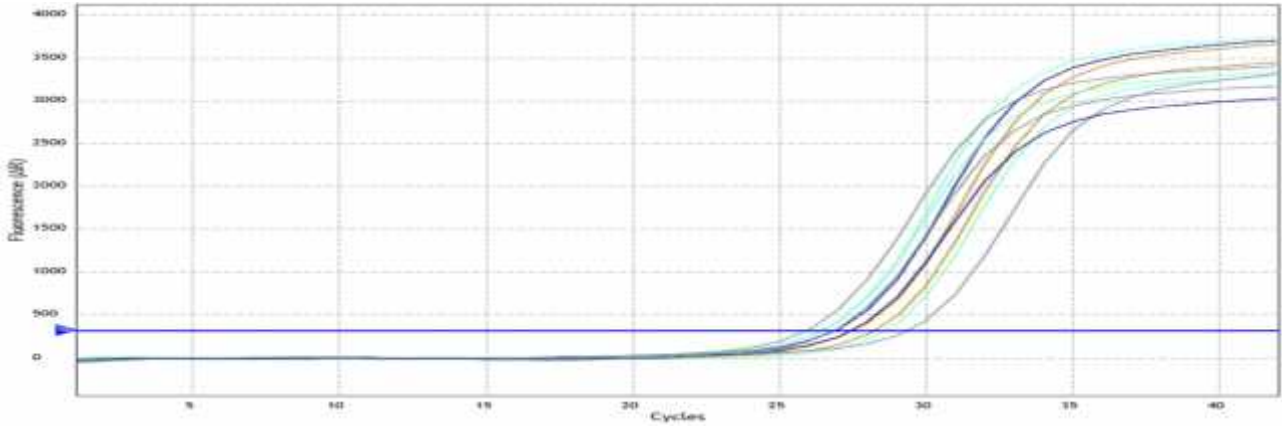
الشكل (51): منحى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة .Xwms499



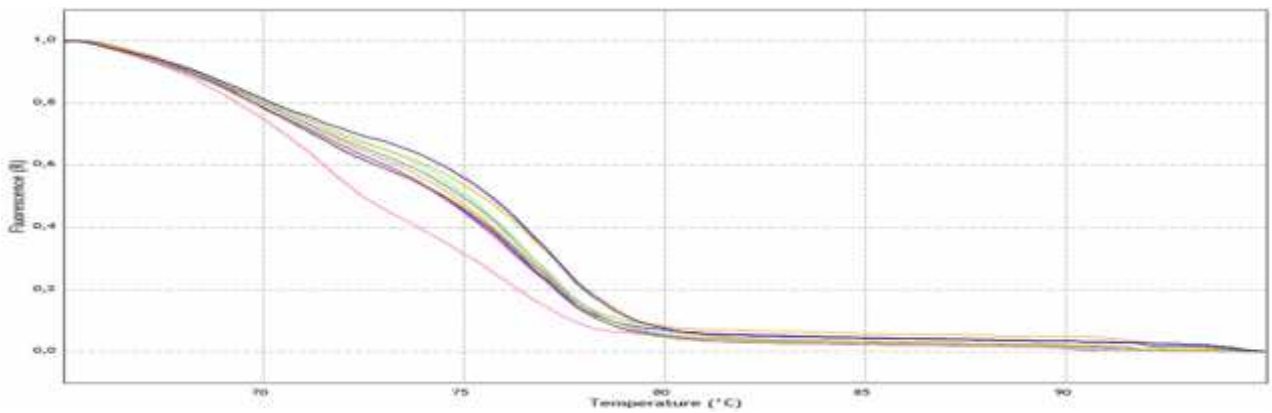
الشكل (52): مشتق منحى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة .Xwms499

البادىء Xwms132

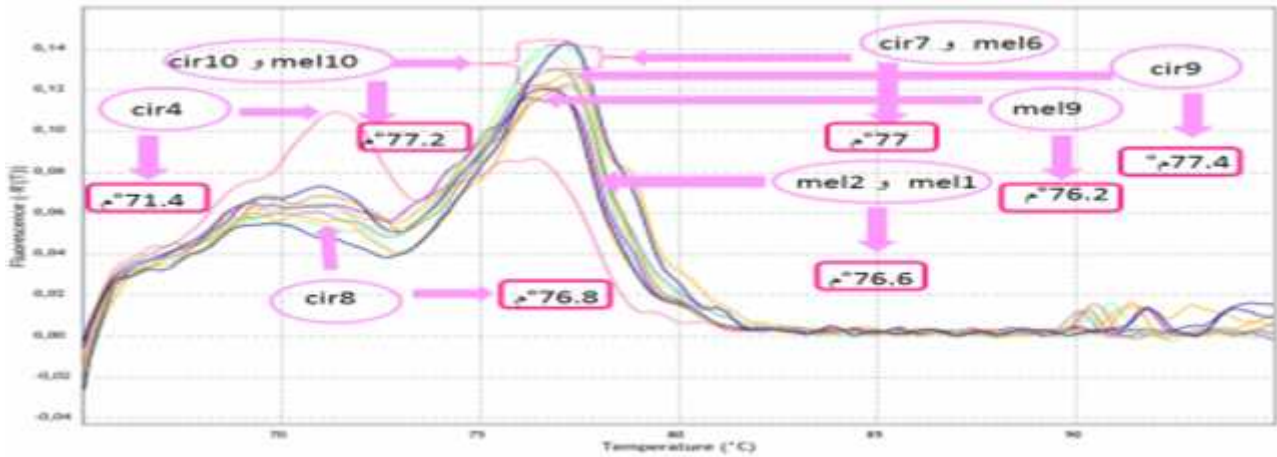
تبين من نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادىء Xwms132 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تتراوح ما بين 71.4-77.4°C. بحيث أعطى الفردين mel10 و cir10 نفس درجة حرارة الإنصهار قدرت ب 77.2°C وكذلك الفردين mel6 و cir7 تميزا بنفس درجة حرارة الإنصهار بلغت 77°C كما سجل الفردين mel1 و mel2 درجة حرارة انصهار بمعدل 76.6°C، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أخذت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، في حين الأفراد mel9، cir8، cir9 و cir4 أعطت قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار قدرت ب 77.4، 76.8، 76.2 و 71.4°C على الترتيب، مما يفسر وجود اختلاف وراثي بينها ومع بقية الأفراد تحت الدراسة (hètèrogènes). وهو ما يوضحه الشكل (54 و 55) والملحق (10).



الشكل(53): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* .Xwms132



الشكل(54): منحنى الذوبان عالي الدقة لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة .Xwms132



الشكل(55): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة .Xwms132

نستخلص من الدراسة الجزيئية لتحديد القرابة الوراثية بين الأفراد تحت الدراسة، تميز الأفراد *cir9*، *cir8* و *cir10* بخصائص وراثية متشابهة (*homogènes*) بالنسبة للبادئتين *Xwms47* و *Xwms46*، في حين أعطي الفرد *cir4* درجة حرارة إنصهار مختلفة عن الأفراد محل الدراسة عند البادئات *Xwms47*، مما يعبر عن وجود اختلاف وراثي (*hétérogènes*) مع الأفراد المدروسة. *Xwms132* و *Xwms499*

3-3 النتائج المرفوفيزيولوجية، المردود، البيوكيميائية والجزئية للموسم الزراعي 2016/2017

3-3-1 المقاييس المرفولوجية

سجلت النتائج المبينة في الشكل (56) و (الملحق 11) للقياسات المرفولوجية (LB,LE,LC,LP) مايلي:

(LP) طول النبات

تتراوح قيم طول النبات بين 2.06 ± 57.25 - 2.62 ± 92.25 سم، حيث سجلت أعلى القيم عند الأفراد mel9، mel3، cir10، mel4، mel10، mel7، و cir9: 2.62 ± 92.25 ، 2.36 ± 73.25 ، 3.59 ± 72.25 ، 2.62 ± 72.25 ، 3.5 ± 71.75 ، 2 ± 69 ، 2.82 ± 68 سم على التوالي، فيما أظهر الفردين mel6 و cir4 أقل طول النبات قدر بقيمة 2.5 ± 57.25 ، 2.06 ± 57.25 سم على الترتيب.

أظهرت الأفراد المدروسة من خلال تحليل التباين (الملحق 12) وجود اختلاف معنوى عالي جدا بالنسبة لطول النبات ($F=42.952$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وبين تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) لطول النبات أن هناك ثلاثة عشرة مجموعة (A، B، BC، BCD، CDE، DEF، DEFG، DEFGH، EFGH، FGHI، GHI، HI و I):

- المجموعات A، B، BC، BCD و CDE: شملت الأفراد mel9، mel3، cir10، mel10، mel7 و cir9 و mel4 وتميزت بأعلى معدل لطول النبات.
- المجموعات DEF، DEFG، DEFGH، EFGH، FGHI، GHI و HI: تتكون من الأفراد mel1، cir5، mel5، mel2، cir6، cir3، cir8، cir2، cir1، mel8 و cir7 التي أعطت قيم متوسطة لطول النبات.
- المجموعة I: مثلت أقل قيمة لطول النبات والمتمثلة عند الفردين mel6 و cir4.

(LC) طول عنق السنبله

بينت النتائج أن طول عنق السنبله عند الأفراد المدروسة تراوح بين 0.95 ± 16.25 - 0.95 ± 41.25 سم، حيث ظهرت الأفراد mel9، cir10، mel5، mel3، mel4، mel1، mel10، cir7، mel2 و mel7 بأعلى طول بقيم قدرها 0.95 ± 41.25 ، 1.70 ± 29.75 ، 1.31 ± 29.5 ، 2.36 ± 28.25 ، 1.70 ± 27.75 ، 1.70 ± 25.75 ، 0.95 ± 25.25 ، 1.41 ± 25 ، 1.70 ± 24.25 ، 0.5 ± 22.75

على الترتيب. بينما أعطى الفردين cir8 و cir3 أقل قيم لطول عنق السنبله قدرها 0.5 ± 17.25 ، 0.95 ± 16.25 على التوالي.

وبين تحليل التباين (الملحق 12) وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=43.55$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وحسب اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) بين وجود ثلاثة عشرة مجموعة

(A, B, BC, CD, CDE, DEF, DEFG, EFG, FG, GH, GHI, HI و I):

- المجموعات A, B, BC, CD, CDE, DEF, DEFG و DEF: تضم الأفراد mel9, mel10, mel5, mel3,

mel4, mel1, mel10, mel7, mel2 و mel7 بأعلى معدلات لطول السنبله.

- المجموعات EFG, FG, GH و GHI: تشمل الأفراد mel6, mel8, mel6, cir4, cir5, cir9, cir2,

و cir1 التي أخذت قيم متوسطة لطول عنق السنبله.

- المجموعتين HI و I: تتكون من الفردين cir8 و cir3 وتميزت بمعدلات أقل لطول عنق السنبله.

ج طول السنبله (LE)

اتضح أن طول السنبله عند عشرين فرد تراوح ما بين 0.5 ± 7.25 - 0.5 ± 9.75 سم. بحيث بلغ أعلى

القيم عند الأفراد cir8, mel10, mel5 و mel8: 0.5 ± 9.75 , 0.57 ± 9 , 0.95 ± 8.75 , 0.5 ± 8.75 سم

على الترتيب. بينما أعطى الفرد cir1 أقل قيمة لطول السنبله قدرها 0.5 ± 7.25 سم.

ومن تحليل التباين ANOVA (الملحق 12) تبين الاختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة

بالنسبة لطول السنبله ($F=3.779$ *** عند الحد $a=0.0001$).

في حين أظهر تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) وجود أربع مجموعات متمايضة

(A, AB, BC و C):

- المجموعتين A و AB: تتميز بأكبر متوسط طول السنبله وتتكون من الأفراد cir8, mel10, mel5,

و mel8.

- المجموعة BC: تتكون من الأفراد cir4, cir10, cir9, cir7, cir3, cir5, mel1, mel4, cir6,

mel7, mel6, mel3, mel9, mel2 و cir2 التي تميزت بقيم متوسطة لطول السنبله.

- المجموعة C: تضم الفرد cir1 بأقل قيمة.

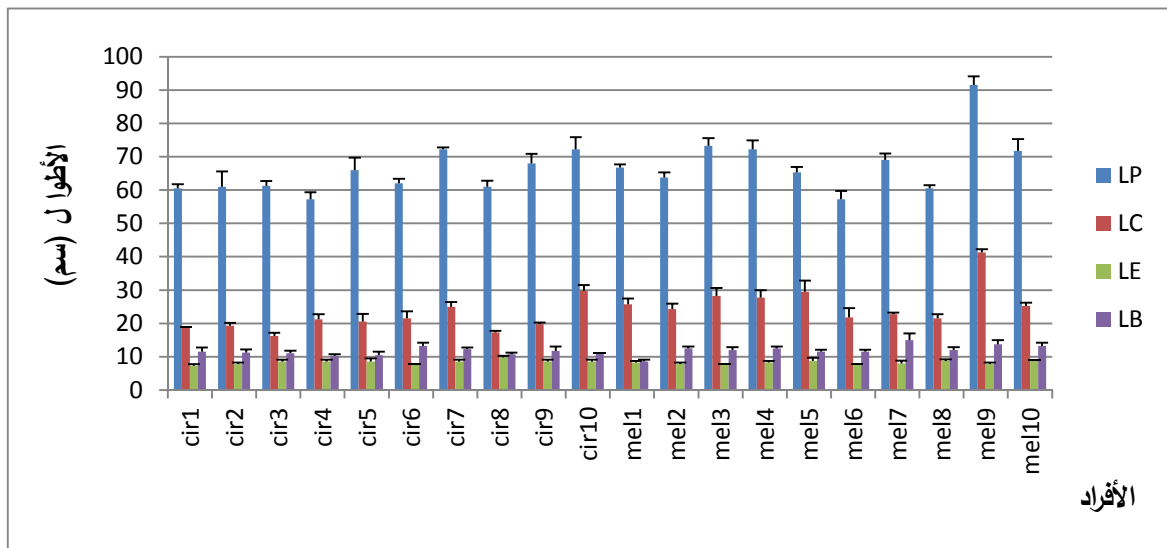
ج طول السفاة (LB)

بينت القيم المتحصل عليها لطول السفاة أنها تتراوح ما بين 0.57 ± 8.5 - 2 ± 15 سم، حيث أعطت الأفراد mel7، mel9، mel10، cir6، mel2، mel4، mel7، cir7، mel8 و mel3 أعلى القيم بلغت 2 ± 15 ، 0.5 ± 12.25 ، 0.57 ± 12.5 ، 0.57 ± 12.5 ، 0.95 ± 13.25 ، 0.95 ± 13.25 ، 1.25 ± 13.75 ، 0.81 ± 12 ، 0.81 ± 12 سم على التوالي، بينما كانت أقل القيم المسجلة لطول السفاة عند الفرد mel1 بقيمة 0.57 ± 8.5 سم.

سجل تحليل التباين ANOVA (الملحق 12) لمقياس طول السفاة وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة حيث أعطت ($F=9.251$ *** عند الحد $a=0.0001$).

ومن تحليل Neuwman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) سجل سبع مجموعات متميزة (A، AB، BC، BCD، CD، D و E):

- المجموعات A، AB، BC و BCD: تضم الأفراد mel7، mel9، mel10، mel6، mel2، mel4، cir7 و mel8 بأعلى القيم لطول السفاة.
- المجموعتين CD و D: تشمل الأفراد mel6، mel5، cir9، cir1، cir2، cir3، cir10، cir8، cir5 و cir4 التي تميزت بقيم متوسطة لطول السفاة.
- المجموعة E: تتمثل في الفرد mel1 بأقل معدل لطول السفاة.



الشكل (56): المقاييس المرفولوجية لعشرين فرد من القمح الصلب (طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل و طول السفاة) للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

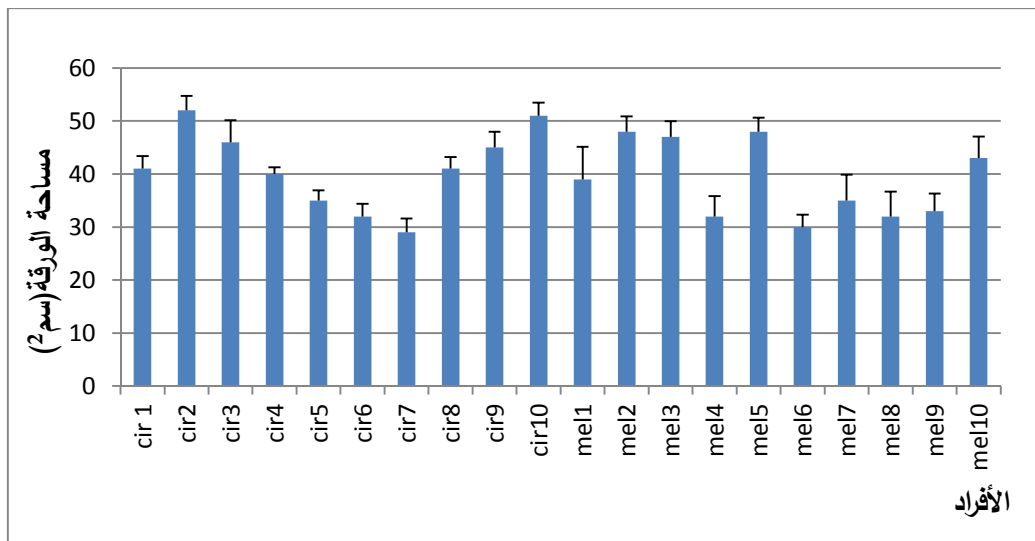
ج) مساحة الورقة (SF)

سجلت النتائج المبينة في (الشكل 57) و(الملحق 11) أن مساحة الورقة عند الأفراد المدروسة تراوحت ما بين 2.58 ± 29 - 2.70 ± 52 سم²، حيث أعطى كل من الأفراد cir10، cir2، mel3، mel5، mel2، cir3، cir9، mel10، cir1 و cir8 أعلى القيم لمساحة الورقة بلغت 2.70 ± 52 ، 2.5 ± 51.25 ، 2.88 ± 48.5 ، 2.64 ± 48.5 ، 2.98 ± 47.25 ، 4.12 ± 46.5 ، 3 ± 45.5 ، 4.08 ± 44 ، 2.36 ± 41.75 ، 2.21 ± 41.25 سم² على التوالي. في حين سجلت الأفراد mel8، mel6 و cir7 أقل القيم قدرها 4.69 ± 32 ، 2.30 ± 30 ، 2.58 ± 29 سم² على الترتيب.

تبين من تحليل التباين ANOVA (الملحق 12) بالنسبة لمساحة الورقة أن هناك اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=19.463$ *** عند الحد $a=0.0001$).

كما كشف تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) عن وجود اثني عشرة مجموعة (A، AB، ABC، ABCD، BCD، BCDE، CDEF، DEFG، EFGH، FGH، GH و H):

- المجموعات A، AB، ABC، ABCD، BCD و BCDE: تتمثل في الأفراد cir2، cir10، mel2، mel5، mel3، cir3، cir9، mel10، cir1 و cir8 بأكبر معدل لمساحة الورقة.
- المجموعات CDEF، DEFG، EFGH، FGH و GH: تشمل الأفراد cir4، mel1، cir5، mel7، mel9 و cir6 التي تميزت بقيمة متوسطة لمساحة الورقة.
- المجموعة H: تضم الأفراد mel8، mel6 و cir7 بأقل معدل لمساحة الورقة.



الشكل (57): مساحة الورقة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

2-3-3 المقاييس الفيزيولوجية

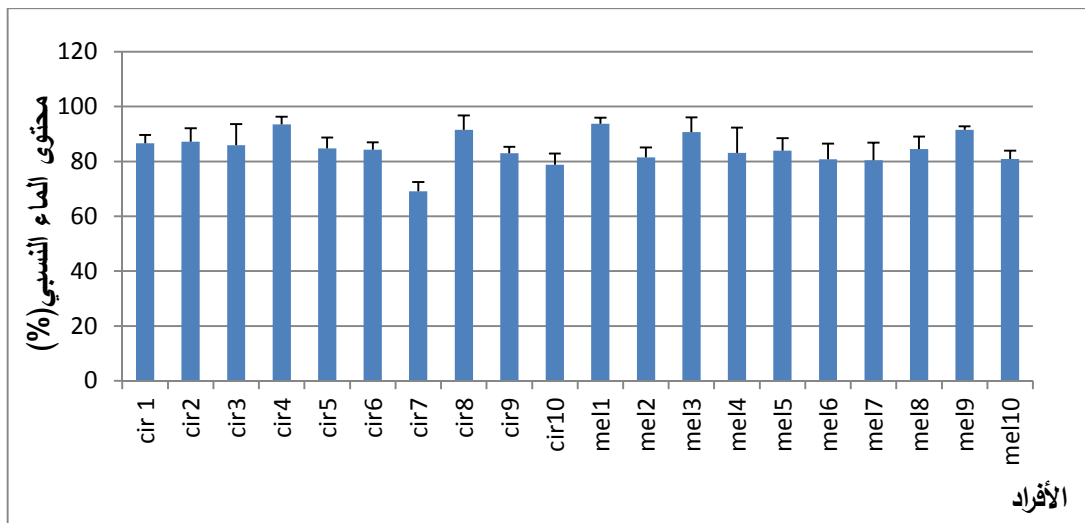
المحتوى النسبي للماء (TRE%)

يتضح من (الشكل 58) و(الملحق 11) أن القيم المسجلة للمحتوى النسبي للماء عند الأفراد تراوحت ما بين $2.13 \pm 93.78 - 3.36 \pm 69.89$ %، حيث سجلت أعلى القيم عند الأفراد mel1، cir4، mel3، mel9 و cir8 بمعدل 2.13 ± 93.78 ، 2.84 ± 93.51 ، 5.38 ± 91.67 ، 1.31 ± 91.53 ، 5.25 ± 91.5 % على الترتيب، في حين سجلت أقل القيم عند الفردين cir10 و cir7 قدرها 4.09 ± 78.78 ، 3.36 ± 69.89 على التوالي.

أعطت الأفراد المدروسة من خلال تحليل التباين ANOVA (الملحق 12) لمقاييس المحتوى النسبي للماء اختلاف معنوي عالي جدا ($F=6.011$ *** عند الحد $a=0.0001$).

كما أوضح اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) أن الأفراد تحت الدراسة تنقسم إلى ستة مجموعات (A، AB، ABC، BC، C و D):

- المجموعات A و AB: تميزت بأعلى معدل لمحتوى النسبي للماء عند الأفراد mel1، cir4، mel3، mel9 و cir8.
- المجموعة ABC و BC: تشمل كل من الأفراد cir2، mel8، cir1، cir3، cir5، cir6، mel5، mel4، cir9، mel2، mel10، mel6 و mel7 بقيم متوسطة للمحتوى النسبي للماء.
- المجموعات C و D: تتكون من الفردين cir10 و cir7 بأقل محتوى نسبي للماء.



الشكل(58): محتوى الماء النسبي عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-3-3 مكونات المردود

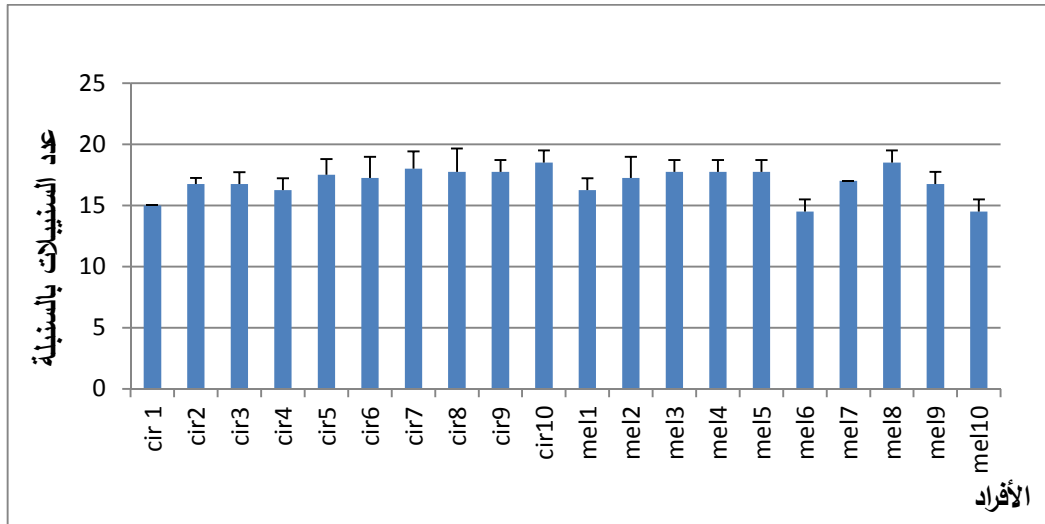
ل) عدد السنييلات بالسنبلة (NE/EP)

تبين من (الشكل 59) و (الملحق 11) أن عدد السنييلات بالسنبلة تراوح ما بين 1 ± 18.5 - 1 ± 14.5 سنبيلة في السنبلة، وتم تسجيل أعلى القيم عند الأفراد $cir8$ ، $cir9$ ، $mel3$ ، $mel4$ ، $cir7$ ، $cir10$ ، $mel8$ ، $cir3$ و $mel2$ ، $cir6$ ، $mel5$ بقيم قدرها 1 ± 18.5 ، 1 ± 18.5 ، 1.41 ± 18 ، 0.95 ± 17.75 ، 0.95 ± 17.75 ، 0.95 ± 17.75 ، 1.89 ± 17.75 ، 0.95 ± 17.75 ، 0.95 ± 17.75 ، 1.70 ± 17.25 ، 0.95 ± 17.25 ، 1.70 ± 17.25 على الترتيب، في حين تم تسجيل أضعف القيم عند الأفراد $mel9$ ، $cir1$ و $mel10$ ، $mel6$ قدرت بقيمة 1 ± 15.5 ، 0 ± 15 ، 1 ± 14.5 ، 1 ± 14.5 سنبيلة في السنبلة على التوالي.

كما اتضح من تحليل التباين ANOVA (الملحق 12) لعدد السنييلات في السنبلة وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=4.837$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وكشف تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) وجود سبع مجموعات متميزة (A، AB، ABC، ABCD، BCD، CD و D):

- المجموعات A، AB و ABC: تشمل الأفراد $cir8$ ، $cir9$ ، $mel3$ ، $mel4$ ، $cir7$ ، $cir10$ ، $mel8$ و $mel5$ ، $cir6$ و $cir3$ بأكثر عدد السنييلات بالسنبلة.
- المجموعة ABCD: تشمل الأفراد $mel7$ ، $cir2$ ، $cir5$ ، $cir4$ و $mel1$ التي أخذت قيم متوسطة لعدد السنييلات بالسنبلة.
- المجموعات CD، BCD و D: تضم الأفراد $mel9$ ، $cir1$ ، $mel10$ و $mel6$ التي أعطت أقل معدل لعدد السنييلات بالسنبلة.



الشكل (59): عدد السنبلات في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

ج) عدد الحبات بالسنبلة (NG/EP)

يتبين من (الشكل 60) و (الملحق 11) أن النتائج المتحصل عليها بالنسبة لعدد الحبوب في السنبلة تتراوح معدلاتها بين 1.29 ± 20.5 و 3.40 ± 36.75 حبة، حيث تم تسجيل أعلى قيمة عند الأفراد mel7، cir7، cir10، mel2، mel4 و mel10 وقدرت بقيمة 3.40 ± 36.75 ، 2.88 ± 33.5 ، 3.87 ± 30.5 ، 0.95 ± 30.25 ، 2.87 ± 29.75 ، 2.62 ± 29.25 حبات في السنبلة على التوالي. في حين تم تسجيل أقل القيم عند الأفراد cir1، cir8، mel6 و cir2 بقيمة 0.95 ± 22.25 ، 1.41 ± 22 ، 2.5 ± 21.75 ، 1.29 ± 20.5 حبات في السنبلة على الترتيب.

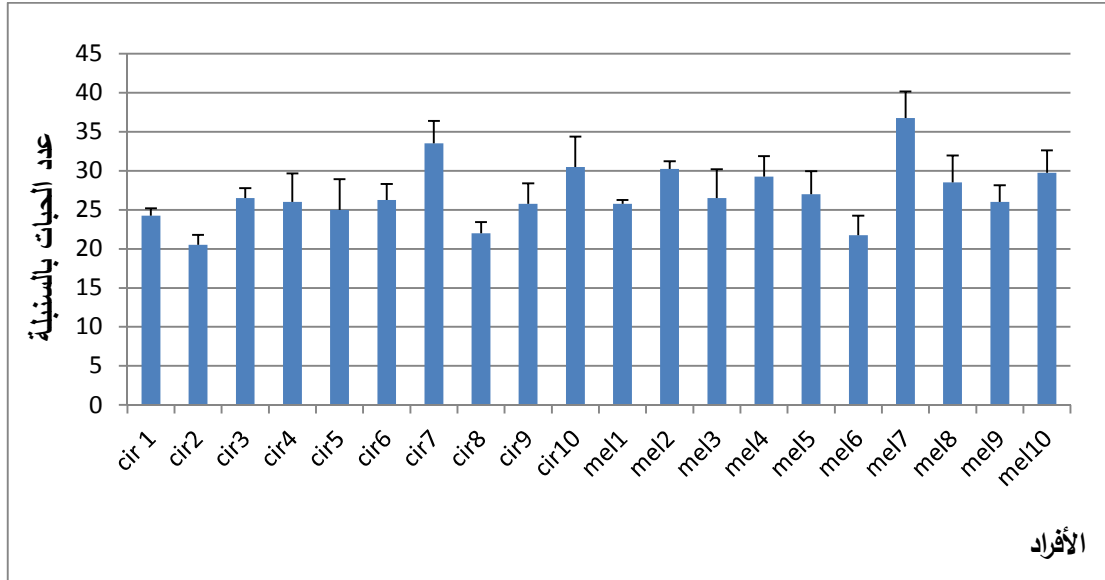
من تحليل التباين ANOVA (الملحق 12) بالنسبة لعدد الحبوب في السنبلة تبين وجود اختلاف معنوي عالي جدا ($F=8.864$ *** عند الحد $a=0.0001$).

وقد سجل تحليل Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) عن وجود خمسة مجموعات (A، AB، BC، CD و D):

- المجموعات A، AB و BC: تميز بأكبر معدل لعدد الحبوب بالسنبلة عند الأفراد cir7، mel7، cir10، mel2، mel10 و mel4.

- المجموعة CD: تشمل الأفراد mel5، mel8، mel3، cir3، cir6، mel9، cir4، cir9، mel1 و cir5 التي أعطت قيم متوسطة لعدد الحبوب بالسنبلة.

- المجموعة D: تتمثل في الأفراد cir1، cir8، mel6 و cir2 التي أعطت أقل معدل لعدد الحبات بالنسبة.



الشكل (60): عدد الحبات في السنبله عند الأفراد المدروسة للصفين *melanopus* و *circumflexum*.

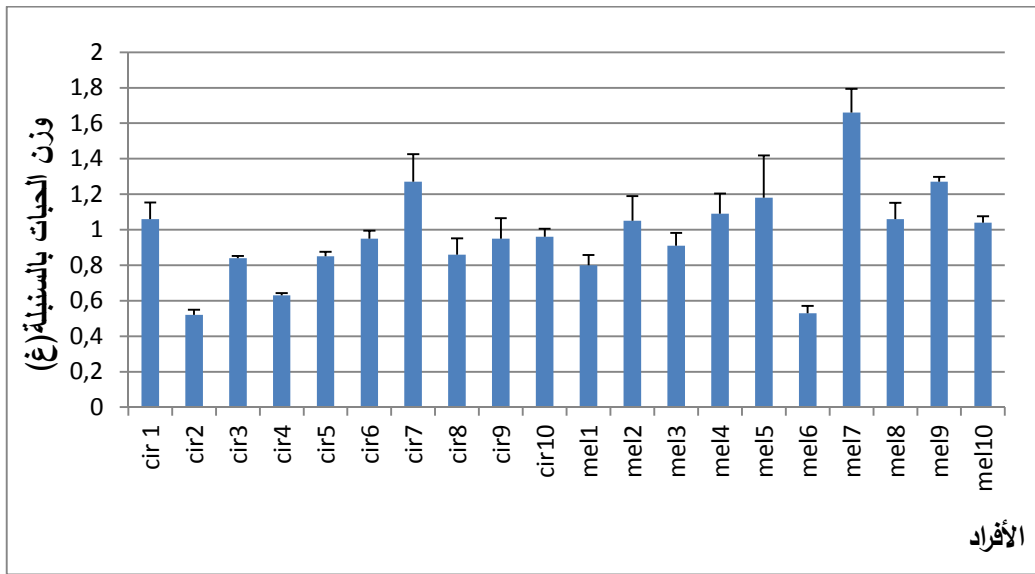
ل وزن الحبات بالنسبة (PG/EP)

يتضح من (الشكل 61) و (الملحق 11) أن النتائج المتحصل عليها بالنسبة لوزن الحبات بالنسبة تتراوح معدلاتها بين 0.02 ± 0.52 و 0.13 ± 1.66 غ، حيث تم تسجيل أعلى القيم عند الأفراد cir7، mel7، cir1، mel4، mel5، mel9، mel10 و mel2 قدرت بقيمة 0.13 ± 1.66 ، 0.15 ± 1.27 ، 0.02 ± 1.27 ، 0.23 ± 1.18 ، 0.11 ± 1.09 ، 0.09 ± 1.06 ، 0.09 ± 1.06 ، 0.13 ± 1.05 ، 0.03 ± 1.04 غ على الترتيب. في حين تم تسجيل أقل القيم عند الأفراد cir4، mel6 و cir2 حيث قدرت بقيمة 0.01 ± 0.63 ، 0.04 ± 0.53 ، 0.02 ± 0.52 غ على التوالي.

من خلال تحليل التباين ANOVA (الملحق 12) بالنسبة لوزن الحبات بالنسبة تبين وجود اختلاف معنوي عالي جدا ($F=29.719$ *** عند $\alpha=0.0001$).

ومن تحليل اختبار Newman-Keuls عند المستوى 5% (الملحق 12) صنفنا الأفراد إلى تسعة مجموعات (A، B، BC، CD، CDE، DEF، EF، F و G):

- المجموعات A، B، BC، CD و CDE: تحتوي على الأفراد mel7، cir7، mel9، mel5، mel4، cir1، mel8، mel2 و mel10 التي تمثل أعلى قيمة لوزن الحبات بالسنبلة.
- المجموعات DEF، EF و F: تضم الأفراد cir10، cir9، cir6، cir3، cir5، cir8، mel3 و mel1 التي تميزت بقيم متوسطة لوزن الحبات بالسنبلة.
- المجموعة G: تتمثل في الأفراد cir4، mel6، cir2 التي أعطت أقل معدل لوزن الحبات في السنبلة.



الشكل (61): وزن الحبات في السنبلة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

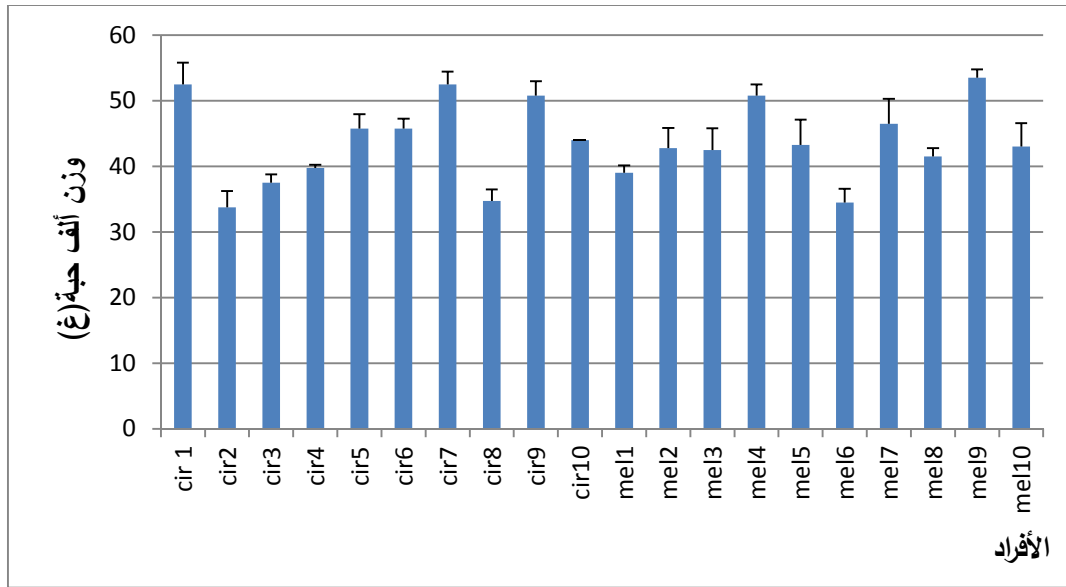
ج) وزن ألف حبة (PMG)

يتضح من (الشكل 62) و (الملحق 11) أن وزن ألف حبة المسجل عند الأفراد المدروسة تراوح بين $1.29 \pm 53.5 - 2.5 \pm 33.75$ غ. حيث أخذت الأفراد mel9، cir7، cir1، cir9 و mel4 أعلى القيم بلغت 1.29 ± 53.5 ، 1.91 ± 52.5 ، 3.31 ± 52.5 ، 2.21 ± 50.75 ، 1.70 ± 50.75 غ على الترتيب. في حين بلغت أقل القيم لوزن ألف حبة عند الأفراد cir3، cir8، mel6 و cir2 بمعدل قدره 1.29 ± 37.5 ، 1.70 ± 34.75 ، 1.5 ± 34.5 ، 2.5 ± 33.75 غ على التوالي.

من خلال تحليل التباين (الملحق 12) لمقياس وزن ألف حبة تبين أن هناك اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد المدروسة ($F=26.798$ *** عند الحد $a=0.0001$).

من تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% (الملحق 12) صنفت الأفراد إلى سبعة مجموعات (A، B، BC، BCD، CD، DE و E):

- المجموعة A: تحتوي على الأفراد mel9، cir7، cir1، cir9 و mel4 التي تمثل أعلى معدل لوزن ألف حبة.
- المجموعات B، BC، BCD و CD: تحتوي على الأفراد mel7، cir5، cir6، cir10، mel5، mel10، mel2، mel3، mel8، cir4 و mel1 التي تميزت بقيم متوسطة لوزن ألف حبة.
- المجموعتين DE و E: تتمثل في الأفراد cir3، cir8، cir2 و mel6 التي أعطت أقل معدل لوزن ألف حبة.



الشكل (62): وزن ألف حبة عند الأفراد المدروسة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

بينت النتائج الإحصائية المتحصل عليها من الدراسة المرفوفيزيولوجية والمردودية في الموسم الزراعي 2017/2016 من خلال تحليل التباين و اختبار Newman-Keuls عند المستوى 5% للصنفين *circumflexum* و *melanopus* وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد.

أخذت الأفراد mel9، mel3، mel4، mel10، mel7 و cir9 أعلى القيم فيما يخص مقياس طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة. في حين أعطت الأفراد cir3، cir9، cir1، mel10 و cir8 أعلى القيم بالنسبة للمساحة الورقية.

تميزت الأفراد mel1، cir4، mel3، mel9 و cir8 بأعلى القيم فيما يخص محتوى الماء النسبي.

أعطت الأفراد mel8، cir10، cir7، mel4، cir9 و mel2 بصفة مكونات المردود حيث أظهرت أعلى القيم بالنسبة لعدد السنبيلات في السنبلية، عدد الحبوب في السنبلية، وزن الحبوب بالسنبلية ووزن ألف حبة.

3-3-4 تحليل التنوع المورفوفيزيولوجي والمردود Analyse de la variabilité morphophysologique et rendement
تم تحليل الأساسي التركيبي (ACP) لعشرة أفراد لكل للصنفين *circumflexum* و *melanopus*، والذي يضم 10 معايير.

دونت نسبة المعلومات (الجدول 16) المعطاة على المحاور (Axe1)F1، (Axe2)F2 و (Axe3)F3 على الترتيب 36.06%، 18.88% و 13.39%، بمجموع كلي يساوي 68.34%، وتعتبر هذه نسبة كافية للحصول على التنوع.

الجدول(16): نسبة المحاور (1، 2 و 3)

	F1	F2	F3
Valeur propre	3,607	1,889	1,339
variance%	36,069	18,886	13,394
Totales	68,349		

3-3-4-1 دراسة مصفوفة معامل الارتباط Matrice de corrélation

أظهر تحليل الارتباط بين المقاييس المدروسة (الجدول 17) وجود ارتباطا إيجابيا معنوي و ايجابيا معنويا جدا بين مختلف المعايير المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود.

- تميز وزن ألف بارتباطا إيجابيا معنوي مع وزن الحبات بالسنبلية ($r=0.67$).
- سجل وزن الحبات بالسنبلية بارتباطا إيجابيا معنوي جدا مع عدد الحبات بالسنبلية ($r=0.80$) وإيجابي معنوي مع طول السفاة ($r=0.69$).
- وجد ارتباطا إيجابيا معنوي بين عدد الحبات بالسنبلية مع محتوى الماء النسبي ($r=0.58$) وطول السفاة ($r=0.54$).
- تم تسجيل وجود ارتباطا إيجابيا معنوي بين محتوى الماء النسبي مع طول النبات ($r=0.67$).

الجدول (17): مصفوفة الارتباط للمعايير المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

	PMG	PG/EP	NG/E	NEP/EP	TRE(%)	LCO	Lé	LB	LP	SF
PMG	1									
PG/EP	0,676	1								
NG/E	0,476	0,801	1							
NEP/EP	0,183	0,283	0,295	1						
TRE(%)	-0,333	-0,391	-0,587	-0,150	1					
LCO	0,443	0,401	0,270	0,137	0,024	1				
Lé	-0,283	0,019	0,011	0,311	-0,026	-0,085	1			
LB	0,465	0,695	0,543	0,009	-0,409	0,308	-0,224	1		
LP	-0,056	0,010	-0,305	-0,271	0,674	0,214	-0,125	0,191	1	
SF	-0,336	-0,257	-0,183	0,086	0,202	-0,090	0,113	-0,273	0,109	1

3-4-2-3 Etude des variables دراسة المعايير

من (الشكل 63: A,B) و (الملحق 13) توزعت المقاييس المدروسة على المحاور الأول، الثاني والثالث (Axe1، Axe2 و Axe3) بحيث:

تتمثل المقاييس المتوزعة على المحور الأول (Axe1) في: وزن الألف حبة (PMG)، وزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)، عدد الحبات بالسنبلة (NG/E)، طول عنق السنبلة (LC) وطول السفاة (LB)، وذلك من الناحية الموجبة. بينما يعاكسها معيار المحتوى النسبي للماء (TRE).

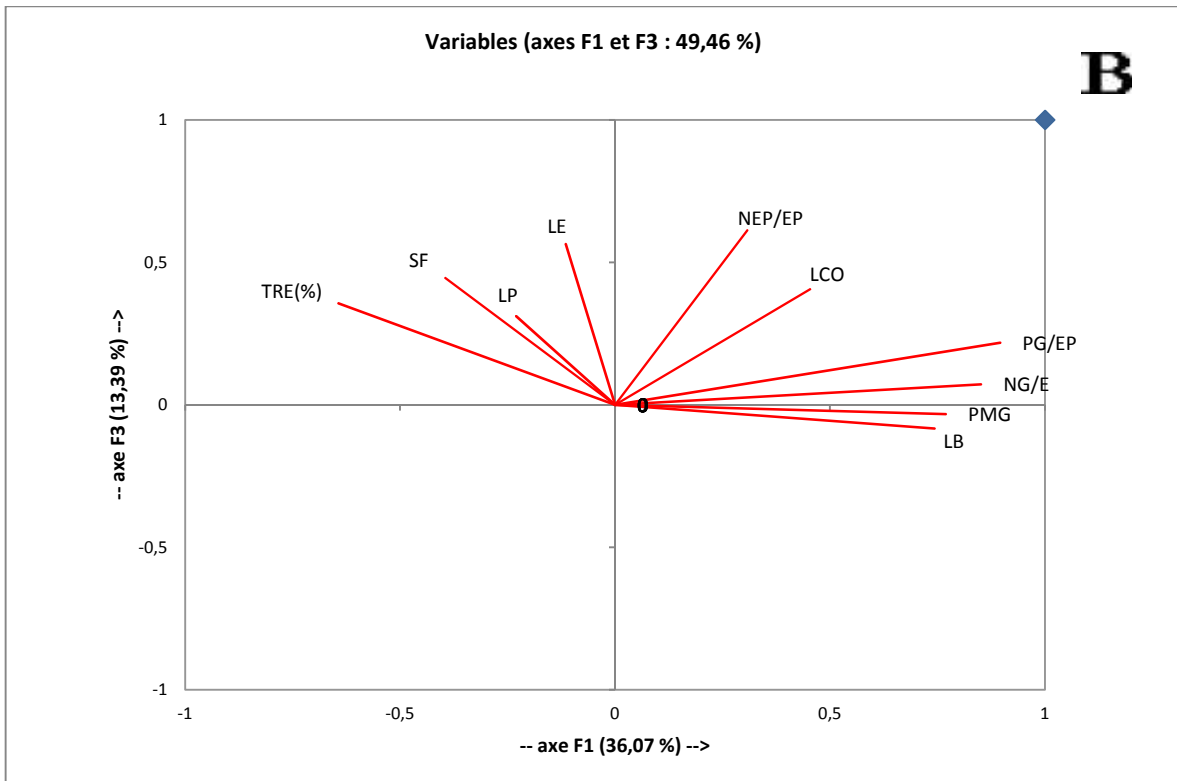
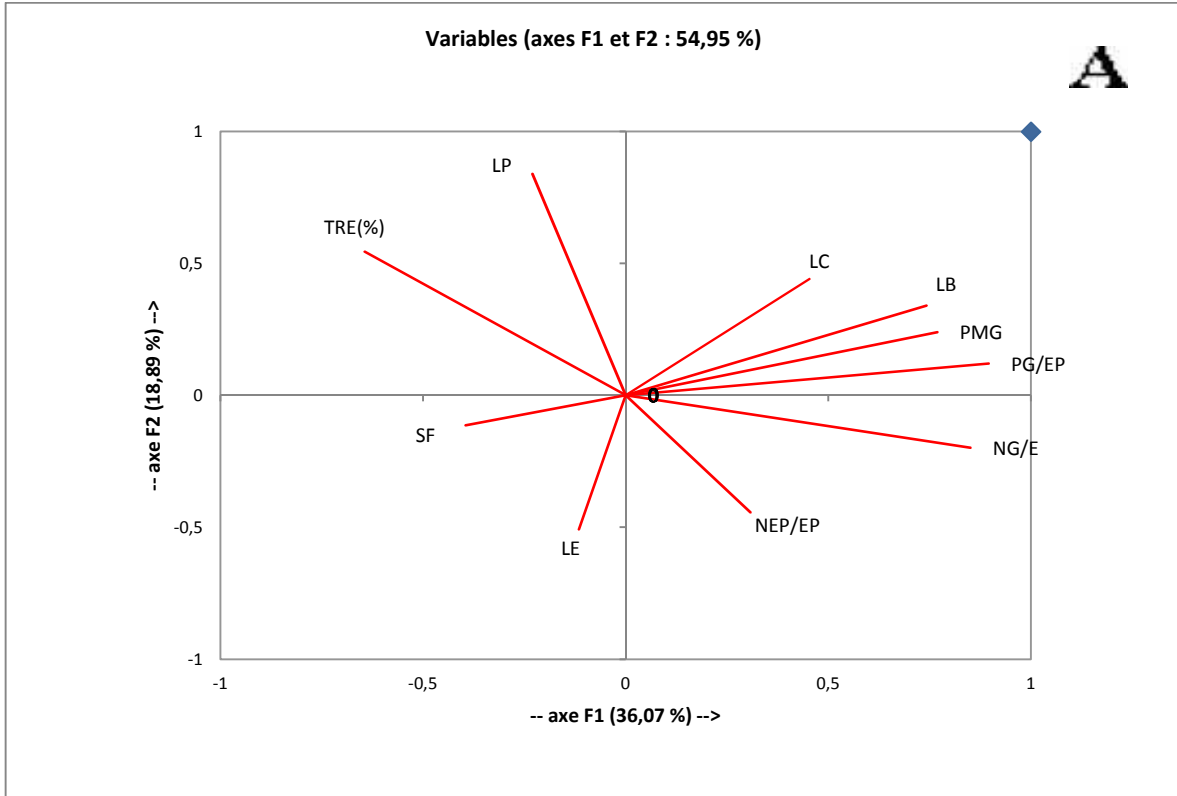
ل بين التحليل أن المحور الأول (Axe1) يتميز بمقاييس مرفوفيزيولوجية ومردودية (الشكل 63: A).

يتركب المحور الثاني (Axe2) من الجهة الموجبة بالمقياس التالي: طول النبات (LP).

ل كشف التحليل أن المحور الثاني (Axe2) يتصف بمقاييس مرفولوجية (الشكل 63: A).

وأخذ المحور الثالث (Axe3) المعايير التالية: عدد السنييلات بالسنبلة (NEP/EP)، طول السنبلة (LE)، مساحة الورقة (SF) من الناحية الموجبة.

ل يتكون المحور الثالث (Axe3) من المقاييس المرتبطة بالمعايير المرفولوجية و مردودية (الشكل 63: B).



الشكل (63 : A, B): حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP المتشكلة من : A : Aex1,2 (Plan : 1,2) ، B : Aex1,3 (Plan : 1,3) للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-4-3-3 دراسة الأفراد

اتضح من توزيع الأفراد على المحاور 1، 2 و 3 المبينة في (الشكل 64: A,B) و (الملحق 13) أن الأفراد mel7 و mel4، mel2، cir7 و mel10 توجد في الجهة الموجبة من المحور الأول و بالتالي تتميز بالمقاييس التالية: وزن الألف حبة (PMG)، وزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)، عدد الحبات بالسنبلة (NG/E)، طول عنق السنبلة (LC)، طول السفاة (LB).

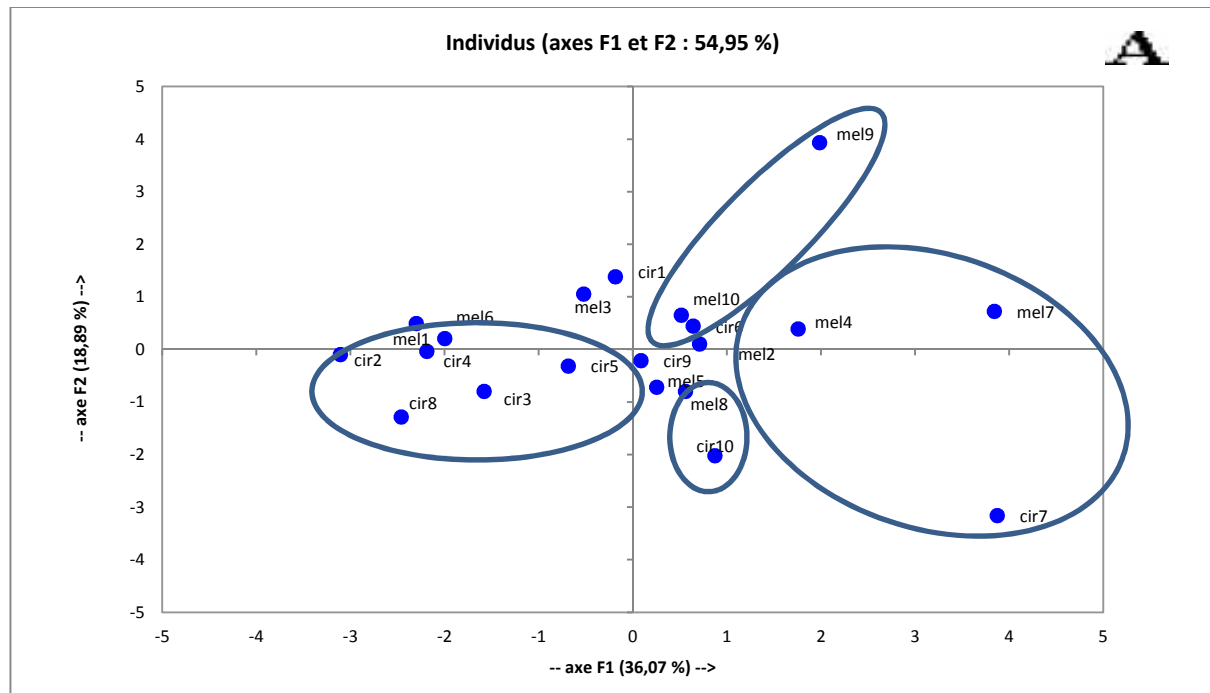
فيما وجدت الأفراد cir2، cir3، cir4، cir5، cir8 و mel1 في الجهة السالبة من المحور الأول والتي اتصفت بمقياس: المحتوى النسبي للماء (TRE).

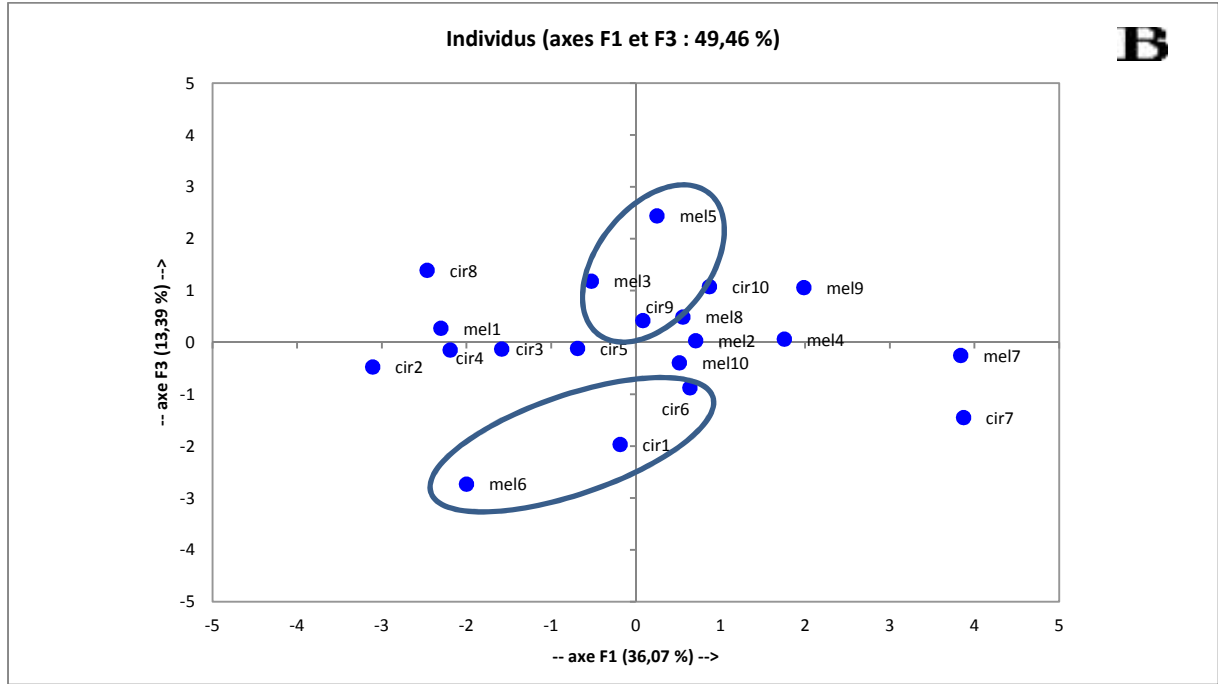
توزع الأفراد mel9 و mel10 في الجهة الموجبة من المحور الثاني وأعطت أعلى قيمة بالنسبة لمقياس: طول النبات (LP).

في حين تواجد الفرد mel8 و cir10 في الجهة السالبة للمحور الثاني وأخذ قيم أقل بالنسبة للمقياس السابق الذكر.

بينما توضعت الأفراد cir9، mel3 و mel5 في الجهة الموجبة من المحور الثالث واتصفت بالمقاييس التالية: عدد السنبيلات بالسنبلة (NEP/EP)، طول السنبلة (LE) ومساحة الورقة (SF).

أما الأفراد cir1، cir6 و mel6 تواجدت في الجهة السالبة من نفس المحور وتميزت بقيم أقل فيما يتعلق بالمقاييس السابقة الذكر.





الشكل (64 :A,B): تمثيل الأفراد على المحاور: A: Aex1,2 (Plan:1,2) B: Aex1,3 (Plan:1,3) للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.

اتضح من خلال التحليل التركيبي وجود 6 مجموعات تتميز بالمقاييس المرفوفيزيولوجية و مكونات المردود مما يبين وجود اختلاف في سلوك المقاييس بين الأفراد:

- 1) المجموعة الأولى تضم الأفراد mel7 و mel4، mel2، cir7 التي أعطت أكبر القيم بالنسبة لوزن الألف حبة (PMG)، وزن الحبات بالسنبلة (PG/EP)، عدد الحبات بالسنبلة (NG/E)، طول عنق السنبلة (LC) وطول السفاة (LB).
- 2) المجموعة الثانية تشمل الأفراد cir2، cir3، cir4، cir5، cir8 و mel1 التي تحتوي على أعلى القيم بالنسبة للمحتوى النسبي للماء (TRE).
- 3) المجموعة الثالثة تتكون من الفردين mel9 و mel10 التي تميزت بأعلى القيم لطول النبات (LP).
- 4) المجموعة الرابعة ضمت الفرد mel8، cir10 الذي أعطى أضعف قيمة بالنسبة لطول النبات (LP).
- 5) المجموعة الخامسة تحتوي على الأفراد cir9، mel3 و mel5 التي أخذت أكبر القيم بالنسبة لعدد السنييلات بالسنبلة (NEP/EP)، طول السنبلة (LE) و مساحة الورقة (SF).

المجموعة السادسة تتشكل من الأفراد cir1، cir6 و mel6 التي بينت أضعف القيم بالنسبة لعدد السنيبلات بالنسبة (NEP/EP)، طول السنبل (LE) ومساحة الورقة (SF).

3-3-5 الدراسة البيوكيميائية

تمت الدراسة البيوكيميائية على عشرة أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus* بحيث تم اختيار الأفراد ذات القيم العالية بالنسبة للمعايير المرفوفيزيولوجية والمردود خلال الموسم الزراعي 2017/2016، وذلك لتحليل البروتينات الكلية وبينت النتائج من خلال الأوزان الجزيئية للحزم.

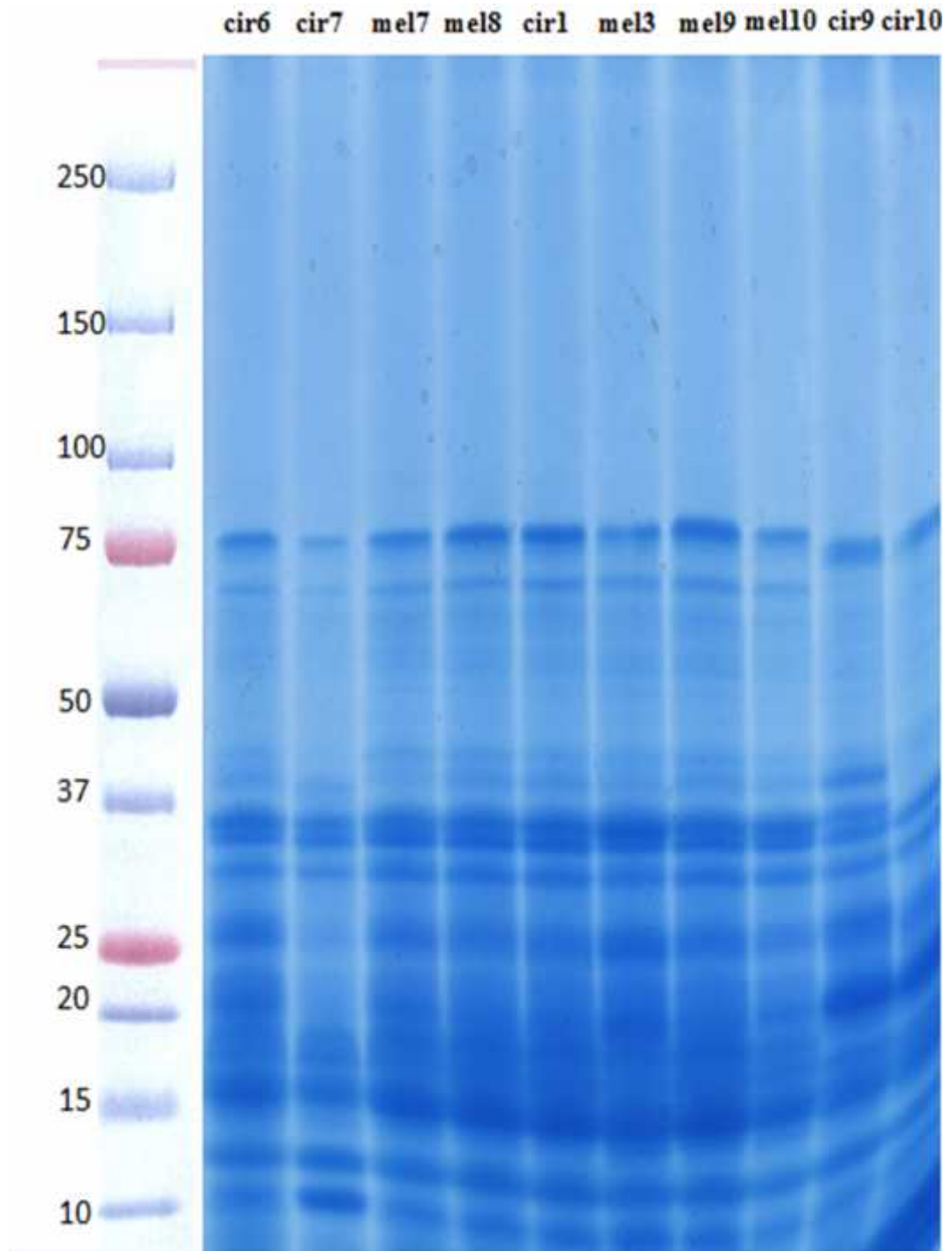
كشفت النتائج المتحصل عليها من خلال الرحلان الكهربائي للبروتينات الكلية عدد مختلف من الأحزمة وأوزانها الجزيئية. ومن تحليل الجل الشكل (65) والجدول (18 و 19) تم كشف وجود 15 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين KDa75 - KDa10. منها 6 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة ذات أوزان جزيئية: 35، 32، 17، 15، 12 و KDa 10.

سجل الفرد cir6 مجموع 12 حزمة بأوزان جزيئية: 75، 66، 43، 36، 35، 32، 25، 20، 17، 15، 12 و KDa10 كما تم كشف به أعلى تنوع Polymorphisme بنسبة 58.33%. أعطت الأفراد mel3، mel7 و mel10 مجموع 13 حزمة ذات أوزان جزيئية: 75، 66، 43، 36، 35، 32، 25، 20، 18، 17، 15 و KDa10. مع تنوع Polymorphisme بنسبة 53.84%. أظهرت النتائج أن عدد الحزم للأفراد cir1، mel8 و mel9 قدرت ب 12 حزمة ذات أوزان جزيئية: 75، 66، 43، 36، 35، 32، 25، 18، 17، 15، 12 و KDa 10، كما بينت هذه الأفراد تنوع Polymorphisme قدر بنسبة 50%.

تبين من النتائج أن عدد الحزم عند الفرد cir9 ظهر بمجموع 12 حزمة ذات أوزان جزيئية: 74، 43، 37، 36، 35، 32، 25، 20، 17، 15، 12 و KDa10، كما أظهر وجود 2 حزم نوعية موجبة ذات وزن جزيئي: 74 و 37 KDa وحزمة نوعية سالبة ذات وزن جزيئي KDa75 وتميزت بتنوع Polymorphisme قدر بنسبة 50%.

أعطى الفرد cir10 مجموع 10 حزم، قدرت أوزانها الجزيئية ب: 75، 43، 32، 25، 20، 17، 15، 12 و KDa10، كما بين وجود حزمة نوعية سالبة ذات وزن جزيئي KDa36 وتميز هذا الفرد بتنوع Polymorphisme قدر بنسبة 40%.

سجل الفرد cir7 مجموع 9 حزم، قدرت أوزانها الجزيئية ب: 75، 66، 36، 35، 32، 17، 15، 12 و KDa10، كما أظهر وجود 2 حزم نوعية سالبة ذات الوزن الجزيئي: 43 و KDa25 وتميز هذا الفرد بتنوع Polymorphisme قدر بنسبة 33.33%.



الشكل(65): صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات عند الأفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.

الجدول(18): عدد الحزم و الأوزان الجزيئية الموجودة عند الأفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.

n b	PM	cir6	cir7	mel7	mel8	cir1	mel3	mel9	mel10	cir9	cir10	
1	75	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	U(-)
2	74	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	U(+)
3	66	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	P
4	43	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	U(-)
5	37	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	U(+)
6	36	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	U(-)
7	35	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
8	32	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
9	25	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	U(-)
10	20	+	-	+	-	-	+	-	+	+	+	P
11	18	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	P
12	17	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
13	15	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
14	12	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
15	10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	M
	Total	12	9	13	12	12	13	12	13	12	10	T=118

الجدول(19): عدد الحزم المشتركة (Monomorphes) و المتنوعة (Polymorphe) للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.

(Géotypes)	(Monomorphes)	(Polymorphe)		(Total)	(Polymorphe%)
		Bonde unique	Bonde non unique		
cir6	6	0	7	12	58.33 %
cir7	6	0	3	9	33.33 %
mel7	6	0	7	13	53.84 %
mel8	6	0	6	12	50 %
cir1	6	0	6	12	50 %
mel3	6	0	7	13	53.84 %
mel9	6	0	6	12	50 %
mel10	6	0	7	13	53.84 %
cir9	6	2	6	12	50 %
cir10	6	0	4	10	40 %

دراسة شجرة القرابة Dendrogramme

تم انشاء شجرة القرابة للأفراد المختارة من خلال صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات (الشكل 65)، والتي تبين العلاقة الوراثية بين 10 أفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

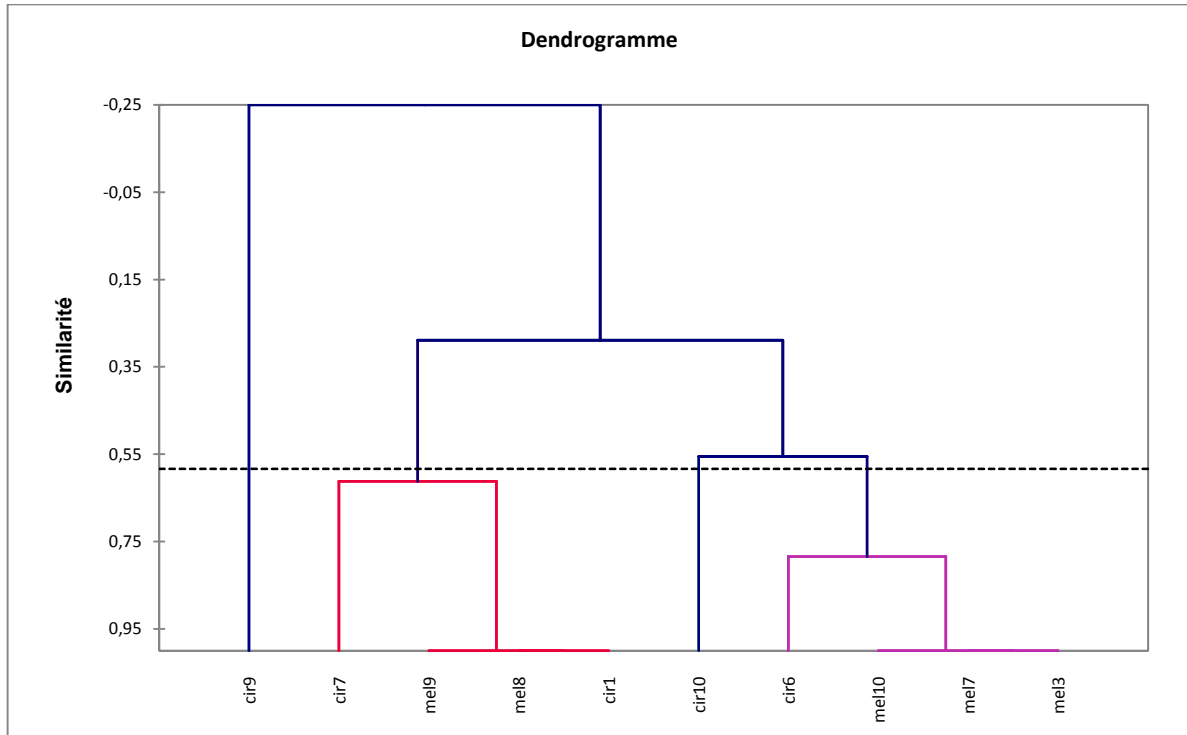
من خلال شجرة القرابة (الشكل 66) تبين وجود مجموعتين رئيسيتين:

المجموعة الأولى تضم الفرد *cir9*.

المجموعة الثانية تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى تتمثل في الأفراد *cir7*، *mel9*، *mel8* و *cir1* حيث تبين وجود تقارب وراثي بين هذه الأفراد.

- تحت المجموعة الثانية تضم الأفراد *cir10*، *cir6*، *mel10*، *mel7* و *mel3*.



الشكل (66): شجرة القرابة للأفراد المختارة للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

أعطت الدراسة البيوكيميائية خلال الموسم 2017/2016 وجود مجموع 15 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين $KDa10 - KDa75$. منها 6 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة، كما تم تسجيل أكبر عدد للحزم عند الفردين *mel7* و *mel3* بلغ $KDa13$ ، وأخذ الفرد *cir6* أكبر نسبة تنوع polymorphisme قدر بنسبة 66.66%.

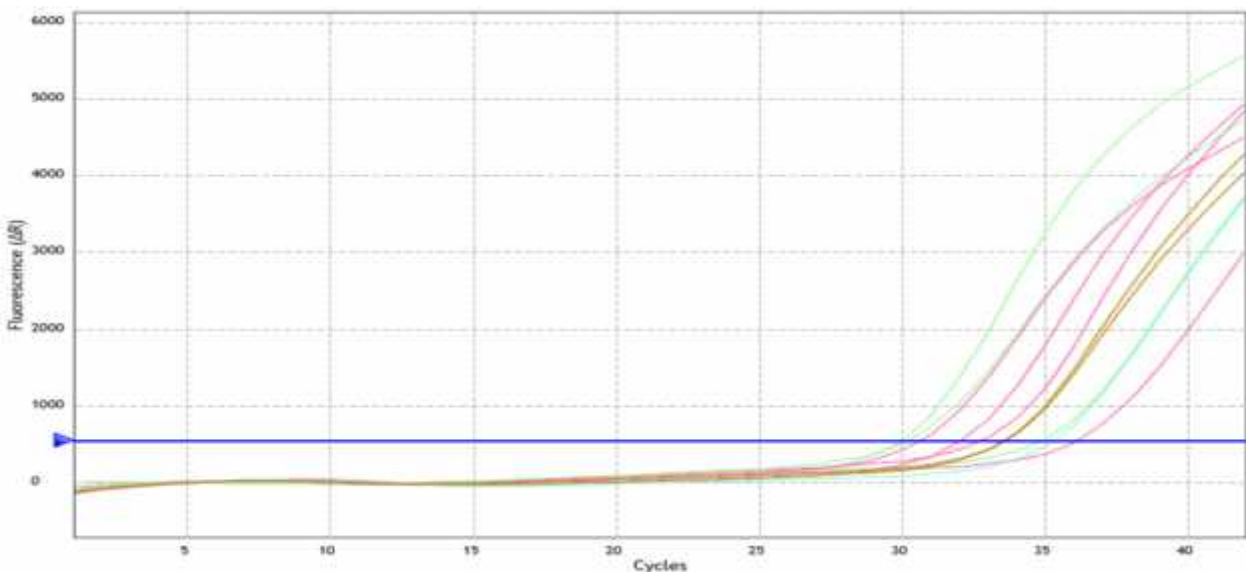
3-3-6 الدراسة الجزيئية

تمت الدراسة الجزيئية على عشرة أفراد للصنفين *melanopus* و *circumflexum* بحيث تم اختيار الأفراد ذات القيم العالية بالنسبة للمعايير المرفوفيزيولوجية والمردود خلال الموسم الزراعي 2017/2016، وتم تجريب 5 بادئات منها بادئة لم تعطي تفاعلا مع ADN المستخلص من الأفراد محل الدراسة، بينما أعطت 4 بادئات تفاعلا مع جميع الأفراد.

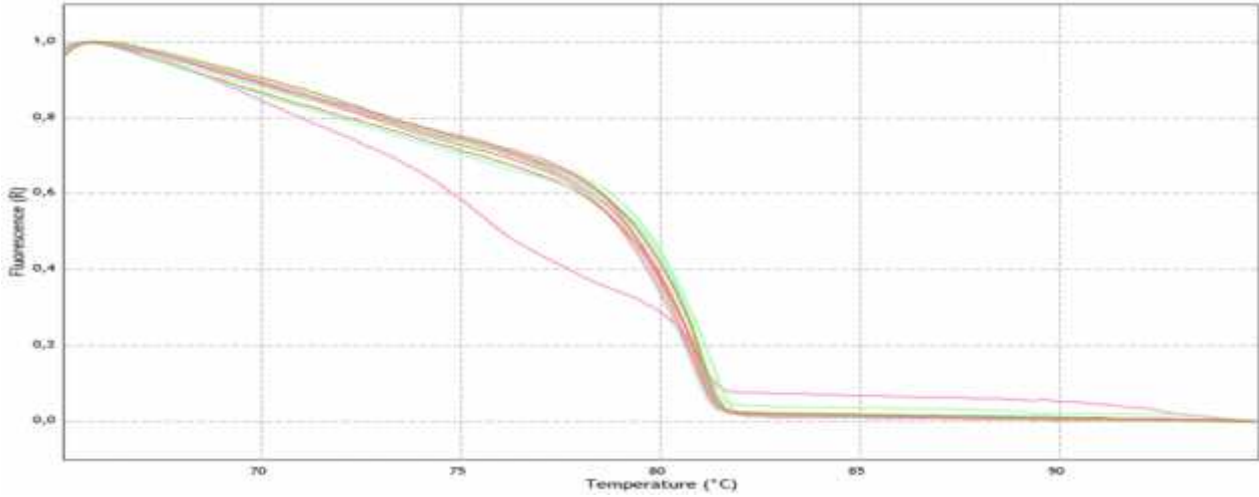
بينت النتائج الموضحة في الشكل (67، 70، 73 و 76) أنه كلما زادت عدد الدورات لتقنية (PCR) تزداد الفلورة وهي تعبر عن تزايد كميات سلاسل ADN المتكونة (ADN amplification) بحسب البادئ المستعمل.

- البادئ Xwms47

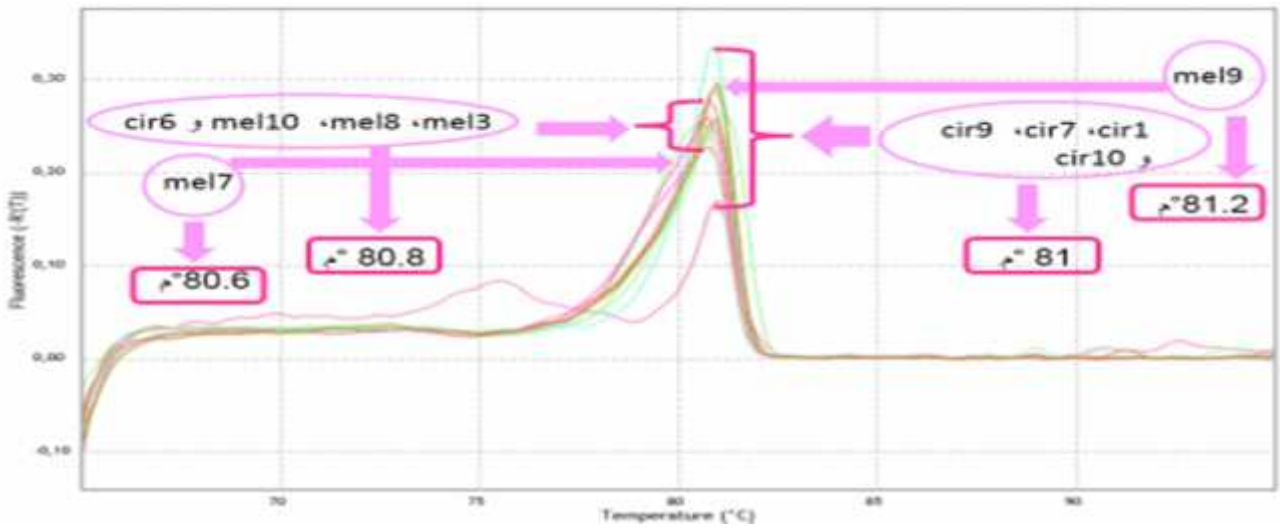
كشفت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 80.6-80.8°م. حيث أعطت الأفراد *mel3*، *mel8*، *mel10* و *mel11*: 80.8°م، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي تميزت بنفس درجة حرارة الإنصهار (homogenes)، في حين الفردين *mel7* و *mel9* أعطيا قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار قدرت بقيمة 81.2 و 80.6°م على الترتيب، مما يفسر وجود اختلاف وراثي بينهما ومع بقية الأفراد تحت الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (68 و 69) والملحق (14).



الشكل (67): منحني تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms47.



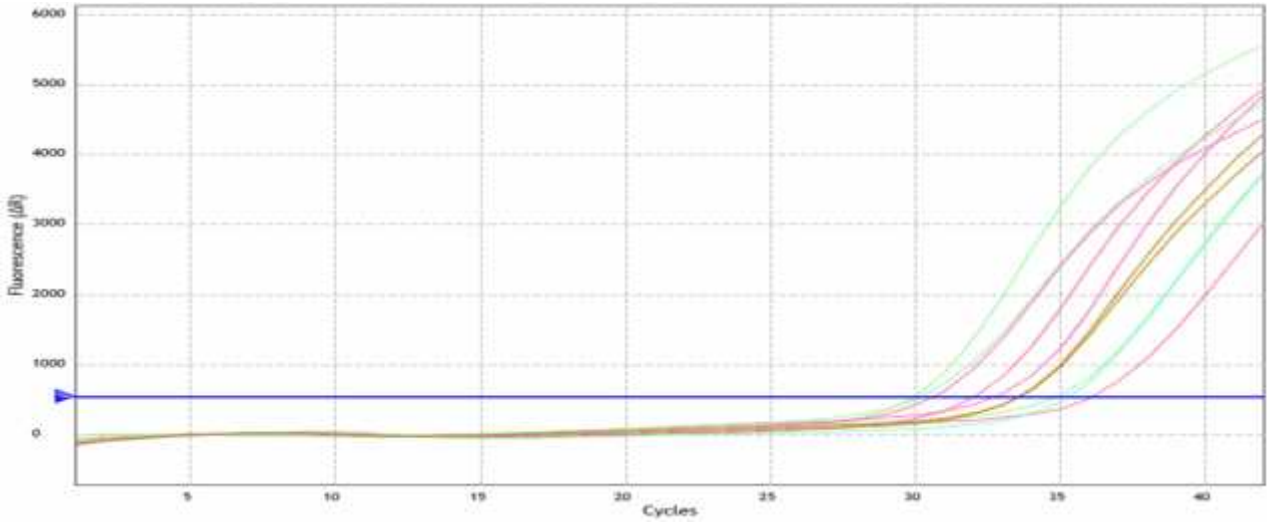
الشكل (68): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47.



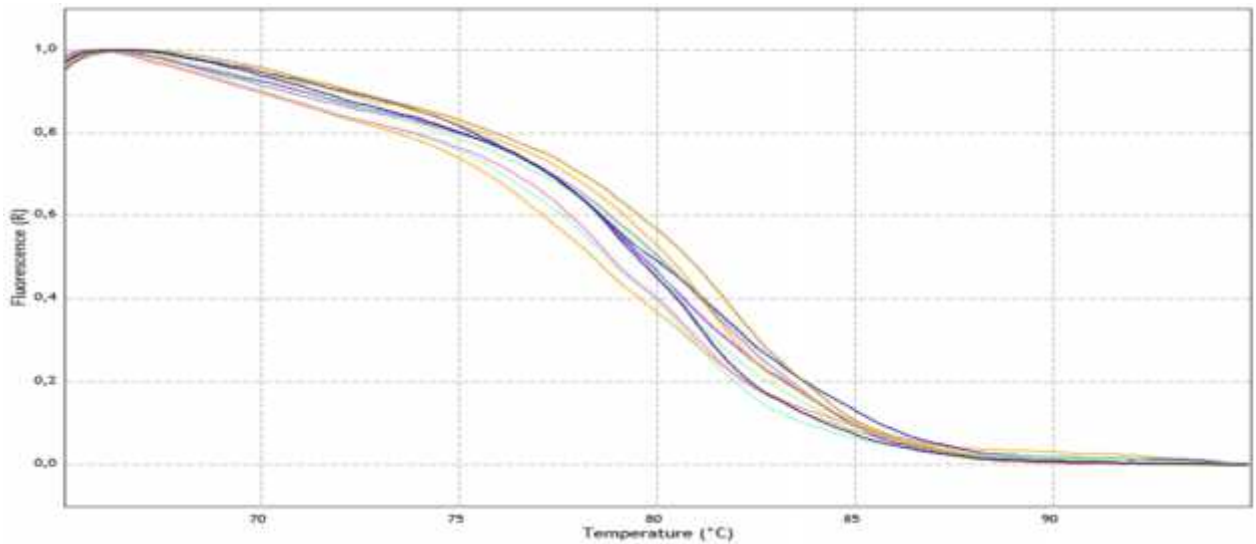
الشكل (69): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.

- البادئ Xwms46

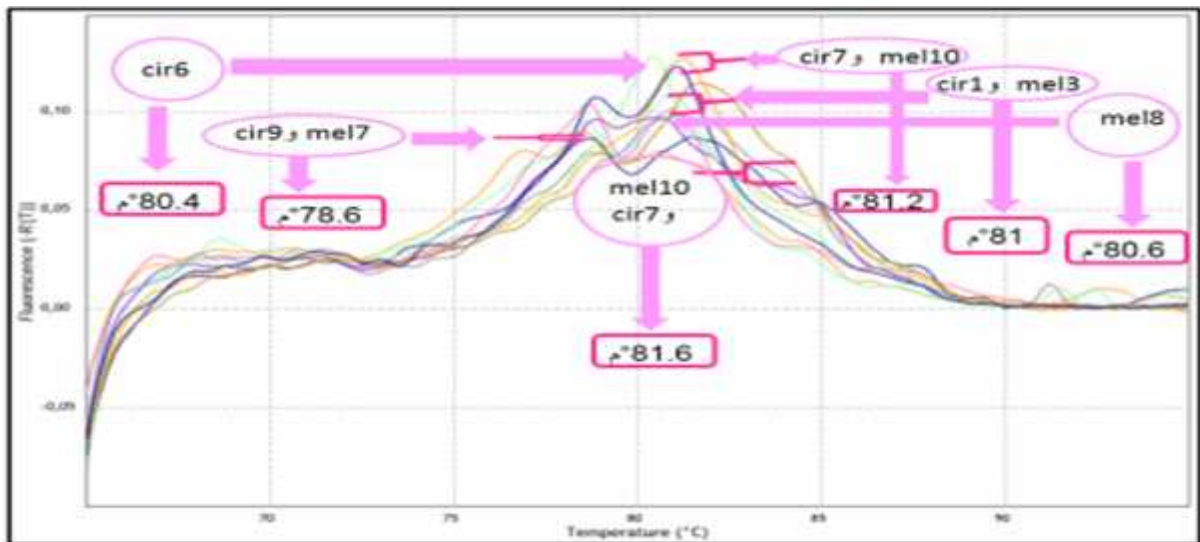
تبين من نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms46 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 78.6-81.6°C. بحيث أعطى الفردين cir10 و mel9 نفس درجة حرارة الإنصهار قدرت ب 81.6°C وكذلك الفردين cir7 و mel10 تميزا بنفس درجة حرارة الإنصهار بلغت 81.2°C كما سجل الفردين cir1 و mel3 درجة حرارة انصهار بمعدل 81°C، بإضافة إلى الفردين cir9 و mel7 قدرت بقيمة 78.6°C، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أعطت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، في حين الفردين cir6 و mel8 أعطيا قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار بلغت 80.4°C و 80.6°C على الترتيب، مما يفسر وجود اختلاف وراثي بينهما ومع بقية الأفراد محل الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (71 و 72) والملحق (14).



الشكل (70): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms46.



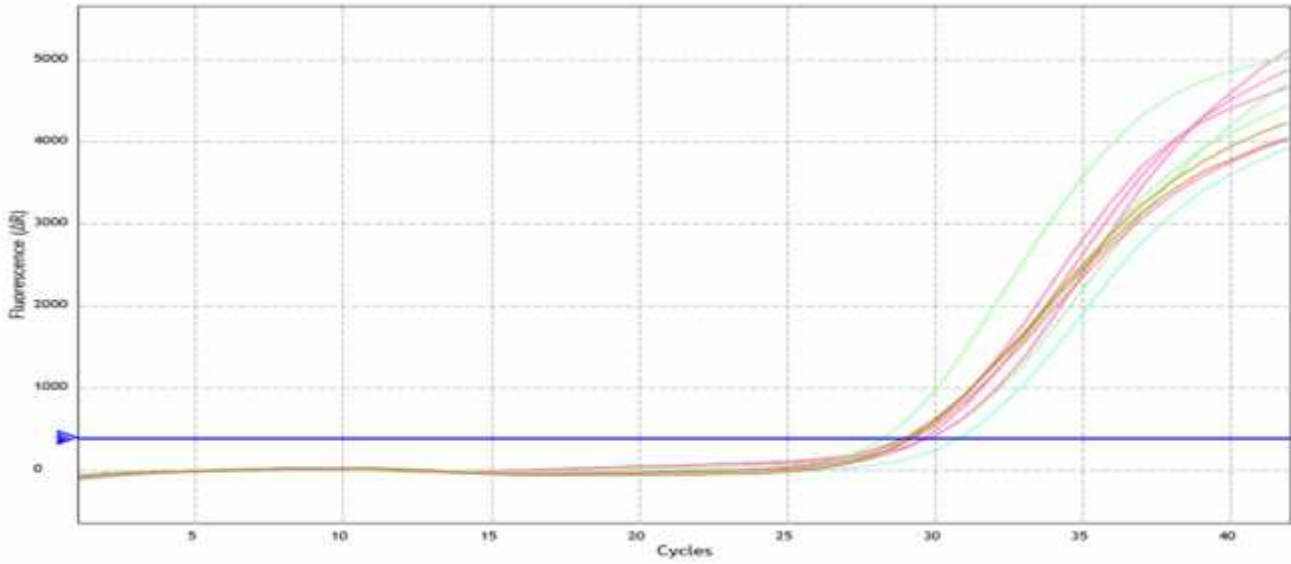
الشكل (71): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms46.



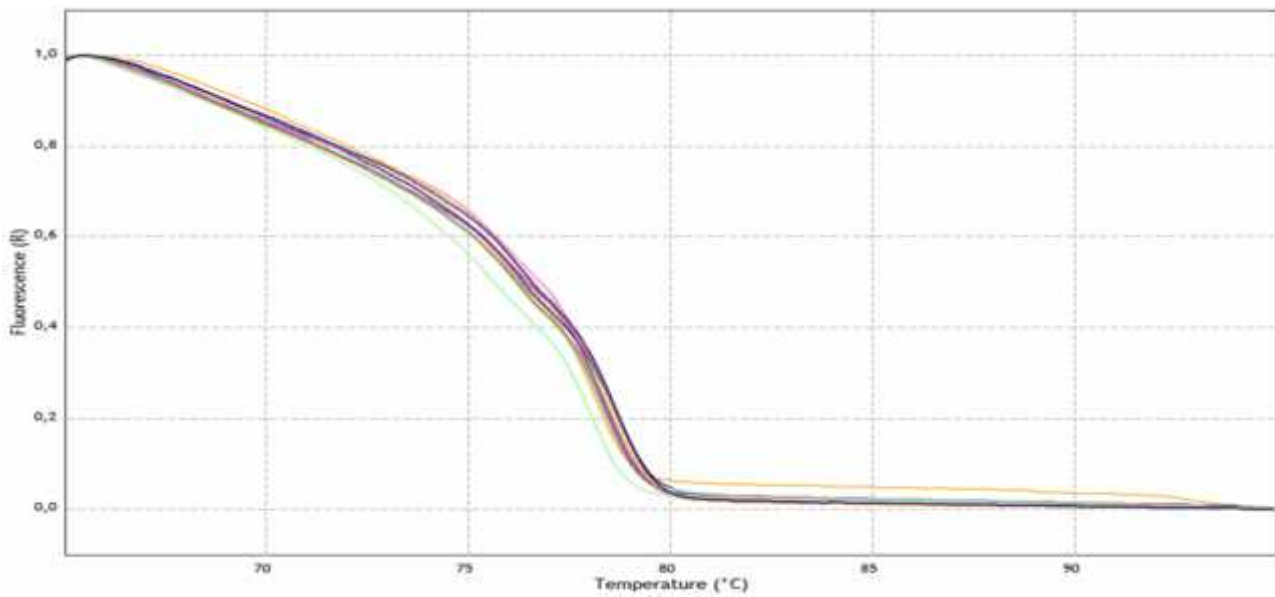
الشكل (72): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.

- البادئ Xwms499

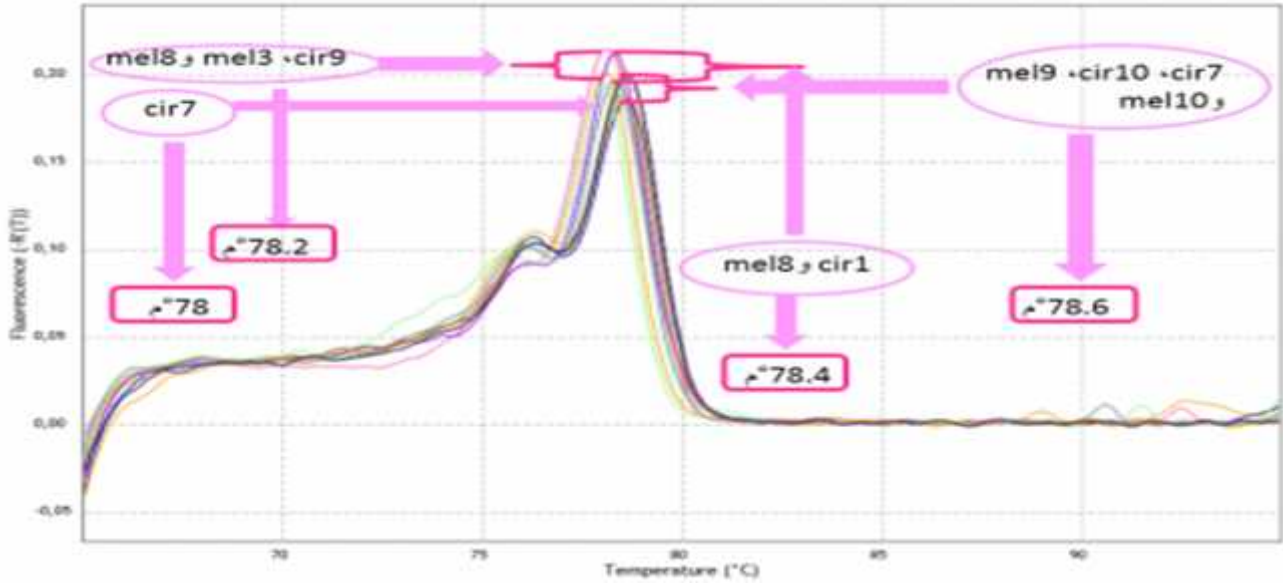
أظهرت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms499 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تتراوح ما بين 78-78.6°م. حيث أخذت الأفراد cir7، cir10، mel9 و mel10: 78.6°م وكذلك الفردين cir1 و mel8: 78.4°م كما أظهر الأفراد cir9، mel3 و mel7 درجة حرارة انصهار قدرت ب 78.2°م، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أخذت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، فيما أظهر الفرد cir6 درجة حرارة انصهار قدرت ب 78°م، مما يفسر اختلافه عن بقية الأفراد تحت الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (74 و 75) والملحق (14).



الشكل (73): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Xwms499.



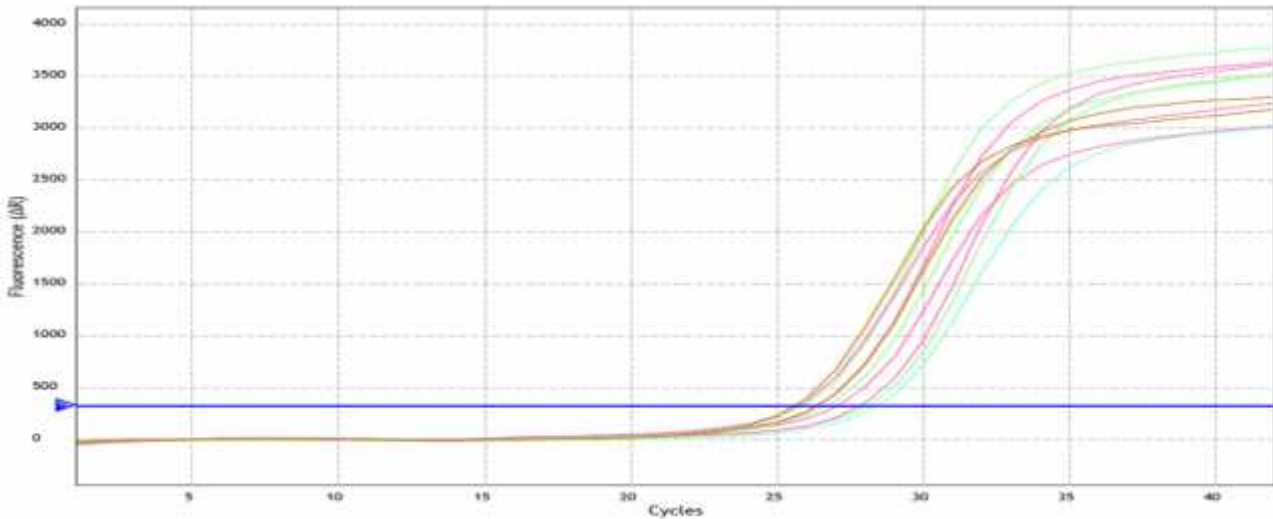
الشكل (74): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms499.



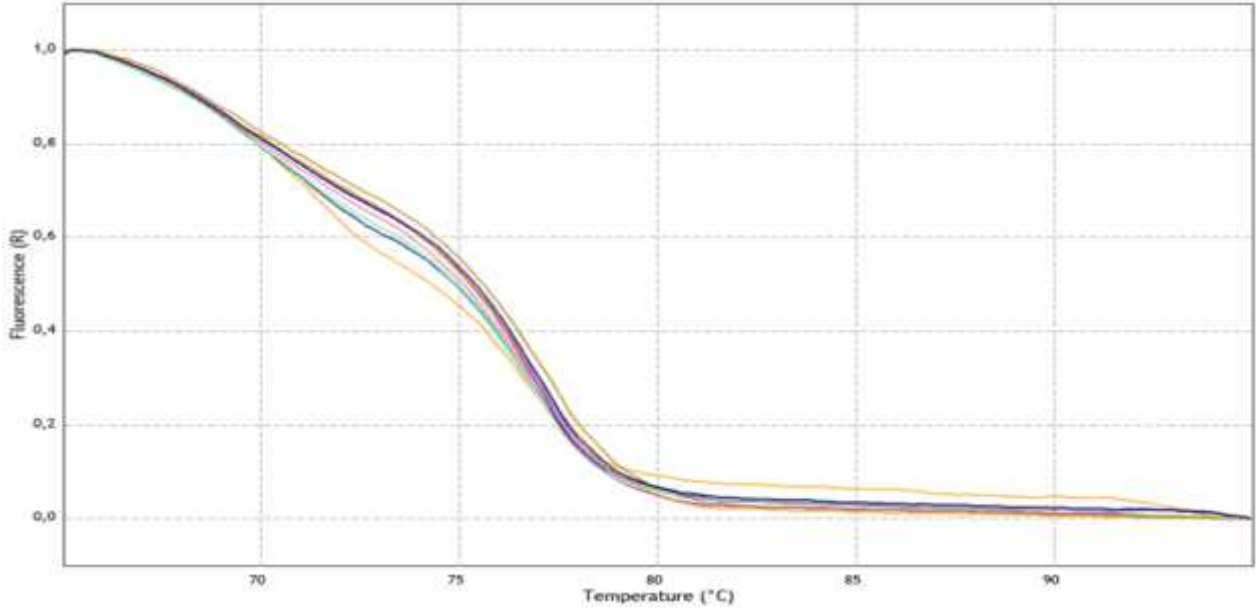
الشكل (75): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms499.

- البادئ Xwms132

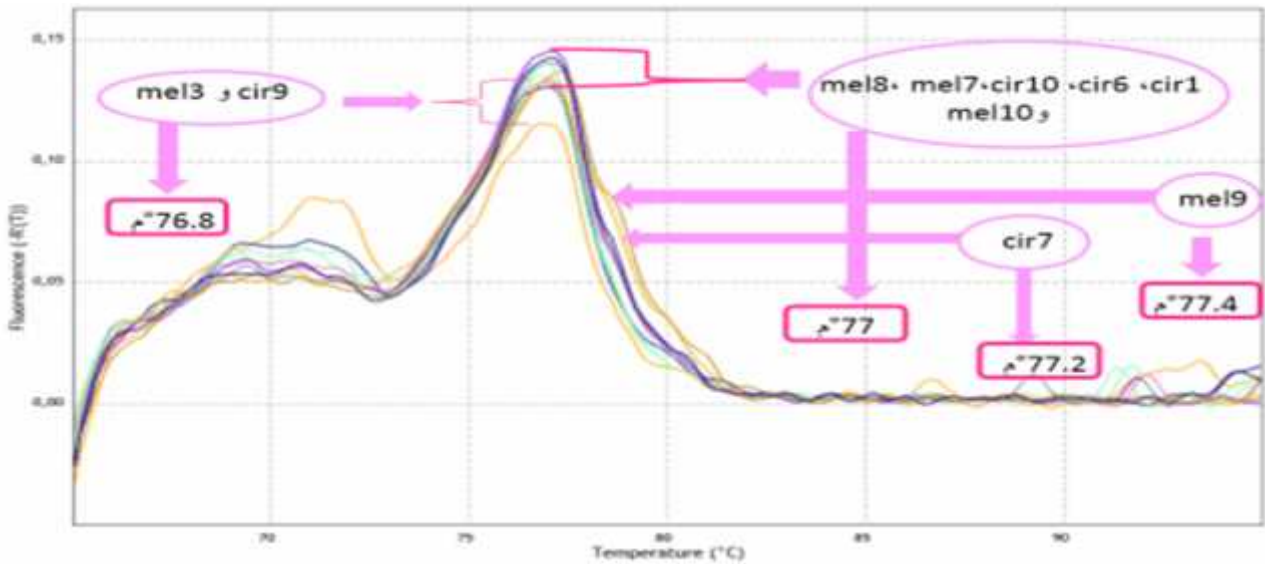
سجلت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms132 أن درجة حرارة الإنصهار عند 10 أفراد المدروسة تراوح ما بين 76.8-77.4°C. بحيث أعطت الأفراد cir1، cir6، cir10، cir7، mel7، mel8، mel10 نفس درجة حرارة الإنصهار قدرت ب 77°C وكذلك الفردين cir9 و mel3 تميزت بنفس درجة حرارة الإنصهار بلغت 76.8°C، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي تميزت بنفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، في حين الفردين mel9 و cir7 أعطيا قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار قدرت ب 77.4 و 77.2°C على الترتيب، مما يفسر وجود اختلاف وراثي بينهما و مع بقية الأفراد محل الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (77 و 78) والملحق (14).



الشكل (76): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms132.



الشكل (77): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms132.



الشكل (78): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms132.

نستخلص من الدراسة الجزيئية لتحديد القرابة الوراثية بين الأفراد تحت الدراسة، تميز الفردين cir7 و cir10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئتين Xwms47 و Xwms499، وكذلك الفردين cir1 و cir10 عند البادئتين Xwms47 و Xwms132 في حين أعطي الفرد cir6 درجة حرارة إنصهار مختلفة عن الأفراد محل الدراسة عند البادئتين Xwms46 و Xwms499 مما يعبر عن وجود اختلاف وراثي (hétérogènes) مع الأفراد المدروسة.

3-4 الدراسة المرفوفيزيولوجية والمردودية لثلاث مواسم 2014/2013، 2015/2014

و2016/2017

أظهرت النتائج الإحصائية المتحصل عليها من الدراسة المرفوفيزيولوجية والمردودية في الموسم الزراعي 2014/2013 من خلال تحليل التباين واختبار Newman-Keuls عند المستوى 5% للصنفين *melanopus* و *circumflexum* وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد.

أعطت الأفراد cir4، cir9، mel1، mel2، mel5، mel6، mel10، cir7 و cir8 أعلى القيم فيما يخص مقياس طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة. في حين أعطت الأفراد cir4، mel1، cir7، mel5 و cir9 أعلى القيم بالنسبة للمساحة الورقية.

أخذت الأفراد cir4، cir8، cir6، mel6، mel4، cir5 و mel5 أعلى القيم فيما يخص محتوى الماء النسبي. وتميزت الأفراد cir4، cir9، mel1، mel2، mel5، mel6، mel9، mel10، cir7 و cir8 بمكونات المردود حيث أظهرت أعلى القيم بالنسبة لعدد السنيبلات في السنبل، عدد الحبوب في السنبل، وزن الحبوب بالسنبل ووزن ألف حبة.

أما الموسم الزراعي 2015/2014 أعطت النتائج الإحصائية المتحصل عليها من الدراسة المرفوفيزيولوجية والمردودية من خلال تحليل التباين واختبار Newman-Keuls عند المستوى 5% للصنفين *melanopus* و *circumflexum* وجود اختلاف معنوي عالي جدا بين الأفراد.

أظهرت الأفراد cir9، cir10، mel2، cir7، mel1 و cir4 أعلى القيم فيما يخص مقياس طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة. في حين أعطت الأفراد cir4، cir6، cir1، cir2، cir7 و mel1 أعلى القيم بالنسبة للمساحة الورقية.

أخذت الأفراد cir4، cir8، cir6، mel8، mel6، mel4 و cir10 أعلى القيم فيما يخص محتوى الماء النسبي.

تميزت الأفراد cir4، mel2، mel6، mel10 و cir8 بمكونات المردود حيث أظهرت أعلى القيم بالنسبة لعدد السنيبلات في السنبل، عدد الحبوب في السنبل، وزن الحبوب بالسنبل ووزن ألف حبة.

سجلت نسبة المعلومات (الجدول 20) المعطاة على المحاور (Axe1)F1، (Axe2)F2 و (Axe3)F3 على الترتيب 48.10%، 19.97% و 13.04% بمجموع كلي يساوي 71.22 % وتعتبر هذه نسبة كافية لإظهار التنوع.

الجدول (20): نسبة المحاور (1، 2 و 3) خلال ثلاث مواسم

	F1	F2	F3
Valeur propre	4.810	1.997	1.304
Variance	48.101	19.974	13.041
Totales	81.116		

1-4-1-3 Matrice de corrélation دراسة مصفوفة معامل الارتباط

كشفت تحليل الارتباط بين المقاييس المدروسة (الجدول 21) وجود ارتباطا ايجابيا معنوي جدا وايجابيا معنوي بين مختلف المعايير المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود.

- سجل المحتوى النسبي للماء ارتباطا ايجابيا معنوي مع مساحة الورقة (r=0.66).
- وجد ارتباطا ايجابيا معنوي بين طول عنق السنبله مع طول النبات (r=0.61).
- تم تسجيل وجود ارتباطا ايجابيا معنوي بين طول السفاة مع عدد السنييلات بالسنبله (r=0.60)، عدد الحبات بالسنبله (r=0.61) و وزن الحبات بالسنبله (r=0.78)
- سجل عدد السنييلات بالسنبله ارتباطا ايجابيا معنوي مع عدد الحبات بالسنبله (r=0.0.79) ووزن الحبات بالسنبله (r=0.0.77).
- وجد ارتباطا ايجابيا معنوي جدا بين وزن وزن الحبات بالسنبله مع عدد الحبات بالسنبله (r=0.89).

الجدول (21): مصفوفة الارتباط للمعايير المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus* خلال ثلاث مواسم.

Variables	SF	LP	LB	LE	LC	TRE(%)	NEP/EP	NG/E	PG/EP	PMG
SF	1									
LP	-0,386	1								
LB	-0,292	0,465	1							
LE	0,476	-0,059	0,415	1						
LC	-0,071	0,616	0,505	0,254	1					
TRE(%)	0,669	-0,254	-0,209	0,338	0,027	1				
NEP/EP	-0,576	0,370	0,608	0,182	0,248	-0,437	1			
NG/E	-0,704	0,510	0,617	-0,023	0,284	-0,647	0,795	1		
PG/EP	-0,608	0,548	0,785	0,152	0,399	-0,547	0,770	0,891	1	
PMG	-0,199	0,071	0,414	0,283	0,097	-0,232	0,579	0,384	0,378	1

3-1-4-2 Etude des variables دراسة المعايير

من (الشكل 79 : A,B) توزعت المقاييس المدروسة على المحاور الأول، الثاني والثالث (Axe1، Axe2، وAxe3) بحيث:

تتمثل المقاييس المتوزعة على المحور الأول (Axe1) في: طول السفاة (LB)، طول النبات (LP)، عدد السنييلات بالنسبة (NEP/EP)، عدد الحبات بالنسبة (NG/E)، وزن الحبات بالنسبة (PG/EP) ووزن ألف حبة (PMG). وذلك من الناحية الموجبة.

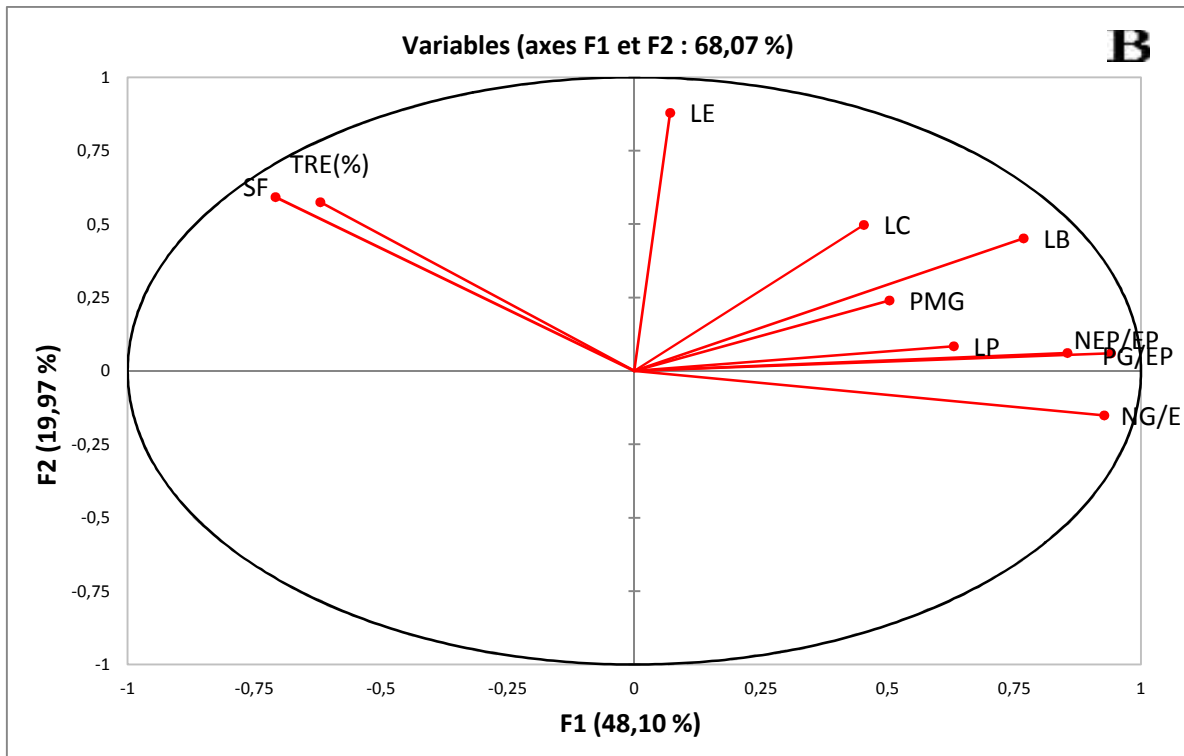
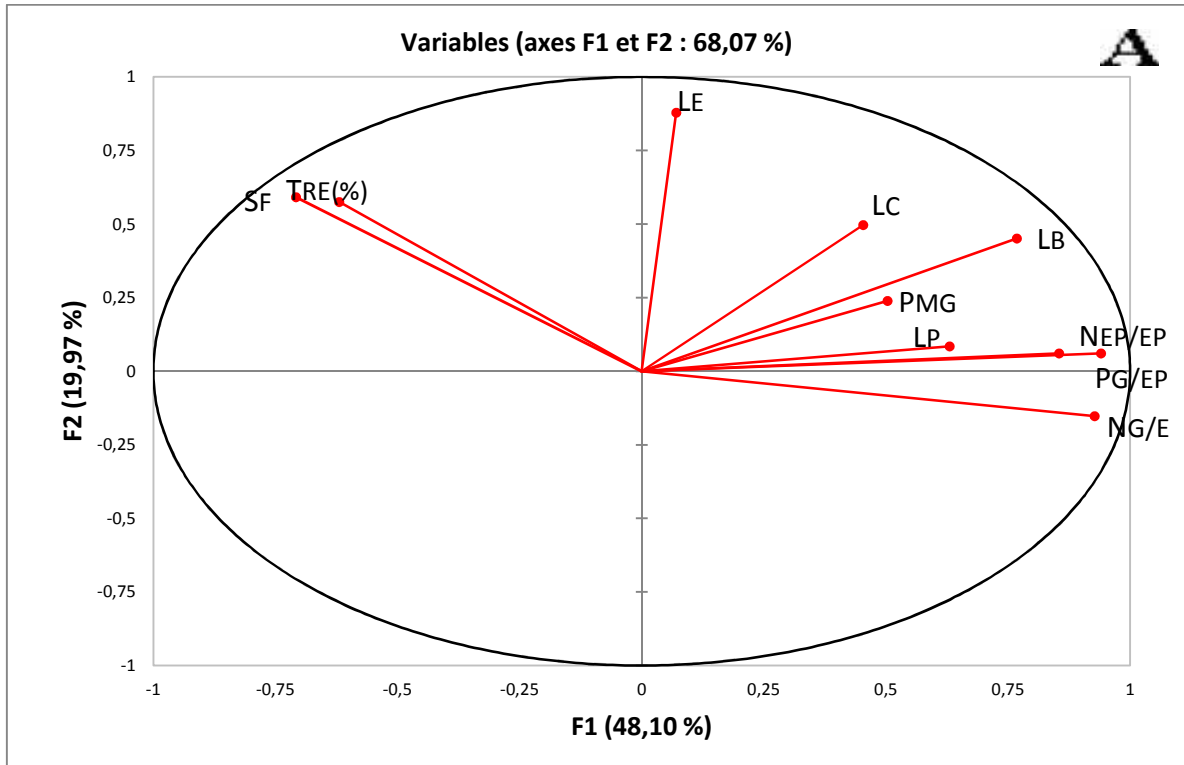
كشفت التحليل أن المحور الأول (Axe1) يتميز بمقاييس مرفولوجية ومردودية.

يتشكل المحور الثاني (Axe2) من الجهة الموجبة بالمقاييس طول السنبلة (LE)، المحتوى النسبي للماء (TRE) ومساحة الورقة (SF).

بين التحليل أن المحور الثاني (Axe2) يتصف بمقاييس مرفولوجية.

أما المحور الثالث (Axe3) فتميز بالمعيار: طول عنق السنبلة (LC).

يتكون المحور الثالث (Axe3) من المقاييس المرتبطة بالمعايير المرفولوجية.



الشكل (79 : A,B): حلقة ارتباط المقاييس من تحليل ACP المتشكلة من :A :Aex1,2 (Plan :1,2) ،B :Axe1,3 (Plan : 1,3) للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

3-4-1-3 دراسة الأفراد

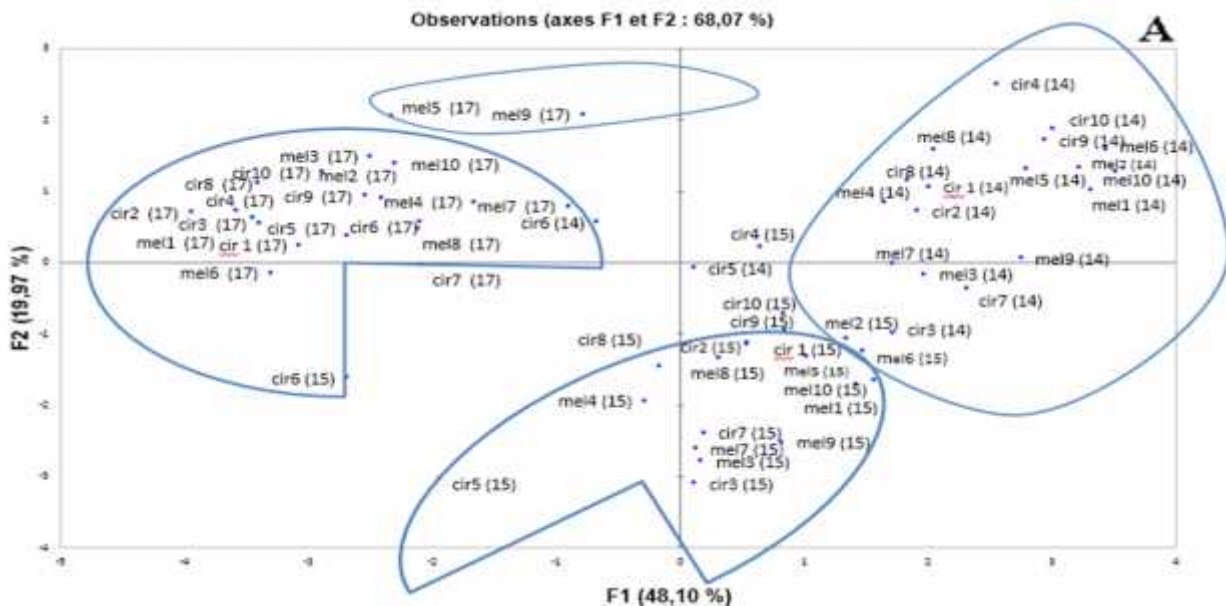
اتضح من توزيع الأفراد على المحاور 1، 2 و 3 المبينة في (الشكل 80 : A,B) أن الأفراد (cir4(14)، cir1(14)، mel5(14)، mel1(14)، mel10(14)، mel(14)، mel2(14)، mel6(14)، cir9(14)، cir10(14)، mel2(15)، cir3(14)، mel7(14)، mel3(14)، mel9(14)، mel4(14)، cir8(14)، mel8(14)، cir2(14)، mel6(15) توجد في الجهة الموجبة من المحور الأول وتتميز بالمقاييس التالية: طول السفاة (LB)، طول النبات (LP)، عدد السنيبلات بالسنبلة (NEP/EP)، عدد الحبات بالسنبلة (NG/E)، وزن الحبات بالسنبلة (PG/EP) ووزن ألف حبة (PMG).

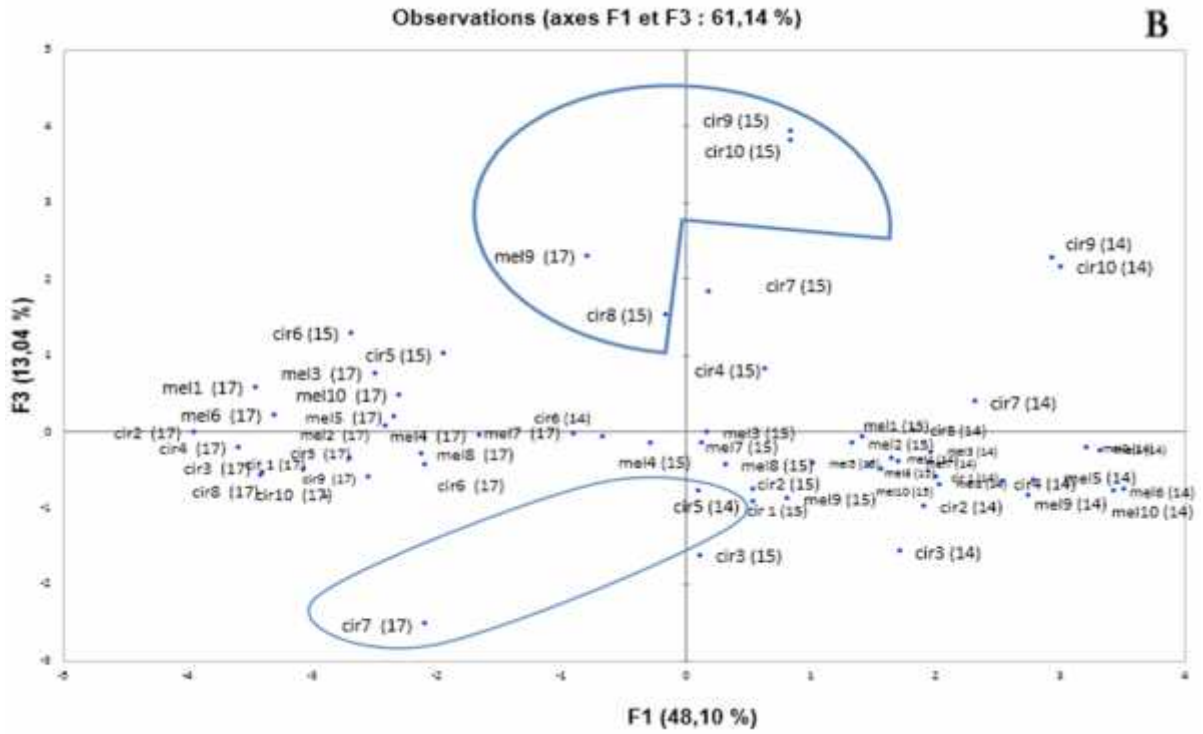
في حين الأفراد المتواجدة في الجهة السالبة من المحور الأول أخذت قيم أقل أهمية فيما يخص المقاييس سابقة الذكر.

توزع كل من الفردين mel5(17) و mel9(17) في الجهة الموجبة من المحور الثاني وأعطى كلا الفردين أعلى القيم بالنسبة للمقاييس: طول السنبلة (LE)، المحتوى النسبي للماء (TRE) ومساحة الورقة (SF). بينما الأفراد التي توضع في الجهة السالبة للمحور الثاني أخذت قيم أقل بالنسبة للمقاييس المذكورة مع الفردين mel5(17) و mel9(17).

بينما توضع الأفراد (cir8(15)، cir10(15)، cir9(15)، mel9(17) في الجهة الموجبة من المحور الثالث واتصفت بالمقياس التالي: طول عنق السنبلة (LC).

أما الفردين cir7 و mel9 تواجدا في الجهة السالبة من نفس المحور وتميزا بقيم أقل فيما يتعلق بالمعايير السابقة الذكر.





الشكل (80 : A,B): تمثيل الأفراد على المحاور :A :Aex1,2 (Plan:1,2) B :Aex1,3 (Plan:1,3) للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

نستخلص من الدراسة الإحصائية للتنوع المورفولوجي والمردود بتميز 6 مجموعات بالمقاييس المورفولوجية ومكونات المردود وأكثر المجموعات المتميزة بالمعايير المدروسة مايلي:

- 1) المجموعة الأولى تضم الأفراد (cir9(14)، cir10(14)، cir4(14)، mel2(14)، mel6(14)، mel(14)، mel10(14)، mel1(14)، mel5(14)، mel1(14)، cir8(14)، mel8(14)، cir2(14)، cir1(14)، mel5(14)، mel1(14)، mel10(14)، mel(14)، mel4(14)، mel3(14)، mel9(14)، mel7(14)، cir3(14)، mel6(15) التي تميزت بأعلى القيم بالنسبة: طول السفاة (LB)، طول النبات (LP)، عدد السنيبلات بالنسبة (NEP/EP)، عدد الحبات بالنسبة (NG/E)، وزن الحبات بالنسبة (PG/EP) ووزن ألف حبة (PMG).
- 2) المجموعة الثانية تشمل الفردين mel5(17) و mel9(17) اللذان يحتويان على أعلى القيم بالنسبة طول السنيبلة (LE)، المحتوى النسبي للماء (TRE) ومساحة الورقة (SF).
- 3) المجموعة الثالثة تتكون من الأفراد cir9(15)، cir10(15)، cir8(15) و mel9(17) التي تميزت بأعلى القيم بالنسبة لطول عنق السنيبلة.

3-5 مناقشة نتائج القياسات المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود

أ) القياسات المرفوفيزيولوجية

بينت النتائج المتحصل عليها من خلال الدراسة الإحصائية وجود ارتباطات معنوية جدا و معنوية بين المقاييس المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود.

تميزت الأفراد cir9، mel1، mel2، mel5، mel6، mel10، cir7 و cir10 للمواسم الثلاثة 2014/2013، 2015/2014، 2017/2016 بأعلى القيم للمقاييس المرفولوجية (طول النبات، طول عنق السنبله، طول سنبله، طول السفاة، مساحة الورقة) فأعطت أعلى معدل لمردود الحبوب (عدد السنبيلات بالسنبله، عدد الحبات بالسنبله، وزن الحبات بالسنبله ووزن ألف حبة).

في حين الأفراد cir5، cir6، mel4، mel3، cir3 و mel7 سجلت أقل القيم للمعايير المرفولوجية (طول النبات، طول عنق السنبله، طول السنبله، طول السفاة ومساحة الورقة) خلال ثلاث مواسم، فأعطت في المقابل قيما منخفضة لمكونات المردود.

أما بالنسبة للمعيار الفيزيولوجي (المحتوى النسبي للماء) فسجل اختلاف عالي بين الأفراد، كما كشف عن ارتباط ايجابي مع طول النبات، ووزن الحبات بالسنبله خلال الموسم 2017/2016.

أعطت الأفراد cir4، cir8، cir6، mel6، mel4 و cir5 قيما مرتفعة للمحتوى النسبي للماء خلال الموسمين الزراعيين 2014/2013 و 2015/2014، والأفراد mel11، cir4، mel3، mel9 و cir8 للموسم الزراعي 2017/2016، في حين انخفضت عند الأفراد cir3، mel11، mel10، cir7 و mel9 للموسم الزراعي 2014/2013، والفردين cir7 و cir10 للموسم الزراعي 2017/2016.

يتضح أن المقاييس المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود ذات ارتباط ايجابي، وهي تتفق مع النتائج المتحصل عليها من طرف (Mohtasham et al., 2012) الذي وجد علاقة ايجابية بين طول النبات ومحصول الحبوب في مواقع عالية الإجهاد، ويفسر حقيقة ذلك أن ارتفاع النبات غالبا يكون مصحوبا بنظام جذري عميق يعطي النبات قدرة متفوقة على استخراج المياه (Salmi, 2015)، كما وجد (Annichiarico, 2005) أن طول النبات له تأثير جيد خلال سنوات الجفاف في المناطق الشبه جافة، ويرجع ذلك إلى مشاركته في القدرة على تخزين المواد الغلوسيدية لإنهاء تكون الحبوب.

في حين وجد (Hamada, 2002) أن مكونات المردود ترتفع مع تراجع طول النبات، كما بينت نتائج (Sassi et al., 2012) أن الأصناف القصيرة لها أفضلية الإستجابة للسقي ومقاومة الأمراض مقارنة بالأصناف الطويلة.

أما فيما يخص طول عنق السنبله فحسب (Mekliche et al., 2003) ; (Boudour, 2006) يعتبر طول عنق السنبله من الصفات المورفولوجية المرتبطة بالتأقلم مع ظروف الإجهاد المائي. كما أكد كل من (Kilic and Yagbasanlar, 2010) أن طول عنق السنبله مؤشر مورفولوجي جد حساس للجفاف، أيضا يرى (Gate et al., 1990) أنه يساهم في عملية ملأ الحبوب من خلال تخزين المواد الممتلئة من طرف النبات و التي تهجر لسنبله لملأ الحبوب.

كما تعتبر صفة طول السنابل من الصفات المورفولوجية ذات تأثير المعنوي بالمردود وذات معامل توريث مرتفع، والتي يمكن استعمالها كمقياس للإنتخاب (Natasia et al., 2014)، وبينت دراسة (Boudour, 2006) تميز العشائر ذات السيقان الطويلة بسنابل طويلة في حين تميزت العشائر ذات السيقان القصيرة بسنابل قصيرة وهذه الأخيرة تتعكس سلبا على مكونات المردود، وعن (Ijaz and Kashif, 2013) فإن طول السنبله له تأثير غير مباشر على المردود من خلال عدد السنيبلات، وعدد السنيبلات الخصبة، وعدد الحبات بالسنبله، لذا لابد لزراع النبات إعطاء أهمية كبيرة لهذه الميزة. على العكس يعتقد (Triboi et al., 1995) أن ضعف المردود يكون عند الأفراد طويلة السنبله نتيجة عقمها، بينما الأفراد ذات السنابل القصيرة تكون أكثر خصوبة وبالتالي تعطي أكبر مردود.

وبالنسبة للسفاة فيرى (Balkan and Genctan, 2009) أنها تساهم بنسبة تتراوح ما بين 40 - 80 % من كامل نواتج التركيب الضوئي في فترة امتلاء الحبوب، ووجد (Yehoshua et al., 2010) أن السفاة تلعب دور بالغ الأهمية في زيادة الغلة الحبية وخاصةً تحت ظروف الجفاف، كما بين (Ayeneh et al., 2002) على أهمية الدور التي تؤديه السفاة كمخفف لدرجة الحرارة المحيطة بالسنبله، نتيجة البنية التركيبية لها. وأظهرت الدراسات أن وجود السفاة في أصناف القمح الحديثة يقلل من حاجة الحبوب لنواتج البناء الضوئي من الأوراق السفلى (عبدالرزاق وآخرون، 2015). وهي تتفق مع نتائج (Xiaojuan et al., 2008) الذي أكد على أهمية دور السفاة في زيادة الإنتاجية الحبية للسلاطات ذات السفاة مقارنة مع السلاطات بدون سفاة وذكر أن هذه الأهمية تتجلى بشكل كبير جدا في مرحلة امتلاء الحبوب.

وتوصل الخطاب، (2011) على الدور الكبير الذي تلعبه طول، مساحة، ووزن الورقة التوجيهية في زيادة الإنتاج لبعض أصناف القمح الصلب من خلال الزيادة في وزن الحبوب، كما أشار (2009) Belkharchouche et al., أن مساحة الورقة مؤشر جيد لمقاومة الجفاف، حيث يكون فقدان الماء في المساحة الورقية الكبيرة مرتفع مقارنة بالمساحة الصغيرة، وبين أن الوزن النوعي للأوراق يزيد مع زيادة المساحة وأبعاد الورقة، في المقابل أظهر جابر، (2011) أن الإنتاجية القصوى لمحصول القمح والشعير تعتمد على عوامل كثيرة أهمها فعالية التمثيل الضوئي الكلي للورقة العلم لأنها المسؤولة بشكل رئيسي عن إنتاجية المادة الجافة خلال نمو ونضج الحبة. كما وجدت اختلافات وراثية بالنسبة لشيخوخة الأوراق (استمرار التمثيل الضوئي) أثناء فترة امتلاء الحبوب في كل من الذرة والقمح (Xiaojuan et al., 2008).

وحسب (2016) Safia et al., لدراسة المحتوى النسبي للماء لخمسة أصناف من القمح وجد أن المحتوى النسبي للماء يتناقص مع تراجع محتوى التربة من الماء، حيث لاحظ (2010) Boutraa et al., and (2012) Thameur et al. أن هذا التناقص يكون سريعاً عند الأنواع الحساسة أكثر من الأنواع المقاومة. على العكس بالنسبة لسوجا تحتفظ بمحتوى نسبي عالي خلال الإجهاد المائي. من جهة أخرى بين (2012) Thameur et al. أن أصناف القمح التي لها محتوى مائي معتبر تكون أكثر مقاومة.

ج) مكونات المردود

سجلت ارتباطات ايجابية بين مختلف مكونات المردود (عدد السنبيلات بالسنبلة، عدد الحبات بالسنبلة، وزن الحبات بالسنبلة ووزن ألف حبة)، حيث أعطت الأفراد cir4، cir9، mel1، mel2، mel5، mel6، mel9، mel10، mel2، mel6، cir4 و cir8 أعلى القيم بالنسبة لمختلف مكونات المردود خلال الموسمين الزراعيين 2014/2013 و 2015/2014، والأفراد mel8، cir10، cir7، mel4، cir9 و mel2 للموسم 2017/2016. كما اتضح أن الأفراد cir5، cir6، cir7 و cir9 سجلت أقل القيم في الموسمين الزراعيين 2014/2013 و 2015/2014، والأفراد cir2، mel6 و cir8 بالموسم 2017/2016.

يشير العديد من الباحثين إلى أن تأثير مكونات المردود على كمية المحصول لا يمكن تحديدها بدقة وذلك بسبب اختلاف نوعية الأصناف ومكان الزرع (2000) Rudnicki, (2007) Klimont, (2012) Sokoto et al.,

كما اعتبر حمادة، (2010) أن مردود الحبوب هو محصلة عوامل متعددة، منها صفات مرتبطة بالمحصول نفسه وعوامل وراثية تحكم الصفة إضافة إلى عوامل بيئية مؤثرة في نمو النبات.

تعد كذلك الغلة الحبية للقمح ناتج تفاعل عدد كبير من مكوناتها (Mohtasham et al., 2014)، لذا من المهم دراسة الارتباطات بين الغلة ومكوناتها وكذلك دراسة التأثير المباشر وغير المباشر لمكونات الغلة (Gezahegn et al., 2015)، ففي العديد من الدراسات ذكر أن عدد الحبوب في السنبله له تأثير إيجابي على المردود وكذلك وزن ألف حبة (Din et al., 2010) ، (Dogan, 2009). كما قام Sunil et al., (2014) بدراسة الارتباط بين الغلة ومكوناتها لثلاث أصناف من القمح في الهند ووجد أن الغلة الحبية ارتبطت إيجابيا مع عدد الإشطاعات في النبات. ووجد (Asim et al., 2014) أن وزن الحبوب في السنبله ارتبط معنويا وبالعلاقة ايجابية مع وزن الألف حبة، كما ارتبط وزن الألف حبة بعلاقة موجبة مع الغلة الحبية، بينت نتائج (Suleiman et al., 2014) أن الغلة الحبية ارتبطت بعلاقة موجبة معنوية مع كل من وزن الألف حبة وعدد الحبوب بالسنبله كما ارتبط عدد الحبوب في السنبله معنويا مع وزن الألف حبة، وتوصل نبيل وآخرون، (2016) أن مكونات الغلة المتمثلة في وزن الحبوب بالسنبله ووزن الألف حبة تعتبر كدليل انتخاب للغلة الحبية للقمح لإرتباطها المعنوي وتأثيرها المباشر والعالي على الغلة.

كما يسبب الجو الجاف في تخريب الحالة الفيزيولوجية الطبيعية في الخلايا فتتغير العمليات الحيوية فيها وتؤدي إلى خلل في الثباتية المائية في الحبوب، مما يؤدي إلى صغر حجم الحبوب وتكون حبوب فارغة، فينخفض وزن الحبات بالسنبله، وتراجع الغلة الحبية.

وبينت نتائج (Polat et al., 2015) أن وزن الحبوب بالسنبله ارتبط إيجابيا مع الغلة الحبية للنبات في حين لاحظ (Gelalcha and Hanchinal, 2013) أن وزن الألف حبة ارتبط مع الغلة الحبية بعلاقة غير معنوية.

3-6 الدراسة البيوكيميائية للمواسم الثلاثة 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016

كشفت النتائج المتحصل عليها من تقنية الرحلان الكهربائي (SDS-PAGE) Electrophrèse للبروتينات الكلية خلال المواسم الزراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 عند 10 أفراد لكل موسم. وتبين أن للصنفين *circumflexum* و *melanopus* وجود تنوع بين الأفراد وبالتالي يمكن استخدام البروتينات الكلية كمحددات بيوكيميائية لدراسة الإختلافات الوراثية.

أوضحت الدراسة خلال الموسم 2014/2013 وجود مجموع 20 حزمة ذات أوزان جزيئية 79 - KDa10. منها 8 حزم مشتركة بين الأفراد المدروسة، مع تسجيل حزمة خاصة عند الفردين cir4 و cir9 ذات وزن جزيئي 59 و KDa75 على الترتيب، كما كشفت الأفراد mel5، mel9، mel10، cir7 و cir8 أكبر عدد من الحزم بلغ 15 حزمة وأكبر نسبة تنوع polymorphisme 46.66%.

ظهرت من خلال شجرة القرابة للأفراد المدروسة مجموعتين:

المجموعة الأولى تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى ضمت الأفراد cir7، cir8، mel6 و mel9 و mel10.

- تحت المجموعة الثانية شملت الفردين mel1 و mel5.

المجموعة الثانية تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى تتمثل في الفرد cir4.

- تحت المجموعة الثانية تضم الفردين cir9 و mel2.

في حين بينت الدراسة البيوكيميائية خلال الموسم 2015/2014 وجود مجموع 20 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين KDa85 - KDa10. منها 4 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة، كما تم تسجيل حزمة خاصة عند الفردين mel6 و mel9 ذات وزن جزيئي 20 و KDa 75 على الترتيب، وأعطى الفردين mel2 و mel9 أكبر عدد من الحزم بلغ 12 حزمة وأكبر نسبة تنوع polymorphisme 66.66%.

تبين من خلال شجرة القرابة للأفراد المدروسة وجود مجموعتين:

المجموعة الأولى تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى ضمت الأفراد cir4 و cir7.

- تحت المجموعة الثانية شملت الأفراد cir8، cir9 و cir10.

المجموعة الثانية تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى تتمثل في الفردين mel1 و mel6.

- تحت المجموعة الثانية تضم الأفراد mel9، mel2 و mel10.

بينما أعطت الدراسة البيوكيميائية خلال الموسم 2017/2016 وجود مجموع 15 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين KDa75 - KDa10. منها 6 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة، كما تم

تسجيل أكبر عدد للحزم عند الفردين mel7 و mel3 بلغ 13KDa، وأخذ الفرد cir6 أكبر نسبة تنوع polymorphisme قدره 66.66%.

اتضح من خلال شجرة القرابة للأفراد المدروسة وجود مجموعتين رئيسيتين:

1) المجموعة الأولى تضم الفرد cir9.

2) المجموعة الثانية تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تحت المجموعة الأولى تتمثل في الأفراد cir7، mel9، mel8 و cir1.

- تحت المجموعة الثانية تضم الأفراد cir10، cir6، mel10، mel7 و mel3.

3-7 مناقشة نتائج البيوكيميائية

تسمح طريقة الرحلان الكهربائي (SDS-PAGE) من استخلاص البروتينات الكلية التي يمكن استعمالها كمؤشر مفيد لوصف الأصناف ودراسة التنوع الوراثي، وتسجيل أصناف جديدة، واختبارات النسب (سها، 2009).

ذكر (Shewry et al., 2002) أن الظروف البيئية قد تؤثر على نسبة البروتينات الكلية أثناء امتلاء الحبوب وهي تتوافق مع النتائج المتحصل عليها من طرف (Gerba et al., 2013) حيث بين أن نوعية القمح تتوقف على تكون البروتينات والتي تتأثر بالنمط الجيني والظروف البيئية المختلفة (Bogard, 2011).

حسب (Boudour, 2006) أظهر تحليل نتائج الرحلان الكهربائي للبروتينات الكلية عند 326 مجموعة من القمح وجود من 19 إلى 59 حزمة، يتراوح وزنها الجزيئي بين 99 KDa - 33 KDa، من بينها 11 فرد من صنف *melanopus* سجل عدد كلي للحزم قدره 48 حزمة منها 4 حزم مشتركة، 5 حزم خاصة.

كما أوضحت نتائج بلحيس، (2013) لتقييم نسبة البروتينات الكلية لعشرة أفراد للصنف *melanopus* وجود تنوع مهما بين الأفراد المدروسة، حيث كشفت عن وجود 37 حزمة مختلفة تراوحت أوزانها الجزيئية بين 15 - 250 KDa، كما تم تسجيل 20 حزمة مشتركة.

تبين من دراسة شايب، (2012) للإستخلاص البروتينات الكلية بتقنية (SDS-PAGE) المطبقة على عشرة أصناف من القمح الصلب عن كشف تواجد 18 حزمة يتراوح وزنها الجزيئي 112-18 KDa، وقد أمكن تمييز 18 حزمة أحادية المظهر و 10 حزم ذات تعدد مظهري، مما سمح بتقدير نسبة 55% من التباين المظهري بين الأفراد المدروسة.

أظهرت نتائج سها، (2009) فيما يتعلق بالتوصيف البيوكيميائي لأصناف من القمح الصلب واللين باستخدام الطريقتين (A-PAGE) و (SDS-PAGE) من إظهار حزم متباينة بين الأصناف المدروسة حيث بلغ عددها الكلي 25 حزمة. كما بلغت نسبة التنوع الوراثي 56% و 100% لكل من أصناف القمح الصلب واللين على التوالي.

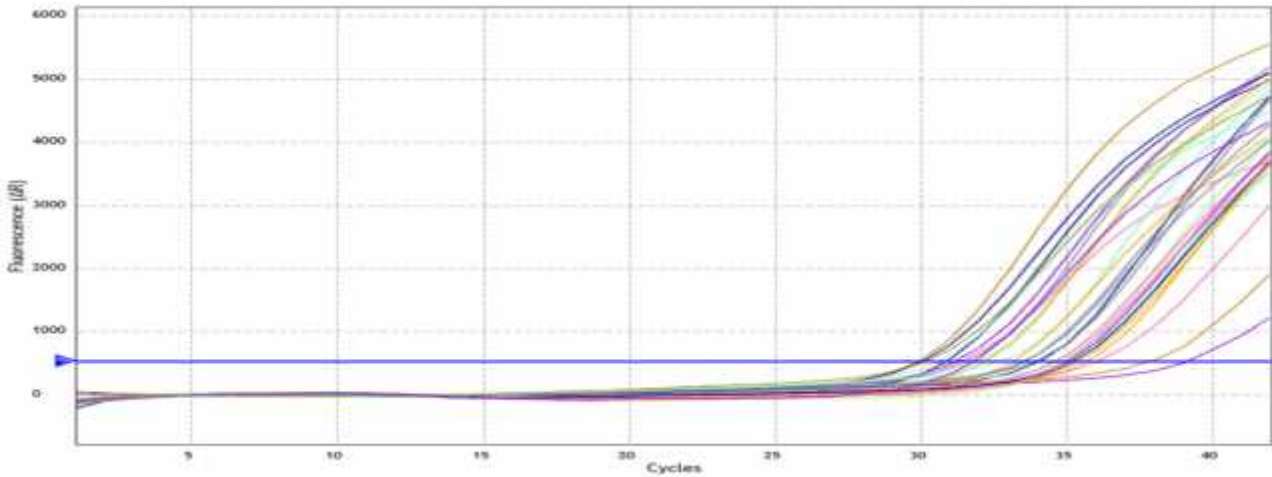
3-8 الدراسة الجزيئية لأفراد المواسم الثلاثة 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016

أظهرت النتائج المتحصل عليها من تقنية (PCR-HRM) خلال المواسم الزراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 عند 10 أفراد لكل موسم تم اختيارها من الصنفين *circumflexum* و *melanopus* وجود اختلاف بين الأفراد وبالتالي يمكن استخدام ADN كمؤشر جزيئي لدراسة الاختلافات الوراثية بين الأفراد.

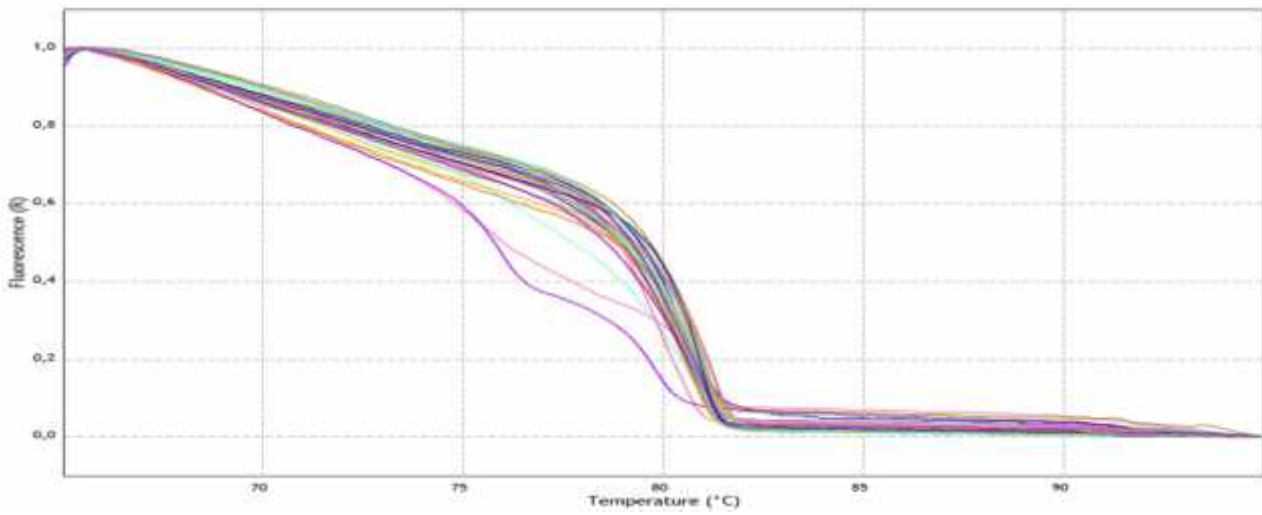
سجلت النتائج الموضحة في الشكل (81، 84، 87 و 90) أنه كلما زادت عدد الدورات لتقنية (PCR) تزداد الفلورة وهي تعبر عن تزايد كميات سلاسل ADN المتكونة (ADN amplification) بحسب البادىء المستعمل.

- البادىء Wxms47

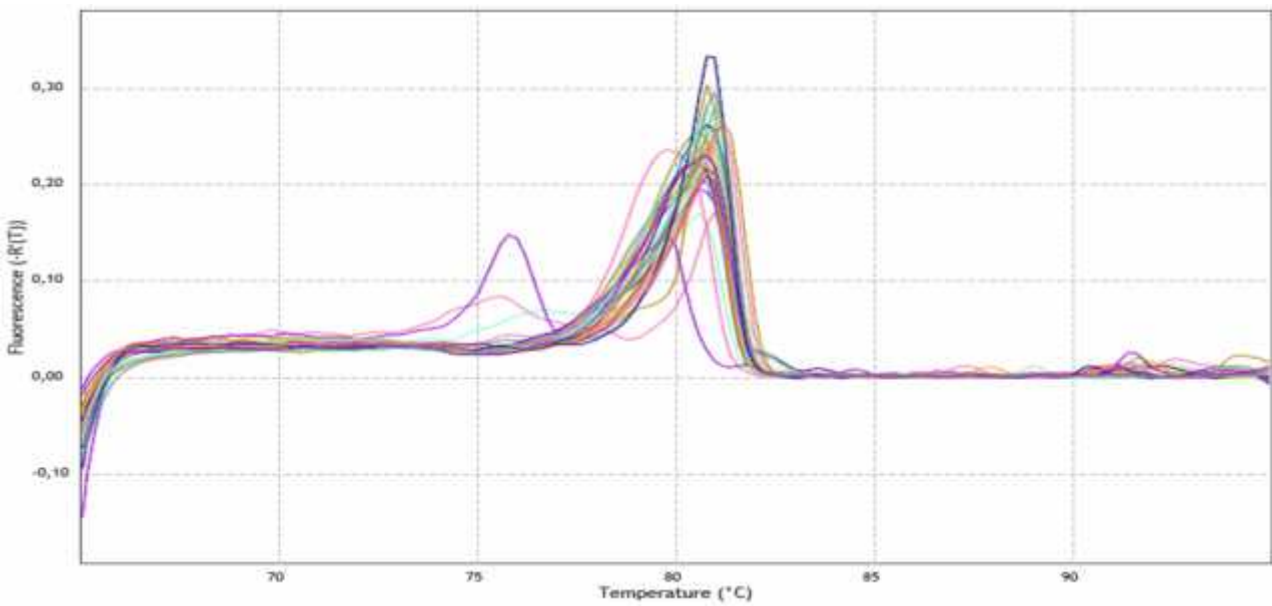
أظهرت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادىء Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند أفراد المدروسة تراوح ما بين 75.8-81.2°م. حيث أخذ الفردين (14)mel6 و (14)mel9: 81.2°م وكذلك الأفراد (14)cir1، (14)cir4، (17)cir7، (14)cir8، (17)cir9، (17)cir10، (14)mel1، (14)mel2، (14)mel5، (14)mel10 و (14)mel11: 81°م وأظهرت الأفراد (15)mel2، (17)mel3، (17)mel8، (14)mel9، (15)mel10، (17)mel10، (17)cir6، (15)cir8، (15)cir9 و (15)cir10: 80.8°م كما أعطت الأفراد (15)mel1، (15)mel6، (17)mel7، (15)mel9 و (15)cir7 درجة حرارة انصهار بمعدل 80.6°م، وهي تعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أخذت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، في حين الأفراد (14)cir7، (14)cir9 و (15)cir4 أعطت قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار قدرت ب 80.4، 79.8 و 75.8°م على الترتيب، مما يفسر وجود اختلاف وراثي بينها وبين الأفراد تحت الدراسة (hétérogènes). وهو ما يوضحه الشكل (82 و 83) والملحق (15).



الشكل (81): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms47.



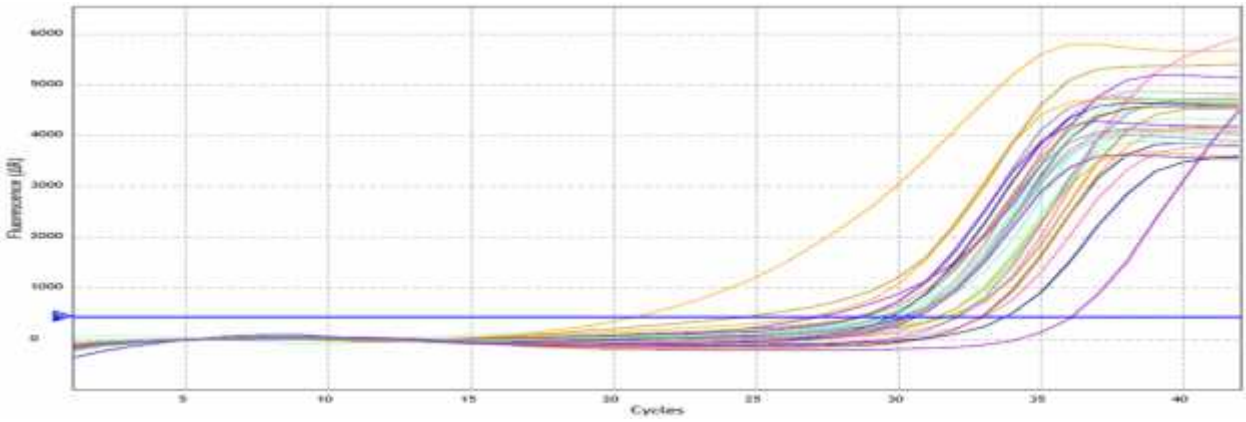
الشكل (82): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47.



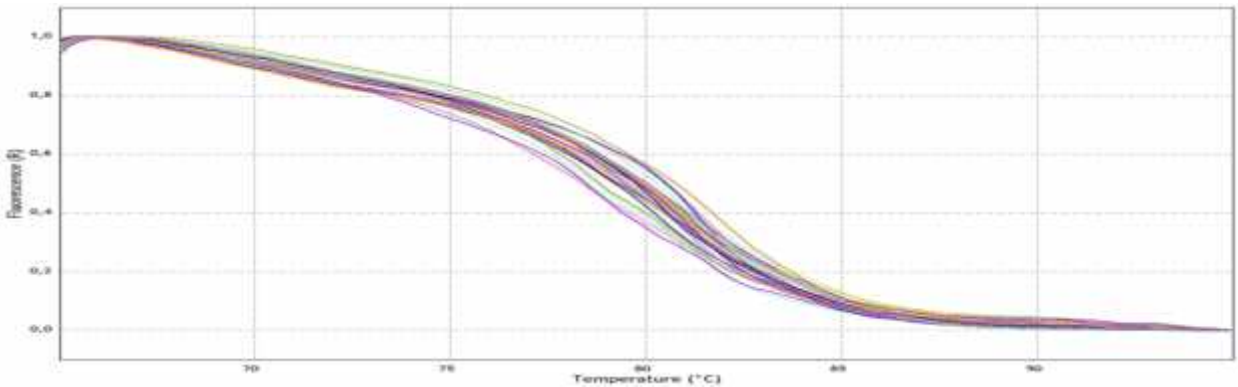
الشكل (83): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.

- البادئ Wxms46

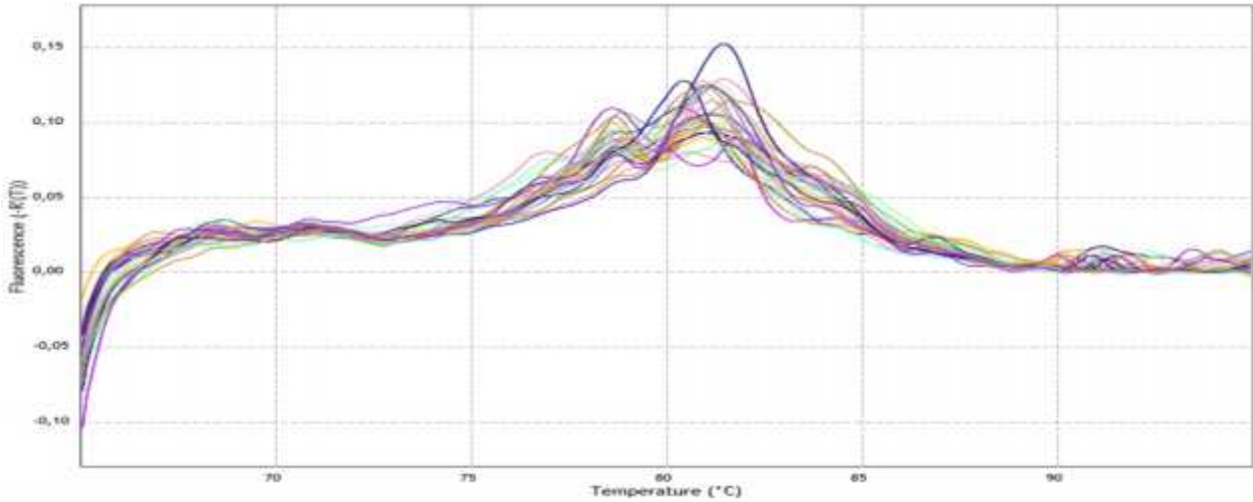
كشفت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Wxms46 أن درجة حرارة الإنصهار عند أفراد المدروسة تراوح ما بين 78.6-81.6°م. حيث أخذ الفردين (17)mel9 و (17)cir10: 81.6°م وكذلك الفردين (14)cir9 و (15)mel10 و (15)mel11: 81.4°م وأظهرت الأفراد (14)cir7، (17)cir7، (15)mel2، (14)mel6، (15)mel6 و (17)mel10: 80.2°م كما أعطت الأفراد (17)cir1، (14)cir8، (15)cir8، (15)cir9، (15)cir10، (17)mel3، (14)mel5 و (15)mel9 درجة حرارة انصهار بمعدل 81°م وسجلت الأفراد (14)mel1، (14)mel2 و (14)mel10: 80.8°م وكذلك تميز الفردين (17)cir6 و (14)mel9 ب: 80.4°م وبينت الأفراد (14)cir4، (15)cir4، (15)cir15، (17)cir9، (15)mel1 و (17)mel7 درجة حرارة انصهار قدرت ب: 78.6°م، وهو يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي كشفت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، في حين الفرد (17)mel8 أعطى قيم مختلفة لدرجة حرارة الإنصهار قدرت بقيمة 80.6°م، مما يفسر وجود اختلاف وراثي مع بقية الأفراد تحت الدراسة. وهو ما يوضحه الشكل (85 و 86) والملحق (15).



الشكل (84): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصفين *circumflexum* و *melanopus* عند البادئ Wxms46.



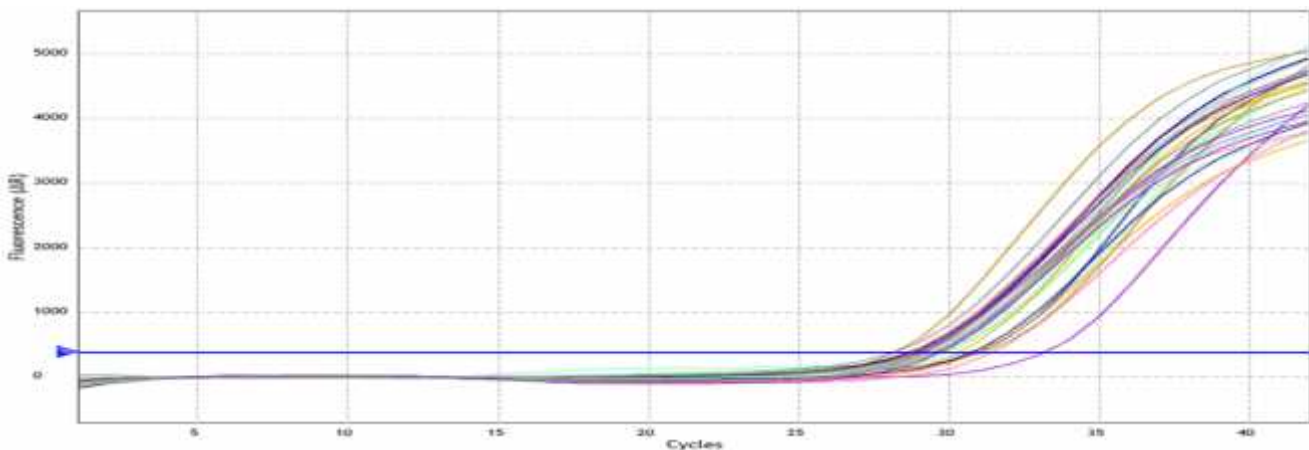
الشكل (85): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Wxms47.



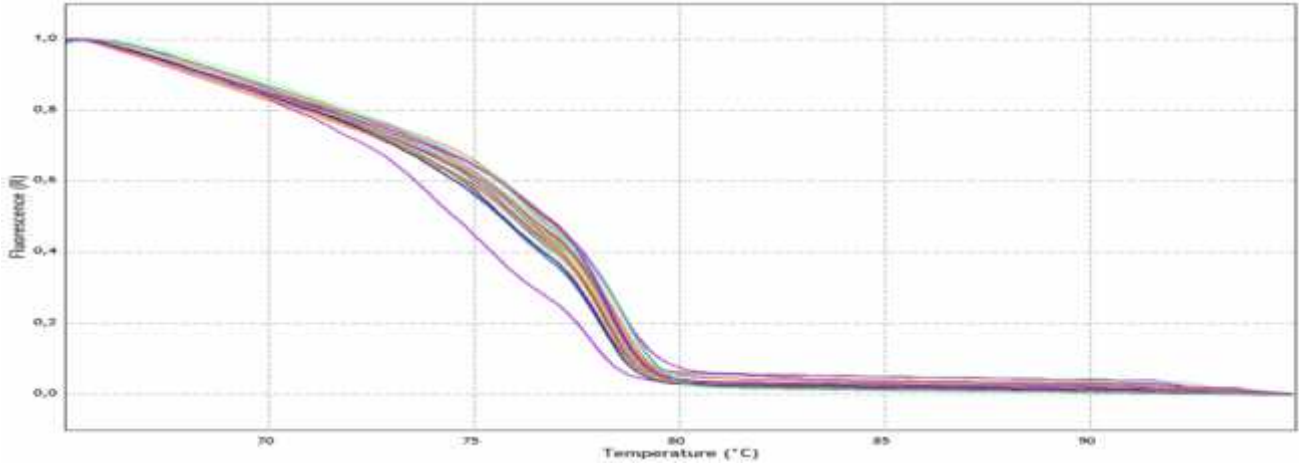
الشكل (86): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.

- البادئ Xwms499

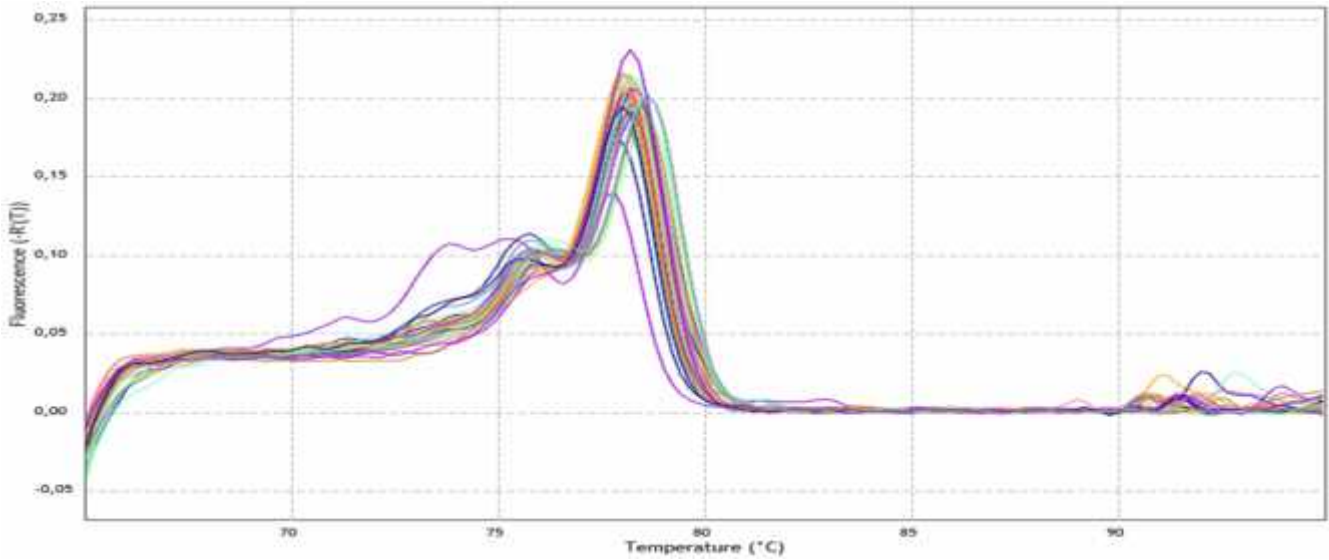
بينت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms499 أن درجة حرارة الإنصهار عند أفراد المدرسة تراوح ما بين 77.8-78.6°م. حيث أخذت الأفراد (17)cir7، (17)cir10، (17)mel9 و (17)mel10 : 78.6°م وكذلك الأفراد (17)cir1، (14)cir7، (14)mel6 و (17)mel8 : 78.4°م كما أظهر الأفراد (14)cir4، (14)cir8، (15)cir8، (14)cir9، (17)cir9، (15)cir10، (14)mel1، (14)mel2، (15)mel2، (17)mel3، (14)mel5، (17)mel7، (14)mel10 و (15)mel10 درجة حرارة انصهار قدرت ب 78.2°م وأعطت الأفراد (17)cir6، (15)cir7، (15)cir9، (15)mel1، (15)mel2، (14)mel9 و (15)mel9، وهو يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أعطت نفس درجة حرارة الإنصهار (homogènes) فيما أظهر الفرد (15)cir4 درجة حرارة انصهار قدرت بقيمة 77.8°م، مما يفسر اختلافه عن بقية الأفراد (hètèrogènes). وهو ما يوضحه الشكل (88 و 89) والملحق (15).



الشكل (87): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum*.



الشكل (88): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms47.

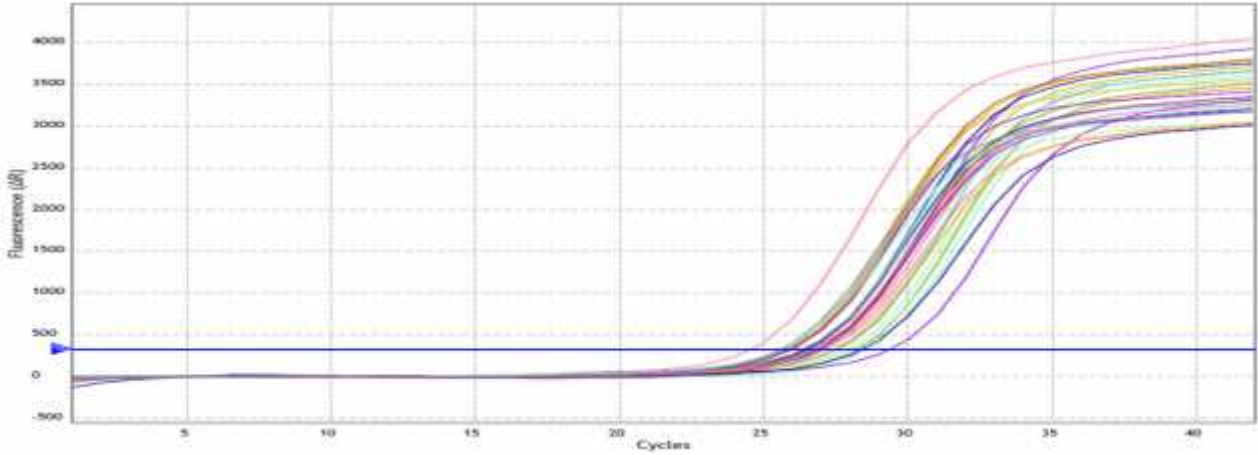


الشكل (89): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms47.

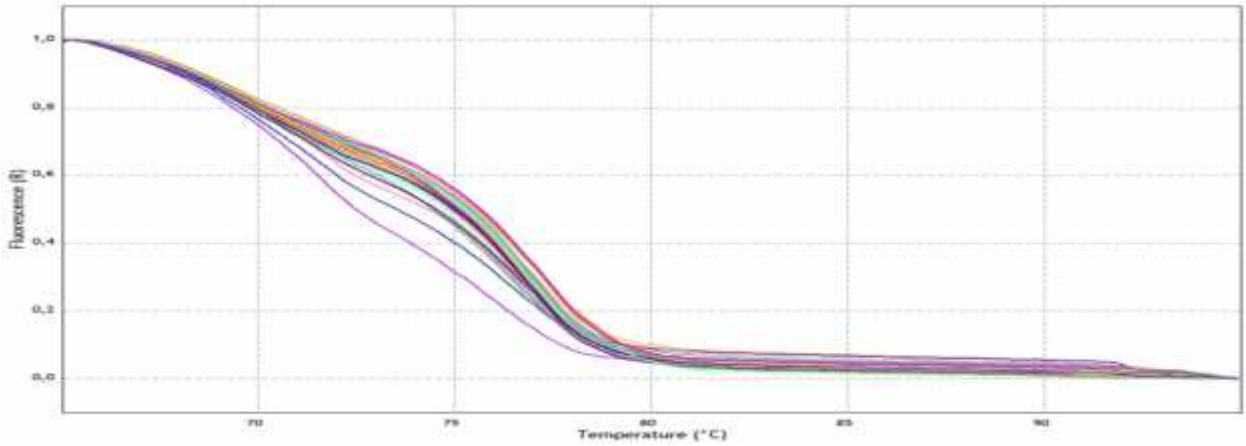
- البادئ Xwms132

أوضحت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms132 أن درجة حرارة الإنصهار عند أفراد المدروسة تراوح ما بين 71.4-77.4°م. حيث أخذت الأفراد (14)cir9، (15)cir، و(17)mel9: 77.4°م كما أظهرت الأفراد (14)cir7، (17)cir7، (14)cir8، (15)cir10، (14)cir10، (14)mel1، (14)mel5، (14)mel6، و(15)mel10 درجة حرارة انصهار قدرة بقيمة 77.2°م وكذلك سجلت الأفراد (17)cir2، (14)cir4، (17)cir6، (15)cir7، (17)cir10، (14)mel2، (17)cir10، (15)mel6، (17)mel7، (17)mel8، (14)mel10، و(17)mel10: 77°م وأعطت الأفراد (15)cir8، (17)cir9، (17)mel1، و(14)mel9: 76.8°م كما أخذ الفردين (15)mel1 و(15)mel2 درجة حرارة انصهار بمعدل 76.6°م، وهو ما يعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد التي أعطت نفس

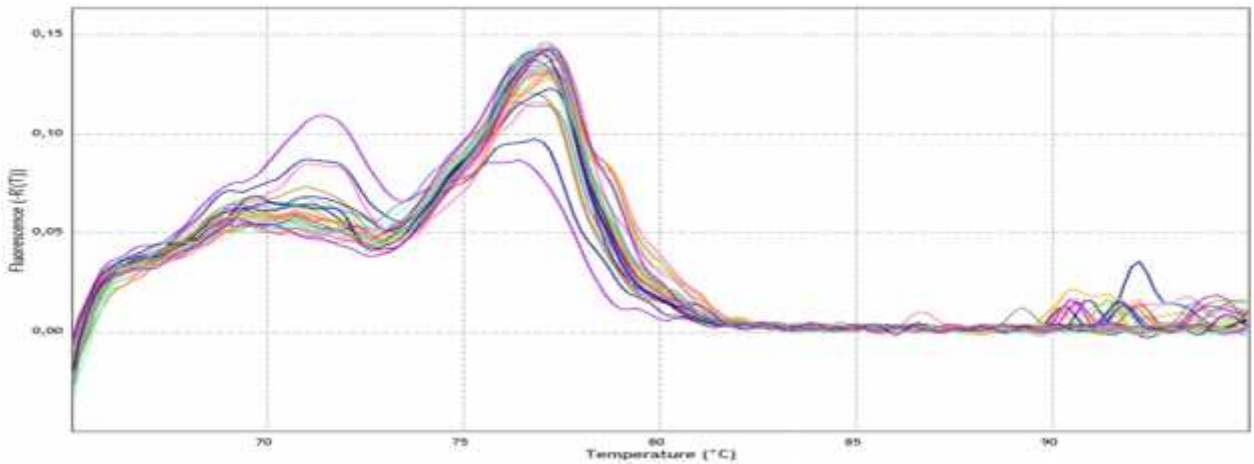
درجة حرارة الإنصهار (homogènes)، فيما أظهر الفردين mel9 (15) و cir4 (14) درجة حرارة انصهار قدرت بقيمة 76.2 و 71.4°م على الترتيب، مما يفسر اختلافهما عن بقية الأفراد تحت الدراسة (hètèrogènes). وهو ما يوضحه الشكل (91 و 92) الملحق (15).



الشكل (90): منحنى تضخم قطع ADN بتقنية ال PCR عند الأفراد المدروسة للصنفين *melanopus* و *circumflexum* عند البادئ Xwms132.



الشكل (91): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الأفراد المدروسة بدلالة درجة الحرارة عند البادئ Xwms132.



الشكل (92): مشتق منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد درجة حرارة انصهار ADN المزدوج عند الأفراد تحت الدراسة عند البادئ Xwms132.

3-9 مناقشة الدراسة الجزيئية

سمحت الدراسة الجزيئية لتقنية (PCR-HRM) الفصل ما بين أصناف متقاربة من القمح، وذلك باستخدام عدد قليل من محديدات SSR لإنتخاب أصناف وسلالات وادخالها ضمن برنامج التربية بحسب الهدف منها. وتبين أيضا أن محديد Microsatellite هو عبارة عن تقنية سريعة وفعالة لتحديد هوية الأصناف المختلفة التي من الممكن استخدامها ضمن برنامج إنتاج البذور. لقد استطاعت هذه التقنية (PCR-HRM) الكشف عن مستوى مرتفع من التباينات المدروسة ضمن الأفراد المدروسة.

أوضحت الدراسة خلال الموسم 2014/2013 تميز الأفراد mel1، mel2 و mel10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئات Xwms47، Xwms46 و Xwms499، كذلك الفردين cir8 و mel5 أعطيا نفس درجة حرارة الإنصهار عند البادئات Xwms47، Xwms46، Xwms499 و Xwms132 مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بينهما.

كما بينت الدراسة الجزيئية خلال الموسم 2015/2014 تميز الأفراد cir8، cir9 و cir10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئتين Xwms47 و Xwms46، في حين أعطي الفرد cir4 درجة حرارة إنصهار مختلفة عن الأفراد محل الدراسة عند البادئات Xwms47، Xwms499 و Xwms132 مما يعبر عن وجود اختلاف وراثي (hétérogènes) مع الأفراد المدروسة.

بينما كشفت الدراسة خلال الموسم 2017/2016 تميز الفردين cir7 و cir10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئتين Xwms47 و Xwms499، وكذلك الفردين cir1 و cir10 عند البادئتين Xwms47 و Xwms132 في حين أعطي الفرد cir6 درجة حرارة إنصهار مختلفة عن الأفراد محل الدراسة عند البادئتين Xwms46 و Xwms499 مما يعبر عن وجود اختلاف وراثي (hétérogènes) مع الأفراد المدروسة.

فحسب دراسات (Sonia et al., 2009) أثبتت جدوى استخدام تقنية (HRM) لتقييم التغيرات الجينية، SNPs (Single-nucléotide polymorphisme) والطفرات داخل موضع الجين TP53، يمكن أيضا تحليل محددات الميكروستلايت بواسطة (HRM) ويكون الفرق بين الإنفصال واضح من خلال منحنيات الإنصهار.

كما تمكن (Eva et al., 2017) من الفصل بين الجنسين *Ophiopogon* و *Liriope* اللذان كان يصعب التمييز بينهما بواسطة التقنيات الأخرى ولكن من خلال تقنية (HRM) تم تحديد الاختلاف بين الجنسين في قاعدة أزوتية واحدة، مما أثر على شكل منحنى الإنصهار بينهما ب 2°م.

في حين قام (Distefano et al., 2012) بمقارنة قوة التمييز بين تقنية (HRM) وطريقة التنميط الجيني القديمة (méthode classique de génotype de microsattellites) عند الحمضيات حيث أعطت تقنية (HRM) منحنيات انصهار متعددة الأشكال، بإضافة إلى ذلك تمكنت تقنية (HRM) من كشف وجود SNPs في ADN المضاعف (amplicons) والتي لا يمكن أن تظهر من خلال الطريقة التقليدية للميكروستيليت.

لذلك فهي تقنية فعالة يمكن أن تكون بديلا لطريقة الكهربية الشعيرة التقليدية (électrophorèse capillaire)، وحتى طرق الهلام (méthodes sur gel).

3-10 تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي، البيوكيميائي والجزيئي خلال ثلاث مواسم

2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016

أظهرت النتائج المتحصل عليها من دراسة التنوع المرفوفيزيولوجي، الدراسة البيوكيميائية والدراسة الجزيئية بين الأفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus* مايلي:

أعطت دراسة تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي خلال الموسم الزراعي 2014/2013 الأفراد *mel1*، *mel2*، *mel5*، *mel6* و *mel10* ضمن مجموعة واحدة، ومن خلال الدراسة البيوكيميائية تم تحديد الاختلاف أكثر بين الأفراد من خلال إعطاء الفردين *mel1* و *mel5* في مجموعة واحدة والفردين *mel6* و *mel10* ضمن مجموعة، وهي تتوافق مع النتائج المتحصل عليها من الدراسة الجزيئية حيث تميزت الأفراد *mel1*، *mel2*، *mel5* و *mel10* بنفس المجموعة عند البادئ *Xwms47*، كذلك الأفراد *mel1*، *mel2* و *mel10* ظهرت في مجموعة واحدة عند البادئ *Xwms46* كما تواجد الفردين *mel1* و *mel5* في مجموعة والأفراد *mel2*، *mel6* و *mel10* في نفس المجموعة عند البادئ *Xwms132*.

أظهر تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي خلال الموسم الزراعي 2015/2014 الفردين *cir4* و *cir7* ضمن مجموعة واحدة، والفردين *cir9* و *cir10* في مجموعة، كما ظهرت الأفراد *mel2*، *mel9* و *mel10* في نفس المجموعة، وهي تتوافق مع النتائج المتحصل عليها من الدراسة البيوكيميائية حيث أعطت الفردين *cir4*

و cir7 في مجموعة واحدة، والفردين cir9 و cir10 في مجموعة واحدة كذلك الأفراد mel2، mel9 و mel10 أخذت نفس المجموعة، ومن خلال الدراسة الجزيئية تم التمييز بين الأفراد أكثر دقة من خلال ظهور الفردين cir4 و cir7 في مجموعة واحدة عند البادئ Xwms46 ومن ثم أعطي الفرد cir4 في مجموعة منفردة عند البادئات Xwms47، Xwms499 و Xwms132، في حين تواجد الفردين cir9 و cir10 في نفس المجموعة عند البادئ Xwms47 ومن ثم تمييز الفرد cir10 بمجموعة منفردة عند البادئ Xwms46 وظهور الفرد cir9 في مجموعة لوحده عند البادئ Xwms132، كما ظهر الفردين mel2 و mel9 في نفس المجموعة عند البادئ Xwms499.

بين تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي خلال الموسم الزراعي 2017/2016 الفردين cir7 و mel7 في مجموعة واحدة، كما ظهرت الأفراد cir10، mel9 و mel10 في نفس المجموعة ومن خلال الدراسة البيوكيميائية تم التمييز بين الفردين cir7 و mel7 في مجموعتين مختلفتين، كذلك ظهر الفردين mel10 و cir10 في مجموعة والفرد cir9 في مجموعة أخرى، وتبين من خلال الدراسة الجزيئية أن الفردين cir7 و mel7 ظهرا في مجموعتين مختلفتين عند البادئات Xwms46، Xwms47، Xwms499 و Xwms132، في حين تواجد الفردين cir10 و mel9 في نفس المجموعة عند البادئتين Xwms46، Xwms499 ومن ثم تميزا إلى مجموعتين مختلفتين عند البادئتين Xwms47 و Xwms132.

في النهاية نستخلص من الدراسة المرفوفيزيولوجية، المردود، البيوكيميائية والجزيئية أن الدراسة الجزيئية المعتمدة على تحليل ADN تتفوق على الدراسات المتبعة، إلا أنه يفضل الإستعانة بكل الطرق المتاحة للدراسة للحصول على صورة شاملة ومحيطية عن مستوى التنوع داخل أفراد الصنف وبين أفراد الصنفين.

3-11 الدراسة البيوكيميائية للهجن

تمت الدراسة البيوكيميائية لسته هجن المتحصل عليها من التصالب بين أفراد الصنفين *circumflexum* و *melanopus*، بتحليل البروتينات الكلية ووضحت النتائج من خلال الأوزان الجزيئية للحزم.

أظهرت النتائج المتحصل عليها من خلال الرحلان الكهربائي للبروتينات الكلية عدد مختلف من الأحزمة وأوزانها الجزيئية. ومن تحليل الهلام الشكل (94) والجدول (22 و 23) تم كشف وجود 13 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين 81-10 KDa. منها 2 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد وذات أوزان جزيئية 40 و 36 KDa.

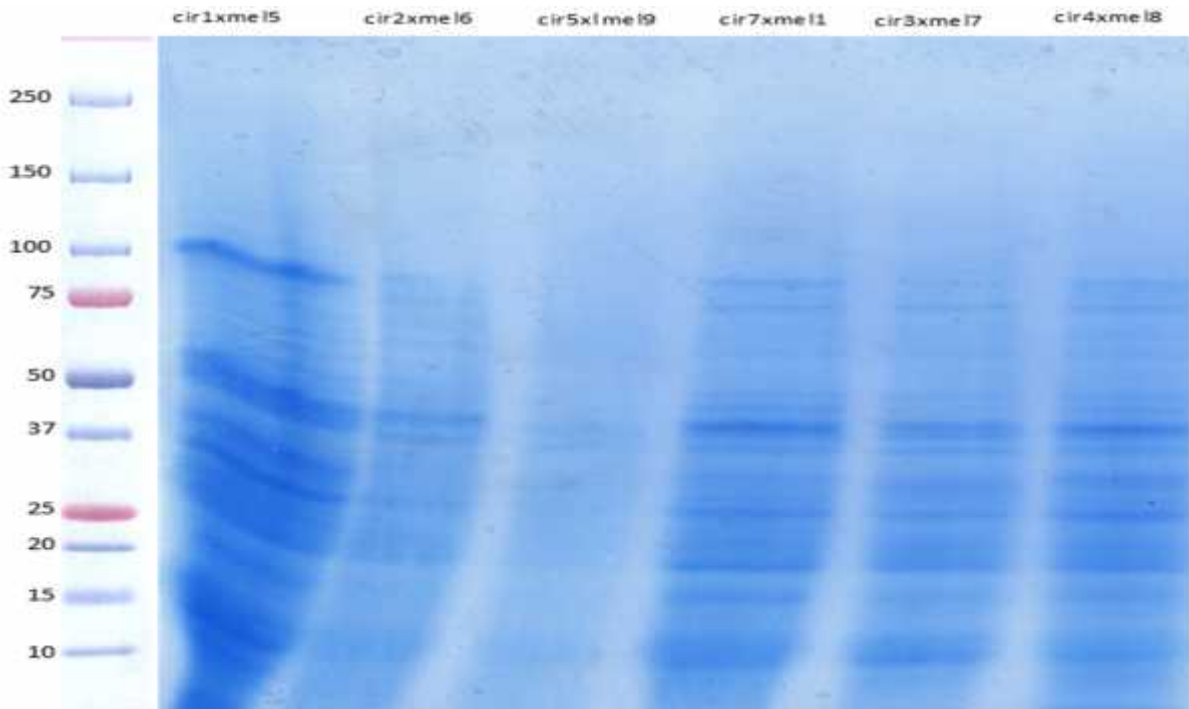
أعطى الهجين cir1xme15 مجموع 11 حزمة بأوزان جزيئية: 81، 75، 56، 40، 36، 28، 17، 25، 15، 11 و KDa10 وتميز بتنوع Polymorphisme قدر بنسبة 81.81%.

سجل الهجين cir2xme16 مجموع 6 حزم، قدرت أوزانها الجزيئية ب: 81، 75، 56، 40، 36 و KDa 25، كما أظهر وجود 2 حزم نوعية سالبة ذات الوزن الجزيئي 11 و KDa10 وكشف هذا الهجين عن تنوع Polymorphisme قدر بنسبة 66.66%.

أعطى الهجين cir5xme19 مجموع 4 حزم ذات أوزان جزيئية: 40، 36، 11 و KDa 10. كما كشف عن وجود 4 حزم نوعية سالبة ذات الوزن الجزيئي 81، 75، 56 و KDa 25 مع تنوع Polymorphisme بنسبة 50%.

أظهرت النتائج أن عدد الحزم للهجينين cir4xme18 و cir7xme11 قدرت بقيمة 12 حزمة ذات أوزان جزيئية: 81، 75، 56، 43، 40، 36، 28، 25، 17، 15، 11 و KDa 10، كما بين الهجينين تنوع Polymorphisme قدر بنسبة 83.83%.

تبين من النتائج أن عدد الحزم عند الهجين cir3xme17 ظهر بمجموع 12 حزم ذات أوزان جزيئية: 81، 75، 56، 40، 36، 35، 28، 25، 17، 15، 11 و KDa10، كما أظهر وجود حزمة خاصة ذات وزن جزيئي: 35 KDa وتم به كشف أعلى تنوع Polymorphisme بنسبة 83.33%.



الشكل (94): الرحلان الكهربائي للبروتينات عند الهجن.

الجدول(22): عدد الحزم والأوزان الجزيئية الموجودة عند الأفراد للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

n b	PM	الهجن						الحزم
		cir1xmel5	cir2xmel6	cir5xmel9	cir7xmel1	cir3xmel7	cir4xmel8	
1	81	+	+	-	+	+	+	U(-)
2	75	+	+	-	+	+	+	U(-)
3	56	+	+	-	+	+	+	U(-)
4	43	-	-	-	+	-	+	P
5	40	+	+	+	+	+	+	M
6	36	+	+	+	+	+	+	M
7	35	-	-	-	-	+	-	U(+)
8	28	+	-	-	+	+	+	P
9	25	+	+	-	+	+	+	U(-)
10	17	+	-	-	+	+	+	P
11	15	+	-	-	+	+	+	P
12	11	+	-	+	+	+	+	U(-)
13	10	+	-	+	+	+	+	U(-)
	Total	11	6	4	12	12	12	T=55

الجدول(23): عدد الحزم المشتركة (Monomorphes) والمتنوعة (Polymorphe) للصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

الأفراد+ (Génotypes)	الحزم المشتركة (Monomorphes)	الحزم المتنوعة (Polymorphe)		مجموع الحزم (Total)	نسبة الحزم المتنوعة (Polymorphe%)
		Bonde unique	Bonde non unique		
cir1xmel5	2	0	9	11	81.81 %
cir2xmel6	2	0	4	6	66.66 %
cir5xmel9	2	0	2	4	50 %
cir7xmel1	2	0	10	12	83.33 %
cir3xmel7	2	1	10	12	83.33 %
cir4xmel8	2	0	10	12	83.33 %

دراسة شجرة القرابة Dendrogramme

تم انشاء شجرة القرابة للهجن من خلال صورة الرحلان الكهربائي للبروتينات (الشكل94)، والتي تبين

العلاقة الوراثية بين 6 هجن المتحصل عليه من التصالب بين الصنفين *circumflexum* و *melanopus*.

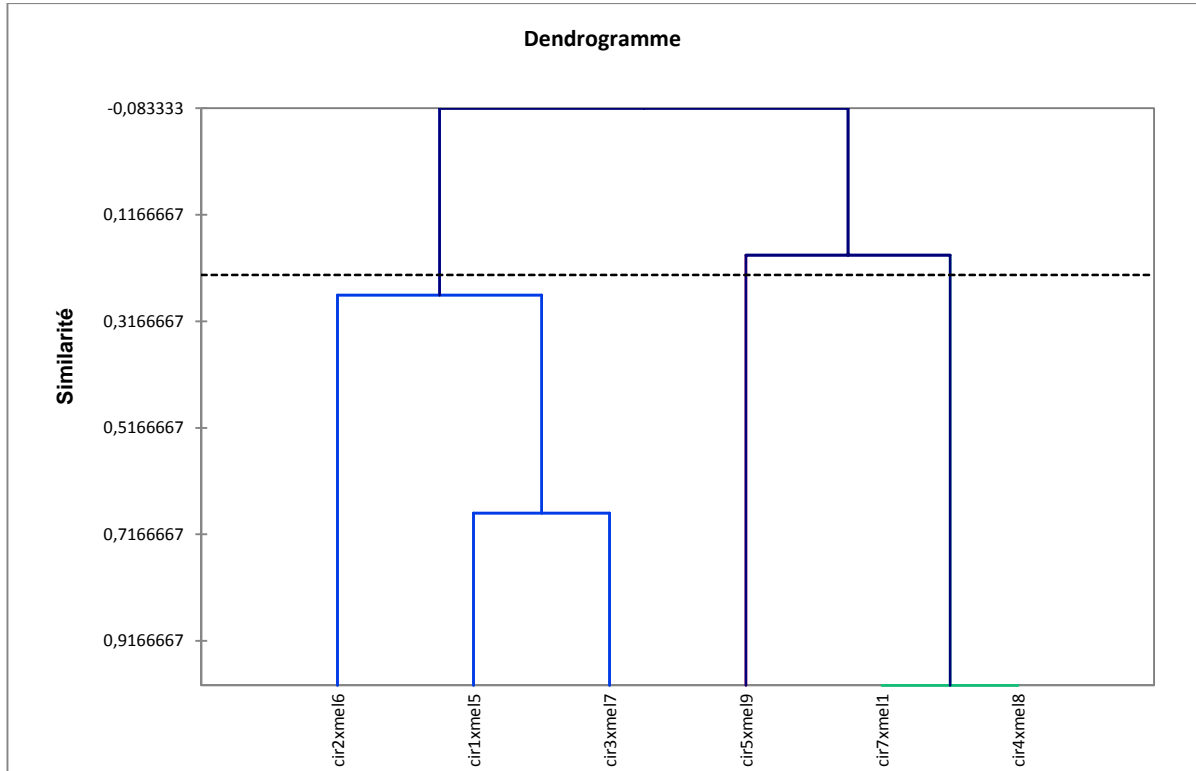
من خلال شجرة القرابة (الشكل95) تبين وجود مجموعتين رئيسيتين في مستوى حوالى 22% من نسبة

التقارب Similarité:

المجموعة الأولى تنقسم إلى تحت مجموعتين

- تضم تحت المجموعة الأولى الهجين cir2xme16.
- تتكون تحت المجموعة الثانية من الهجينين cir1xme15 و cir3xme17 والتي توضح وجود قرابة وراثية بين الهجينين بنسبة بلغت حوالي 69.66%.

المجموعة الثانية تتمثل في الهجن cir5xme19، cir7xme11 و cir4xme18.



الشكل (95): شجرة القرابة للهجن.

اتضح من نتائج دراسة شايب، (2012) أن استخلاص البروتينات الكلية بتقنية (SDS-PAG) المطبقة على الهجين BixKor عن تواجد 17 حزمة يتراوح وزنها الجزيئي من 113.13 إلى 18.34 KDa.

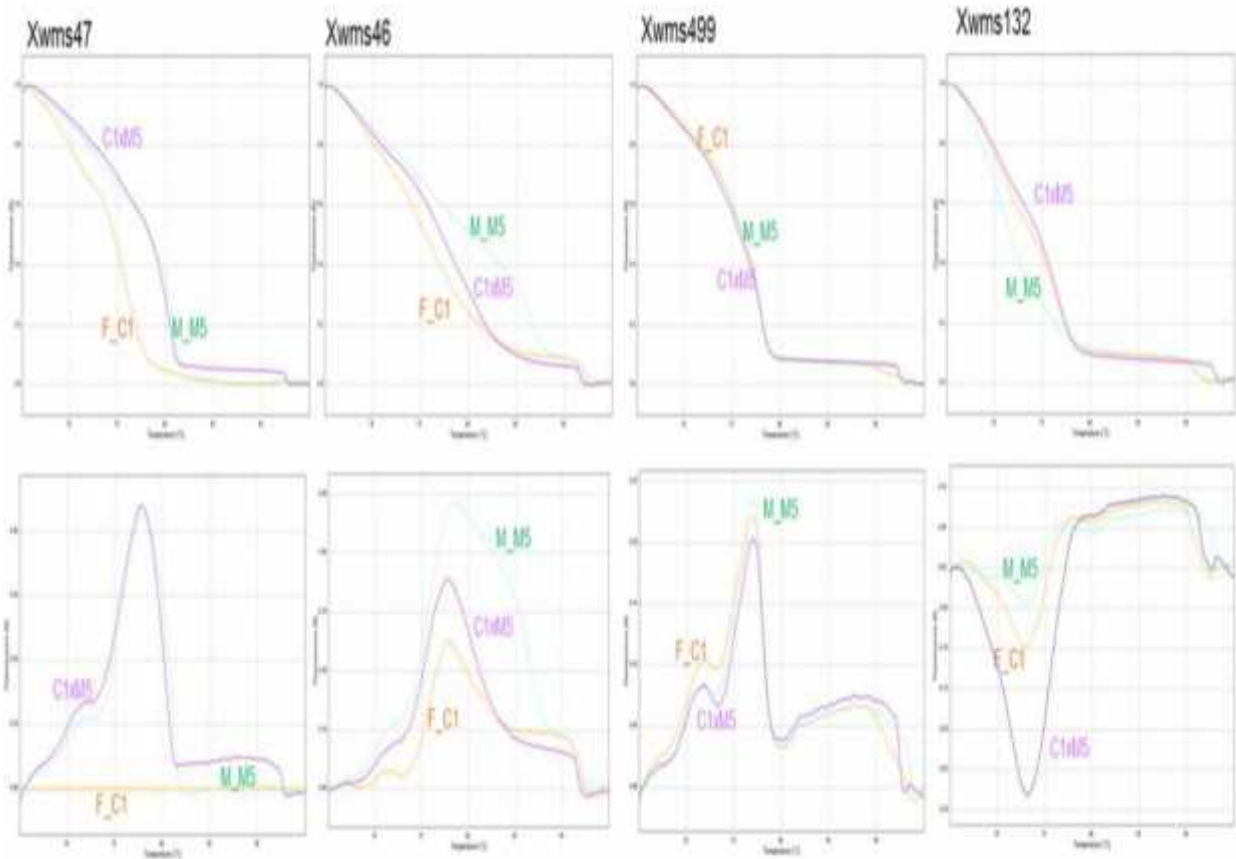
3-12 الدراسة الجزيئية للهجن

تمت الدراسة الجزيئية للأباء مع ستة هجن المتحصل عليها من التصالب بين أفراد الصنفين *melanopus* و *circumflexum*، حيث تم تجريب 5 بادئات منها بادئة لم تعطي تفاعلا مع ADN المستخلص من الهجن و آبائها، بينما أعطت 4 بادئات تفاعلا مع جميع الأفراد.

- الهجين C1xM5

اتضح من نتائج تقنية (PCR-HRM) للباديء Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند الأفراد C1xM5، M5 و C1 بلغت 92.58، 81.48 و 73.58°م على الترتيب، وهي تعبر عن وجود تشابه وراثي بين الهجين C1xM5 والأب الذكر M5 نظرا لتقارب درجة حرارة إنصهارها، كذلك أعطت الأفراد C1، M5 و C1xM5 عند البادية Xwms499 درجة حرارة انصهار قدرت ب 77.83، 77.8 و 77.78°م على الترتيب، مما يفسر وجود تقارب وراثي بين الأفراد الثلاثة (homogènes)، في حين سجل الهجين اختلاف في درجة حرارة الإنصهار مع الأبوين عند البادئتين Xwms46 و Xwms132، مما يعبر عن وجود اختلاف وراثي بين الهجين وأبويه (hétérogènes) وهو ما يوضحه الشكل (96) والملحق (16).
يمكن تقسيم الهجين المتحصل عليه إلى:

- الهجين C1xM5 يشبه الأب الذكر M5 عند البادية Xwms47.
- الهجين C1xM5 يشبه كلا الأبوين C1 و M5 عند البادية Xwms499.
- الهجين C1xM5 لا يشبه كلا الأبوين C1 و M5 عند البادئتين Xwms46 و Xwms132.



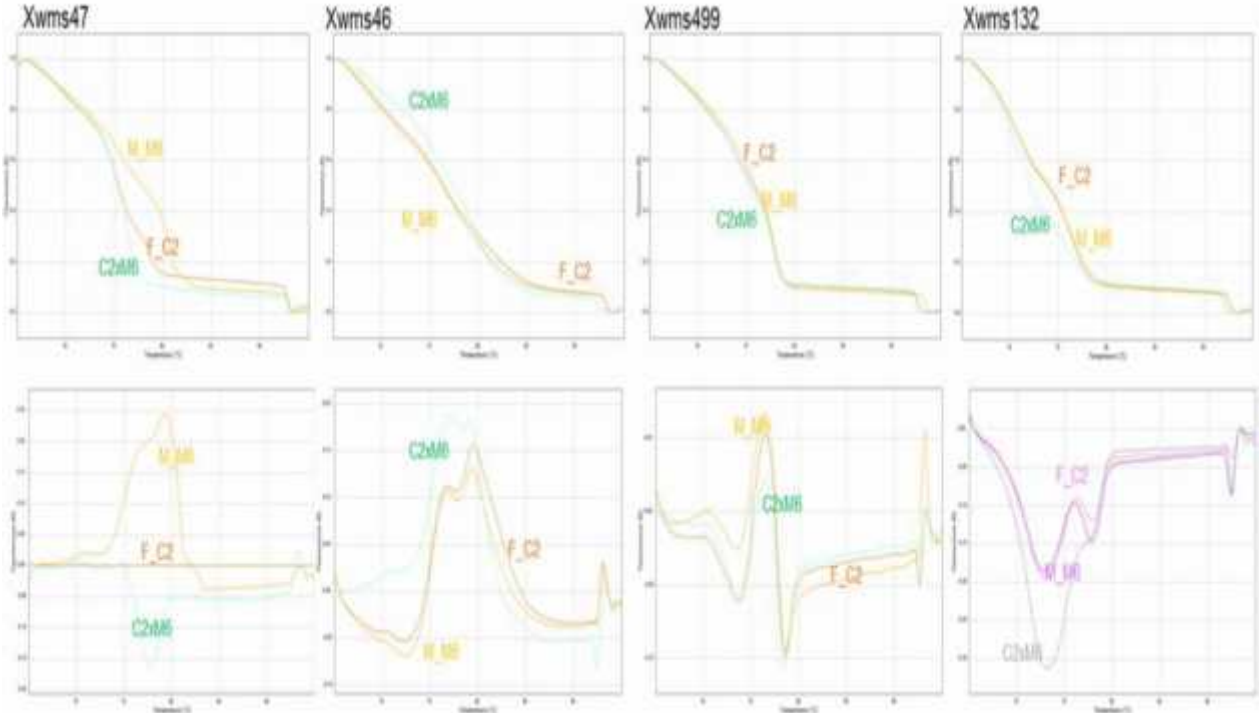
الشكل (96): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة.

- الهجين C2xM6

تبين من نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms499 أن درجة حرارة الإنصهار عند الأفراد C2، M6، وC2xM6 بلغت 77.79، 77.74 و77.61°م على الترتيب، وهي تعبر عن وجود تقارب وراثي بين الأفراد الثلاثة (homogènes) نتيجة لتقارب درجة حرارة إنصهارها، كما سجل الأبوين M6 و C2 عند البادىء Xwms46 درجة حرارة انصهار بلغت 93.18 و93.15°م على الترتيب كذلك عند البادىء Xwms132 درجة حرارة انصهار قدرت بقيمة 76.44 و76.33°م على التوالي، وهو ما يفسر التقارب الوراثي بينهما (homogènes)، في حين سجل الهجين C2xM6 اختلاف في درجة حرارة الإنصهار مع الأبوين عند البادىء Xwms46، Xwms47 وXwms132، مما يعبر عن تسلسل ADN مختلف تماما للأبوين ويجعله مثير للاهتمام لتحديد الإختلاف الناتج وهو ما يوضحه الشكل(97) والملحق(16).

يمكن تقسيم الهجين المتحصل عليه إلى:

- الهجين C2xM6 يشبه كلا الأبوين C2 وM6 عند البادىء Xwms499.
- الهجين C2xM6 لا يشبه كلا الأبوين C2 وM6 عند البادىء Xwms46، Xwms47 وXwms132.



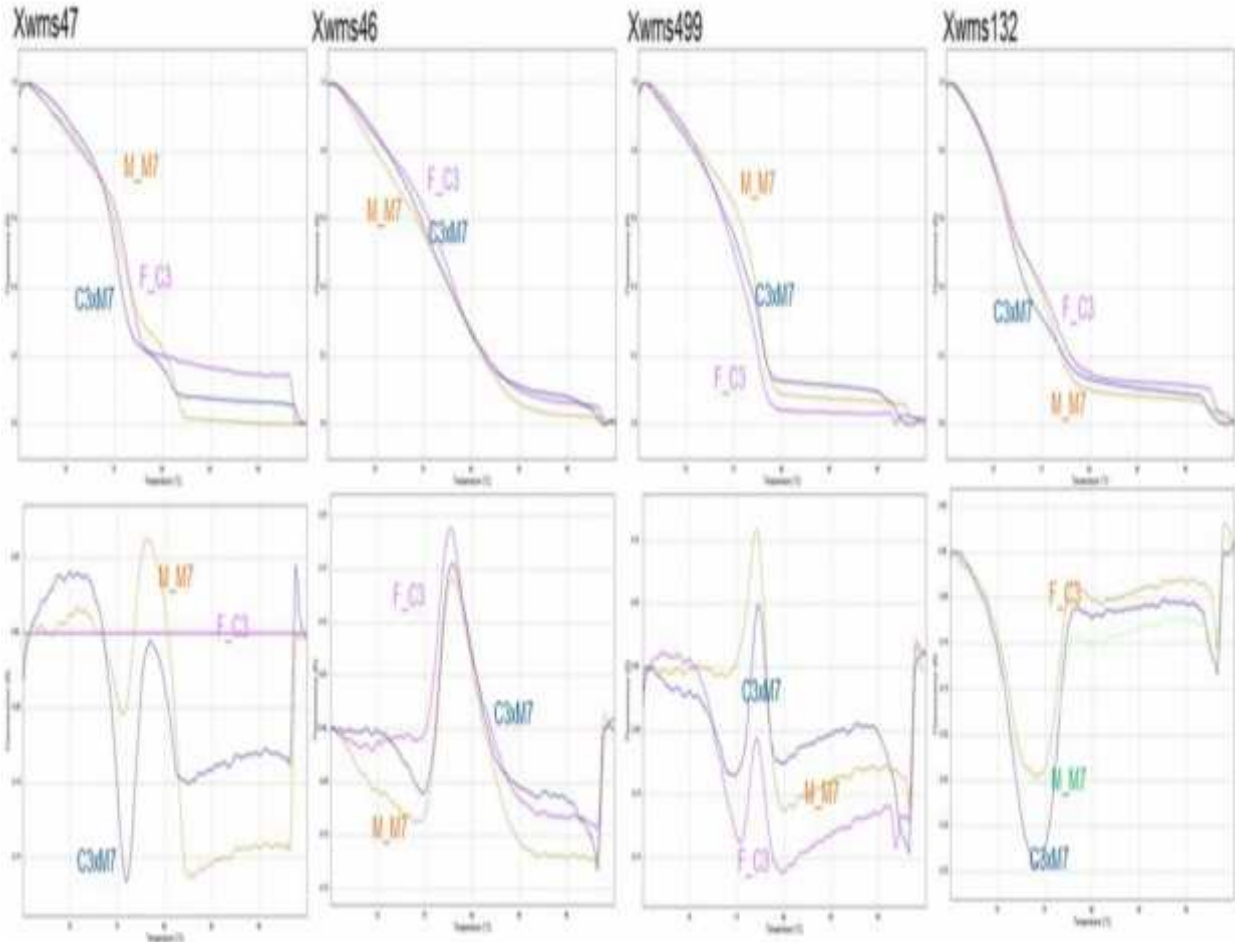
الشكل(97): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الإختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة.

الهجين C3xM7

كشفت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند الأب الذكر M7 والهجين C3xM7 بلغت 75.83 و 75.33°م على الترتيب، كذلك عند البادئ Xwms132 درجة حرارة الإنصهار عند الهجين C3xM7 والأب الذكر M7 قدرت بقيمة 71.43 و 70.93°م على التوالي، وهو ما يعبر عن وجود تقارب وراثي بينهما (homogènes)، كما أخذ الأب الأنثى C3، الأب الذكر M7 والهجين C3xM7 درجة حرارة انصهار متقاربة عند البادئتين Xwms46 و Xwms499، ويفسر ذلك بوجود تقارب وراثي بينهم (homogènes) وهو ما يوضحه الشكل (98) والملحق (16).

يمكن تقسيم الهجين المتحصل عليه إلى:

- الهجين C3xM7 يشبه الأب الذكر M7 عند البادئتين Xwms47 و Xwms132.
- الهجين C3xM7 يشبه كلا الأبوين M7 و C3 عند البادئتين Xwms46 و Xwms499.



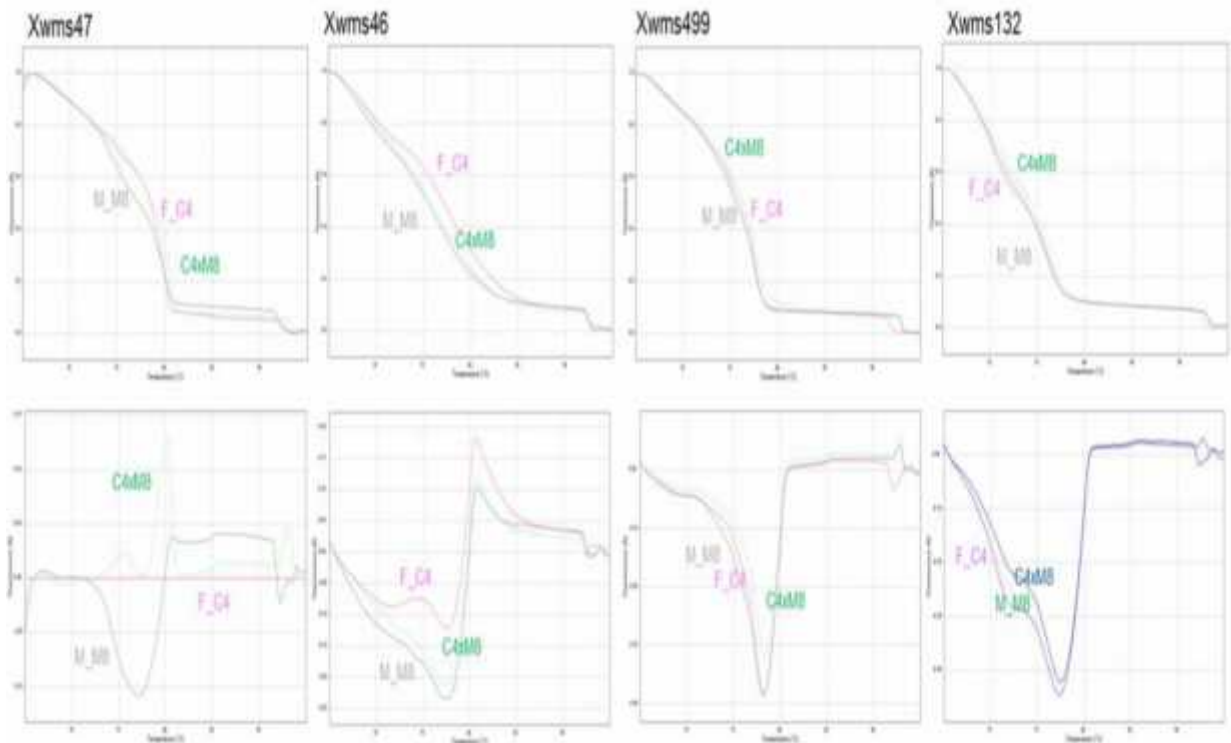
الشكل (98): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة.

- الهجين C4xM8

أظهرت نتائج تقنية (PCR-HRM) للباديء Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند الأب الأُنثى، الهجين والأب الذكر M8 بلغت 92.6، 80.4 و 79.93°م على الترتيب، وهي تعبر عن تباعد وراثي بينهم (hétérogènes)، في حين سجل الهجين C4xM8، الأب الأُنثى C4 والأب الذكر M8 عند البادية Xwms499 درجة حرارة انصهار قدرت بقيمة 77.64، 77.44 و 77.42°م على التوالي، كما أعطى الهجين C4xM8، الأب الذكر M8 والأب الأُنثى C4 عند البادية Xwms132 درجة حرارة انصهار بلغت 70.67، 70.50 و 70.47°م على التوالي، وهي تعبر عن وجود تقارب وراثي بينهم، بإضافة إلى ذلك أخذ الهجين C4xM8 والأب الذكر M8 عند البادية Xwms46 درجة حرارة انصهار قدرها 92.57 و 92.47°م على التوالي، مما يعبر عن وجود تشابه وراثي بينهما وهو ما يوضحه الشكل (99) والملحق (16).

يمكن تقسيم الهجين المتحصل عليه إلى:

- الهجين C4xM8 لا يشبه كلا الأبوين عند البادية Xwms47.
- الهجين C4xM8 يشبه الأب الذكر M8 عند البادية Xwms46
- الهجين C4xM8 يشبه كلا الأبوين C4 و M8 عند البادئتين Xwms499 و Xwms132.



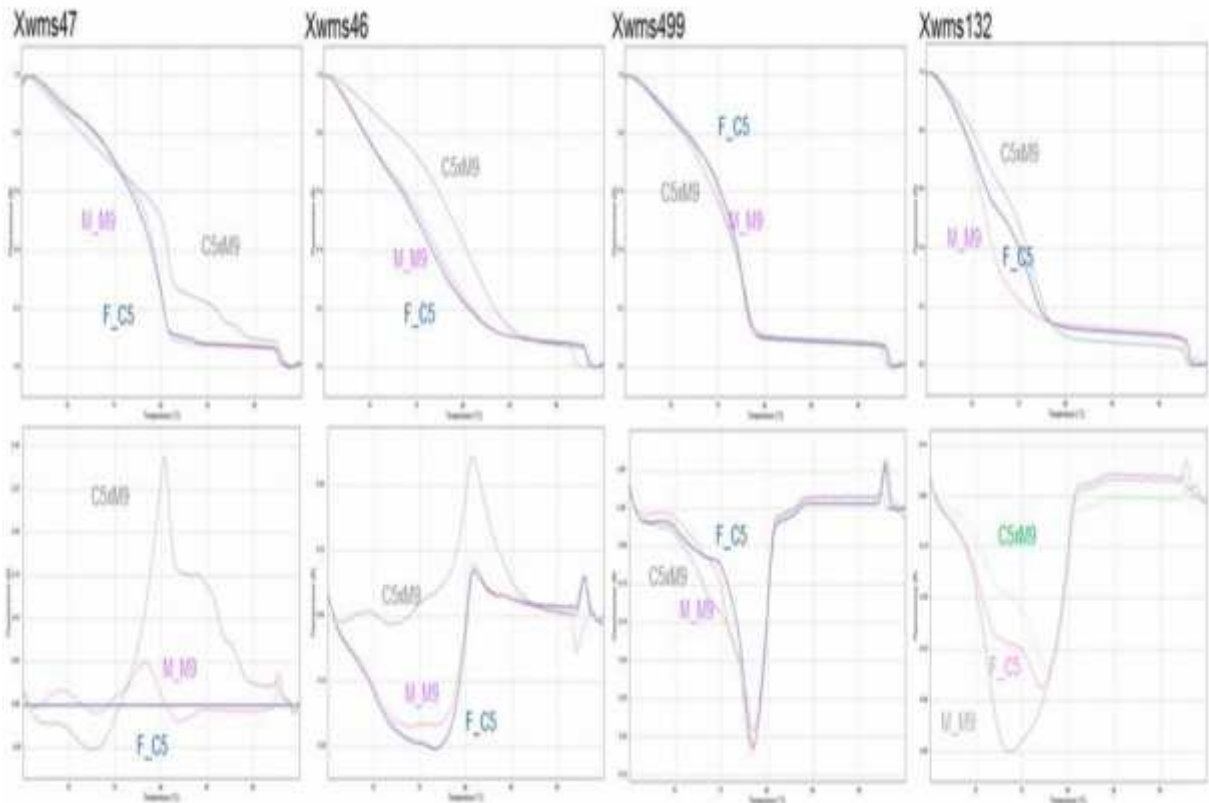
الشكل (99): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة.

- الهجين C5xM9

أوضحت نتائج تقنية (PCR-HRM) للبادئ Xwms46 أن درجة حرارة الإنصهار عند الهجين C5xM9، الأب الأنتى C5 والأب M9 الذكر بلغت 93.35، 93.24 و 91.77°م على الترتيب، كما أعطى الهجين C5xM9، الأب الأنتى C5 والأب الذكر M9 عند البادىء Xwms499 درجة حرارة انصهار قدرت بقيمة 77.72، 77.54 و 77.5°م على التوالي مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بينهم، في حين أظهر الأبوين M9 و C5 عند البادىء Xwms47 درجة حرارة انصهار قدرت ب 93.02 و 92.47°م، مما يكشف عن وجود تقارب وراثي بينهما، أما الهجين C5xM9 والأب الذكر M9 أعطيا درجة حرارة إنصهار عند البادىء Xwms132 قدرها 76.57 و 71.24°م على الترتيب، مما يكشف عن وجود تقارب وراثي بينهما (homogènes) وهو ما يوضحه الشكل (100) والملحق (16).

يمكن تقسيم الهجين المتحصل عليه إلى:

- الهجين C5xM9 يشبه كلا الأبوين C5 و M9 عند البادئتين Xwms46 و Xwms499.
- الهجين C5xM9 لا يشبه كلا الأبوين C5 و M9 عند البادىء Xwms47.
- الهجين C5xM9 يشبه الأب الذكر M9 عند البادىء Xwms132.



الشكل (100): منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة.

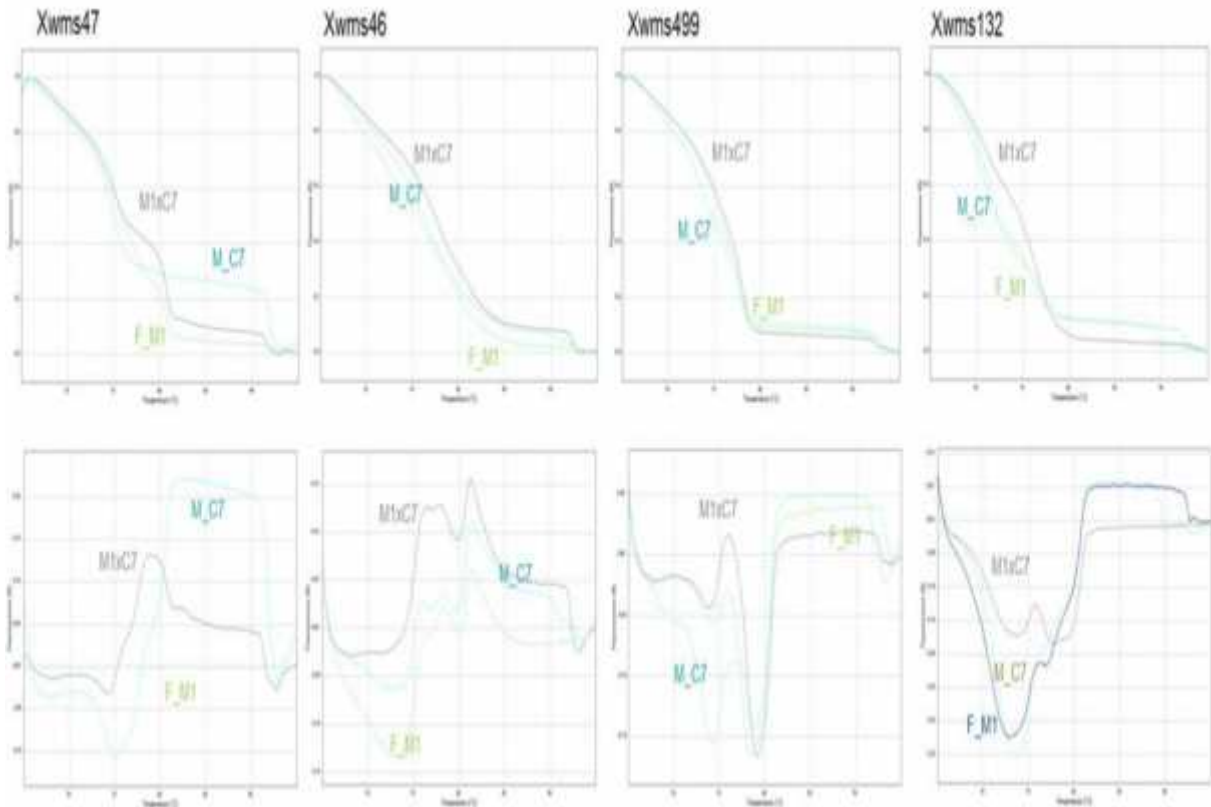
- الهجين M1x7

بينت نتائج تقنية (PCR-HRM) للباديء Xwms47 أن درجة حرارة الإنصهار عند الأب الأنثى والأب الذكر بلغت 75.18 و 74.72°م على الترتيب، كذلك أعطى الأب الذكر C7 والأب الأنثى M1 عند الباديء Xwms132 درجة حرارة انصهار قدرت بقيمة 71.51 و 70.83°م على التوالي، بإضافة أن كلا الأبوين M1 و C7 سجلا عند الباديء Xwms46 درجة حرارة إنصهار قدرت ب 76.87 و 76.28°م على التوالي وهو يعبر عن وجود تشابه وراثي بينهما (homogènes)، في حين أظهر الهجين M1x7، الأب الذكر C7 والأب الأنثى M1 عند الباديء Xwms499 درجة حرارة انصهار بلغت 77.86، 77.82 و 77.39°م على التوالي، مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بينهم (homogènes) وهو ما يوضحه الشكل (101) والملحق (16).

يمكن تقسيم الهجين المتحصل عليه إلى:

- الهجين M1x7 لا يشبه كلا الأبوين M1 و C7 عند الباديء Xwms46، Xwms47 و Xwms132.

- الهجين M1x7 يشبه كلا الأبوين M1 و C7 عند الباديء Xwms499.



الشكل (101): منحني الذوبان عالي الدقة (HRM) لتحديد الاختلاف في التعبير الجيني بين الهجين و أبويه بدلالة درجة الحرارة.

تبين من دراسة (Tejasuini et al., 2017) على هجين البندر السكري وأبويه أنه تم التفريق بينهم بكفاءة باستخدام المحدثات الجزيئية، حيث يعتبر ADN من المؤشرات الأكثر دقة لتحديد نقاوة البذور المهجنة عن طريق تحليل منحنى الذوبان عالي الدقة (HRM) الذي أعطى فعالية لتحليل النقاوة الوراثية للهجين وأبويه، كما تشير الدراسة الحالية (HRM) أنه يمكن تعريف الهجين وكشف خصائصه بوضوح من خلال محديدات الميكروستيليت و منحنيات الإنصهار للأبوين.

الخاتمة

4- الخاتمة

أظهرت الدراسة المتبعة على المرفوفيزيولوجيا، المردود، البيوكيميائية والجزئية خلال المواسم الزراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 نتائج توضحت فيها الإختلافات بين 20 فرد التابعة للصنفين *circumflexum* و *melanopus* من القمح الصلب (*Triticum durum* Desf.) المزروع في الجزائر، وسمحت الدراسة المرفوفيزيولوجية، المردودية، البيوكيميائية والجزئية التعرف على الإختلافات الموجودة على مستوى هذه الأفراد والهجن وكذلك تقييم بعض مكونات الإنتاج والخصائص البيوكيميائية والجزئية لها.

توضح من النتائج المسجلة من هذه الدراسة وجود تنوع بين الأفراد المدروسة بالنسبة للمقاييس المرفوفيزيولوجية والمردود. وتميزت الأفراد *cir9*، *mel1*، *mel2*، *mel5*، *mel6*، *mel10*، *cir7* و *cir10* في المواسم الثلاثة 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 بأعلى القيم للمقاييس المرفولوجية (طول النبات، طول عنق السنبل، طول السنبل، طول السفاة ومساحة الورقة)، فأعطت أعلى معدل لمردود الحبوب (عدد السنبيلات بالسنبل، عدد الحبات بالسنبل، وزن الحبات بالسنبل ووزن ألف حبة)، كما سجلت الأفراد *cir4*، *cir8*، *cir6*، *mel6*، *mel4* و *cir5* قيم مرتفعة للمحتوى النسبي للماء خلال الموسمين الزراعيين 2014/2013 و 2015/2014، كذلك الأفراد *mel11*، *cir4*، *mel3*، *mel9* و *cir8* في الموسم الزراعي 2017/2016.

أدى تقييم الصفات المرفوفيزيولوجية إلى وجود اختلافات في المعايير بين الأفراد للمواسم الثلاثة 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 كما تم تسجيل ارتباطات ايجابية معنوية جدا و ايجابية معنوية بين مختلف المعايير المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود.

اتضح من خلال التحليل التركيبي لأفراد الموسم الزراعي 2014/2013 وجود 6 مجموعات تتميز بالمقاييس المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود وأكثر المجموعات المتميزة بالمعايير المدروسة كمايلي:

- المجموعة الأولى تضم الأفراد *mel1*، *mel2*، *mel5*، *mel6* و *mel10* التي أعطت أكبر القيم بالنسبة لطول السفاة، طول السنبل، عدد الحبات بالسنبل، عدد السنبيلات بالسنبل، وزن الحبات بالسنبل ووزن ألف حبة.
- المجموعة الثانية تشمل الفردين *cir9* و *cir10* اللذان يحتويان على أعلى القيم بالنسبة لطول النبات وطول عنق السنبل.

- المجموعة الثالثة تتكون من الأفراد cir4، cir8 و mel8 التي تميزت بأعلى القيم لمساحة الورقة والمحتوى النسبي للماء.
- تبين من خلال التحليل التركيبي للموسم الزراعي 2015/2014 وجود 5 مجموعات تتميز بالمقاييس المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود وأكثر المجموعات المتميزة بالمعايير المدروسة كمايلي:
- المجموعة الأولى تتمثل في الأفراد cir4، cir7، cir9، cir10 و mel1 التي أعطت أكبر القيم بالنسبة لوزن الحبات بالسنبلة، طول عنق السنبلة، طول السنبلة، طول السفاة و طول النبات.
- المجموعة الثانية تضم الأفراد mel2، mel5، mel6، mel8، mel9 و mel10 التي تميزت بأعلى القيم لوزن ألف حبة، عدد الحبات في السنبلة و عدد السنيبلات في السنبلة.
- المجموعة الثالثة تشمل الفردين cir6 و cir8 اللذان يحتويان على أعلى القيم بالنسبة للمحتوى النسبي للماء.
- المجموعة الرابعة تحتوى على الفردين cir1 و cir2 اللذان أخذتا أكبر القيم بالنسبة لمساحة الورقة.
- ظهر من خلال التحليل التركيبي للموسم الزراعي 2017/2016 وجود 6 مجموعات تتميز بالمقاييس المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود وأكثر المجموعات المتميزة بالمعايير المدروسة كمايلي:
- المجموعة الأولى تضم الأفراد cir7، mel2، mel4 و mel7 التي أعطت أكبر القيم بالنسبة لوزن ألف حبة، وزن الحبات بالسنبلة، عدد الحبات بالسنبلة، طول عنق السنبلة و طول السفاة.
- المجموعة الثانية تضم الأفراد cir2، cir3، cir4، cir5، cir8 و mel1 التي تحتوي على أعلى القيم بالنسبة للمحتوى النسبي للماء.
- المجموعة الثالثة تتكون من الأفراد cir10، mel9 و mel10 التي تميزت بأعلى القيم لطول النبات.
- المجموعة الرابعة تحتوى على الأفراد cir9، mel3 و mel5 التي أخذت أكبر القيم بالنسبة لعدد السنيبلات بالسنبلة، طول السنبلة ومساحة الورقة.
- كشفت النتائج المتحصل عليها من تقنية الرحلان الكهربائي (SDS-PAGE) للبروتينات الكلية خلال المواسم الزراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 عند 10 أفراد لكل موسم تم اختيارها من الصنفين *circumflexum* و *melanopus* وجود تنوع بين الأفراد وبالتالي يمكن استخدام البروتينات الكلية كمحدد بيوكيميائية لدراسة الإختلافات الوراثية.

أوضحت الدراسة خلال الموسم 2014/2013 وجود مجموع 20 حزمة ذات أوزان جزيئية 79-10 KDa. منها 8 حزم مشتركة بين الأفراد المدروسة، مع تسجيل حزمة خاصة عند الفردين cir4 و cir9 ذات وزن جزيئي 59 و 75 KDa على الترتيب، كما كشفت الأفراد mel5، mel9، mel10، cir7 و cir8 أكبر عدد من الحزم بلغ 15 حزمة و أكبر نسبة تنوع polymorphisme قدر ب 46.66%.

في حين بينت الدراسة البيوكيميائية خلال الموسم 2015/2014 وجود مجموع 20 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين 85 KDa - 10 KDa. منها 4 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة، كما تم تسجيل حزمة خاصة عند الفردين mel6 و mel9 ذات وزن جزيئي 20 و 75 KDa على الترتيب، وأعطت الأفراد mel2 و mel9 أكبر عدد من الحزم بلغ 12 حزمة و أكبر نسبة تنوع polymorphisme قدر ب 66.66%.

بينما أعطت الدراسة البيوكيميائية خلال الموسم 2017/2016 وجود مجموع 15 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين 75 KDa - 10 KDa. منها 6 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة، كما تم تسجيل أكبر عدد للحزم عند الفردين mel7 و mel3 بلغ 13 KDa، وأخذ الفرد cir6 أكبر نسبة تنوع polymorphisme 66.66%.

أظهرت النتائج المتحصل عليها من خلال الرحلان الكهربائي للبروتينات الكلية عند الهجن عدد مختلف من الأحزمة و أوزانها الجزيئية. و من تحليل الهلام تم كشف وجود 13 حزمة تتراوح أوزانها الجزيئية بين 81 KDa - 10 KDa. منها 2 حزمة مشتركة Monomorphes بين الأفراد المدروسة ذات أوزان جزيئية 40 و 36 KDa.

أظهرت النتائج المتحصل عليها من تقنية (PCR-HRM) خلال المواسم الزراعية 2014/2013، 2015/2014 و 2017/2016 عند 10 أفراد لكل موسم تم اختيارها من الصنفين *circumflexum* و *melanopus* وجود اختلاف بين الأفراد وبالتالي يمكن استخدام ADN كمؤشر جزيئي لدراسة الاختلافات الوراثية بين الأفراد.

أوضحت الدراسة الجزيئية خلال الموسم 2014/2013 تميز الأفراد mel1، mel2 و mel10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئات Xwms46، Xwms47 و Xwms499، كذلك الفردين cir8

و mel5 أعطيا نفس درجة حرارة الإنصهار عند البادئات Xwms47، Xwms46، Xwms499 و Xwms132 مما يعبر عن وجود تقارب وراثي بينهما.

كما بينت الدراسة الجزيئية خلال الموسم 2015/2014 تميز الأفراد cir8، cir9 و cir10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئتين Xwms47 و Xwms46، في حين أعطي الفرد cir4 درجة حرارة إنصهار مختلفة عن الأفراد محل الدراسة عند البادئات Xwms47، Xwms499 و Xwms132 مما يعبر عن وجود اختلاف وراثي (hétérogènes) مع الأفراد المدروسة.

بينما كشفت الدراسة خلال الموسم 2017/2016 تميز الفردين cir7 و cir10 بخصائص وراثية متشابهة (homogènes) بالنسبة للبادئتين Xwms47 و Xwms499، وكذلك الفردين cir1 و cir10 عند البادئتين Xwms47 و Xwms132 في حين أعطي الفرد cir6 درجة حرارة إنصهار مختلفة عن الأفراد محل الدراسة عند البادئتين Xwms46 و Xwms499 مما يعبر عن وجود اختلاف وراثي (hétérogènes) مع الأفراد المدروسة.

بينت الدراسة الجزيئية للأباء مع ستة هجن المتحصل عليها من التصالب بين أفراد الصنفين *circumflexum* و *melanopus*، أنه بناء على درجة القرابة بين الهجن وأبائها يمكن تقسيم الهجن إلى ثلاث مجموعات: مجموعة تشبه الأب الأنثى، مجموعة تشبه الأب الذكر ومجموعة وسطية لاتشبه كلا الأبوين.

بالنسبة للهجين C1xM5

- يشبه الأب الذكر M5 عند البادئ Xwms47.
- يشبه كلا الأبوين C1 و M5 عند البادئ Xwms499.
- لا يشبه كلا الأبوين C1 و M5 عند البادئتين Xwms46 و Xwms132.

بالنسبة للهجين C2xM6

- يشبه كلا الأبوين C2 و M6 عند البادئ Xwms499.
- لا يشبه كلا الأبوين C2 و M6 عند البادئ Xwms46، Xwms47 و Xwms132.

بالنسبة للهجين C3xM7

- يشبه الأب الذكر M7 عند البادئتين Xwms47 و Xwms132.
- يشبه كلا الأبوين C3 و M7 عند البادئتين Xwms46 و Xwms499.

ج) بالنسبة للهجين C4xM8

- يشبه الأب الذكر M7 عند البادئتين Xwms47 و Xwms132.
- يشبه كلا الأبوين C3 و M7 عند البادئتين Xwms46 و Xwms499.

ج) بالنسبة للهجين C5xM9

- الهجين C5xM9 يشبه كلا الأبوين C5 و M9 عند البادئتين Xwms46 و Xwms499.
- الهجين C5xM9 لا يشبه كلا الأبوين C5 و M9 عند البادئتين Xwms47.
- الهجين C5xM9 يشبه الأب الذكر M9 عند البادئتين Xwms132.

ج) بالنسبة للهجين M1xC7

- الهجين M1xC7 لا يشبه كلا الأبوين M1 و C7 عند البادئتين Xwms47، Xwms46 و Xwms132.
- الهجين M1xC7 يشبه كلا الأبوين M1 و C7 عند البادئتين Xwms499.

ونستخلص من الدراسة وجود الاختلاف المتباين للصفات بين الأفراد، وهذا الاختلاف يعبر هو الآخر عن مدى التنوع الحيوي داخل أفراد الصنف الواحد و بين أفراد الصنفين للقمح الصلب
(*Triticum durum* Desf.).

انطلاقاً من هذا الدراسة يمكن أن نتطلع إلى دراسات مستقبلية منه:

- دراسة تأثير الظروف البيئية على بروتينات التخزين لمعرفة النوعية.
- دراسة معمقة لأفراد الجيل الثاني من خلال زرع هجن الجيل الأول بهدف الحصول على أصناف ذات كفاءة عالية في المردود.
- دراسة عشائر كبيرة بتوضيح الاختلافات والتصالب فيما بينها للحصول على أصناف جديدة.
- دراسة معمقة للمحديبات الجزئية من أجل تحديد الاختلاف في تسلسل القواعد الأزوتية لخيط ADN بين الأصناف.

المراجع

5-Références

- Abd El-Ghany H., Abd El-Salam, Hozyen and Afifi M., (2012).** Effect of deficit irrigation on some growth stages of wheat. *J. of Appl. Sci. Res.*, 8(5): 2776-2784.
- Abo-Ghalia H., and Khalafallah A., (2008).** Responses of wheat plants associated with arbuscular mycorrhizal fungi to short-term water stress followed by recovery at three growth stages. *J. of Applied Sci., Res.*, 4: 570-580.
- Alam M., Rahman M., Haque M., Hossain A., Azad K., and Khan M., (2003).** Response of irrigation frequencies and different doses of N fertilization on the growth and yield of wheat. *Pakistan J. of Biol. Sci.* 6 (8): 732-734.
- Allam A., Tirichine A., Madani H., Benlamoudi W., et Attali Y., (2015).** Evaluation agromorphologique des cultivars locaux de blé dur: *Triticum durum* Desf. Cultivés dans les palmeraies de la vallée d'Oued Righ (Sud-Est Algérie), p : 67-76.
- Albouchi A., Sebei H., Mezni Y., & EL Aouni M. H., (2000).** Influence de la durée d'une alimentation hydrique déficiente sur la production de biomasse, la surface transpirante et la densité stomatique d'*Acacia cyanophylla*. *Annales de l'Ingrégref*(4), p : 138- 61.
- Aldesuquy H., Abbas M., Abo- Hamed S., Elhakem A., and Alsokari S., (2012).** Glycine betaine and salicylic acid induced modification in productivity of two different cultivars of wheat grown under water stress, *J. of Stress Physiol. and Biochem.* 8(2) : 72-89.
- Almeselmani M., Saud K., Al-zubi F., Abdullah F., Hareri M., Naesan M., Ammar A., and Kanbar O., (2012).** Physiological performance of different durum wheat varieties grown under rainfed condition. *Global Journal of Science Frontier Research Agriculture and Biology.* 12: 55-63.
- Al-Shelalkeh M., and Duwari I., (1986).** Inheritance of morpho-physiological characters and grain yield in durum wheat crosses. *Rachis*, 5: 37-42.
- Al-Tabbal J., Kafawin O., and Ayad J., (2006).** Influence of water stress and plant growth regulators on yield and development of two durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. durum) cultivars. *Jordan J. of Agric. Sci.*, 2 (2): 28-37.
- Ammir Aju J.S.S., Dholakia B.B., Santra D.K., Singh H., Lagu M.D., Tamhankar S.A., Dhaliwal H.S., Rao V.S., Gupta V.S., And Ranjekar P.K., (2001).** Identification of inter simple sequence repeat (ISSR) markers associated with seed size in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 102: 726-732.
- Annicchiarico P., Bellah F., Chiari T., (2005).** Defining subregions and estimating benefits for a specific adaptation strategy by breeding programs: a case study. *Crop Sci.*, 45, pp: 1741-1749.

- Asim A., Yousaf A., Khan G., Subhani H., Sadullah A., and Yousaf A., (2014).** Correlation and path coefficient analysis for important plant attributes of spring wheat under normal and drought stress conditions journal of biology. Agriculture and Healthcare. 4(8): 23-28.
- Aycicek M., Yildirim T., (2006).** Path coefficient analysis of yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L) genotypes. Pak J Bot. 38:417–424.
- Aydogan E., and K. Yagdi, (2012).** Study of genetic diversity in wheat (*Triticum aestivum*) varieties using random amplified polymorphic DNA (RAPD) analysis. Turkish Journal of Field Crops. 17:91-95.
- Ayeneh A., Ginkel M., Reynolds MP., Ammar K., (2002).** Comparison of leaf, spike, peduncle, and canopy temperature depression in wheat under heat stress. Field Crops Res 79:173–184
- Bahlouli F., Bouzerzour H., Benmahammed A., Hassous K., (2005).** Selection of high yielding of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) under semi-arid conditions. Journal of Agronomy 4, pp: 360-365.
- Baldy C., (1973).** Progrès récents concernant l'étude du système racinaire du blé (*Triticum* sp.) . Ann Agron. 24 : 241 – 276 .
- Balic M., Pichler M., Strutz J., (2009).** High Quality Assessment of DNA Methylation in Archival Tissues from Colorectal Cancer Patients Using Quantitative High-Resolution Melting Analysis. The Journal of Molecular Diagnostics : JMD.11(2):102-108.
- Balkan A., Genctan T., (2009).** The effects of some photosynthesis organs on yield components in bread wheat. Journal of Tekirdag Agricultural Faculty. 6 (2): 137-148.
- Baloch M., Ansari B., Memon N., Kumbhar M., and Soomor A., (2001).** Combining ability and heterotic performance of some agronomic traits in bread wheat (*Triticum aestivum*). Pakistan Journal of Biological Sciences. 4(2): 138-140.
- Banu L., Stoenescu G., Ionescu V., and Aprodu L., (2011).** Estimation of the baking quality of wheat flours based on rheological parameters of the Mixolab Curve. Czech Journal of Food Science. (29)1:35–44.
- Barrs H. (1968).** Determination of water deficit in plant tissues. In: Water Deficit and Plant Growth. Koslowski T. Academy Press. New York. 235-368p.
- Battais F., Apparicio C., Kanny G., Guerin L., Moneret-Vautrin D.A., Denery-Papini S., (2002).** Allergenicité de la farine de blé. *Allergie et Immunologie*, Vol XXXIV (3) : 98-99.
- Bayoumi TY., Manal H., Metwali EM., (2008).** Application of physiological and biochemical indices as a screening technique for drought tolerance in wheat genotypes. African Journal of Biotechnology 14, pp: 2341-2352.

Becker J., Vos P., Kuiper M., Salamini F., and Heun M., (1995). Combined mapping of AFLP and RFLP markers in barley. *Molecular and General Genetics*, 249:65-73.

Belattare R., chaib G., Boudour L., (2016). Analyse de la variation morpho-phenologique et génétique des vingt accessions du blé dur algérien utilisant le marqueur RAPD. *European Scientific Journal* ISSN: 1857 - 7881 (Print), 21p.

Belkharouch H., Fellah S., Bouzerzour H., Benmahammed A., Chellal N., (2009). vigueur de croissance, translocation et rendement en grains du blé dur (*Triticum durum* Desf.) sous conditions semi arides, *Courrier du Savoir*. 9, pp: 17-24.

Benbelkacem A., Kellou K., (2000). Evaluation du progrès génétique chez quelques variétés de blé dur (*Triticum turgidum* L. var. durum) cultivées en Algérie. In: Royo C. (ed.), Nachit Références bibliographiques 66 M. (ed.), Di Fonzo N. (ed.), Araus J.L. (ed.). Durum wheat improvement in the Mediterranean region: New challenges. Zaragoza: Ciheam, p: 105-110.

Benmahammed A., (2005). Hétérosis, transgressions et efficacité de la sélection précoce et retardée de la biomasse, du nombre d'épis et utilisation des indices chez l'orge (*Hordeum vulgare* L.). Thèse de Doctorat d'Etat en Biologie végétale, option, Génétique et Amélioration des plantes. Université de Constantine. 125p.

Bhutta M., Azhar S., and Chowdhry M., (1997). Combining ability studies for yield and its components in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Jornal of Agricultural Research* (Pakistan). 35(5): 353-359.

Blottière M.J., (2003). Cahier du centre de l'Algérie IX. Les productions algériennes. Chapitre Premier. Les productions agricoles. 1. Les céréales. Publications du comité national métropolitain du centenaire de l'Algérie, Algérie, 95 p.

Bogard M., (2011). Analyse génétique et écophysologique de l'écart à la relation teneur en protéines-rendement en grains chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) Thèse Docteur D'université. Génétique et physiologie végétale. L'Université Blaise Pascal. France. 194p.

Bornet B., Goraguer F., Joly G., Branchard M., (2002). Genetic diversity in European and Argentinian cultivated potatoes (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) detected by inter-simple sequence repeats (ISSRs). *Genome* 45: 481-484.

Bos V., Kunst A.E., Mackenbach J.P., (2000). De omvang van sociaal-economische verschillen gemeten op buurtniveau: vergelijking met schattingen op basis van informatie op individueel niveau [in Dutch]. In: Stronks K_(ed) Sociaal-economische gezondheidsverschillen: Van verklaren naar verkleinen Zon/MW, Den Haag, pp : 8-20

Boudour L., (2006). Étude des ressources phyto-génétiques du blé dur (*Triticum durum* Desf.) algérien : analyse de la diversité génétique et des critères d'adaptation au milieu. Thèse Doctorat d'Etat. Université Mentouri Constantine, 142p.

Boutraa T., Akhkha A., Al-Shoaibi A., Alhejeli A., (2010). Effect of water stress on growth and water use efficiency (WUE) of some wheat cultivars (*Triticum durum*) grown in Saudi Arabia. Journal for science of Taibah university vol. 3, pp.39-48.

Bohn M., Utz H.F., and Melchinger A.E., (1999). Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis of RFLPs, AFLPs, and SSRs and their use for predicting progeny variance. *Crop Sci.* 39: 228-237.

Branlard G., Chevalet C., (1984). Sur la diversité des blés tendres cultivés en France. *In : Agronomie*, 4, pp: 933-938.

Camberato J., Mikkelsen R., (1995). Potassium, sulfur, lime and micronutrient fertilizers. In: Rechcigl J, ed. *Soil amendments and environmental quality*. Chelsea, MI, Lewis Publishers. pp : 169-172.

Carson G.R., & Edwards NM., (2009). Criteria of Wheat and Flour Quality. In *Wheat Chemistry and Technology (4th Edition)*, ed. Khan K & Shewry PR, AACC International, Inc., St. Paul, MN. pp. 100-110.

Castellanos E., Romero B., Rodríguez S., de Juan L., Bezos J., Mateos A., (2010). Domínguez L, Aranaz A. Molecular characterization of *Mycobacterium avium* subspecies paratuberculosis Types II and III isolates by a combination of MIRU-VNTR loci. *Vet Microbiol.* 144(1-2):118-26.

Cattivell L., Baldi P., Crosatti C., Grossi M., Vale G., Stanca A., (2002). Genetic bases of barley physiological response to stressful conditions. In: *Barley Science: Recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality*, Slafer, G. A., J. L. Molina-Cano, R. Savin, J.L. Araus, and I. Romagosa Food Products press, an Imprint of the Haworth Press, Inc. New York. pp. 307-360.

Cavan G., Potier V., And Moss S., (2000). Genetic diversity of weeds growing in continuous wheat. *Weed Res.* 40 301-310.

Chahal G.S., and S.S., Gosal, (2002). Principles and Procedures of Plant Breeding: Biotechnology and Conventional Approaches. Alpha Science International, United Kingdom, ISBN: 9781842650363, p: 604.

Chenyang H., Lafen W., Xueyong Z., Guangxia Y., Yushen D., Jizeng J., Xu L., Xunwu S., Sancai L., Yongsheng C., (2006). Genetic diversity in Chinese modern wheat varieties revealed by microsatellite markers. *Science in China: series C Life Sciences.* 49: 218-226.

Clément J.M., (1981). Dictionnaire Larousse Agricole. Librairie Larousse. ISBN 2-03-514301-2. 1207p.

Croston R.P., and Williams J.T., (1981). A world survey of wheat genetic resources *IBRGR Bulletin*, 37p.

Dellaporta, S.L., Wood J., and Hicks J.B. 1983. A plant DNA miniprep: Version II. *Plant Molecular Biology Reporter*. 1: 19-21.

Desimir K., Aleksandar P., Milomirka M., Snežana T., Jasmina K., Andrej Š., (2013). Phenotypic variability of primary spike length in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Symposium on Agriculture*. pp: 269-273.

Dias A., Lidon F., (2009). Evaluation of grain Filling rate and duration in bread and durum wheat, under heat stress after anthesis. *Journal of Agronomy and Crop Science* 195, 137–147.

Din R.U., Subhani M., Ahmad N., Hussain M., Rehman A.U., (2010). Effect of temperature on development and grain formation in spring wheat. *Pakistan Journal of Botany* 42: 899-906.

Distefano G., Caruso M., La Malfa S., Gentile A., Wu S.B., (2012). High resolution melting analysis a more sensitive and effective alternative to gel-based platforms in analysis of SSR-an example in citrus. *PLoS One*.7(8):e44202.

Dogan R., (2009). The correlation and path coefficient analysis for yield and some yield components of durum wheat (*Triticum turgidum* var. durum L.) in west Anatolia conditions. *Pak J Bot*. 41(3):1081–1089.

Eleuch L., Jalil A., Grando S., Ceccarelli S., Schmising M., Tsujimoto H., Hajer A., Daaloul A., and Baum M., (2008). Genetic diversity and association analysis for salinity tolerance, heading date and plant height of barley germoplasm using simple sequence repeat markers. *J. Integ. Plant Biol.* 50(8):1005-1015.

El Jaafari S., (2000). Durum wheat breeding for abiotic stresses resistance: Defining physiological traits and criteria, In *Durum Wheat Improvement in The Mediterranean Region: New Challenges* Eds: C. Royo, M.M. Nachit, N. Difonzo. Zaragoza, Spain, 12-14 Apr. *Ciham, Options Mediterranean's*. (40): 251-256.

El bieta Harasim^{1*}, Marian Wesołowski¹, Cezary Kwiatkowski¹, Paweł Harasim², Mariola Staniak³, Beata Feledyn-Szewczyk⁴, (2016). The contribution of yield components in determining the productivity of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). Published by Polish Botanical Society *ActaAgrobot*, 10p.

Erchidi A.E., Benbella M., Talouizte A., (2000). Relation entre certains paramètres contrôlant les pertes en eau et le rendement en grain chez neuf variétés de blé dur soumises au stress hydrique. *Options méditerranéennes, série A (Séminaires méditerranéens)* 40, pp: 279-282.

Eva Masiero, Dipanwita Banik, John Abson, Paul Greene , Adrian Slater and Tiziana Sgamma, (2017). Genus-Specific Real-Time PCR and HRM Assays to Distinguish *Liriope* from *Ophiopogon* Samples. Published by MDPI, 11p.

FAO (2012). Regional Conference for the Food and Agriculture Organization CFS 39 Thirty-ninth session - Rome - <http://www.fao.org/cfs/ar/2>.

Feng Z., Zhang L., Zhang Y., and Ling H., (2006). Genetic diversity and geographical differentiation of cultivated six-rowed naked barley landraces from the Qinghai-Tibet plateau of China detected by SSR analysis. *Genetic and Molecular Biology*. 29(2): 330-338.

Fellahi Z., (2013). Aptitude à la combinaison et héritabilité de quelques caractères Agronomiques du blé tendre (*Triticum aestivum* L.). Mémoire de Magister, Faculté des Sciences Agrovétérinaires et biologiques, Département d'Agronomie. Université Saad Dahlab, Blida, Algérie, 124 p.

Feillet P., (2000). Le grain de blé. Composition et utilisation. Mieux comprendre. INRA. ISSN: 1144-7605, 308p.

Feldman M., Lupton FGH., and Miller TE., (1995). Wheats. In J ; SMARTT, N.W. SIMMONDS: Evolution of crop plants. Longman Group Ltd., London, 184-192.

Feldman M., (2001). Origin of Cultivated Wheat. Dans Bonjean A.P. et W.J. Angus (éd.) The World Wheat Book: a history of wheat breeding. Intercept Limited, Andover, Angleterre, pp: 3-58.

frederick J., and Camberato J., (1995). Leaf net Co₂ exchange rate and associated leaf traits of winter wheat grown with various spring nitrogen. *Crop. Sci.*, 34:432-439.

Fu-Rong G., Jian- Ying G., Fang- Hao W., (2007). Application of ISSR Molecular marker in invasive plant species study. State key laboratory for Biology of plant diseases and insect pest's institute of plant protection, Yunnan Agricultural University, Kunming Chin. *J. Appl. Ecol.* V.18 (4) pp: 919- 927.

Gate P., Bouthier A., Woznica K., Hanzo M., (1990). La tolérance des variétés De blé d'hiver à la sécheresse. *Agri*, 145, pp: 17-23.

Gate P., (1995). Ecophysiologie du blé. Technique et documentation. Lavoisier, France. Paris, 351p.

Gelalcha S., and Hanchinal R., (2013). Correlation and path analysis in yield and yield components in spring bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes under irrigated condition in Southern India. *African Journal of Agricultural Research*. 8(24):3186-3192.

Gerba L., Getache W., Bela Y., Walelign W., (2013). Nitrogen Fertilization Effects on Grain Quality of Durum Wheat (*Triticum turgidum* L.Var.Durum) Varieties in Central Ethiopia. *Journal of Agricultural Sciences* Vol,1(1), p: 1-7.

Gezahegn F., Sentayehu A., and Zerihun T., (2015). Path coefficient and correlation studies of yield and yield associated traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes at Kulumsa. *Agricultural Research Center, South East Ethiopia*. 5: 2224-3208.

Ghamarnia H., and Gowing J., (2005). Effect of water stress on three wheat cultivars. ICID 21st European Regional Conference, 4(2):15-19.

Goncharov N.P., (2011). Genus *Triticum* L. taxonomy: the present and the future *Plant Syst. Evol.*, 295, pp.1- 11.

Grignac P., (1965). Contribution à l'étude du *Triticum durum* Desf. These de Doctorat, Université de Toulouse, 152 p.

Grignac P., (1981). Rendement et composantes du rendement du blé d'hiver dans l'environnement méditerranéen. Séminaire scientifique. Bari (Italie). p : 185-194.

Hamada Y., (2002). Evaluation de la variabilité génétique et utilisation des espèces tétraploïdes du genre *Triticum* amélioration génétique de la tolérance au déficit hydrique chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.).Thèse Magistère, I.S.N Université Mentouri .Constantine. Algérie, 167p

Hammer K., Filatenko A.A., Pistrick K., (2011). Taxonomic remarks on *Triticum* L. and *Triticosecale* Wittm. *Genet. Resour. Crop Evol.*, 58, pp.3–10.

Harlan J.F., and Zohary D., (1966). Distribution of wild wheats and barley, *Science*, 153: 1074- 1080.

Harlan J.R., (1975). *Crops and man*, eds John wiley and sons. NY. 350 p.

Hikosaka, K., Ishikawa, K., Borjigidai, A., Muller O. & Onoda, Y., (2006). Temperature acclimation of photosynthesis: mechanisms involved in the changes in temperature Dependence of photosynthetic rate. *J. Exp. Bot*, p:291 - 302.

Hillman G., Hedges R., Moore A., Colledge S., Pettitt P., (2001). New evidence of Lateglacial cereal cultivation at Abu Hureyra on the Euphrates. *The Holocene*, 4,383p.

Hossain A., M., (2008). Deficit Irrigation for Wheat Cultivation under Limited Watersupply Condition. Ph. D. Dissertation. Bangladesh Agricultural University (My Mensingh, Bangladesh). 196 p.

Huang X.Q., Borner A., Röder M.S., Ganal M.W., (2002). Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theor. Appl. Genet.* 105: 699- 707.

Huseynova M., (2012). Photosynthetic characteristics and enzymatic antioxidant capacity of leaves from wheat cultivars exposed to drought. *Biochimica et Biophysica Acta* vol. 1817 pp:1516–1523.

Ibrahim O., Bakry A., Thalooh A., and El-Karamany M., (2014). Influence of nitrogen fertilizer and foliar application of salicylic acid on wheat. *Agricultural Sciences*. 5: 1316-1321.

Icarda, (2003). Durum wheat germplasm improvement for increased productivity, yield stability, and grain quality in West Asia and North Africa. Annual Report. International. 134p.

Ijaz, U., Kashif M., (2013). Genetic study of quantitative traits in spring wheat through Generation means analysis. American Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences 13(2):191-197.

Imran A., Q. Zaman and M. Afzal, (2013). Temporal Trends in the peak monsoonal precipitation events over Northeast Pakistan, Pakistan Journal of Meteorology. Vol. 10, p : 19-30.

Jan H.U., Rabbani M. A , and Shinwari Z.K., (2011). Assessment of genetic diversity of indigenous turmeric (*Curcuma longa*L.) germplasm from Pakistan using RAPD markers. J. Med. Plants Res., 5: 823-830.

Jiang G., (2013). Molecular Markers and Marker-Assisted Breeding in Plants. Plant Breeding from Laboratories to Fields. 41P.

Jonah P., Bello L., Lucky O., Midau L., and Moruppa S., (2011). Review: The importance of molecular markers in plant breeding programmes. Global journal of science frontier research, 11: 5-12.

Jonard P., (1970). Etude comparative de la croissance de deux variétés de blé tendr. Annales Amélioration des plantes, 14; 101-130.

Katerji A., Mastrorilli B., Van Hoorn J., Lahmerd F., Hamdy A., and Oweise T., (2009). Durum wheat and barley productivity in Saline drought Environments. European J. Agronomy, 31(1): 1– 9.

Kayyal H., (1974). Etude agronomique et genetique du blé dur Syrian Haurani. Thèse univ. paul sabatiers. Toulouse. France. 108p.

Khayatnizhad, Majid, Gholamin, Rosa, Somarin , Shahzad, Jamaati and Mahmood abad, Roghayyeh, (2010). Effect of peg stress on corn cultivars at germination stage. World Appl. Sci. J.11 (5): 504-506.

Khelifi D., Hamdi W., Ben belkacem A., (2004). Caractéristiques biochimiques et technologiques des blés cultivés en zone semi-aride. In: Cantero-Martínez C. (ed.), Gabiña D. (ed.). Mediterranean rainfed agriculture: Strategies for sustainability. Zaragoza: CIHEAM, Options Méditerranéennes : Série A. Séminaires Méditerranéens n: 60, pp: 189-192.

Khlestkina E.K., Röder M.S., Efremova T.T., Börner A., and Shumny V.K., (2004). The genetic diversity of old and modern Siberian varieties of common spring wheat as determined by microsatellite markers. *Plant Breed.* 123: 122-127.

Kiliç H., and Ya basanlar T., (2010). The Effect of Drought Stress on Grain Yield, Yield Components and some Quality Traits of Durum Wheat (*Triticum turgidum* ssp. durum) Cultivars, Not. Bort. Agrobot. Cluj., 38: 164-170.

King R. C., Stansfield W. D., (1990). A dictionary of genetics. 4th ed. Oxford University Press, New York-Oxford, pp. 188.

Klimont K., (2007). Wpływ herbicydów na wartość siewną i skład chemiczny ziarna pszenicy ozimej i jarej, j czmienia jarego, pszen yta jarego. Biuletyn Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Ro lin. 243:57–67

Korbin M., Kuras A., And URAWICZ E., (2002). Fruit plant germplasm characterisation using molecular markers generated in RAPD and ISSR-PCR. Cell. Mol. Biol. Lett. 785-794.

Krystkowiak K., Adamski T., Surma M., Kaczmarek Z., (2009). Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.). Euphytica. 165: 419-434.

Labdelli A., (2011). Etude des effets des variations morpho-structurales du system racinaire pour la tolerance à la sécheresse du blé dur. P: 13.

Laemmli U.K. (1970). Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. Nature 227, pp: 680-685.

Landjeva S., Korzum V., and Ganeva G., (2006). Evaluation of genetic diversity among Bulgarian winter wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties during the period 1925-2003 using microsatellites. *Genet Resour Crop Evol.* 53: 1605-1614.

Lazaridou A., Duta D., Papageorgiou M., Belc N., and Biliaderis C., (2007). Effects of hydrocolloids on dough rheology and bread quality parameters in gluten-free formulations. *Journal of Food Engineering.* 79: 1033-1047.

Lebon E., Pellegrino A., Tardieu F., & Lecoeur J., (2004). Shoot development in grapevine is affected by the modular branching pattern of the stem and intra and inter-shoot trophic Competition. *Annals of Botany,* (93), p: 263 - 274.

Leffei R.C., Manson W.D., (1961). Early generation testing of diallel cross of soybean *Crop Sci* :169-174.

Li H., Hu Y., Bai D., Kuang T., Zhou and F., Lin J., (2002). Comparison of chloroplast ultra-structure and 77 K fluorescence emission spectra between awns and flag leaves in wheat. *Journal of Chinese Electron Microscopy Society.* 21: 97-101.

Lupton FGH., (1987). History of wheat breeding. In: *Wheat breeding, Its scientific basis.* Lupton FGH (ed.). Chapman and Hall, London, PP 51-70.

Maccaferri M., Sanguineti MC., Corneti S., Jose LAO, Ben Salern M., Bort J., et al., (2008). Quantitative trait loci for grain yield and adaptation of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) across a wide range of water availability. *Genetics* 178:489–511.

Mark W.C and James L. R., (2009). Classification of the land plants to accompany APG III. Angiosperm Phylogeny Group. A phylogenetic. *Botanical Journal of the Linnean Society* 122-127p.

Matus I., Hayes P., (2002). Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats *Genome*. 45: 1095–1106.

Mekliche A., Boukecha D., Hanifi-Mekliche L., (2003). Etude de la tolérance à la sécheresse de quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.). Effet de l'irrigation de complément sur les caractères phénologiques, morphologiques et physiologiques. *Annales de l'Institut National Agronomique, El-Harrach, Alger*, V 24 : 1-2.

Mezini L., Bammoun A., Hmou m., Et Brinis L., (1992). Essai de définition des caractères d'adaptation du blé dur dans différentes zones agronomiques de l'Algérie. In tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétales. Montpellier (France) Inra (ces colloques N°64), 191-203.

Miklos G., Rubin G., (1996). The role of the genome project in determining gene function: Insights from model organisms. *Cell*. 86: 521-529

Moayed A., Boyce A., and Barakbah S., (2010). Spike traits and characteristics of durum and bread wheat genotypes at different growth and developmental stages under water deficit conditions. *Aust. J. of Basic and Appl. Sci.*, 4 (2): 144 – 150.

Mohtasham M., Peyman S., Rahmatollah K., Mohammad K., (2012). Relationships between Grain Yield and Yield Components in Bread Wheat under Different Water Availability (Dryland and Supplemental Irrigation Conditions). *Not Bot Horti Agrob.*, 40(1):195-200.

Mohtasham M., Sharifi P., and Karimzadeh R., (2014). Sequential path analysis for determination of relationship between yield and yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Not. Sci. Biol.*, 6(1):119-124

Moore G., Abbo S., Cneung W., Foote T., Gale M., Koebner R., Leitch A., Leitch I., Money T., Stancombe P., Yano M., and Flavell R., (1993). Key features of cereal genome organization as revealed by the use of cytosine methylation-sensitive restriction endonucleases. *Genomics*. 15: 472-482.

Muhammad Iqbal¹*, Naveed Iqbal Raja¹, Farhat Yasmeen¹, Mubashir Hussain¹, Muhammad Ejaz¹ and Muhammad Ali Shah², (2017). Impacts of Heat Stress on Wheat: A Critical Review, Department of Botany PMAS-Arid Agriculture University Rawalpindi, Pakistan, *Advances in Crop Science and Technology* : 9 p.

Nachit M., and Eloufi I., (2004). Durum wheat adaptation in the Mediterranean dryland: Breeding, stress physiology, and Molecular markers. *Crop Science Society*, 32: 203-218.

Nagaraju J., Kathirvel M., Ramesh Kumar R., Siddiq E., and Hasnain S., (2002). Genetic analysis of traditional and evolved Basmati and non-Basmati rice varieties by using fluorescence-based ISSR-PCR and SSR markers. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 99 5836-5841.

Nataša A., jubicic L., Sofija Petrovic A., Miodrag Dimttrijevic A., nikola Hristov B., Mirjana Vukosavljev C., Zorana Sreckov A., (2014). Diallel Analysis for Spike Length in Winter Wheat. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences Special Issue: 2*, P: 1455-1459.

National Agricultural Statistics Service (NASS), (2017). Agricultural Statistics Board. United States Department of Agriculture (USDA). 512p.

Nemmar M., (1980). Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.): Étude de l'accumulation de la proline sous l'effet du stress hydrique .Thèse D.A.A. ENSA. Montpellier, 65 p.

Nurdan D., and Akkaya M., (2001). Optimization of PCR amplification of wheat Simple Sequence Repeat DNA Markers: *Turk J Biol*, 25: 153-158.

Ozkan H., Kafkas S., Ozer M., and Brandolini A., (2005). Genetic relationships among South-East Turkey wild barley populations and sampling strategies of *Hordeum spontaneum* *Theor Appl Genet.* 112:12-20.

Polat P., Çifci E., and Ya di K., (2015). Ekmeklik Bu day (*Triticum aestivum*)'da Tane Verimi ile Bazı Verim Ögeleri Arasındaki İlişkilerin Saptanması. *Tarım Bilimleri Dergisi. Journal of Agricultural Sciences.* 21: 355-362

Powell W., Thomas W., Baird E., Lawrence P., Booth A., Harrower B., Mcnicol J., and Waugh R., (1997). Analysis of quantitative traits in barley by the use of Amplified Fragment Length Polymorphisms. *Heredity*, 79:48-59.

Prasad P.V.V., Boote K.J., Allen L.H., Sheehy J.E., Thomas J.M.G., (2006). Species, ecotype and cultivar differences in spikelet fertility and harvest index of rice in response to high temperature stress. *Field Crops Research* 95: 398-411.

Priyanka S., Gurmeet S., (2016). Mitigating Terminal Heat Stress in Wheat, *International Journal of Bio-resource and Stress Management*, 7(1):142-150.

Raina S., Rani V., Kojima T., Ogihara Y., Singh K., and Devarumath R., (2001). RAPD and ISSR fingerprints as useful genetic markers for analysis of genetic diversity, varietal identification, and phylogenetic relationships in peanut (*Arachis hypogaea*) cultivars and wild species. *Genome* 44. 763-772.

Ramsay L., Macaulay M., Degli S., Ivanissevich Macleanm K., Carsle L., Fuller J., (2000). A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics*, 156:1997-2000.

Reed G.H., Kent J.O., Wittwer C.T., (2007). High-resolution DNA melting analysis for simple and efficient molecular diagnostics. *Pharmacogenomics*, 8: 597–608.

Röder M.S., Korzum V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.H., Leory P., Ganal M.W., (1998). A microsatellite map in wheat. *Genetics*. 149: 2007-2023.

Röder M.S., Wendehake K., Korzum V., Bredemeijer G., laborite D., Bertrand L., Isaac P., Rendell S., Jackson J., Cooke R.J., Vosman B., Ganal M.W., (2002). Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat varieties. *Theor. Appl. Genet.* 106: 67-73

Rousselle Y., Thomas M., Galic N., Bonnin I., Goldrikps I., (2010). Inbreeding depression and low between- population heterosis in recently diverged experimental populations of a selfing species. *Heredity*. 106:289-299.

Rudnicki F., (2000). Wyznaczanie wpływu poszczególnych elementów plonowania na ró nice plonów mi dzy obiektami do wiadczałnymi. *Fragmenta Agronomica*. 3(67):53–65.

Safia Chahbarand Moulay Belkhodja, (2016). Effet du déficit hydrique sur certains osmolytes chez cinq variétés de blé dur (*Triticum durum*), *International Journal of Innovation and Applied Studies* ISSN 2028-9324 Vol. 17 No. 3 Aug. 2016, pp. 757-767.

Salamé N., (2012). Hybridation et polyploidisation : l'exemple du blé , 3 p.

Salmi Manel, (2015). Caractérisation morpho-physiologique et biochimique de quelques générations F2 de blé dur (*Triticum durum* Desf.) sous conditions semi-arides.Thèse de Magister d'Etat en Biologie végétale, option, Génétique et Amélioration des plantes. Université de Sétif. 124p.

Sassi K., Abid G., Jemni L., Dridi-Al Mohandes B., Boubaker M., (2012). Etude comparative de six variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.), vis-à-vis du stress hydrique, *Journal of Animal & Plant Sciences*, Vol.15, Issue 2, ISSN: 2071-7024. pp: 2157 – 2170.

Sial M., Dahot m., Arain M., and Mirbahar A., (2009). Effect of water stress on yield and yield component of semi-Dwarf bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Pak. J. Bot.*, 41(4): 1715-1728.

Singh S.P., Gepts P., Debouck D.G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Econ. Bot.* 45, pp: 379-396.

Shewry P.R., Halford N.G., Belton P.S., Tatham A.S., (2002). The Structure and properties of gluten : an elastic protéin frow wheat grain. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 357(1418), P : 42-133.

Slama A., Ben Salem M., Ben Naceur, M., et Zid E.D., (2005). Les céréales en Tunisie: production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance. Institut national de la recherche agronomique de Tunisie (Inrat). Univ. Elmanar. Tunisie. 16(3) : 225-229.

Smith D., and Flavell R., (1974). The role of homoeologous group 1 chromosomes in the control of rRNA genes in wheat. *Biochem. Genet.* 12 271-279.

Sokoto M.B., Abubakar I.U., Dikko A.U., (2012). Correlation analysis of some growth, yield, yield components and grain quality of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Nigerian Journal of Basic and Applied Sciences.* 20(4):349–356.

Soltner D., (2007). les bases de la production végétales. Tome II.328p.

Soltner D., (2005). Les grandes productions végétales. 20èmeEdition. Collection science et techniques agricoles. 472p.

Soltner D., (1980). Les grandes productions végétales. 11 Ed Masson P 20-30.

Sonia Garritano, Federica Gemignani, Catherine Voegele, Tú Nguyen-Dumont, Florence Le Calvez-Kelm, DeepikaDe Silva, (2009). Determining the effectiveness of High Resolution Melting analysis for SNP genotyping and mutation scanning at the TP53 locus. *BMC Genetics* 10:5p.

Suleiman A., Nganya J., and Ashraf M., (2014). Correlation and path analysis of yield and yield components in some cultivars of wheat (*Triticum aestivum* L.). in Khartoum State, Sudan. *Journal of Forest Products and Industries.* 3(6): 221-228.

Sun G., Bond M., Nass H., Martin R., and Dong Z., (2003). RAPD polymorphisms in spring wheat cultivars and lines with different levels of fusarium resistance. *Theor. Appl. Genet.*, 106:1059-1067.

Sunil C., Raghunandan L., Divya M., Pradeep S., and Ganapath I., (2014). Performance of different sources and levels of organic manures on yield and soil microflora in rice, National seminar Role of agriculturally important microorganism, April 10-12, Bangalore. Page no.23-24

Surget A., Barron C., (2005). Histologie du grain de blé, *Industrie des céréales* n°145, p: 4-7.

Talbert L., Lanning S., Murphy R., and Martin J., (2001). Grain fill duration in twelve hard red spring wheat crosses: Genetic variation and association with other agronomic traits. *Crop Sci.* 41:1390-1395.

Talbert L., Smith L., and Blake N., (1998). More than one origin of hexaploid wheats is indicated by sequence comparison of low-copy DNA. *Genome* 41: 402-407.

Taylor C.F., (2009). Mutation scanning using high-resolution melting. *Biochem Soc Trans* 37, 433-437.

Tejasuini Ghatage, Pulak Das, (2017). The Application of High Resolution Melting in the Analysis of Simple Sequence Repeat Markers for Fingerprinting of Brinjal (*Solanum melongena L.*) Hybrid and its Parental Lines, *IOSR Journal of Biotechnology and Biochemistry (IOSR-JBB)*, ISSN: 2455-264X, Volume 3, Issue 2, pp. 78-82.

Thameur A., Lachiheb B., Ferchichi A., (2012). Drought effect on growth, gas exchange and yield, in two strains of local barley Ardhaoui, under water deficit conditions in southern Tunisia . *Science direct. Journal of Environmental Management* vol.113 pp. 495-500.

Triboi E., Rousset M., Lemercier E., (1995). Elaboration du poids de grain. *Ecophysiologie du blé. INRA*, pp: 67-100.

Triboi E., (1992). Modèle élaboration du poids du grain chez le blé tendre (*Triticum aestivum em Thell*). p : 191-200.

Vahid M., and Shahryari R., (2011). Grouping bread wheat genotypes under terminal drought in the presence of humic fertilizer by use of multivariate statistical analysis. *Advances in Environmental Biology*. 5(3): 510-515

Van der Nest M.A., Steenkamp E.T., Wigfield B.D., Wigfield M.J., (2000). Development of simple sequence repeat (SSR) markers in Eucalyptus from amplified inter simple sequence repeats (ISSRs). *Plant Breed.* 119: 433-436.

Vavilov N. L., (1934). Studies on the origin of cultivated plants. *Bull. Appl. Bot and plant breed* XVI, pp: 1-25.

Veraverbeke W., and Delcour J., (2002). Wheat protein composition and properties of wheat glutenin in relation to breadmaking functionality. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. (42) 3: 179-208.

Wjhani Y., (2004). Genetic studies on the biodiversity of local and wild Syrian wheat using modern biotechnological techniques. PhD thesis. Cairo University. Egypt. 119p.

Xiaojuan L., Honggang W., Munbing L., Lingyun Z., Nianjun T., Qingqing L., Jian W., Ingyon K., Zhensheng L., Bin L., Aimin Z., and Jinxing L., (2008). Awns play dominant role in carbohydrate production during the Grain filling stage in wheat (*Triticum aestivum L.*). *Physiological Plant Arum.*, 127(4): 701 – 709.

Xiaojuan L., Honggang W., Manbing L., Lingyun Z., Nianjun T., Qingqing L., Jian W., Tingyon K., Zhensheng L., Bin L., Aimin Z., and Jinxing Lin, (2008). Awns play dominant role in carbohydrate production during the grain-filling stages in wheat. *Physiological plantarum*. Vol. 127, Issue 4, 701-709.

- Yao J., Ma H., Yang X., Yao G., and Zhou M., (2014).** Inheritance of grain yield and its correlation with yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). 13(12): 1379-1385.
- Yehoshua S., Tzion F., Asaph A., Rivaka E., (2010).** Genetic control over silica deposition in wheat awns. *physiology plantarum*. 140.1: plo. From Academic one file. P: 10-20
- Youssef R., Hussen M., and bd El-Kadier A.,(2012).** Growth and mineral status of barley plants as affected by drought and foliar fertilization. *Life Sci.J.*, 9(2):1116-1173.
- Zadock`s., Chang T., and Konzak C., (1974).** A decimal code for growth stages of cereals. *Weed Res.* 14:415-421.
- Zafarnaderi N., Aharizad S., and Mohammadi S., (2013).** Relationship between grain yield and related agronomic traits in bread wheat recombinant inbred lines under water deficit condition. *Ann. Biol. Res.*, 4(4):7-11.
- Al-Shelaldehy M., and Duwari I ., (1986).** Inheritance of morph physiological characters and grain yield in durum wheat crosses. *Rachis*, 5: 37-42.
- Zhukovsky P., (1964).** Cultivated plants and its origin. Leningrad (in Russian). 501p.
- Ziekiewicz E., Rafalski A., Labuda A.,(1994).** Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20:178– 183.
- Zohary D ., and Hopf M., (2000).** Domestication of plants in the old world. Oxford University Press, Oxford. 316pp.

- الخطاب ع.، (2011). تقييم الكفاءة الإنتاجية لبعض مدخلات القمح القاسي (*Triticum Durum* Desf.) من طرف الزراعة البعلية في المنطقة الوسطى من سوريا، المجلد(39)، العدد رقم 4، مجلة زراعة الرافدين، ISSN:1815 – 316X (Print)، ISSN:2224-9796 (Online) 99، 11 ص.
- الساھوكي، مدحت مجيد، (2006). تربية النبات بمساعدة المعلمات الجزيئية. مجلة الزراعة العراقية، 4: 67-72.
- العودة، أيمن، محمود صبح وماجد مهلهل، (2008). تحديد المراحل الحرجة للإجهاد المائي في بعض طرز القمح القاسي. المجلة العربية للبيئات الجافة، 1(1): 18-30.
- المسلماني مؤيد، عبد الرزاق اسعود، فراس العبد الله، فؤاد الحريري، مهران النعسان، محمد العمار وأسامة قنبر، (2012). أثر الإجهاد المائي في الصفات الفيزيولوجية والإنتاجية لمجموعة من أصناف القمح القاسي المتحملة والحساسة للجفاف. مجلة جامعة دمشق للعلوم الزراعية. ص: 47-64.
- أنور الخطيب، (1991). الفصائل النباتية. ديوان المطبوعات الجامعية. الجزائر 263 ص.
- بشرى، (2015). تحفيز بذور الحنطة *Triticum aestivum* L. لتحمل الجفاف. أطروحة دكتوراه (فلسفة محاصيل). جامعة بغداد. ص: 161.
- بلحيس إيمان، (2011). دراسة مورفوفيزيولوجية و بيوكيميائية لصنف من القمح الصلب المزروع في الجزائر (*Triticum durum* Desf.)، قدمت لنيل شهادة ماجستير، 60 ص.
- جابر ب.، (2003). العلاقة بين التمثيل الضوئي الصافي للورقة الأخيرة مع بعض الخصائص المرفولوجية في الشعير، مجلة دمشق للعلوم الزراعية، 19(1)، 22 ص.
- حامد محمد كيال، (1997). نباتات وزراعة المحاصيل الحقلية محاصيل الحبوب والبقول، دمشق مديرية الكتب الجامعية ص 23.
- حمادة مصلح، (2010). مقارنة بعض التراكيب الوراثية من القمح للصفات المرفولوجية والحاصل ومكوناته، مجلة الأنبار للعلوم الزراعية، المجلد: 8 العدد (4) عدد خاص بالمؤتمر. 12 ص.
- حسين، جنان قاسم، (2012). دراسة الإختلافات الوراثية لأنواع نبات الداودي بإستخدام مؤشرات ALFP. مجلة جامعة النهريين، 15: 32-39.

- خالد المبروك المير، محمد ظاهر البكوري، (2016). التعدد الشكلي لأطوال القطع المضخمة AFLP. مجلة المختار للعلوم، جامعة عمر المختار، البيضاء، ليبيا. المجلد(31)، العدد(1)، ص: 72-90.
- خوري، بولص، (2006). قدرة بعض مدخلات من القمح القاسي *T.durum* على التوافق. مجلة جامعة تشرين للدراسات والبحوث العلمية، المجلد26، العدد الأول. 28(1): 43-54.
- سها عبد الرؤوف أشر، (2009). تقييم بعض الطرز الوراثية من الأقماح السورية (السداسية والرابعة) باستخدام معلمات بيوكيميائية وجزيئية مختلفة. رسالة لنيل درجة الدكتوراه في الهندسة الزراعية، مركز بحوث حلب-جامعة تشرين، 52 ص.
- شايب غنية، (2012). شروط و مصير تراكم البرولين في الأنسجة النباتية تحت نقص الماء: انتقال صفة التراكم إلى الأجيال، رسالة لنيل شهادة دكتوراه في العلوم، 236 ص.
- عبد الحميد، عماد، علي ديب، طارق، (2004). إنتاج محاصيل الحبوب وتكنولوجياها. الجزء النظري، منشورات جامعة تشرين، كلية الزراعة. 207 ص.
- عبد الرزاق أسعود، مأمون خيتي، سامي الفذافي، فادي أبو ركة ومؤيد المسلماني، (2015). مساهمة السفا في الغلة الحبية للقمح القاسي (*Triticum durum* L.) تحت ظروف الإجهاد، المجلة السورية للبحوث الزراعية. المجلد(2). العدد(2)، ص: 94-104.
- عبد الرزاق أسعود، ومأمون خيتي وأحمد حاج سليمان، (2016). بعض الصفات الفيزيولوجية التسهم في تحسين قدرة محصول القمح القاسي على تحمل الإجهاد المائي. المجلة السورية للبحوث الزراعية. المجلد(3). العدد(1). ص: 169-181.
- عبود الصالح، وإبراهيم الجوري ووصال الحمادة، (2017). دراسة بعض الخصائص الريولوجية للأصناف من القمح الصلب *Triticum durum* Desf. السوري، المجلة السورية للبحوث الزراعية. المجلد(4) - العدد(1). 8 ص.
- عولمي ع.، (2015). تحليل مقاومة القمح الصلب (*Triticum turgidum* var *durum* L.) للإجهاد اللاحيوي في آخر طور النمو. أطروحة دكتوراه العلوم تخصص بيولوجيا النبات. جامعة فرحات عباس بسطيف 1-159 ص.

لعياضي زيان، (2009). توصيف مظهري (Ampélographie) وجزيئي (SSR) لتعريف وتثمين أصناف من العنب المحلي (*Vitis vinifera* L.). تخصص بيولوجيا وفيزيولوجيا النبات. 267 ص.

م.أمل الخطيب، (2014). قمح الخبز، مديرية بحوث المحاصيل الحقلية، المملكة الأردنية، رقم النشر 2014/4. 16 ص.

محمد زين دين نعمة، وحياة طوشان، وميلودي نشيط وناهد سليمان، (2011). تقييم أداء بعض طراز القمح القاسي (*Triticum durum* L.) تحت ظروف العجز المائي اعتمادا على بعض المؤشرات الشكلية والفيزيولوجية والإنتاجية. المجلة العربية للبيئة الجافة، 4(1): 133 ص.

محمد سعد محمد العمري، (2017). كتاب (التغذية الرياضية)، قسم التربية البدنية والرياضية كلية التربية. جامعة الملك سعود. الرياض. 81 ص.

مصطفى علا، (2010). الربط بين بعض الجينات المتعلقة بتحمل الجفاف مع بعض الصفات المورفولوجية باستخدام تقنية المايكروستلايت في القمح القاسي. أطروحة دكتوراه. قسم المحاصيل. جامعة حلب. 170 ص.

منظمة الأغذية والزراعة للأمم المتحدة روما (FAO)، (2016). الحفظ والتوسيع من الناحية العملية: الذرة والأرز والقمح، دليل لإنتاج الحبوب بشكل مستدام، 109 ص.

منظمة الأغذية والزراعة للأمم المتحدة (FAO)، (2015). دليل التوصيف المورفولوجي لأصناف القمح والشعير المعتمد في لبنان، 40 ص.

نبيل عوض حسن، وميسون محمد صالح ونادر ابراهيم الكركي، (2016). دراسة الارتباط وتحليل المسار بين مكونات الغلة لدى بعض الطرز من القمح. المجلة السورية للبحوث الزراعية. المجلد(3). العدد(1). ص: 182-190.

نمام بهرام اسماعيل، محمد يوسف الفهادي، (2014). تقدير قوة الهجين وقدرة الإلتلاف في هجين الجيل الأول من القمح الشيلمي X.triticosecal Wittmack المزروع تحت الظروف الديمية. المجلة الأردنية في العلوم الزراعية، المجلد 10، العدد(2)، ص: 315-332.

وسام يحي عقل، محمود صبوح وميلودي نشيط، (2013). دراسة التوصيف الجزيئي باستخدام تقنية SSR للأنماط من القمح القاسي (*Triticum Durum L.*) المزروعة في الحقول الإختبارية السورية. المجلة العربية للنبات الجافة 6/268. 14 ص.

وسام يحي عقل، (2015). تحديد الفعل الوراثي لبعض الصفات الكمية والنوعية ودوره في التحسين الوراثي في القمح القاسي، اطروحة دكتوراه في علوم المحاصيل الحقلية (تربية نبات، جامعة دمشق-كلية الزراعة). 159 ص.

الملاحظات

1- استخلاص ADN

الملحق 1: محلول استخلاص للمادة الوراثية (ADN).

تحضير المحاليل التالية لحجم نهائي 100 مل:

- (Tris Hcl 1M): اضافة 15.7 غ من المادة إلى 100 مل من الماء المقطر المعقم ويتم ضبط درجة الحموضة (8 : PH).

- (EDTA 0.5M): اضافة 18.612 غ من المادة إلى 100 مل من الماء المقطر المعقم ويتم ضبط درجة الحموضة (8 : PH).

- (Nacl 2M): اضافة 11.688 غ من المادة إلى 100 مل من الماء المقطر المعقم.

- SDS 2%: اضافة 20 غ من المادة إلى 10 مل من الماء المقطر المعقم.

اضافة الحجم التالي من كل محلول من المحاليل المحضرة ليتشكل لدينا محلول الإستخلاص النهائي

5 مل (Tris Hcl 1M) + 2 مل (EDTA 0.5M) + 5 مل (Nacl 2M) + 1 مل SDS 2%.

2- شروط تفاعل (PCR-HRM).

الملحق 2: المراحل الحرارية لتفاعل (PCR-HRM).

علامة البيانات							
	1	00:05:00	95	1	بداية التسخين	Xwms47	1
	42	00:00:10	95	1	التضخيم	Xwms47	1
	42	00:00:40	60	2	التضخيم	Xwms47	1
	1	00:00:30	95	1	HRM	Xwms47	1
	1	00:00:30	65	2	HRM	Xwms47	1
	1	00:00:30	95	3	HRM	Xwms47	1
	1	00:05:00	95	1	بداية التسخين	Xwms46	2
	42	00:00:10	95	1	التضخيم	Xwms46	2
	42	00:00:40	60	2	التضخيم	Xwms46	2
	1	00:00:30	95	1	HRM	Xwms46	2
	1	00:00:30	65	2	HRM	Xwms46	2
	1	00:00:30	95	3	HRM	Xwms46	2
	1	00:05:00	95	1	بداية التسخين	Xwms499	3
	42	00:00:10	95	1	التضخيم	Xwms499	3
	42	00:00:40	60	2	التضخيم	Xwms499	3
	1	00:00:30	95	1	HRM	Xwms499	3
	1	00:00:30	65	2	HRM	Xwms499	3
	1	00:00:30	95	3	HRM	Xwms499	3
	1	00:05:00	95	1	بداية التسخين	Xwms132	4
	42	00:00:10	95	1	التضخيم	Xwms132	4
	42	00:00:40	60	2	التضخيم	Xwms132	4
	1	00:00:30	95	1	HRM	Xwms132	4
	1	00:00:30	65	2	HRM	Xwms132	4
	1	00:00:30	95	3	HRM	Xwms132	4

3- نتائج المرفوفيزيولوجية والمردود للموسم الزراعي 2013/2014.

الملحق 3: القياسات المرفوفيزيولوجية والمردودية.

						قياسات مرفوفيزيولوجية	الأصناف
64,77	27,39	13,37	9,5	28,75	74,5	cir 1	<i>circumflexum</i>
68,21	25,88	14,5	8,62	26,25	76	cir2	
58,84	18,03	15,12	7,62	17,5	61,75	cir3	
85,85	32,85	17,5	9,62	28,5	79,5	cir4	
75,99	20,65	13,75	7,75	22,75	64,5	cir5	
79,68	29,35	14,75	7,75	24,5	66,75	cir6	
51,01	23,86	15,75	7,5	27,75	85	cir7	
84,22	20,59	15,25	8,5	30,5	76,25	cir8	
71,41	22,12	15,75	8,5	43,25	106,75	cir9	
72,87	23,68	17	8,25	42	108,5	cir10	
58,85	25,16	17,25	9	29,5	82,5	mel1	<i>melanopus</i>
63	20,88	15,75	9,75	31	91,25	mel2	
66,59	17,12	14,5	7,37	28,25	77,75	mel3	
76,72	23,99	15,5	8	28,5	74,5	mel4	
74,5	23,11	16,25	8,75	28,5	82,25	mel5	
77,5	16,88	16,75	10	28	82	mel6	
67,5	20,88	15,37	7,5	25,75	74,75	mel7	
79	24,87	16,75	9,5	26,75	73,75	mel8	
49,75	22,3	16	8,5	26,5	78,25	mel9	
56,5	21,49	16,5	10,5	29	82,5	mel10	

				عدد السنبلات	قياسات مرفوفيزيولوجية	
60,5	2,63	52,75	23	cir 1	<i>circumflexum</i>	
62,75	2,47	46	24,5	cir2		
56	2,73	53,5	21	cir3		
63	2,9	59,75	23,5	cir4		
53	1,84	35	20,5	cir5		
48,75	1,68	32,5	18,25	cir6		
52	2,77	54,75	19	cir7		
55,25	2,51	52,5	22,5	cir8		
55,75	2,69	52,75	20	cir9		
53,5	2,4	47,75	22,5	cir10		
56,25	3,18	57,75	22,75	mel1	<i>melanopus</i>	
61,75	2,78	51,25	24,5	mel2		
60,75	2,41	46,5	22,5	mel3		
61,25	2,4	49,25	21,75	mel4		
66,5	2,99	50,5	24	mel5		
62,25	2,92	62,25	24,5	mel6		
54,75	2,41	44,5	22,75	mel7		
52,25	2,38	51,75	24,5	mel8		
60,5	2,47	54,25	22,5	mel9		
62,75	2,74	59	25,5	mel10		

الملحق 4: تحليل التباين ANOVA وتصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% بالنسبة لصفات المرفوفيزيولوجية والمردودية.

الصفات المرفوفيزيولوجية.

1- تحليل التباين ANOVA.

Source	DDL	Somme des carrés	Moyene des carrés	F	Pr> F
HP	19	10461,30	550,599	44,373	< 0,0001***
LC	19	2405,550	126,608	19,782	< 0,0001***
LE	19	66,250	3,487	8,202	< 0,0001***
LB	19	96,909	5,100	5,608	< 0,0001***
SF	19	1183,128	62,270	11,959	< 0,0001***
TRE	19	8317,492	437,763	46,935	< 0,0001***

2- تصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5%.

Modalités	MoyenneLP	Regroupements					Modalités	MoyenneLC	Regroupements				
cir10	108,500	A					cir9	43,250	A				
cir9	106,750	A					cir10	42,000	A				
mel2	91,250		B				mel2	31,000		B			
cir7	85,000			C			cir8	30,500		B	C		
mell0	82,500			C	D		mell	29,500		B	C		
mell	82,500			C	D		mell0	29,000		B	C	D	
mel5	82,250			C	D		cir 1	28,750		B	C	D	
mel6	82,000			C	D		cir4	28,500		B	C	D	
cir4	79,500			C	D	E	mel5	28,500		B	C	D	
mel9	78,250			C	D	E	mel4	28,500		B	C	D	
mel3	77,750			C	D	E	mel3	28,250		B	C	D	
cir8	76,250				D	E	mel6	28,000		B	C	D	
cir2	76,000				D	E	cir7	27,750		B	C	D	
mel7	74,750				D	E	mel8	26,750		B	C	D	
cir 1	74,500				D	E	mel9	26,500		B	C	D	
mel4	74,500				D	E	cir2	26,250		B	C	D	
mel8	73,750					E	mel7	25,750		B	C	D	
cir6	66,750					F	cir6	24,500			C	D	
cir5	64,500					F	cir5	22,750				D	
cir3	61,750					F	cir3	17,500					E

Modalités	MoyenneLE	Regroupements					
mel10	10,500	A					
mel6	10,000	A	B				
mel2	9,750	A	B	C			
cir4	9,625	A	B	C			
cir1	9,500	A	B	C	D		
mel8	9,500	A	B	C	D		
mel1	9,000		B	C	D	E	
mel5	8,750		B	C	D	E	F
cir2	8,625		B	C	D	E	F
mel9	8,500			C	D	E	F
cir9	8,500			C	D	E	F
cir8	8,500			C	D	E	F
cir10	8,250			C	D	E	F
mel4	8,000				D	E	F
cir5	7,750					E	F
cir6	7,750					E	F
cir3	7,625					E	F
mel7	7,500					E	F
cir7	7,500					E	F
mel3	7,375						F

Modalités	Moyenne LB	Regroupements					
cir4	17,500	A					
mel1	17,250	A	B				
cir10	17,000	A	B	C			
mel8	16,750	A	B	C	D		
mel6	16,750	A	B	C	D		
mel10	16,500	A	B	C	D		
mel5	16,250	A	B	C	D		
mel9	16,000	A	B	C	D	E	
mel2	15,750	A	B	C	D	E	
cir9	15,750	A	B	C	D	E	
cir7	15,750	A	B	C	D	E	
mel4	15,500	A	B	C	D	E	F
mel7	15,375	A	B	C	D	E	F
cir8	15,250	A	B	C	D	E	F
cir5	15,125		B	C	D	E	F
cir6	14,750			C	D	E	F
mel3	14,500				D	E	F
cir2	14,500				D	E	F
cir5	13,750					E	F
cir1	13,375						F

Modalités	Moyenne SF	Regroupements						
cir4	32,845	A						
cir6	29,353		B					
cir1	27,390		B	C				
cir2	25,888		B	C	D			
mel1	25,160		B	C	D			
mel8	24,873		B	C	D			
mel4	23,990			C	D			
cir7	23,860			C	D			
cir10	23,685			C	D			
mel5	23,113			C	D	E		
cir9	22,210			C	D	E	F	
mel9	22,130			C	D	E	F	
mel10	21,493				D	E	F	G
mel7	20,883				D	E	F	G
mel2	20,883				D	E	F	G
cir5	20,658				D	E	F	G
cir8	20,593				D	E	F	G
cir3	18,030					E	F	G
mel3	17,123						F	G
mel6	16,883							G

Modalités	Moyenne TRE	Regroupements								
cir4	85,855	A								
cir8	84,223	A								
cir6	79,688		B							
mel8	79,000		B	C						
mel6	77,500		B	C	D					
mel4	76,728		B	C	D					
cir5	75,990		B	C	D					
mel5	74,500		B	C	D					
cir10	72,875			C	D	E				
cir9	71,410				D	E	F			
cir2	68,218					E	F	G		
mel7	67,500					E	F	G		
mel3	66,593						F	G		
cir1	64,773							G		
mel2	63,000							G	H	
cir3	58,895								H	I
mel1	58,850								H	I
mel10	56,500									I
cir7	51,018									J
mel9	49,750									J

الصفات المرادوية.

1- تحليل التباين ANOVA.

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr> F
NEP/EP	19	303.200	15.958	44,373	< 0,0001***
NG/EP	19	3565.450	187.655	19,782	< 0,0001***
PG/EP	19	9.719	0.512	8,202	< 0,0001***
PMG	19	1732.438	91.181	8.565	< 0,0001***

2- تصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5%.

Modalités	Moyenne NEP/E	Regroupements				
mel10	25,500	A				
cir2	24,500	A	B			
mel8	24,500	A	B			
mel2	24,500	A	B			
mel6	24,500	A	B			
mel5	24,000	A	B	C		
cir4	23,500	A	B	C	D	
cir 1	23,000	A	B	C	D	
mel1	22,750	A	B	C	D	
mel7	22,750	A	B	C	D	
mel9	22,500	A	B	C	D	
cir8	22,500	A	B	C	D	
mel3	22,500	A	B	C	D	
mel4	21,750		B	C	D	E
cir3	21,000		B	C	D	E
cir10	20,500			C	D	E
cir5	20,500			C	D	E
cir9	20,000				D	E
cir7	19,000					E
cir6	18,250					F

Modalités	Moyenne NG/E	Regroupements									
mel6	62,250	A									
cir4	59,750	A	B								
mel10	59,000	A	B	C							
mel1	57,750	A	B	C	D						
cir7	54,750		B	C	D	E					
mel9	54,250		B	C	D	E	F				
cir3	53,500			C	D	E	F				
cir 1	52,750				D	E	F	G			
cir9	52,750				D	E	F	G			
cir8	52,500				D	E	F	G			
mel8	51,750				D	E	F	G	H		
mel2	51,250					E	F	G	H		
mel5	50,500						E	F	G	H	
mel4	49,500						E	F	G	H	I
cir10	47,750							F	G	H	I
mel3	46,500								G	H	I
cir2	46,000									H	I
mel7	44,500										I
cir6	37,500										J
cir5	35,000										J

Modalités	MoyennePMG	Regroupements				
mel5	66,500	A				
cir4	63,000	A	B			
cir2	62,750	A	B			
mel9	62,500	A	B			
mel6	62,250	A	B	C		
mel2	61,750	A	B	C		
mel4	61,250	A	B	C	D	
mel3	60,750	A	B	C	D	
cir 1	60,500	A	B	C	D	
mel1	56,250		B	C	D	E
cir3	56,000		B	C	D	E
cir9	55,750		B	C	D	E
cir8	55,250		B	C	D	E
mel10	54,750			C	D	E
mel7	54,750			C	D	E
cir10	53,750				D	E
cir5	53,000					E
mel8	52,250					E
cir7	52,000					E
cir6	48,750					E

Modalités	MoyennePG/E	Regroupements		
mel1	3,185	A		
mel5	2,995	A		
mel6	2,923	A		
cir4	2,905	A		
mel2	2,780	A		
cir7	2,775	A		
mel10	2,743	A		
cir3	2,730	A		
cir9	2,695	A		
cir 1	2,638	A	B	
cir8	2,518	A	B	
cir2	2,475	A	B	C
mel9	2,470	A	B	C
mel3	2,415	A	B	C
mel7	2,415	A	B	C
mel4	2,408	A	B	C
cir10	2,403	A	B	C
mel8	2,380	A	B	C
cir5	1,843		B	C
cir6	1,685			C

الملحق 5: تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي والمردود لـ *circumflexum* و *melanopus*.

- معلومات المقاييس على المحاور (Axe1,2,3).

Axe \ Variables	F1	F2	F3
SF	-0,006	0,279	0,653
LP	0,562	0,746	-0,239
LB	0,706	0,242	0,092
LE	0,763	-0,146	0,380
LC	0,436	0,820	-0,056
TRE(%)	-0,109	0,222	0,786
NEP/EP	0,666	-0,428	0,284
NG/E	0,873	-0,176	-0,169
PG/EP	0,856	-0,166	-0,242
PMG	0,533	-0,431	0,111

- تمثيل الأفراد على المحاور (Axe1,2,3)

Axe \ Individu	F1	F2	F3
cir 1	0,050	-0,630	0,591
cir2	-0,340	-1,075	0,844
cir3	-1,477	-2,232	-1,726
cir4	2,350	0,118	2,809
cir5	-4,002	-0,601	0,477
cir6	-4,769	1,316	1,602
cir7	-0,760	0,869	-2,276
cir8	-0,414	0,226	0,544
cir9	0,913	3,351	-1,087
cir10	0,862	3,553	-0,257
mel1	1,971	0,083	-0,664
mel2	1,820	-0,214	-0,325
mel3	-1,264	-0,634	-1,252
mel4	-0,754	-0,099	0,583
mel5	1,551	-0,753	0,524
mel6	2,803	-1,169	0,068
mel7	-1,532	-0,311	-0,531
mel8	0,301	-0,108	1,628
mel9	0,387	-0,958	-1,245
mel10	2,303	-0,732	-0,307

الملحق 6: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) خلال الموسم الزراعي 2014/2013.

درجة حرارة الإنصهار (T)-R' ¹			
81	cir4	Xwms47	1
80,8	mel9	Xwms47	1
80,4	cir7	Xwms47	1
81	mel10	Xwms47	1
81	cir8	Xwms47	1
79,8	cir9	Xwms47	1
81	mel11	Xwms47	1
81	mel2	Xwms47	1
81	mel5	Xwms47	1
81,2	mel6	Xwms47	1
78,6	cir4	Xwms46	2
80,4	mel9	Xwms46	2
81	cir7	Xwms46	2
80,8	mel10	Xwms46	2
81	cir8	Xwms46	2
81,6	cir9	Xwms46	2
80,8	mel11	Xwms46	2
80,8	mel2	Xwms46	2
81	mel5	Xwms46	2
81,2	mel6	Xwms46	2
78,2	cir4	Xwms499	3
78	mel9	Xwms499	3
78,4	cir7	Xwms499	3
78,2	mel10	Xwms499	3
78,2	cir8	Xwms499	3
78,2	cir9	Xwms499	3
78,2	mel11	Xwms499	3
78,2	mel2	Xwms499	3
78,2	mel5	Xwms499	3
78,4	mel6	Xwms499	3
77,2	cir4	Xwms132	4
77	mel9	Xwms132	4
77,4	cir7	Xwms132	4
77	mel10	Xwms132	4
77,2	cir8	Xwms132	4
77,4	cir9	Xwms132	4
77,2	mel11	Xwms132	4
77	mel2	Xwms132	4
77,2	mel5	Xwms132	4
77	mel6	Xwms132	4

4- النتائج المرفوفيزيولوجية ومكونات المردود للموسم الزراعي 2015/2014.

الملحق 7: القياسات المرفوفيزيولوجية والمردودية.

						قياسات مرفوفيزيولوجية	
60,52	24,09	10,25	7,75	21,25	71,75	cir 1	<i>circumflexum</i>
65,63	23,08	11,25	6,75	22	72,75	cir2	
55,87	14,23	11,5	5,75	10,25	58,75	cir3	
81,99	29,8	14	7,87	25	75,25	cir4	
69,77	15,35	11	4,75	18,25	60	cir5	
76,93	25,43	11,5	6	20,5	62	cir6	
48,6	21,8	12,25	6,25	23	83,25	cir7	
78,55	17,12	11,75	6,25	25,75	73	cir8	
67,88	20,66	12,5	5,75	38	105,5	cir9	
70,47	20,15	13,75	5,75	37,75	104,75	cir10	
54,5	20,84	13	6	23,5	78,75	mel1	<i>melanopus</i>
59	18,08	12	7,25	25,5	85,75	mel2	
62,5	12,82	10,5	4,37	23,25	73,75	mel3	
72,5	18,94	11,5	4,75	23	70,25	mel4	
68,25	18,79	12,5	5,75	23,5	78,25	mel5	
73,25	12,24	12,75	6,5	23	78	mel6	
63,75	15,31	12	4,37	20,5	70,5	mel7	
75	19,31	12,75	6	21,25	69,25	mel8	
42,75	17,84	11,75	6	20,75	72,75	mel9	
51	17,26	12	7	24	78	mel10	

				عدد السنيبلات	قياسات مرفوفيزيولوجية	
55	2,13	49,75	21,25	21,25	cir 1	<i>circumflexum</i>
56,75	1,97	43	22,75	22,75	cir2	
51,75	2,23	48,5	18,75	18,75	cir3	
23,5	2,4	57,75	21,5	21,5	cir4	
12,5	1,32	31,5	17,75	17,75	cir5	
10,5	1,2	24	16,75	16,75	cir6	
13,75	2,27	51	16	16	cir7	
15,5	2,02	48,25	20,25	20,25	cir8	
15	2,19	48,5	17,5	17,5	cir9	
15,5	2,03	43,25	18,75	18,75	cir10	
53,25	2,17	54,75	20,25	20,25	mel1	<i>melanopus</i>
58,5	1,77	49,75	22	22	mel2	
56,75	1,4	43	20,5	20,5	mel3	
59	1,24	44,5	19,5	19,5	mel4	
63,5	1,98	45,75	21,75	21,75	mel5	
59,25	1,88	57,75	22	22	mel6	
51,75	1,65	40	20,5	20,5	mel7	
49	1,36	50,25	22,5	22,5	mel8	
59,75	1,46	48,25	20,25	20,25	mel9	
52	1,68	53,5	23,5	23,5	mel10	

الملحق 8: تحليل التباين ANOVA وتصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5% بالنسبة لصفات المرفوفيزيولوجية والمردودية.

الصفات المرفوفيزيولوجية.)

1- تحليل التباين.

Source	DDL	Somme des carrés	Moyene des carrés	F	Pr> F
LP	19	11076,438	582,970	63,395	< 0,0001***
LC	19	2695,800	141,884	35,619	< 0,0001***
LE	19	74,784	3,936	5,270	< 0,0001***
LB	19	69,638	3,665	3,712	< 0,0001***
SF	19	1450591,163	76346,903	1,024	< 0,0001***
TRE	19	8515,046	448,160	55,463	< 0,0001***

2- تصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5%.

Modalités	Moyenne LP	Ragroupements				
cir9	105,500	A				
cir10	104,750	A				
mel2	85,750		B			
cir7	83,250		B	C		
mel1	78,750			C	D	
mel5	78,250			C	D	
mel10	78,000			C	D	
mel6	78,000			C	D	
cir4	75,250				D	E
mel9	74,250				D	E
mel3	73,750				D	E
cir8	73,000				D	E
cir2	72,750				D	E
cir 1	71,750				D	E
mel7	70,500					E
mel4	70,250					E
mel8	69,250					E
cir6	62,000					F
cir5	60,000					F
cir3	58,750					F

Modalités	Moyenne LC	Ragroupements					
cir9	38,000	A					
cir10	37,750	A					
cir 1	27,250		B				
cir8	25,750		B	C			
mel2	25,500		B	C	D		
cir4	25,000		B	C	D	E	
mel10	24,000		B	C	D	E	
mel5	23,500		B	C	D	E	
mel1	23,500		B	C	D	E	
mel3	23,250		B	C	D	E	
mel6	23,000		B	C	D	E	
mel4	23,000		B	C	D	E	
cir7	23,000		B	C	D	E	
cir2	22,000			C	D	E	F
mel8	21,250			C	D	E	F
mel9	20,750				D	E	F
mel7	20,500					E	F
cir6	20,500					E	F
cir5	18,250						F
cir3	10,250						G

Modalités	Moyenne PG/EP	Regroupements					
cir4	2,405	A					
cir7	2,273	A					
cir3	2,230	A	B				
cir9	2,195	A	B				
mel1	2,175	A	B				
cir1	2,138	A	B	C			
cir10	2,035	A	B	C	D		
cir8	2,020	A	B	C	D		
mel5	1,985	A	B	C	D	E	
cir2	1,975	A	B	C	D	E	
mel6	1,885	A	B	C	D	E	F
mel2	1,770	A	B	C	D	E	F
mel10	1,683	A	B	C	D	E	F
mel7	1,655	A	B	C	D	E	F
mel9	1,460		B	C	D	E	F
mel3	1,403			C	D	E	F
mel8	1,368				D	E	F
cir5	1,320				D	E	F
mel4	1,248					E	F
cir6	1,205						F

Modalités	Moyenne PMG	Regroupements					
mel5	63,500	A					
mel9	59,750	A	B				
mel6	59,250	A	B	C			
mel4	59,000	A	B	C			
mel2	58,500	A	B	C			
cir2	56,750	A	B	C			
mel3	56,750	A	B	C			
cir1	55,000		B	C	D		
mel1	53,250		B	C	D		
mel10	52,000		B	C	D		
cir3	51,750			C	D		
mel7	51,750			C	D		
mel8	49,000				D		
cir4	23,500					E	
cir8	15,500						F
cir10	15,500						F
cir9	15,000						F
cir7	13,750						F
cir5	12,500						F
cir6	10,500						F

الملحق 9: تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي والمردود للصفين *circumflexum* و *melanopus*.

- معلومات المقاييس على المحاور (Axe1,2,3).

	F1	F2	F3
PMG	-0,296	0,838	-0,208
PG/EP	0,734	0,210	0,097
NG/E	0,587	0,687	-0,140
NEP/EP	0,084	0,796	0,049
TRE(%)	0,152	-0,424	0,348
LC	0,717	-0,373	-0,421
LE	0,595	0,428	0,546
LB	0,741	-0,080	-0,090
LP	0,768	-0,175	-0,551
SF	0,528	-0,200	0,679

- تمثيل الأفراد على المحاور (Axe1,2,3)

	F1	F2	F3
cir1	0,190	1,594	1,712
cir2	-0,084	1,099	1,168
cir3	-1,864	1,213	0,420
cir4	3,709	0,245	2,691
cir5	-3,021	-2,388	0,366
cir6	-1,850	-3,433	2,313
cir7	1,256	-1,062	-0,082
cir8	0,478	-0,826	0,459
cir9	2,936	-2,255	-1,705
cir10	3,032	-2,404	-1,643
mel1	1,168	1,037	-0,415
mel2	0,638	1,435	-0,390
mel3	-2,507	0,026	-1,642
mel4	-1,736	-0,492	-0,388
mel5	0,192	0,785	-0,330
mel6	0,522	1,655	-0,851
mel7	-1,784	-0,232	-0,951
mel8	-0,360	0,648	0,454
mel9	-1,216	1,256	-0,730
mel10	0,301	2,100	-0,456

الملحق 10: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) خلال الموسم الزراعي 2015/2014.

الإنصهار (T) (-R' ¹)			
80,6	mel1	Xwms47	1
80,8	mel2	Xwms47	1
80,6	mel6	Xwms47	1
75,8	cir4	Xwms47	1
80,6	mel9	Xwms47	1
80,6	cir7	Xwms47	1
80,8	mel10	Xwms47	1
80,8	cir8	Xwms47	1
80,8	cir9	Xwms47	1
80,8	cir10	Xwms47	1
78,6	mel1	Xwms46	2
81,2	mel2	Xwms46	2
81,2	mel6	Xwms46	2
78,6	cir4	Xwms46	2
81	mel9	Xwms46	2
78,6	cir7	Xwms46	2
81,4	mel10	Xwms46	2
81	cir8	Xwms46	2
81	cir9	Xwms46	2
81	cir10	Xwms46	2
78	mel1	Xwms499	3
78	mel2	Xwms499	3
78,2	mel6	Xwms499	3
77,8	cir4	Xwms499	3
78	mel9	Xwms499	3
78	cir7	Xwms499	3
78,2	mel10	Xwms499	3
78,2	cir8	Xwms499	3
78	cir9	Xwms499	3
78,2	cir10	Xwms499	3
76,6	mel1	Xwms132	4
76,6	mel2	Xwms132	4
77	mel6	Xwms132	4
71,4	cir4	Xwms132	4
76,2	mel9	Xwms132	4
77	cir7	Xwms132	4
77,2	mel10	Xwms132	4
76,8	cir8	Xwms132	4
77,4	cir9	Xwms132	4
77,2	cir10	Xwms132	4

5- النتائج المرفوفيزيولوجية والمردود للموسم الزراعي 2017/2016.

الملحق 11: القياسات المرفوفيزيولوجية والمردودية.

						قياسات مرفوفيزيولوجية	
86,77	41.75	11,5	7,25	19	60,5	cir 1	<i>circumflexum</i>
87,25	52	11,25	7,75	19,25	61	cir2	
85,89	46.5	11	8,5	16,25	61,25	cir3	
93,51	40.25	10,25	8,5	21,25	57,25	cir4	
84,81	35.5	10,5	8,5	20,5	66	cir5	
84,26	32.75	13,25	8	21,5	62	cir6	
69,89	29	12,25	8,5	25	72,25	cir7	
91,5	41.25	10,75	9,75	17,25	61	cir8	
83,04	45.5	11,5	8,5	19,75	68	cir9	
78,78	51.25	11	8,5	29,75	72.25	cir10	
93,78	39.5	8,5	8,25	25,75	66,75	mel1	<i>melanopus</i>
81,52	48.5	12,5	7,75	24,25	63,75	mel2	
91,67	47.25	12	8	28,25	73,25	mel3	
83,13	32.75	12,5	8,25	27,75	72,25	mel4	
84.42	48.5	11,5	8,75	29,5	65,25	mel5	
80,75	30	11,5	8	21,75	57,25	mel6	
80,4	35.25	15	8	22,75	69	mel7	
87.01	32	12	8,75	21,5	60,5	mel8	
91,53	33.75	13,75	7,75	41,25	92.25	mel9	
80,9	44	13,25	9	25,25	71,75	mel10	

				عدد السنبيلات	قياسات مرفوفيزيولوجية	
52,5	1,06	22,25	15	15	cir 1	<i>circumflexum</i>
33,75	0,52	20,5	16,75	16,75	cir2	
37,5	0,84	26,5	17,75	17,75	cir3	
39,75	0,63	26	16,25	16,25	cir4	
45,75	0,85	25	16,5	16,5	cir5	
45,75	0,95	26,25	17,25	17,25	cir6	
52,5	1,27	33,5	18	18	cir7	
34,75	0,86	22	17,75	17,75	cir8	
50,75	0,95	25,75	17,75	17,75	cir9	
44	0,96	30,5	18,5	18,5	cir10	
39	0,8	25,75	16,25	16,25	mel1	<i>melanopus</i>
42,75	1,05	30,25	17,25	17,25	mel2	
42,5	0,91	26,5	17,75	17,75	mel3	
50,75	1,09	29,25	17,75	17,75	mel4	
43,25	1,18	27	17,75	17,75	mel5	
34,5	0,53	21,75	14,5	14,5	mel6	
46,5	1,66	36,75	17	17	mel7	
41,5	1,06	27	18,5	18,5	mel8	
53,5	1,27	26	15.5	15.5	mel9	
43	1,04	29,75	14,5	14,5	mel10	

Modalités	Moyenne LE	Regroupements		
cir8	9,750	A		
mel10	9,000	A	B	
mel5	8,750	A	B	
mel8	8,750	A	B	
cir4	8,500		B	C
cir10	8,500		B	C
cir9	8,500		B	C
cir7	8,500		B	C
cir3	8,500		B	C
cir5	8,500		B	C
mel1	8,250		B	C
mel4	8,250		B	C
cir6	8,000		B	C
mel7	8,000		B	C
mel6	8,000		B	C
mel3	8,000		B	C
mel9	7,750		B	C
mel2	7,750		B	C
cir2	7,750		B	C
cir1	7,250			C

Modalités	Moyenne LB	Regroupements			
mel7	15,000	A			
mel9	13,750	A	B		
mel10	13,250		B	C	
cir6	13,250		B	C	
mel2	12,500		B	C	D
mel4	12,500		B	C	D
cir7	12,250		B	C	D
mel8	12,000		B	C	D
mel3	12,000		B	C	D
mel6	11,500			C	D
mel5	11,500			C	D
cir9	11,500			C	D
cir1	11,500			C	D
cir2	11,250			C	D
cir3	11,000			C	D
cir10	11,000			C	D
cir8	10,750				D
cir5	10,500				D
cir4	10,250				D
mel1	8,500				E

Modalités	Moyenne SF	Regroupements							
cir2	52,000	A							
cir10	51,250	A							
mel2	48,500	A	B						
mel5	48,500	A	B						
mel3	47,250	A	B	C					
cir3	46,500	A	B	C	D				
cir9	45,500	A	B	C	D				
mel10	44,000		B	C	D				
cir1	41,750		B	C	D	E			
cir8	41,250		B	C	D	E			
cir4	40,250			C	D	E	F		
mel1	39,500				D	E	F	G	
cir5	35,500					E	F	G	H
mel7	35,250					E	F	G	H
mel9	33,750						F	G	H
mel4	32,750							G	H
cir6	32,750							G	H
mel8	32,000								H
mel6	30,000								H
cir7	29,000								H

Modalités	Moyenne TRE	Regroupements			
mel1	93,780	A			
cir4	93,515	A			
mel3	91,678	A	B		
mel9	91,533	A	B		
cir8	91,500	A	B		
cir2	87,253	A	B	C	
mel8	87,018	A	B	C	
cir1	86,773	A	B	C	
cir3	85,898	A	B	C	
cir5	84,810	A	B	C	
mel5	84,425	A	B	C	
cir6	84,260	A	B	C	
mel4	83,138	A	B	C	
cir9	83,045	A	B	C	
mel2	81,528		B	C	
mel10	80,900		B	C	
mel6	80,750		B	C	
mel7	80,405		B	C	
cir10	78,783			C	
cir7	69,895				D

الصفات المرادوية.

1- تحليل التباين ANOVA.

Source	DDL	Somme des carrés	Moyenne des carrés	F	Pr> F
NEP/EP	19	113,738	5,986	4,837	< 0,0001***
NG/EP	19	1200,638	63,191	8,864	< 0,0001***
PG/EP	19	5,339	0,281	29,719	< 0,0001***
PMG	19	2857,638	150,402	26,798	< 0,0001***

2- تصنيف المجموعات حسب تحليل اختبار Newman-Keuls عند الحد 5%.

Modalités	Moyenne NEP/EP	Regroupements			
me18	18,500	A			
cir10	18,500	A			
cir7	18,000	A	B		
me14	17,750	A	B	C	
me13	17,750	A	B	C	
cir9	17,750	A	B	C	
cir8	17,750	A	B	C	
me15	17,750	A	B	C	
cir6	17,250	A	B	C	
me12	17,250	A	B	C	
cir3	17,250	A	B	C	
me17	17,000	A	B	C	D
cir2	16,750	A	B	C	D
cir5	16,500	A	B	C	D
cir4	16,250	A	B	C	D
me11	16,250	A	B	C	D
me19	15,500		B	C	D
cir 1	15,000			C	D
me10	14,500				D
me16	14,500				D

Modalités	Moyenne NG/EP	Regroupements			
me17	36,750	A			
cir7	33,500	A	B		
cir10	30,500		B	C	
me12	30,250		B	C	
me10	29,750		B	C	
me14	29,250		B	C	
me15	27,000			C	D
me18	27,000			C	D
me13	26,500			C	D
cir3	26,500			C	D
cir6	26,250			C	D
me19	26,000			C	D
cir4	26,000			C	D
cir9	25,750			C	D
me11	25,750			C	D
cir5	25,000			C	D
cir 1	22,250				D
cir8	22,000				D
me16	21,750				D
cir2	20,500				D

Modalités	Moyenne PG/EP	Regroupements					
me17	1,665	A					
cir7	1,278		B				
me19	1,270		B				
me15	1,183		B	C			
me14	1,090			C	D		
cir 1	1,068			C	D	E	
me18	1,065			C	D	E	
me12	1,050			C	D	E	
me10	1,040			C	D	E	
cir10	0,968				D	E	F
cir9	0,958				D	E	F
cir6	0,950				D	E	F
me13	0,915				D	E	F
cir8	0,860					E	F
cir5	0,853					E	F
cir3	0,845					E	F
me11	0,803						F
cir4	0,633						G
me16	0,535						G
cir2	0,520						G

Modalités	Moyenne PMG	Regroupements				
me19	53,500	A				
cir7	52,500	A				
cir 1	52,500	A				
cir9	50,750	A				
me14	50,750	A				
me17	46,500		B			
cir5	45,750		B			
cir6	45,750		B			
cir10	44,000		B	C		
me15	43,250		B	C		
me10	43,000		B	C		
me12	42,750		B	C		
me13	42,500		B	C		
me18	41,500		B	C	D	
cir4	39,750			C	D	
me11	39,000			C	D	
cir3	37,500				D	E
cir8	34,750					E
me16	34,500					E
cir2	33,750					E

الملحق 13: تحليل التنوع المرفوفيزيولوجي والمردود لـ *circumflexum* و *melanopus*.

- معلومات المقاييس على المحاور (Axe1,2,3).

	F1	F2	F3
PMG	0,769	0,240	-0,033
PG/EP	0,896	0,120	0,217
NG/E	0,851	-0,198	0,072
NEP/EP	0,308	-0,443	0,613
TRE(%)	-0,643	0,544	0,356
LC	0,453	0,440	0,406
LE	-0,115	-0,508	0,564
LB	0,743	0,340	-0,084
LP	-0,230	0,839	0,311
SF	-0,395	-0,114	0,445

- تمثيل الأفراد على المحاور (Axe1,2,3)

	F1	F2	F3
cir 1	-0,187	1,388	-1,965
cir2	-3,110	-0,093	-0,468
cir3	-1,583	-0,793	-0,124
cir4	-2,193	-0,036	-0,144
cir5	-0,688	-0,313	-0,108
cir6	0,637	0,446	-0,870
cir7	3,869	-3,155	-1,444
cir8	-2,464	-1,280	1,398
cir9	0,083	-0,213	0,428
cir10	0,868	-2,022	1,083
mel1	-2,302	0,498	0,279
mel2	0,705	0,105	0,037
mel3	-0,526	1,055	1,187
mel4	1,753	0,392	0,068
mel5	0,251	-0,716	2,446
mel6	-2,000	0,213	-2,729
mel7	3,837	0,730	-0,244
mel8	0,556	-0,797	0,497
mel9	1,983	3,937	1,064
mel10	0,512	0,654	-0,390

الملحق 14: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) خلال الموسم الزراعي 2016/2017.

درجة حرارة الإنصهار (1-R'(T))			
81	cir9	Xwms47	1
81	cir10	Xwms47	1
80,8	mel3	Xwms47	1
80,6	mel7	Xwms47	1
80,8	mel8	Xwms47	1
81	cir1	Xwms47	1
81,2	mel9	Xwms47	1
80,8	cir6	Xwms47	1
80,8	mel10	Xwms47	1
81	cir7	Xwms47	1
78,6	cir9	Xwms46	2
81,6	cir10	Xwms46	2
81	mel3	Xwms46	2
78,6	mel7	Xwms46	2
80,6	mel8	Xwms46	2
81	cir1	Xwms46	2
81,6	mel9	Xwms46	2
80,4	cir6	Xwms46	2
81,2	mel10	Xwms46	2
81,2	cir7	Xwms46	2
78,2	cir9	Xwms499	3
78,6	cir10	Xwms499	3
78,2	mel3	Xwms499	3
78,2	mel7	Xwms499	3
78,4	mel8	Xwms499	3
78,4	cir1	Xwms499	3
78,6	mel9	Xwms499	3
78	cir6	Xwms499	3
78,6	mel10	Xwms499	3
78,6	cir7	Xwms499	3
76,8	cir9	Xwms132	4
77	cir10	Xwms132	4
76,8	mel3	Xwms132	4
77	mel7	Xwms132	4
77	mel8	Xwms132	4
77	cir1	Xwms132	4
77,4	mel9	Xwms132	4
77	cir6	Xwms132	4
77	mel10	Xwms132	4
77,2	cir7	Xwms132	4

6-النتائج الجزئية للمواسم الثلاثة.

الملحق 15: درجة حرارة انصهار ADN المزدوج لتقنية (HRM) لثلاث مواسم زراعية 2014/2013،
2015/2014 و 2017/2016.

درجة حرارة الإنصهار 1(-R'(T)			
81	14_cir4	Xwms47	1
80,8	14_mel9	Xwms47	1
80,6	15_mel1	Xwms47	1
81	17_cir9	Xwms47	1
80,4	14_cir7	Xwms47	1
81	14_mel10	Xwms47	1
80,8	15_mel2	Xwms47	1
81	17_cir10	Xwms47	1
81	14_cir8	Xwms47	1
80,6	15_mel6	Xwms47	1
80,8	17_mel3	Xwms47	1
79,8	14_cir9	Xwms47	1
75,8	15_cir4	Xwms47	1
80,6	15_mel9	Xwms47	1
80,6	17_mel7	Xwms47	1
81	14_mel1	Xwms47	1
80,6	15_cir7	Xwms47	1
80,8	15_mel10	Xwms47	1
80,8	17_mel8	Xwms47	1
81	14_mel2	Xwms47	1
80,8	15_cir8	Xwms47	1
81	17_cir1	Xwms47	1
81,2	17_mel9	Xwms47	1
81	14_mel5	Xwms47	1
80,8	15_cir9	Xwms47	1
80,8	17_cir6	Xwms47	1
80,8	17_mel10	Xwms47	1
81,2	14_mel6	Xwms47	1
80,8	15_cir10	Xwms47	1
81	17_cir7	Xwms47	1
78,6	14_cir4	Xwms46	2
80,4	14_mel9	Xwms46	2
78,6	15_mel1	Xwms46	2
78,6	17_cir9	Xwms46	2
81,2	14_cir7	Xwms46	2
80,8	14_mel10	Xwms46	2
81,2	15_mel2	Xwms46	2
81,6	17_cir10	Xwms46	2
81	14_cir8	Xwms46	2
81,2	15_mel6	Xwms46	2
81	17_mel3	Xwms46	2
81,4	14_cir9	Xwms46	2
78,6	15_cir4	Xwms46	2
81	15_mel9	Xwms46	2
78,6	17_mel7	Xwms46	2
80,8	14_mel1	Xwms46	2
78,6	15_cir7	Xwms46	2
81,4	15_mel10	Xwms46	2
80,6	17_mel8	Xwms46	2
80,8	14_mel2	Xwms46	2
81	15_cir8	Xwms46	2
81	17_cir1	Xwms46	2
81,6	17_mel9	Xwms46	2
81	14_mel5	Xwms46	2
81	15_cir9	Xwms46	2

80,4	17_cir6	Xwms46	2
81,2	17_mel10	Xwms46	2
81,2	14_mel6	Xwms46	2
81	15_cir10	Xwms46	2
81,2	17_cir7	Xwms46	2
78,2	14_cir4	Xwms499	3
78	14_mel9	Xwms499	3
78	15_mel1	Xwms499	3
78,2	17_cir9	Xwms499	3
78,4	14_cir7	Xwms499	3
78,2	14_mel10	Xwms499	3
78	15_mel2	Xwms499	3
78,6	17_cir10	Xwms499	3
78,2	14_cir8	Xwms499	3
78,2	15_mel2	Xwms499	3
78,2	17_mel3	Xwms499	3
78,2	14_cir9	Xwms499	3
77,8	15_cir4	Xwms499	3
78	15_mel9	Xwms499	3
78,2	17_mel7	Xwms499	3
78,2	14_mel1	Xwms499	3
78	15_cir7	Xwms499	3
78,2	15_mel10	Xwms499	3
78,4	17_mel8	Xwms499	3
78,2	14_mel2	Xwms499	3
78,2	15_cir8	Xwms499	3
78,4	17_cir1	Xwms499	3
78,6	17_mel9	Xwms499	3
78,2	14_mel5	Xwms499	3
78	15_cir9	Xwms499	3
78	17_cir6	Xwms499	3
78,6	17_mel10	Xwms499	3
78,4	14_mel6	Xwms499	3
78,2	15_cir10	Xwms499	3
78,6	17_cir7	Xwms499	3
77	14_cir4	Xwms132	4
76,8	14_mel9	Xwms132	4
76,6	15_mel1	Xwms132	4
76,8	17_cir9	Xwms132	4
77,2	14_cir7	Xwms132	4
77	14_mel10	Xwms132	4
76,6	15_mel2	Xwms132	4
77	17_cir10	Xwms132	4
77,2	14_cir8	Xwms132	4
77	15_mel6	Xwms132	4
76,8	17_mel3	Xwms132	4
77,4	14_cir9	Xwms132	4
71,4	15_cir4	Xwms132	4
76,2	15_mel9	Xwms132	4
77	17_mel7	Xwms132	4
77,2	14_mel1	Xwms132	4
77	15_cir7	Xwms132	4
77,2	15_mel10	Xwms132	4
77	17_mel8	Xwms132	4
77	14_mel2	Xwms132	4
76,8	15_cir8	Xwms132	4
77	17_cir2	Xwms132	4
77,4	17_mel9	Xwms132	4
77,2	14_mel5	Xwms132	4
77,4	15_cir9	Xwms132	4
77	17_cir6	Xwms132	4
77	17_mel10	Xwms132	4
77,2	14_mel6	Xwms132	4
77,2	15_cir10	Xwms132	4
77,2	17_cir7	Xwms132	4

7- الدراسة الجزيئية للهجن.

الملحق 16: درجة حرارة الإنصهار الخاصة بتقنية (HRM) للهجن و أباؤها تحت الدراسة.

Xwms132			Xwms499			Xwms46			Xwms47		
Tm	Ct		Tm	Ct		Tm	Ct		Tm	Ct	
90,58	29,45	F_C1	77,83	32,85	F_C1	74,63	32,28	F_C1	81,48	39,7	F_C1
71,15	28,33	M_M5	77,8	34,22	M_M5	86,63	31,36	M_M5	73,58	36,56	M_M5
76,7	29,06	C1xM5	77,78	32,9	C1xM5	77,09	30,53	C1xM5	92,58	33,19	C1xM5
76,33	31,21	F_C2	77,74	34,9	F_C2	93,15	31,06	F_C2	92,83	38,5	F_C2
76,44	30,89	M_M6	77,79	33,3	M_M6	93,18	30,69	M_M6	80,71	38,45	M_M6
71,12	30,51	C2xM6	77,61	35,55	C2xM6	79,63	32,1	C2xM6	76	39,8	C2xM6
92,92	31,31	F_C3	77,33	35,54	F_C3	78,17	30,99	F_C3	93,56	41,53	F_C3
70,93	30,6	M_M7	77,7	35,54	M_M7	76,91	30,23	M_M7	75,83	37,87	M_M7
71,43	31,72	C3xM7	77,72	38,27	C3xM7	74,64	32,9	C3xM7	75,33	37,71	C3xM7
70,47	27,9	F_C4	77,44	32,34	F_C4	76,66	29,19	F_C4	92,6	32,45	F_C4
70,5	28,51	M_M8	77,42	32,24	M_M8	92,47	29,5	M_M8	79,93	37,78	M_M8
70,67	28,96	C4xM8	77,64	32,18	C4xM8	92,57	29,25	C4xM8	80,4	36	C4xM8
93,14	27,91	F_C5	77,54	29,44	F_C5	93,24	28,55	F_C5	92,47	35,55	F_C5
71,24	24,87	M_M9	77,5	31,8	M_M9	91,77	29,93	M_M9	93,02	33,52	M_M9
76,57	29,42	C5xM9	77,72	33,67	C5xM9	93,35	30,24	C5xM9	80,71	38,75	C5xM9
70,83	29,76	C5xM9	77,39	33,27	C5xM9	76,87	29,07	C5xM9	75,18	38,6	F_M1
71,51	32,16	M_C7	77,82	36,98	M_C7	76,28	32,45	M_C7	74,72	41,05	M_C7
76,63	29,37	M1xC7	77,86	33,61	M1xC7	92,24	30,62	M1xC7	80,68	38,06	M1xC7

