

UNIVERSITE SAAD DAHLAB DE BLIDA

**Faculté des Sciences Agronomiques et Vétérinaires**

Département des Sciences Agronomiques

# **MEMOIRE DE MAGISTER**

Spécialité : Amélioration des productions végétales

**ETUDE DE L'INTRACTION GENOTYPE-ENVIRONNEMENT  
DE QUELQUES LIGNEES DE BLE DUR (Triticum durum.  
Desf). ISSUES D'UN CROISEMENT INTRASPECIFIQUE EN  
VUE D'UNE SELECTION**

Par

**Abdelkader ALI**

Devant le Jury composé de :

A. Achouch	Maître de conférences, U. de Blida	Président
M. Benmoussa	Maître de conférences, U. de Blida	Rapporteur
S.A. Senoussi	Maître de conférences, U. de Blida	Examineur
M.S. Abdulhussaine	Chargé de Cours, U. de Blida	Examinatrice

Blida.Juin 2005

## RESUME

La thèse s'est déroulée au sein de l'institut technique des grandes cultures dans deux stations expérimentales à savoir Oued Smar (Alger) et Khroub (Constantine), sur blé dur, prise comme plante modèle ou culture alimentaire. Elle a pour objectif l'analyse, l'interprétation et la modélisation de l'interaction génotype-environnement et l'étude de son effet sur l'expression des caractères morphophysiques et les composantes du rendement. C'est une étude préliminaire sur l'adaptation des lignées soumises à diverses conditions environnementales. L'expérimentation s'est déroulée au cours de la campagne 2002/2003. L'étude est basée sur différentes lignées de blé dur en ségrégation.

Le comportement vis à vis des variations climatiques a été décrit pour chaque génotype et le rôle relatif aux différents caractères morphophysiques dans l'élaboration de rendement a été précisé. Ces génotypes ont fait aussi objet d'une analyse de stabilité de rendement. Donc les outils statistiques (ANOVA, régression linéaire, ACP) seront utilisés pour entretenir une approche de modélisation écophysologie et montré son utilité dans une étude de l'interaction génotype-milieu.

Les résultats obtenus montrent l'effet net des deux facteurs génotype et environnement et leur interaction, sur l'expression de l'ensemble des caractères. Chaque génotype se caractérise par un comportement particulier vis à vis des différentes conditions environnementales. Des différences génétique de stabilité de production ont été démontré. Il résulte que, les génotypes testés présentent tous une adaptation spécifique soit au conditions favorables ou défavorables. L'analyse en composantes principales indique qu'une lignée à paille longue avec un col d'épi long plus une longueur d'épi élevée avec un tallage herbacé élevé donne un rendement faible. Par contre une lignée possède un nombre de grains par épi élevé avec un poids de mille grains élevé plus un nombre d'épi par m<sup>2</sup> haut donne un rendement supérieur chez la génération F4. Chez la génération F5, il ressort qu'une lignée possédant un nombre de plants par m<sup>2</sup> et un peuplement épi élevé avec un nombre de grains par épi et un poids de mille grains avec une longueur d'épi élevée donne un bon rendement en grains . La thèse contribuera à l'élaboration d'un modèle de fonctionnement du blé, dont la propriété sera de permettre de simuler l'expression phénotypique des gènes dans des environnements variés.

## SUMMARY

Genotype x environment interaction was investigated for grain yield and morphophysiological traits of durum wheat lines. Data were obtained from the 11 lines and 2 environments, following a split-plot design. The magnitude of genotype x environment interaction was modeled by ANOVA and a linear regression analysis using additional genotypic and environmental information. This study is dealing with lines of durum wheat which took place at the Institut Technique des Grandes Cultures in two experimental stations: Oued Smar (Algiers) and Khroub (Constantine). It has as objectives : analysis, interpretation and the genotype-environment interaction modeling and his effect on the expression of morphophysiological characters and yield components. It is a preliminary study on behavior of different lines to various environmental conditions, which took place during 2002/2003. The analysis is in relation to different lines of durum wheat under segregation. Genotypic Behavior has been described for every genotype and the role relative to the different morphophysiological characters in the yield development has been specified. The statistical tools (ANOVA, linear regression, ACP) are run to study this genotype x environment interaction. The results show the effect of the two factors: genotype and environment and their interaction on the expression of the major traits.

Every genotype is characterized by a particular behavior to different environmental conditions. The genetically differences of production stability has been demonstrated. All genotypes had a specific behavior for the favorable or unfavorable conditions. the ACP analysis indicated that, the lines having a long straw with a long ear collar and a high ear length with high herbaceous tillers gave a poor yield. The line having a good number of grains with elevated ear with an one thousand grain weight gives a superior yield at the F4 generation . At the F5 generation, the lines having a high number of plants by m<sup>2</sup> with a high number of grains by ear and an one thousand grain weight with a large ear gave a good yield the. The analysis of the variance, analyses of regression and correlation analysis are the statistical techniques the more used to surround variables that contribute the more to variations observed at the level of the yield in a given environment. These techniques identify traits that are potential candidates to the selection for a better productivity and to a better stability of the production and a good adaptation.

## المخلص

لقد تم إجراء هذه الدراسة على مستوى المعهد التقني للمحاصيل الحقلية في المحطتين التجريبيتين لواد السمار بالجزائر العاصمة و الخروب بقسنطينة أين تم استعمال القمح الصلب كنبئة نموذجية.

الهدف من هذه الدراسة هو تبیین أهمية دراسة العلاقة بين التركيب الوراثي و المحيط و أثرها علي تعبير الصفات الوراثية.

تعتبر هذه 'دراسة أولية لمدي تأقلم بعض أجيال من القمح الصلب للتغيرات المناخية لسنة 2003/2002 و تبیین دور الصفات المرفلوجية و الفيزيولوجية في الإنتاج.

اعتمدنا في هذه الدراسة على تحليل ثبات الإنتاج. فقد سمح لنا هذا العمل بتبیین الميكنزمات المستعملة من طرف القمح الصلب للتأقلم حيث استعملنا تقنيات الإحصاء لهذه الدراسة. من الممكن تعميم هذه الدراسة على جميع منتوجات الحبوب.

النتائج المحصل عليها تبين أن للتركيب الوراثي و المحيط و كذا العلاقة بينهما تأثيرا على الصفات الوراثية. حيث أن كل صنف يتميز بسلوك خاص به لمواجهة التغيرات المناخية. اختلافات وراثية لمعظم الصفات المدروسة تم ملاحظتها حيث تم تبیین أن جميع الأصناف تملك تأقلم خاص

من المهم جدا معرفة مدى فعالية الصفات السابقة الذكر في الإنتاج ليتم اختيارها بطريقة فعالة و ناجحة

## **REMERCIEMENTS**

J'adresse mes plus vifs remerciements à **M r : BENMOUSSA M.** Mon enseignant et mon directeur de mémoire pour avoir accepté de m'encadrer et d'avoir mis sa compétence à ma disposition tout au long de ce travail et qui a fait preuve d'une grande patience, ses conseils et ses orientations m'ont été d'une aide bénéfique, qu'il trouve ici ma profonde reconnaissance.

Je tiens à remercier **M r ACHOUCH A.** Pour l'honneur qu'il m'a accordé en acceptant de présider le jury de soutenance et pour ses conseils et son aide judicieuse.

Je veux bien remercier les membres de jury **M r SNOUSSI S A. et M me M. S. ABDULHUSSAINE.** Pour avoir accepté d'examiner ce travail.

Je tiens à remercier enfin tous ceux qui, tout au long de ce travail, m'ont apporté leur soutien.

**Abdelkader**

# TABLES DES MATIÈRES

RESUME.....	01
REMERCIEMENTS .....	04
TABLES DES MATIERES .....	05
LISTES DES ILLUSTRATIONS, GRAPHIQUES ET TABLEAUX.....	06
INTRODUCTION.....	10
1. AMELIORATION DE BLE DUR.....	12
1.1. Origine génétique de blé dur .....	12
1.2. Création variétale par croisement chez le blé dur .....	12
2. NATURE DES CARACTERES GENETIQUES .....	15
2.1. Caractère quantitatif .....	15
2.2. Caractère qualitatif .....	16
3. EXPRESSION GENETIQUE D'UN CARACTERE CHEZ LE BLE DUR.....	18
3.1. Effets génétiques primaires .....	18
3.2. Héritabilité.....	20
4. LA SELECTION DE BLE DUR .....	23
4.1. Importance de l'étude de l'interaction génotype-environnement pour la sélection de blé dur.....	23
5. CRITERES DE SELECTION DE BLE DUR .....	26
5.1. Adaptation à la sécheresse.....	26
5.2. Adaptation au froid.....	32
5.3. Productivité .....	34
5.4. Résistances aux maladies et déprédateurs .....	34
6. MATERIELS ET METHODES.....	35
6.1. Objectif de l'étude .....	35
6.2. Etude du milieu expérimental.....	35
6.3. Protocole expérimental.....	42
6.4. Conduite de l'essai .....	46
6.5. Méthodes d'études.....	49
6.6. Les analyses statistiques.....	52
7. RESULTATS ET DISCUSSIONS .....	55
7.1. Les stades de développement des lignées.....	55
7.2. Analyse des caractères morphologiques.....	61
7.3. Les composantes du rendement.....	91
7.4. Qualité technologique des grains .....	128
7.5. Calcul de coefficient d'héritabilité au sens large ( $h^2_{sl}$ ).....	144
7.6. Calcul de Coefficient de variabilité génétique (CV%).....	146
7.7. Analyse de stabilité de rendement des lignées étudiées .....	149
7.8. L'analyse en composantes principales des caractères et des génotypes. ....	156
7.9. Etude du polymorphisme protéique par chromatographie à phase gazeuse (C P G).....	163
7.10. Comparaison entre quelques lignées et leurs géniteurs.....	165
CONCLUSION	
APPENDICE	
REFERENCES	

## LISTES DES ILLUSTRATIONS, GRAPHIQUES ET TABLEAUX

Figure 1. QTL majeur situé sur le chromosome 5 impliqués dans la variation de la dureté du grain. ....	16
Figure 2. Diagramme ambrothémique (Oued Smar). ....	37
Figure 3. Diagramme ambrothémique (Khroub). ....	39
Figure 4. Schéma du dispositif expérimental. ....	43
Figure 5. F <sub>4</sub> L <sub>1</sub> : Oued Smar. ....	55
Figure 6. F <sub>4</sub> L <sub>1</sub> : Khroub. ....	55
Figure 7. F <sub>4</sub> L <sub>2</sub> : Oued Smar. ....	55
Figure 8. F <sub>4</sub> L <sub>2</sub> : Khroub. ....	55
Figure 9. F <sub>4</sub> L <sub>3</sub> : Oued Smar. ....	56
Figure 10. F <sub>4</sub> L <sub>3</sub> : Khroub. ....	56
Figure 11. F <sub>4</sub> L <sub>4</sub> : Oued Smar. ....	56
Figure 12. F <sub>4</sub> L <sub>4</sub> : Khroub. ....	56
Figure 13. F <sub>4</sub> L <sub>5</sub> : Oued Smar. ....	56
Figure 14. F <sub>4</sub> L <sub>5</sub> : Khroub. ....	56
Figure 15. F <sub>4</sub> L <sub>6</sub> : Oued Smar. ....	57
Figure 16. F <sub>4</sub> L <sub>6</sub> : Khroub. ....	57
Figure 17. F <sub>4</sub> L <sub>7</sub> : Oued Smar. ....	57
Figure 18. F <sub>4</sub> L <sub>7</sub> : Khroub. ....	57
Figure 19. F <sub>5</sub> L <sub>1</sub> : Oued Smar. ....	57
Figure 20. F <sub>5</sub> L <sub>1</sub> : Khroub. ....	57
Figure 21. F <sub>5</sub> L <sub>2</sub> : Oued Smar. ....	58
Figure 22. F <sub>5</sub> L <sub>2</sub> : Khroub. ....	58
Figure 23. F <sub>5</sub> L <sub>3</sub> : Oued Smar. ....	58
Figure 24. F <sub>5</sub> L <sub>3</sub> : Khroub. ....	58
Figure 25. F <sub>5</sub> L <sub>4</sub> : Oued Smar. ....	58
Figure 26. F <sub>5</sub> L <sub>4</sub> : Khroub. ....	58
Figure 27. Nombre de plantes par m <sup>2</sup> (facteur génotype). ....	62
Figure 28. Nombre de plantes par m <sup>2</sup> (facteur environnement). ....	63
Figure 29. Nombre de plantes par m <sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement). ....	63
Figure 30. Nombre de plants par m <sup>2</sup> (facteur génotype). ....	64
Figure 31. Nombre de plants par m <sup>2</sup> (facteur environnement). ....	64
Figure 32. Nombre de plants par m <sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement). ....	64
Figure 33. Nombre de talles par plant (facteur génotype). ....	67
Figure 34. Nombre de talles par plant (facteur environnement). ....	68
Figure 35. Nombre de talles par plant (l'interaction génotype-environnement). ....	68
Figure 36. Nombre de talles par plant (facteur génotype). ....	69
Figure 37. Nombre de talles par plant (facteur environnement). ....	69
Figure 38. Nombre de talles par plant (l'interaction génotype-environnement). ....	69
Figure 39. Hauteur des plants à la floraison (facteur génotype). ....	74
Figure 40. Hauteur des plants à la floraison (facteur environnement). ....	74
Figure 41. Hauteur des plants à la floraison (l'interaction génotype-environnement). ....	74
Figure 42. Hauteur des plants à la floraison (facteur génotype). ....	75
Figure 43. Hauteur des plants à la floraison (facteur environnement). ....	75
Figure 44. Hauteur des plants à la floraison (l'interaction génotype-environnement). ....	76
Figure 45. Longueur du col de l'épi (facteur génotype). ....	80
Figure 46. Longueur du col de l'épi (facteur environnement). ....	81
Figure 47. Longueur du col de l'épi (l'interaction génotype-environnement). ....	81
Figure 48. Longueur du col de l'épi (facteur génotype). ....	82

Figure 49. Longueur du col de l'épi (facteur environnement).....	82
Figure 50. Longueur du col de l'épi (l'interaction génotype-environnement).....	82
Figure 51. Longueur de l'épi (facteur génotype).....	86
Figure 52. Longueur de l'épi (facteur environnement).....	87
Figure 53. Longueur de l'épi (l'interaction génotype-environnement).....	87
Figure 54. Longueur de l'épi (facteur génotype).....	88
Figure 55. Longueur de l'épi (facteur environnement).....	88
Figure 56. Longueur de l'épi (l'interaction génotype-environnement).....	88
Figure 57. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (facteur génotype).....	92
Figure 58. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (facteur environnement).....	93
Figure 59. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement).....	93
Figure 60. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (facteur génotype).....	94
Figure 61. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (facteur environnement).....	94
Figure 62. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement).....	94
Figure 63. Nombre d'épillets totales par épi (facteur génotype).....	98
Figure 64. Nombre d'épillets totales par épi (facteur environnement).....	98
Figure 65. Nombre d'épillets totales par épi (l'interaction génotype-environnement).....	98
Figure 66. Nombre d'épillets totales par épi (facteur génotype).....	99
Figure 67. Nombre d'épillets totales par épi (facteur environnement).....	99
Figure 68. Nombre d'épillets totales par épi (l'interaction génotype-environnement).....	100
Figure 69. Nombre d'épillets stériles par épi (facteur génotype).....	103
Figure 70. Nombre d'épillets stériles par épi (facteur environnement).....	104
Figure 71. Nombre d'épillets stériles par épi (l'interaction génotype-environnement).....	104
Figure 72. Nombre d'épillets stériles par épi (facteur génotype).....	105
Figure 73. Nombre d'épillets stériles par épi (facteur environnement).....	105
Figure 74. Nombre d'épillets stériles par épi (l'interaction génotype-environnement).....	105
Figure 75. Nombre de grains par épi (facteur génotype).....	109
Figure 76. Nombre de grains par épi (facteur environnement).....	110
Figure 77. Nombre de grains par épi (l'interaction génotype-environnement).....	110
Figure 78. Nombre de grains par épi (facteur génotype).....	111
Figure 79. Nombre de grains par épi (facteur environnement).....	111
Figure 80. Nombre de grains par épi (l'interaction génotype-environnement).....	111
Figure 81. Poids de mille grains (facteur génotype).....	116
Figure 82. Poids de mille grains (facteur environnement).....	117
Figure 83. Poids de mille grains (l'interaction génotype-environnement).....	117
Figure 84. Poids de mille grains (facteur génotype).....	118
Figure 85. Poids de mille grains (facteur environnement).....	118
Figure 86. Poids de mille grains (l'interaction génotype-environnement).....	118
Figure 87. Rendement réel en grains (facteur génotype).....	122
Figure 88. Rendement réel en grains (facteur environnement).....	123
Figure 89. Rendement réel en grains (l'interaction génotype-environnement).....	123
Figure 90. Rendement réel en grains (facteur génotype).....	124
Figure 91. Rendement réel en grains (facteur environnement).....	124
Figure 92. Rendement réel en grains (l'interaction génotype-environnement).....	124
Figure 93. Mitadinage (facteur génotype).....	129
Figure 94. Mitadinage (facteur environnement).....	129
Figure 95. Le mitadinage (l'interaction génotype-environnement).....	129
Figure 96. Le mitadinage (facteur génotype).....	130
Figure 97. Le mitadinage (facteur environnement).....	130
Figure 98. Le mitadinage (l'interaction génotype-environnement).....	131
Figure 99. La teneur en protéines (facteur génotype).....	135



Figure 100. La teneur en protéines (facteur environnement).....	135
Figure 101. La teneur en protéines (l'interaction géotype-environnement).....	135
Figure 102. La teneur en protéines (facteur géotype).....	136
Figure 103. La teneur en protéines (facteur environnement).....	136
Figure 104. La teneur en protéines (l'interaction géotype-environnement).....	137
Figure 105. La teneur en gluten (facteur géotype).....	140
Figure 106. La teneur en gluten (facteur environnement).....	141
Figure 107. La teneur en gluten (l'interaction géotype-environnement).....	141
Figure 108. La teneur en gluten (facteur géotype).....	142
Figure 109. La teneur en gluten (facteur environnement).....	142
Figure 110. La teneur en gluten (l'interaction géotype-environnement).....	142
Figure 111. Les droites de régression des lignées de la génération F4.....	150
Figure 112. Les droites de régression des lignées de la génération F5.....	153
Figure 113. Cercle des corrélations entre les caractères.....	156
Figure 114. Cercle des individus.....	157
Figure 115. Cercle des corrélations entre caractères.....	159
Figure 116. Cercle des individus.....	160

Tableau 1. Précipitations enregistrées au mm durant la campagne 2002-2003.....	36
Tableau 2. Températures mensuelles (en C°) de la campagne 2002-2003.....	36
Tableau 3. Précipitations enregistrées au mm durant la campagne 2002-2003.....	38
Tableau 4. Températures mensuelles (en C°) de la campagne 2002-2003.....	38
Tableau 5. Méthodes d'analyses utilisées.....	40
Tableau 6. Analyses physiques du sol.....	40
Tableau 7. Analyses chimiques du sol.....	40
Tableau 8. Analyse physique du sol.....	41
Tableau 9. Caractéristiques chimiques du sol.....	41
Tableau 10. Caractéristiques des variétés parents.....	45
Tableau 11. Les stades de développement des lignées de la génération F4 à Oued Smar.....	59
Tableau 12. Les stades de développement des lignées de la génération F5 à Oued Smar.....	59
Tableau 13. Les stades de développement des lignées de la génération F4 au Khroub.....	59
Tableau 14. Les stades de développement des lignées de la génération F4 au Khroub.....	60
Tableau 15. Nombre de plants par m <sup>2</sup> (NP/m <sup>2</sup> ) génération F4.....	62
Tableau 16. Nombre de plants par m <sup>2</sup> (NP/m <sup>2</sup> ) génération F5.....	63
Tableau 17. Nombre de talles par plant (NT/plant) génération F4.....	67
Tableau 18. Nombre de Talles par plant (N T/plant) génération F5.....	68
Tableau 18. Hauteur des plants à la floraison (HP) (cm) génération F4.....	73
Tableau 19. Hauteur des plants à la floraison (HP) (cm) génération F5.....	75
Tableau 20. Longueur du col de l'épi (LC) (cm) génération F4.....	80
Tableau 21. Longueur du col de l'épi (LC) (cm) génération F5.....	81
Tableau 22. Longueur de l'épi (LE) (cm) génération F4.....	86
Tableau 23. Longueur de l'épi (LE) (cm) génération F5.....	87
Tableau 24. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (NE/m <sup>2</sup> ) génération F4.....	92
Tableau 25. Nombre d'épi par m <sup>2</sup> (NE/m <sup>2</sup> ) génération F5.....	93
Tableau 26. Nombre d'épillets totales par épi (NET/épi) génération F4.....	97
Tableau 27. Nombre d'épillets totales par épi (NET/épi) génération F5.....	99
Tableau 28. Nombre d'épillets stériles par épi (NES/épi) génération F4.....	103
Tableau 29. Nombre d'épillets stériles par épi (NES/épi) génération F5.....	104
Tableau 30. Nombre de grains par épi (NG/épi) génération F4.....	109
Tableau 31. Nombre de grains par épi (NG/épi) génération F5.....	110

Tableau 32. Poids de mille grains (P M G) (g) génération F4.....	116
Tableau 33. Poids de mille grains (P M G) (g) génération F5.....	117
Tableau 34. Rendement réel en grains (RR) (qx/ha) génération F4.....	122
Tableau 35. Rendement réel en grains (RR) (qx/ha) génération F5.....	123
Tableau 36. Le mitadinage (M) (%) génération F4.....	128
Tableau 37. Le Mitadinage (M) (%) génération F5.....	130
Tableau 38. Teneur en protéine totales des grains (TP) (%) de la génération F4.....	134
Tableau 39. La teneur en protéines totales des grains (TP) (%) de la génération F5.....	136
Tableau 40. Teneur en gluten (TG) (%) de la génération F4.....	140
Tableau 41. Teneur en gluten (TG) (%) de la génération F5.....	141
Tableau 42. Coefficient d'héritabilité au sens large ( $h^2_{sl}$ ) de la génération F4.....	144
Tableau 43. Coefficient d'héritabilité au sens large ( $h^2_{sl}$ ) de la génération F5.....	145
Tableau 44. Coefficient de variabilité génétique (CV%) de la génération F4.....	146
Tableau 45. Coefficient de variabilité génétique (CV%) de la génération F5.....	147
Tableau 46. Les rendements des lignées de la génération F4.....	149
Tableau 47. Les rendements des lignées de la génération F5.....	152
Tableau 48. Coefficients de corrélations entre les caractères mesurés génération F4.....	156
Tableau 49. Coefficients de corrélation entre les caractères mesurés génération F5.....	159

## INTRODUCTION

Le monde dans son ensemble se trouve confronté, dans le cadre d'un développement durable et, dans le respect de l'environnement, à relever le défi alimentaire lancé par la progression de la croissance démographique.

L'augmentation de la productivité agricole devient ainsi une gageure, dans la mesure où il faut faire face à une réduction des terres suite à l'accroissement de l'industrialisation. Par ailleurs, les terres disponibles se trouvent souvent dans des pays souffrant de facteurs climatologiques défavorables aux cultures.

Les stress environnementaux et le matériel végétal peu performant ainsi que le non respect des itinéraires techniques, sont les principales causes de réduction et de variabilité des rendements des céréales, source essentielle de glucides et protéines dans l'alimentation humaine. En Algérie, les produits céréaliers constituent la base de la ration alimentaire quotidienne : la consommation par habitant et par an est estimée à environ 185 Kg de céréales [1].

Le blé est la principale culture céréalière dans le monde. En l'Algérie, le blé dur est même plus largement cultivé que le blé tendre ; la superficie emblavée chaque campagne par cette espèce est estimée à 1.5 millions d'hectares, soit près de 20% de la superficie agricole utile [1]. Cette espèce occupe une place primordiale dans l'alimentation et entre dans la composition d'un grand nombre de plats et aliments traditionnels (couscous, galettes, pâtes alimentaires) ; qui voient leur consommation augmenter régulièrement.

Malheureusement ses rendements restent médiocres, comme toute céréale cultivée en Algérie. La production nationale actuelle n'arrive pas, elle seule, à satisfaire tous les besoins de la population, le pays fait recours annuellement à des importations massives qui en été évaluées à 1.9 millions de tonnes en 1995 de sorte à combler le déficit demande-offre nationale [1].

Pour atteindre l'objectif visé qui consiste à augmenter la production, l'enjeu est de créer des variétés à rendement élevé et stable, moins sensibles aux aléas climatiques des zones où elles sont cultivées et de qualité technologique appréciable. Mais la création variétale elle seule ne suffit pas, les nouvelles lignées obtenues ont besoin d'être testées à des emplacements avant d'être recommandées pour une zone donnée (le zonage des lignées). Pour accomplir ce but, les essais multi-environnements forment le cœur des programmes de la

sélection variétale dans beaucoup de pays. Ces programmes doivent faire face au problème de l'interaction génotype environnement, qui dépend des effets environnementales et des effets génotypiques (caractères morphologique, phénologiques et physiologiques) [2].

L'identification de facteurs causaux de l'interaction génotype-environnement et la quantification de leurs variation est une étape importante pour sélectionner et recommander les lignées selon le type de l'adaptation (spécifiques ou large). C'est dans ce contexte que s'inscrit notre travail. Celui-ci consiste à étudier, interpréter et montrer l'importance de l'étude de l'interaction génotype-environnement ainsi que l'étude de stabilité de rendement avec utilisation des méthodes statistiques et modèles génétiques appropriés en vue de sélection des lignées de blé dur issues d'un croisement intraspécifique réalisé entre des variétés largement cultivées en Algérie, en vue de créer de nouvelles structures génétiques qui doivent répondre aux objectifs fixés :

- Une bonne précocité.
- Une bonne productivité
- Une bonne adaptation aux conditions défavorable (sécheresse, température élevée, gelées hivernales).
- Une bonne qualité technologique.

On basant sur l'évaluation de la capacité des différentes génotypes à produire dans différentes conditions environnementales. En outre, ce travail présente les similitudes et les différences de réaction qui existent entre les lignées vis à vis des contraintes biotiques et abiotiques des deux sites expérimentaux. Nous discutons donc de la nature des caractères génétiques qui sont nécessaires pour améliorer l'adaptation et la stabilité du rendement. Nous essaierons d'expliquer les mécanismes fondamentaux de l'interaction génotype-milieu. Jusqu'à maintenant, il y a eu des essais d'analyse de l'interaction génotype-milieu utilisant différentes méthodes statistiques : les techniques de la régression linéaire [3] ou les analyses multivariées et l'analyse de la variance. Nous tentons dans ce travail de montre l'efficacité de ces outils dans une étude de l'interaction génotype-environnement.

Durant notre travail, un essai à deux environnements, comportant des lignées en ségrégation F4 et F5, ont été utilisées pour évaluer leur comportement aux variations climatiques. Ces résultats confirment donc l'importance de tester des génotypes sous différentes conditions de l'environnement pour identifier le plus stable et le plus productif et mieux adapté au conditions de milieu.

# CHAPITRE 1

## AMELIORATION DE BLE DUR

### 1.1. Origine génétique de blé dur :

Lorsqu'on examine l'origine génétique du genre *Triticum durum*, on constate le rôle de la polyploïdie dans l'évolution des blés. Ce terme désigne qu'à l'intérieur d'un groupe, le plus souvent un genre, les nombres chromosomiques plus élevés soient dérivés des nombres moins élevés, soit par des dédoublement combinés à des croisements souvent interspécifiques [4].

CAUDERON [5] a individualisé les trois grands groupes naturels de blés :

EINKORN (engrain), EMMER (amidonnier) et INKEL (epantre) dont le génome est constitué respectivement de 14, 28, 42 chromosomes avec un nombre basal,  $x=7$ , et il a proposé pour chaque groupe une formule génomique suivante :

T. monococum ;  $2x = AA$ .

T. durum ;  $4x = AB/AB$ .

T. aestivum ;  $6x = ABD/ABD$ .

Donc tous les blés ont eu en commun le génome A, issue de T. monococum [6], alors que le génome B appartient aux blés tétraploïdes et hexaploïdes, son origine reste encore mal connue.

PICARD [7] confirme que le blé dur est obtenue à partir d'un croisement entre T. monococum ( $2x = 14$ ) portant le génome (AA) avec une deuxième espèce apportant le génome (BB) à  $2x = 14$ , non encore identifiée.

MESSIAEN [8] estime que le génome B provient d'un autotétraploïde issue de T. urartu . Alors que le génome D ne se trouve que chez les hexaploïde ; son origine serait Aégilops squarosa [9] ou un agropyrum [10].

### 1.2. Création variétale par croisement :

#### 1.2.1. Croisement intraspécifique :

L'amélioration génétique d'une culture consiste à accumuler dans un même génotype ou groupes de génotypes, le maximum des gènes favorables [11].

Plusieurs voies permettent la création de nouvelles structures génétiques, donc d'accroître la variabilité génétique qui constitue un facteur important en amélioration des

plantes. L'hybridation constitue sans aucun doute le moyen le plus puissant pour créer des structures génétiques nouvelles. Cette opération permet aux génotypes de se croiser à l'intérieur d'une même espèce avec un ou plusieurs partenaires qui apportent des qualités complémentaires ou qui intensifient par l'effet cumulatif, les performances [12].

Selon DEMARLY [13] le croisement intraspécifique engendre, chez les plantes autogames, des recombinaisons de linkats de gènes existants chez les variétés parents et vise à rétablir de nouvelles balances chromosomiques. L'objet recherché réside dans l'obtention d'une meilleure balance interne [10]. Donc elle a comme objectif l'exploitation de la variabilité génétique par croisements entre variétés. L'autogamie est le régime naturel de reproduction chez le blé dur, ce régime ne donne que des individus homozygotes ou des lignées pures. L'hybridation intraspécifique est par conséquent la modification artificielle et brutale mais temporaire du système de reproduction [14].

Les individus (F1) issus de cette allogamie forcée seront complètement hétérozygotes, leur aspect morphologique est intermédiaire entre les parents ceci étant le résultat de l'existence de caractères intermédiaires dues au mélange de caractères dominants hérités partiellement d'un parent ou de l'autre [15]. Les hybrides (F1) varient beaucoup selon l'origine de la population parentale et suivant le sens du croisement. LAMPION [16] note que les hybrides (F1) de blé présentent, en général, un tallage et une fertilité des épis plus importante que ce des parents.

Dans beaucoup de croisement, la hauteur de la plante est un caractère dominant ou semi-dominant. Les descendances des générations suivantes ont tendance à retourner peu à peu à son régime naturel de reproduction, qui élimine progressivement l'hétérozygotie imposée par l'allogamie forcée [13]. Après un certain nombre d'autofécondation successives, l'homogénéisation du matériel génétique sera atteinte, les chromosomes homologues devenant identique [10].

L'acquisition de l'homozygotie s'effectue selon la vitesse de la consanguinité ; l'autofécondation étant le régime performant à l'aboutissement de la consanguinité.

### 1.2.2. Croisements interspécifiques :

On pratique cette méthode lorsque les caractères recherchés n'existent pas au sein de l'espèce, par exemple la rusticité. Dans ce cas, on utilise souvent des plantes issues d'espèces voisines généralement sauvages [12].

La réalisation d'hybridation interspécifique soulève cependant des problèmes :

- Difficultés de croisement dues à des barrières complexes de biologie florale, de compétition polliniques, d'incompatibilité et de non fécondation.
- La stérilité des hybrides : lorsque les stocks chromosomiques, en présence n'ont ni des nombres de bases identiques, ni des homologies, la méiose de l'hybride se caractérise par une asyndès.

## **CHAPITRE 2**

### **NATURE DES CARACTERES GENETIQUES**

#### 2.1. Caractère quantitatif :

La génétique quantitative a pour objet de quantifier la part génétique et la part environnementale dans la variance de certains traits exprimés [17], elle utilise des protocoles reconnus pour leur validité scientifique et pour la qualité de leur prédictibilité empirique, donc lorsque les diverses variantes d'un caractère si nombreuses dans une population que chacune d'elles ne décrit qu'un petit nombre d'individus, le caractère considéré est dit quantitatif [18]. Ces caractères génétiques ne sont pas hérités selon un mode de transmission mendélien. Ainsi, un caractère quantitatif (mesurable) au sein d'une population prend de valeurs qui, en général, obéissent à une distribution statistique [19].

Les généticiens ignorent le plus souvent les génotypes des caractères qu'ils étudient, seul les phénotypes leurs sont accessibles, la plus part de ces caractères sont des caractères mesurables comme le rendement, la précocité, la qualité des grains, on observe donc une variation continue de leur valeur.

On admet que plusieurs secteurs chromosomiques, portant un ou plusieurs gènes, sont impliqués dans le contrôle de ces caractères dits quantitatifs, et que de nombreux allèles sont responsables de la variabilité. En l'absence de connaissance des gènes impliqués, quel que soit le type de caractère quantitatif étudié, on le désigne habituellement sous le terme génétique de (QTL) de l'anglais « quantitative trait loci », « locus d'un caractère quantitatif »; la génétique moléculaire contribue à la recherche et à l'identification des gènes responsables de QTL [19], aussi grâce aux travaux de biologie moléculaire sur la constitution des cartes génétique ; qu'il est alors possible de localiser les composantes génétiques des caractères agronomiques, on identifie ainsi les régions sur les chromosomes impliquées dans le déterminisme de ces traits, ces régions sont dites comme nous avons déjà cité porteuses de QTL, un QTL peut comporter de 200 à 500 gènes différents parmi les quelles se trouvent les gènes recherchés [20].

Nous donnons ici un exemple de localisation d'un QTL impliqué dans la variation de la dureté du grain de blé, un des facteurs affectant la qualité boulangère des blés cultivés. L'établissement d'une carte génétique a permis d'identifier plusieurs QTL



impliqués dans la variation de la dureté du grain, un de QTL majeur est situé sur le chromosome 5 La figure ci-dessous représente une carte génétique d'une partie du chromosome 5.

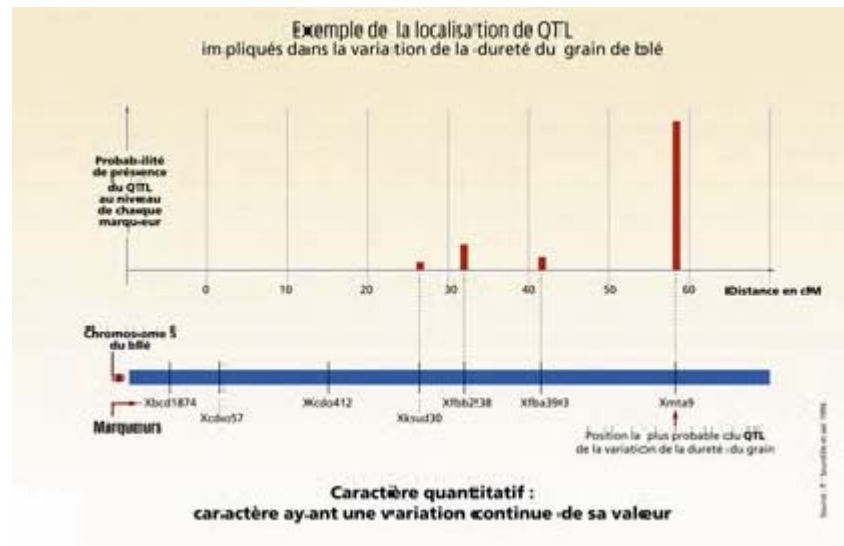


Figure 2.1 : QTL majeur situé sur le chromosome 5 impliqués dans la variation de la dureté du grain

Donc l'expression de plusieurs caractères quantitatifs dépend à la fois de l'environnement et de gènes, les gènes mineurs, dont le nombre par caractère quantitatif est supposé grand (10-100) auraient des actions similaires et cumulatifs dans l'expression du caractère quantitatif chaque gène mineur a un effet si faible qu'il est difficile de l'identifier individuellement à effet non spécifique, on donnant le terme polygènes [21]. Toute fois, en raison de changements drastiques et héréditaires qui s'observent par fois dans l'expression de certains caractères, des gènes majeurs doivent contrôler l'expression de tels caractères [21].

L'apparition des marqueurs moléculaires a permis la localisation de ces gènes, de nombreux gènes majeurs ont déjà été localisés, on peut citer par exemple : des gènes codant pour des protéines de réserve du blé, des gènes codent pour le taux en acide érucique chez les oléagineux, des gènes de résistance aux champignons chez le blé, gène de restauration de la stérilité mâle chez le colza et tournesol [1].

## 2.2. Caractère qualitatif :

Un caractère est qualitatif si les diverses variantes alternatives de ce caractère observable dans une population, se distinguent nettement les unes des autres et sont peu nombreuses (moins de dizaine le plus souvent). Chaque variante du caractère décrit alors un grand nombre d'individus de la population sa variation est dite discontinue. Donc un

caractère est dit qualitatif dans le cas où il est contrôlé par un nombre réduit de gènes et pour lequel les expressions dans un milieu peuvent être réparties sans problèmes en classes, il est possible d'identifier les unités de ségrégation en cause et d'en attribuer certains arrangements à des plantes.

## CHAPITRE 3

### EXPRESSION GENETIQUE D'UN CARACTERE CHEZ LE BLE DUR

Chez un groupe d'individus ayant le même génotype, une variabilité phénotypique peut se manifester ; cette dernière n'est due qu'à l'environnement [22].

Ce phénotype qui est déterminé par des gènes, peut être fortement modifié par d'autres facteurs que ces gènes, donc le phénotype ou les caractères héréditaires résulte de l'action conjointe de deux catégories de déterminants :

- A- Des gènes sans les quels le phénotype ne peut être produit.
- B- De divers facteurs autres que ces gènes, qui constituent ce qu'on désigne par milieu [4] et qui agissent avec les déterminants génétiques indispensables pour produire un phénotype donné, aussi la valeur d'un phénotype moyen au sein d'une population n'indique que le degré de variation d'un caractère ; pour mesurer la part de cette variabilité on l'exprime par la variance [23].

DEMARLY [13], LINTS [24] ont formulé la variance phénotypique comme suit:

$$V_p = V_g + V_e.$$

$$V_g = V_a + V_d + V_i.$$

$V_p$  : Variance phénotypique.

$V_g$  : Variance génétique.

$V_e$  : Variance environnementale.

$V_a$  : Variance additive due aux gènes à effet additif.

$V_d$  : Variance de dominance due aux interactions entre allèles appartenant aux mêmes loci.

$V_i$  : variance d'épistasie due aux interactions entre allèles appartenant à des loci différents.

Cette distribution des différents paramètres de la variance phénotypique permet d'estimer la contribution de chacun d'eux.

#### 3.1. Effets génétiques primaires :

Additivité, Dominance, Epistasie.

### 3.1.1. Effet d'additivité :

Selon DEMARLY [13], l'effet d'additivité d'une structure représente la part constante que sa présence apporte dans la réalisation d'un phénotype, elle est aussi un effet génétique résultant de l'action indépendante des gènes sur l'expression d'un caractère. Le terme indépendant désigne l'absence d'interaction entre gènes : leurs effets peuvent donc s'additionner c'est la part héritable des effets génétiques [25].

Cette effet se traduit par le fait que deux allèles homologues peuvent ajouter leur influence sur une fonction déterminée [10]. Elle exprime aussi l'effet moyen caractéristique d'un locus ou d'une zone chromosomique quel que soit le contexte génotypique qui l'environne [26], on parle d'additivité stricte (pour un caractère quantitatif) lorsque la valeur d'un hétérozygote à un locus est exactement égale à la moyenne des deux homozygotes correspondants. L'additivité stricte est synonyme d'absence de dominance [27]. La stabilité et la persistance de l'effet additif au cours de générations lui confère une grande importance en sélection.

### 3.1.2. Effet de dominance :

La dominance représente la somme d'interaction entre segments chromosomiques homologues [22] ; [13].

On peut dire autrement que la dominance se produit quand deux allèles sont différents et que l'un impose son action sur l'autre [10] ; [28]. Elle exprime aussi le masquage de l'effet phénotypique d'un allèle (récessif) par un autre (dominant). Par extension, c'est l'interaction entre gènes homologues [29].

Les relations dominance/récessivité entre allèles d'une série sont parfois complexes, tel allèles pouvant être à la fois dominant et récessif suivant l'autre allèle avec lequel il est combiné chez un individu diploïde [30], alors que la super-dominance exprime que dans certaines cas, l'hybride manifeste un caractère supérieur au meilleur parent [10].

La condition nécessaire à l'expression de la vigueur hybride ou hétérosis est la présence de la divergence génétique ; cependant, on a rencontré des individus (F1) inférieurs à leurs deux parents (hétérosis négatif), donc l'existence du multiallélisme d'une part et des effets d'épistasie et du linkage d'autre part introduit des facteurs négatifs dans l'expression de l'hétérosis [31] ce qui montre que la condition n'est valable que si on lui associe les variations de fréquences alléliques. Aussi, lorsqu'un croisement est effectué entre deux unités ayant des mécanismes d'adaptation différents dans un milieu considéré,

l'expression de l'hétérosis n'est plus l'étude de fonction des seules fréquences alléliques, ce ci fait ressortir que l'interaction génotype-milieu est importante [22].

### 3.1.3. Effet épistatique :

Il est évident que, pour la plus part des caractères complexes, plusieurs zones en divers points du génomes interviennent dans la réalisation de ce caractère, on peut décomposer la valeur génotypique en effet additivité et en interaction de dominance (pour des ségments homologues ), mais il existe d'autres interactions entre ségments non homologues constituent : les effets d'épistasie, ces interactions sont d'autant plus élevées que le nombre de loci en jeu est plus grand [13]. L'épistasie est aussi une forme d'interaction génétique dans la quelle un gène influence l'expression phénotypique d'un autre gène non allélique [24].

Selon LHERITIER [15] on parle d'épistasie lorsque la présence dans le génotype de certains gènes masquent la manifestation d'autre gènes.

HENRY [29] de sa part définit l'épistasie comme le masquage de l'effet phénotypique d'un gène par un autre gène situé à un locus différent. Par extension, c'est interaction entre gènes non homologues. Ce terme s'utilise également pour désigner l'allèle d'un gène donné qui, par l'activité de son produit ou son absence, abolit l'expression des phénotypes des autres gènes et impose à la place son propre phénotype [30]. La composante épistasie est éminemment instable au cours de générations [32]. On distingue deux types d'effets d'épistasie :

- Effets d'épistasie qui ont trait à des loci en position cis caractérisées par un linkage assez étroit, très recherchés en sélection du fait de leur permanence et de leur stabilité d'une génération à l'autre, ils sont considérés comme additivité, ils ne sont détruits que par des crossing-over.
- Effets d'épistasie qui se produisent entre des locis éloignés interviennent en position trans, ils se changes d'une générations à l'autre selon les rencontres gamétiques.

### 3.2. Héritabilité :

Plusieurs différences peuvent être observées entre les individus, soient elles proviennent de variations dans la constitution génétique, soient elles sont liées aux facteurs du milieu, donc le concept d'héritabilité exprime la part de la variance totale qui est attribuable à l'effet moyen des gènes [22]. Autrement dit, c'est le rapport de la variabilité héritable et la variabilité phénotypique globale [33].

Selon PLOMION [17] : l'héritabilité désigne aussi la part des gènes dans les différences interindividuelles, c'est à dire dans la variance d'un caractère exprimé par un échantillon de sujet. Il s'agit d'une mesure statistique et quantitative, elle définit la part des gènes et de l'environnement, elle concerne un ensemble d'individus, un échantillon statistique, elle analyse des traits dont la détermination provient des facteurs génétiques et environnementaux. L'héritabilité peut être interprétée comme la régression de la valeur génotypique sur la valeur phénotypique. On conçoit que cette notion d'héritabilité puisse être largement utilisée pour la préparation des programmes d'amélioration, elle est exprimée de deux manières :

**L'héritabilité au sens large** : c'est le rapport entre la variance génétique et la variance phénotypique; degré de confiance dans la prédiction de la valeur génotypique par la valeur phénotypique [27].

$$Hr^2 = \frac{V_g}{V_p} = \frac{V_g}{V_g + V_e}$$

**L'héritabilité au sens étroit** : rapport de la variance d'additivité à la variance phénotypique; degré de confiance dans la prédiction de la valeur des enfants (en croisement) par la valeur phénotypique des parents [27]. Cette méthode nous renseigne sur l'additivité qui peut être transmis avec certitude à la descendance. En effet, les caractères totalement déterminés par des gènes à effets additifs sont entièrement héritable [34].

$$Hr^2 = \frac{V_a}{V_p} = \frac{V_a}{V_g + V_e}$$

Dans les deux cas, le dénominateur est la variance phénotypique totale somme des variances génétiques résultant des effets d'additivité de dominance et d'épistasie des gènes et de la variance due aux effets du milieu.

Par la sélection massale et les techniques d'amélioration qui s'y rapportent, on ne peut utiliser que la variance génétique additive et il faut prendre ici l'héritabilité au sens strict. L'héritabilité peut être utilisée pour la solution de différents problèmes :

- L'héritabilité qui représente la fraction génétique de la variabilité phénotypique individuelle à l'intérieur d'une population.
- L'héritabilité qui représente la fraction génétique de la variabilité phénotypique entre familles, provenances, dans une plantation comparative donnée [35].

Dans le premier cas,  $h^2$  est un paramètre d'une population, dans le second, il est plutôt un paramètre de l'expérience en question. HANSON [36], désigne comme hérabilité les expressions mathématiques qui mesurent les progrès attendus de la sélection. Son principal argument est que le sélectionneur ne s'intéresse à L'hérabilité que pour cette raison. MERGEN [37], utilise L'hérabilité comme une mesure « de la rigidité du contrôle génétique » des caractères quantitatifs, autre application, si l'on note que l'hérabilité est toujours liée à une population ou à une expérience particulière;  $h^2$  exprime alors « l'importance relative » des sources génétiques de la variabilité. Enfin,  $h^2$  peut servir de mesure pour l'efficacité d'une expérience [38].

## CHAPITRE 4

### LA SÉLECTION DE BLE DUR

La sélection opère toujours du phénotype des individus. C'est parce que tel individu est plus apte à survivre et peut par conséquent mieux se reproduire [19], donc elle permette de choisir, parmi un grand nombre d'individus, ceux qui correspondent aux objectifs agronomiques ou de qualité définis au départ [39].

#### 4.1. Importance de l'étude de l'interaction génotype-environnement pour la sélection de blé dur :

L'adaptation au milieu est un objectif de sélection très recherché en amélioration des plantes et elle fait, le plus souvent, appel à l'analyse du rendement. L'améliorateur peut rechercher des génotypes présentant une <adaptation spécifique> c'est à dire une adaptation à des milieux spécifiques, ou au contraire une <adaptation générale> à des conditions de milieu variés. L'adaptation spécifique pourra être obtenue pour des stresses particuliers: citons, par exemple, l'adaptation du blé tendre d'hiver à une alimentation azotée sub-optimale, la tolérance de l'orge à la mosaïque. Alors que l'adaptation générale, appelée aussi adaptabilité, est conférée par une adaptation simultanée à un ensemble de contraintes du milieu, tel que le froid, la sécheresse, les maladies [40].

La notion d'adaptation est à replacer dans le contexte des interactions génotype-milieu car des variations d'adaptation se traduisent par des interactions génotype-milieu. Lorsque plusieurs génotypes sont étudiés dans plusieurs milieux, le caractère considéré, par exemple le rendement, présente deux sources de variations : celles dues aux génotypes, <effets de génotype>, et celles dues aux milieux, <effets du milieu> [40].

Par définition, on dit qu'il y a interaction génotype-milieu lorsque l'on s'écarte de la situation d'additivité, c'est à dire lorsqu'une condition de milieu affecte différemment les génotypes comparés et que l'écart entre les génotypes n'est pas le même selon les conditions du milieu. Fondamentalement, l'interaction entre les effets du génotype et du milieu est un concept statistique, dont la mise en évidence passe par les techniques de l'analyse de la variance [25].

On donnant ici un modèle d'étude de l'interaction génotype-milieu pour une parcelle X de génotype i dans le milieu j nous écrivons alors :



$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

où  $\alpha_i$  est l'effet de Génotype  $i$ ,  $\beta_j$  est l'effet d'Environnement  $j$ ,  $(\alpha\beta)_{ij}$  est le GE interaction effet, et  $\varepsilon_{ij}$  est l'erreur expérimentale résiduelle.

Pour mieux comprendre ce phénomène, il est important de définir les deux termes en jeu:

#### 4.1.1. Le génotype :

Le génotype d'un individu en un locus est l'ensemble des gènes qu'il possède à ce locus (deux gènes homologues pour un individu diploïde). Le génotype en plusieurs locus est l'ensemble des génotypes à chacun des locus [25]. Si l'on considère l'ensemble du génome et l'ensemble des caractéristiques phénotypiques des organismes, aucun individu ne peut être strictement identique à un autre, hormis le cas d'organismes obtenus par multiplication végétative ou le cas des vrais jumeaux (encore ces exceptions ne concernent-elle que le génotype). En pratique, nous emploierons les termes "génotype" et "phénotype" dans un sens restreint, c'est-à-dire pour les seuls caractères qui nous intéressent et les gènes qui les influencent.

#### 4.1.2. Le milieu :

##### 4.1.2.1. Le milieu: ensemble des causes non génétiques de variation :

Le milieu désigne l'environnement dans lequel vit l'individu observé, certains états physiologiques qui lui sont propres et l'observateur lui-même. La première acception est certainement la plus intuitive [25].

En production végétale, on range dans cette catégorie des facteurs tels que l'année (influence du climat), la parcelle (influence des conditions topographiques et de sol), les doses d'engrais appliquées aux différents stades du développement de la plante, les traitements phytosanitaires effectués, les conditions de récolte.

Dès maintenant, il faut introduire une autre classification des facteurs de milieu qui est déterminante dès lors que l'on est au stade de l'expérimentation ou de l'analyse des données recueillies sur le terrain.

##### 4.1.2.1.1. Les facteurs de milieu contrôlés :

Ils sont des facteurs de milieu que l'on identifie comme tels, dont on sait ou dont on pense qu'ils ont un effet important sur les caractères étudiés on parle également de macro-milieu [25]. Ici, non seulement on peut enregistrer les conditions propres à plusieurs

individus, mais on peut agir dessus : par exemple, on peut apporter à une culture une fumure azotée plus ou moins forte, mais contrôlée.

Les exemples donnés plus haut relèvent en fait tous de cette catégorie. Ainsi, en même temps que l'on mesure le rendement en grains d'un Champ de blé, on enregistre l'année correspondante, la parcelle. Au stade de l'analyse, on considère qu'un effet de macro-milieu s'applique en commun à tous les individus se trouvant dans une catégorie de milieu donnée.

#### 4.1.2.1.2. Les facteurs de milieu non contrôlés :

Ils sont des facteurs, soit que l'on ne maîtrise pas car ils échappent à l'observateur, soit que l'on n'enregistre pas car le recueil de l'information correspondante est trop compliqué ou trop coûteux. On pense que ces facteurs non contrôlés induisent chacun des faibles variations, car résultant de microphénomènes locaux, s'appliquant à de manière différente à chaque individu : on parle aussi de micro-milieu [25].

#### 4.1.3. Les bases génétiques de l'interaction génotype-milieu :

Selon GALLAIS [27], l'existence d'interaction génotype-milieu signifie que selon le milieu l'ensemble des gènes d'un génotype ne s'exprime pas de la même façon. Certains génotypes sont plus stables que d'autres, leurs performances varient moins selon le milieu : ils sont homéostatiques. Ainsi, lorsqu'il y a de l'hétérosis, un hybride simple est souvent plus stable que ses parents. Cela peut être due à l'hétérosis, mais il peut exister des gènes de stabilité, des systèmes de régulation permettant un meilleur fonctionnement du génotype dans des conditions assez variées de milieu. Une autre cause de stabilité de comportement est l'hétérogénéité intrapeuplement. Un peuplement hétérogène sera plus stable qu'un peuplement plus homogène [25]. Donc à partir de l'études de comportement il suffit de considérer qu'il existe des gènes d'adaptation aux différentes conditions de milieu, et que ces gènes sont à des locis différents [27].

## **CHAPITRE 5**

### **CRITERES DE SELECTION DE BLE DUR**

#### 5.1. Adaptation à la sécheresse :

L'eau constitue le milieu à la fois original et fondamental de tout processus biologique; il représente 85 à 90% du poids frais de la cellule [41] ; un déficit hydrique dans les régions semi-arides est considéré comme le facteur le plus limitant de production du blé dur. Donc le développement de variétés présentant une meilleure efficacité de l'utilisation de l'eau et tolérant à la sécheresse reste une des voies d'amélioration de la production [42].

Cependant, malgré les programmes d'amélioration du blé dans le monde du point de vue potentiel de production, la résistance à la sécheresse reste peu développée dans ce contexte, beaucoup d'études ont traité le problème de la tolérance à la sécheresse des variétés de blé dur et l'identification des principaux caractères de la tolérance à ce stress [43].

Pour mieux comprendre l'adaptation à la sécheresse, il est important de définir de manière satisfaisante les deux termes en jeu : sécheresse et adaptation.

##### 5.1.1. Notion de sécheresse :

C'est une combinaison complexe des contraintes hydriques et thermiques en interaction, qui peut prendre des formes très différentes d'un lieu à l'autre ou d'une année à l'autre, on peut dire aussi qu'il y a sécheresse lorsque l'eau devient un facteur limitant de la croissance et du rendement [44].

D'après HENIN [45], il y a sécheresse dès qu'il se produit dans la masse des tissus végétaux un déficit hydrique amenant à une baisse de rendement.

##### 5.1.2. Notion d'adaptation :

Elle est définie comme la capacité de la plante à croître et à donner des rendements satisfaisants dans des zones sujettes à des déficits hydriques périodiques ; elle représente également la capacité de survie durant des périodes de faible fourniture d'eau.

DEMARLY [32], note que l'adaptation à la sécheresse se traduit par une succession de modifications au niveau cellulaire et moléculaire qui sont dépendantes des potentialités

génétiques de l'espèce. Donc pour faire face à cette contrainte, la plante met en œuvre quelques caractères et mécanismes qui interviennent dans l'adaptation à ce stress.

### 5.1.3. Mécanismes d'adaptation de blé dur à la sécheresse.

#### 5.1.3.1. Paramètres phénologiques :

C'est l'esquive ou l'évitement, ou encore l'échappement ou aussi la précocité qui consiste à réaliser le cycle de développement pendant la période favorable ; c'est un moyen pour la plante de réduire ou d'annuler les effets du stress hydrique en évitant qu'il se produise au cours du cycle et en particulier, au cours d'une phase sensible ou critique [44].

Il permet à la plante de ne pas subir directement les contraintes hydriques en réalisant son cycle en dehors des périodes sèches, ce paramètre est conditionné par une bonne tolérance au froid et une capacité de croissance printanière élevée des variétés [41].

#### 5.1.3.2. Paramètres morphologiques :

##### 5.1.3.2.1. La hauteur de la plante :

Les sélectionneurs ont toujours admis que les variétés de céréale (blé) les plus tolérantes à la sécheresse sont à paille longue ; cette relation entre la hauteur de la plante et la sécheresse s'explique par :

La capacité de remplissage du gain en cas de déficit hydrique à partir des quantités d'assimilats stockées dans la tige.

Le fait qu'une taille élevée du chaume est souvent associée à un système racinaire profond et donc une meilleure aptitude à extraire l'eau du sol [46].

##### 5.1.3.2.2. La longueur du col de l'épi :

Il est considéré comme un critère de sélection très important des génotypes tolérants au déficit hydrique, son influence se traduit par les quantités d'assimilats stockées dans cette partie de la plante qui vont être transportés vers le gain pendant le remplissage [47].

##### 5.1.3.2.3. La surface et la morphologie foliaire :

La morphologie et la surface des feuilles sont des caractères liés à la réduction des pertes d'eau ; on a réduction de la surface transpirante au cours du cycle de la plante, il provient d'une accélération de la sénescence foliaire qui réduit les accumulations intenses d'acide abscissique qui signe l'entrée en vie latente de la feuille ; chez certaines variétés de blé l'acide abscissique foliaire migre vers l'épi, où il induit la stérilité des épillets [41].

#### 5.1.3.2.4. Le système racinaire :

Le maintien du potentiel hydrique foliaire est également lié à une optimisation de l'absorption de l'eau par les racines liée à un ensemble complexe de caractères morphologiques racinaires : profondeur, masse et volume, ramifications [41].

Selon BENSALÉM et MONNEVEUX [48], des caractéristiques d'enracinement susceptibles de conférer une tolérance au déficit hydrique ont été recherchés chez différentes espèces primitives de blé que leur aptitude à maintenir une teneur en eau relativement élevée en cas de déficit hydrique (T.dicccocum, T.carthlicum et T.polonicum) ainsi, que chez l'espèce cultivée : T.durum.

#### 5.1.3.3. Paramètres physiologiques :

Ils concernent l'accumulation des sucres solubles, des Acides Aminés, des Acides organiques (Acide malique) ; parmi les Acides Aminés, la proline semble jouer un rôle dans la protection des membranes et des systèmes enzymatiques ainsi qu'un rôle de régulation du PH [44].

#### 5.1.4. Génétique des caractères morphophysiologiques de tolérance au déficit hydrique : variabilité, héritabilité

Les études de transmission ou d'héritabilité des caractères physiologiques sont peu nombreuses. Ceci est principalement due à la difficulté de mener des études physiologiques, souvent lourdes, sur un grand nombre d'individus hétérozygotes différents (ce qui interdit, en particulier, la répétition des mesures). Quelques résultats ont pu toutefois être notés :

La conductance stomatique chez le blé est déterminée par des effets additifs et de dominance et l'héritabilité a été évaluée à 0,25 [49].

La capacité d'accumulation d'acide abscissique (qui conditionne la fermeture des stomates) présente des variations génétiques importantes [50], mais dépend également de l'âge de la plante et du potentiel hydrique foliaire [51].

La présence de cires épicuticulaires [52]. La quantité de cires est conditionnée par deux loci (Bm1 et Bm2) tandis que leur nature est contrôlée par des allèles récessifs correspondant à trois loci au moins (h1, h2 et h3); les deux caractères ségrèguent de manière indépendante et aux différentes combinaisons correspondent divers types et quantités de cires.

ARMENTA-SOTO et al. [53] et EKAYANAKE et al. [54] mettent en évidence des effets additifs et de dominance pour les caractères suivants :

- la profondeur racinaire,
- le nombre de racines,
- Le rapport masse des racines/parties aériennes, dont l'héritabilité est d'un niveau moyen.

Le nombre de racines séminales est un caractère fortement héritable [55].

La capacité d'ajustement osmotique, les études génétiques conduites par MORGAN [56] sur la descendance d'un croisement entre génotypes dont les capacités d'ajustement sont contrastées suggèrent un déterminisme simple (deux allèles d'un même locus, «forte capacité d'ajustement», de nature récessive.

Les paramètres morphophysologiques retenus ne peuvent, en toute rigueur, être utilisés en sélection qu'après vérification de leur rôle effectif dans la tolérance et si leur héritabilité est suffisante pour donner prise à la sélection.

La validation du rôle de ces caractères peut être effectuée soit en créant des lignées isogéniques, soit en appliquant un schéma de sélection divergente.

La création de lignées isogéniques n'est, en l'état actuel des recherches, réalisable que pour des caractères morphologiques à déterminisme génétique simple. Dans le cas de caractères physiologiques (à déterminisme génétique plus complexe), on a généralement recours à la sélection divergente. Des exemples de schéma de sélection divergente ont été présentés par ACEVEDO et CECCARELLI [57] et AL HAKIMI et MONNEVEUX [58].

#### 5.1.5. Utilisation de marqueurs moléculaires pour l'amélioration de la tolérance au déficit hydrique

Le développement des techniques de biologie moléculaire a ouvert une nouvelle voie à l'étude des réactions de la plante face aux stress. Plusieurs approches sont actuellement proposées. Il est possible d'analyser, à plusieurs niveaux, les modifications du génome intervenant au cours du stress. Elles peuvent avoir lieu au niveau de la transcription (lecture de la partie codante du gène et synthèse d'ARN messenger), de la traduction du messenger en protéines et lors des phases post-traductionnelles. Les techniques d'électrophorèse et d'hybridation moléculaire permettent de séparer et de repérer des protéines et des ARN messagers nouvellement apparus ou disparus [44].

Plusieurs stratégies peuvent fournir des informations sur l'induction de produits d'expression lors d'un stress hydrique.

Selon Al HAKIMI et MONNEVEUX [58] on peut induire un stress sur une plante entière ou une plantule, puis suivre les modifications au niveau des protéines ou des ARN messagers au cours du stress, et remonter ensuite aux gènes correspondants en utilisant les protéines ou ARN messagers spécifiques du stress pour fabriquer des sondes destinées à cribler des banques de gènes : ces banques génomiques sont constituées par l'ADN d'une plante, fragmenté et isolé par morceaux dans ce que l'on appelle des vecteurs de clonage qui permettent l'amplification des fragments par une bactérie ou un virus. Plusieurs gènes ont été identifiés grâce au suivi de l'expression génique au cours du développement et, notamment, lors de la formation de la graine ou lors de sa germination. Au cours de ces phases, se produisent «naturellement» déshydratations et réhydratations auxquelles les plantes se trouvent de fait adaptées [59].

Connaissant les voies métaboliques impliquées dans la réponse au stress, on peut tenter de cloner les gènes correspondant aux enzymes clés de ces réactions et analyser leur modulation d'expression au cours du stress ou modifier leur niveau d'expression et suivre la réaction de la plante. L'étude des mutants pour ces voies métaboliques ou la transmission du message hormonal de stress peut donner des informations supplémentaires sur les régions du génome impliquées [44].

Des résultats encourageants ont déjà été obtenus par ces différentes approches, des gènes régulés au cours du stress hydrique ont ainsi pu être identifier [59].

Tous les gènes impliqués peuvent être regroupés en petites familles possédant des caractéristiques structurales communes. Un certain nombre d'entre eux sont inductibles par l'acide abscissique, comme «messager» du stress, certains pourraient coder pour des protéines jouant un rôle par leur liaison avec l'eau, par leur pouvoir osmoprotecteur, comme canaux ioniques, ou encore comme protéines régulatrices. Ces gènes, dont le rôle peut se situer au niveau des différentes voies métaboliques, de la régulation de l'expression du génome ou de la création et de la reconnaissance du signal de stress, pourraient être utilisés pour transformer des plantes et étudier ainsi leur rôle dans les plantes transgéniques obtenues [60] ; [61].

Les approches moléculaires basées sur la recherche de marqueurs inductibles de réponse au stress posent toutefois une série de questions. Tous les gènes induits par le stress ont-ils vraiment un rôle dans l'acquisition de la tolérance au stress ou bien ne font-ils que marquer le stress subi par les plantes. Comment les relier aux critères physiologiques précédemment définis et les utiliser dans un schéma de sélection?

La transformation d'une plante par un petit nombre de gènes dans n'importe quel fond génétique est-elle suffisante pour conférer à la plante une meilleure tolérance au stress.

#### 5.1.6. Recherche et localisation de marqueurs de tolérance inductibles par le stress hydrique :

La stratégie choisie consiste, ici encore, à comparer les profils protéiques de plantes en conditions de stress à ceux de plantes témoins non stressées, mais en comparant cette fois plusieurs génotypes à comportement contrasté, considérés comme «tolérants» et «sensibles»[39].

L'électrophorèse bidimensionnelle et le marquage spécifique des protéines synthétisées pendant la période d'application du stress permettent de noter des différences d'expression génique en cours de stress et, donc, de repérer des marqueurs inductibles par le stress, spécifiques de génotypes tolérants. D'autres protéines inductibles par le stress peuvent être présentes chez les deux types de génotypes (tolérants et sensibles), mais présenter une cinétique d'apparition différente au cours du stress. Après avoir repéré ces marqueurs, il est possible, comme précédemment, de remonter au niveau des gènes correspondants et de tenter de les localiser sur le génome (par cartographie ou en utilisant des lignées d'addition ou des lignées aneuploïdes). Ce type d'étude a été déjà réalisé sur la tolérance au froid et aux hautes températures [62].

#### 5.5.7. Étude du polymorphisme des marqueurs moléculaires et relation avec la tolérance au stress :

Cette approche consiste à rechercher des liaisons phénotypiques entre le marqueur et le comportement en conditions limitatives. On peut ainsi rechercher des corrélations entre le polymorphisme de type RFLP (restriction fragment length polymorphism), observé entre un grand nombre de génotypes à comportement contrasté face au stress hydrique, et leurs caractères morphophysologiques [63] : s'il existe une corrélation statistique forte entre la présence d'allèles donnés au locus de certains marqueurs et un caractère de tolérance, ces marqueurs pourront être utilisés, lors d'une seconde étape de recherche de liaison génétique sur des populations en ségrégation, pour confirmer leur validité en tant que marqueurs du stress. On peut utiliser, comme sondes, des séquences ADNc ou génomiques correspondant à des gènes impliqués dans la réponse au stress hydrique [64].



### 5.1.8. Recherche de QTL « sécheresse » :

L'idée de la recherche de QTL (quantitative trait loci), ou locus déterminant un caractère quantitatif, est de localiser des zones du génome impliquées dans la variation de ce caractère [65]. On mesure la valeur du caractère analysé sur une descendance en ségrégation (populations issues de descendance monograine ou populations d'haploïdes doublés sur laquelle aura préalablement été établie une carte génétique sommaire. Ces populations permettent de suivre la coségrégation de marqueurs et/ou de caractères agronomiques intéressants.

En recherchant des QTL, on peut trouver plusieurs régions encadrées par des marqueurs moléculaires dont la variation allélique est liée à la valeur phénotypique. C'est ainsi que, chez la tomate, ont été localisés des QTL pour la quantité de sucres solubles, la masse et le pH des fruits [66].

En ce qui concerne la tolérance aux stress abiotiques, si plusieurs QTL, correspondant à différents paramètres physiologiques de mesure de tolérance au stress, étaient susceptibles de se trouver au même locus sur un chromosome donné, ils confèreraient à la région concernée un grand intérêt pour une sélection multicaractères [39].

Il faut néanmoins définir les limites de cette méthode. L'existence d'interactions QTL-environnement et l'extrapolation des QTL à d'autres génotypes restreignent leur utilisation. Par ailleurs, cette méthode est dépendante de la définition des critères de tolérance à mesurer et de leur signification véritable dans la tolérance ou les différents types de tolérance possibles. Le choix des critères physiologiques de mesure de la tolérance au stress conditionne en effet la pertinence de la technique QTL [39].

### 5.2. Adaptation au froid :

Les céréales sont capables d'augmenter considérablement leur résistance au froid lorsqu'elles sont soumises à des températures basses. Le site d'action du gel sur les tissus végétaux est localisé au niveau des membranes cellulaires. [67].

Chez le blé, la sensibilité au froid varie selon son stade de développement :

Dès la germination, la résistance est son minimum, une température inférieure à 0°C entraîne la destruction du grain [68].

De la levée jusqu'au développement de la cinquième feuille, la résistance au froid est assez grande et passe par le maximum au stade 4 à 5 feuilles, en relation avec la formation des racines secondaires [68].

Pendant la croissance ou période de croissance, le blé peut résister à des températures  $-5$  en présence de neige [69] alors que sa résistance diminue ensuite de telle sorte que les froids sont les plus à craindre [68] ; à la phase de formation de l'épi, les gelés sont les plus dangereuses, car elles provoquent la coulure en conséquence une baisse du rendement.

En générale, le froid influe négativement sur le croissance de la plante, donc tout le métabolisme de celle-ci est freiné, si non arrêté ; il y a influence directe sur l'absorption et l'alimentation et également sur la circulation de la sève [70].

Ainsi, pour que la plante résistance au froid, elle doit nécessairement impliquer au niveau cellulaire un mécanisme de protection des structures membranaires ; pour cela, de nombreuses études in-vitro portant sur des membranes chloroplastiques en suspension, ont en effet, clairement montré que la destruction des membranes cellulaires par le gel peut être totalement empêchée, si des substances telle que les sucres, des acides organiques et certaines acides aminés, en particulier la proline, sont présents dans leur environnement pendant le gel [67].

Selon GATE [71] les sucres solubles peuvent exercés différents rôles dans la protection de la cellule contre le gel leur principale fonction étant d'augmenter la température pour qu'il n'ait pas cristallisation de l'eau et formation des cristaux. En ce qui concerne les protéines. Parmi les acides aminés qui s'accumule avant et pendant l'acquisition de la résistance au gel, la proline présente l'augmentation la plus rapide et la plus intense.

Chez le blé on a pu constaté que l'accumulation de proline libre, après un traitement au froid, est beaucoup plus forte chez les variétés très résistantes que chez les variétés sensibles : la proline maintient la complète hydratation des enzymes et des protéines membranaires pendant le gel [71].

En outre, des caractéristiques tel qu'un port étalé de tallage et des feuilles longues et étroites indiqueraient une certaine résistance au froid, par contre un port dressé ou demi-dressé et des feuilles larges favoriseraient une moindre résistance au froid [72].

En général, le comportement de blé à l'égard du froid dépend à la fois des facteurs génétiques, de l'état physiologique de la plante, particulièrement de la concentration du sel vasculaire qui est fonction du stade de développement et du froid lui-même.

### 5.3. Productivité :

La productivité est la capacité de production, définie par le rendement maximum d'une variété placée dans des conditions agro-climatiques favorables [73] ; elle est conditionnée par le tallage, la fertilité de l'épi et le poids grain.

On le définit aussi comme le rendement maximal que pourrait atteindre un génotype placé dans un milieu optimal, du quel serait absent tout facteur pouvant limiter l'expression du rendement [44]. Ainsi, pour obtenir un bon rendement, on accumule dans un même génotype le maximum des gènes favorables, lui permettant de mieux utiliser les ressources de milieu. En Algérie, plusieurs études ont été entreprises par l'I T G C afin de sélection des caractéristiques qui sont associés au rendement ; ces recherches consistent à combiner le potentiel de production avec la tolérance aux stressés donc à identifier et à créer des génotypes capables de produire un maximum de grains en conditions défavorables.

### 5.4. Résistances aux maladies et déprédateurs :

Les sélectionneurs recherchent parmi les critères de sélection, la résistance génétique des cultures aux agents pathogènes et ennemis.

La lutte génétique, par création des variétés résistantes, constitue une importante préoccupation de la recherche :diverses études sont consacrées au domaine de la résistance.

C'est la capacité de la plante à s'opposer de manière partielle ou totale au développement du pathogène : ce qui intéresse plus le sélectionneurs est la stabilité de la résistance : dès qu'il dispose d'un géniteur résistant, il s'empresse de l'hybrider avec les variétés sensibles et d'étudier le comportement des descendants issues de ce croisement, vis-à-vis du pathogène [74].

## CHAPITRE 6

### MATERIELS ET METHODES

#### 6.1. Objectif de l'étude :

L'amélioration de blé dur est multidirectionnelle, elle cherche à créer de nouvelles structures génétiques performantes, ces dernières doivent être productives, résistantes aux contraintes biotiques et abiotiques et présentent une bonne stabilité de rendement et bonne adaptation à différents environnements, ce qui est recherché par les améliorateurs et les sélectionneurs.

L'objectif visé dans cette étude consiste à montrer l'importance de l'étude de l'interaction génotype-milieu dans un programme d'amélioration et de sélection de blé dur et d'étudier la stabilité du rendement en grain qui nécessite de lier la notion de régularité de production à des caractères morphologiques mesurables sur la plante et des caractères physiologiques et phénologiques, qui participent à la tolérance aux divers stressés et à la régularité de la production.

Les améliorateurs ont constaté que l'utilisation des sites expérimentaux représentatifs de la région dans laquelle les variétés allaient être testées, était la méthode la plus efficace. Dans notre étude, les lignées testées sont des générations F4 et F5 issues d'un croisement intraspécifique en vue de créer des variétés lignées ou lignées pures qui sont formées par un génotype homogote pour l'ensemble de ses loci. Ce type de variétés a pour avantage son uniformité, sa stabilité, et sa facilité de maintien.

#### 6.2. Etude du milieu expérimental:

Les essais ont été réalisés dans les deux stations expérimentales de l'institut technique de grande culture d'Alger (Oued Smar) et de Constantine (El Khroub).

##### 6.2.1. Présentation des deux stations :

###### 6.2.1.1. Station d'Oued Smar :

Située dans la commune d'Oued Smar, les coordonnées géographiques de la station étant les suivantes:

- Latitude : 36.43.
- Longitude : 30.08.
- Altitude : 24 m.

### 6.2.1.2. Station de Khroub :

Située à 4 Km Sud-est de Constantine :

- Altitude : 640m.
- Latitude : 6 ,67 Est.
- Longitude : 36,25.
- Superficie agricole utile (S A U) : 22ha

### 6.2.2. Les caractéristiques climatiques des deux Sites (stations)

#### 2.2.1. Site d'Oued Smar

Tableau 6.1: Précipitations enregistrées au mm durant la campagne 2002-2003  
(Station météorologique ITGC)

Mois	Précipitations (mm) 2002-2003	Nombre de jours de pluie 2002-2003	Accidents climatiques		
			Grêle	Neige	Sirocco
Septembre	16.4	2			
Octobre	40.4	1			
Novembre	167.5	9			
Décembre	121.4	9			
Janvier	202.6	15			
Février	144.5	11			
Mars	23.7	03			
Avril	98.6	06			
Mai	32.3	02			
<b>Totale</b>	<b>847.4</b>	<b>58</b>			

La campagne 2002-2003 a été une année pluvieuse de par la quantité de pluie enregistrée qui est de 847.4 mm.

Cette quantité bien que bénéfique pour les différentes espèces de céréales a toute fois été un contraintes quant a la réalisation de l'opération de désherbage chimique ce qui a favorisé le développement des mauvaises herbes thermophiles d'un coté et des asphyxie dans les parcelles.

Tableau 6.2 : Températures mensuelles (en C°) de la campagne 2002-2003  
(Station météorologique ITGC)

Mois	Températures (C°) 2002-2003		
	T min	T max	T moy
Septembre	14.1	27.9	21.00
Octobre	13.1	27.8	20.45
Novembre	9.46	20.7	15.08
Décembre	9.8	20.1	14.95
Janvier	7.5	17.0	12.25
Février	6.1	15.3	10.7
Mars	7.76	20.9	14.43
Avril	7.2	22.9	15.05
Mai	10.7	23.4	17.05

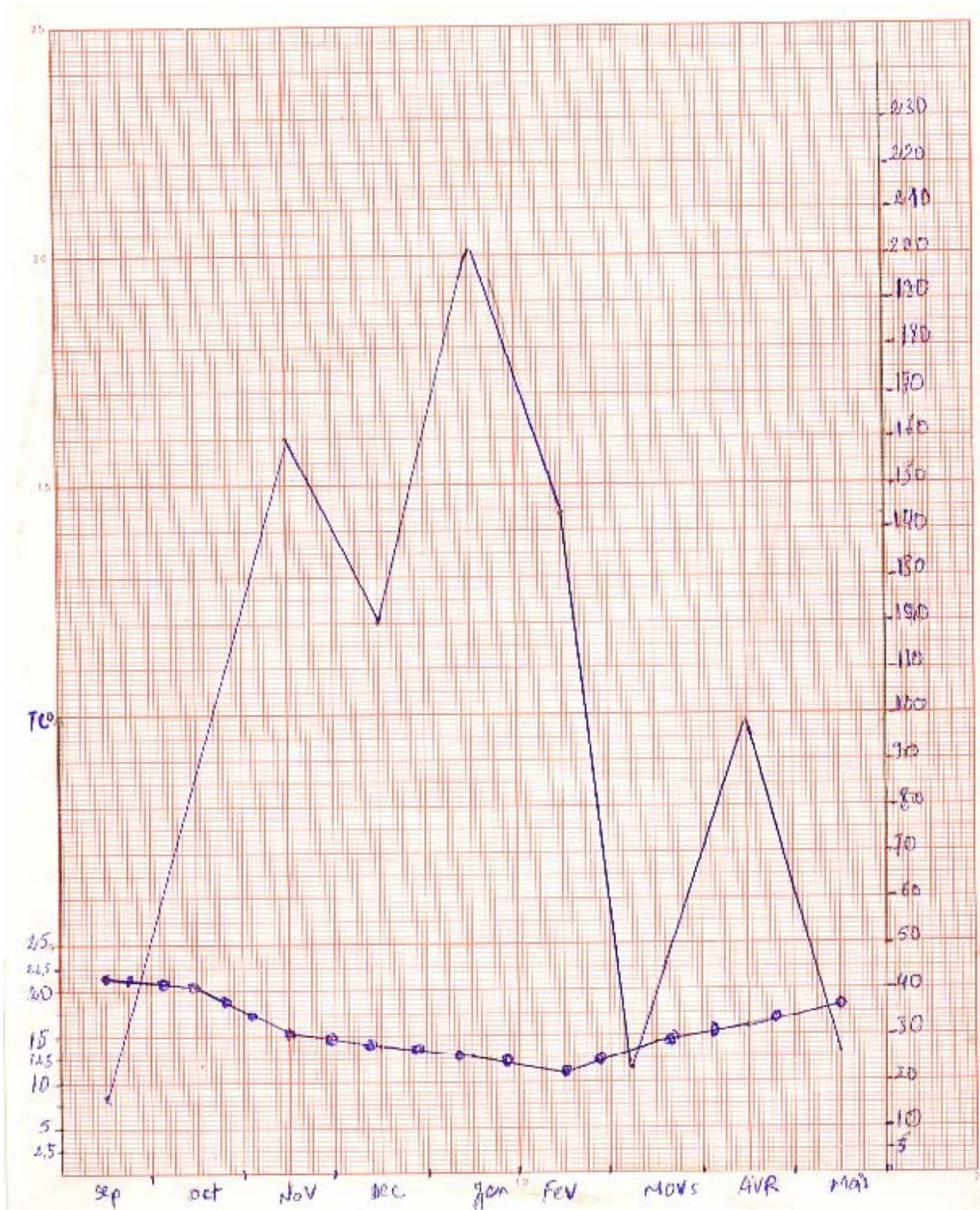


Figure 6.1 : Diagramme ombrothermique site Oued Smar (2002-2003)

6.2.2.2. Site de Khroub

Tableau 6.3 : Précipitations enregistrées au mm durant la campagne 2002-2003  
(Station météorologique ITGC)

Mois	Précipitations (mm) 2002-2003	Nombre de jours de pluie 2002-2003	Accidents climatiques		
			Grêle	Neige	Sirocco
<b>Septembre</b>	10.5	6			
<b>Octobre</b>	35.6	8			
<b>Novembre</b>	123.9	12			
<b>Décembre</b>	134.3	16	*	*	
<b>Janvier</b>	186.7	13	*	*	
<b>Février</b>	135.6	10		*	
<b>Mars</b>	52.1	5			
<b>Avril</b>	63.2	9			
<b>Mai</b>	15.3	2			
<b>Totale</b>	717.1	81			

Tableau 6.4 : Températures mensuelles (en C<sup>0</sup>) de la campagne 2002-2003  
(Station météorologique ITGC)

Mois	Températures (C <sup>0</sup> ) 2002-2003		
	T min	T max	T moy
<b>Septembre</b>	12.3	29.6	20.95
<b>Octobre</b>	12.1	29.2	21.55
<b>Novembre</b>	7.2	18.6	12.9
<b>Décembre</b>	7.1	14.2	10.65
<b>Janvier</b>	5.1	09.6	7.35
<b>Février</b>	5.2	10.2	7.7
<b>Mars</b>	6.4	13.2	9.8
<b>Avril</b>	6.2	17.8	12
<b>Mai</b>	8.2	22.4	15.3

La campagne 2002-2003 a été une année pluvieuse de par la quantité de pluie enregistrée qui est de 697.1 mm. Cette quantité est bénéfique pour les différentes espèces de céréales.



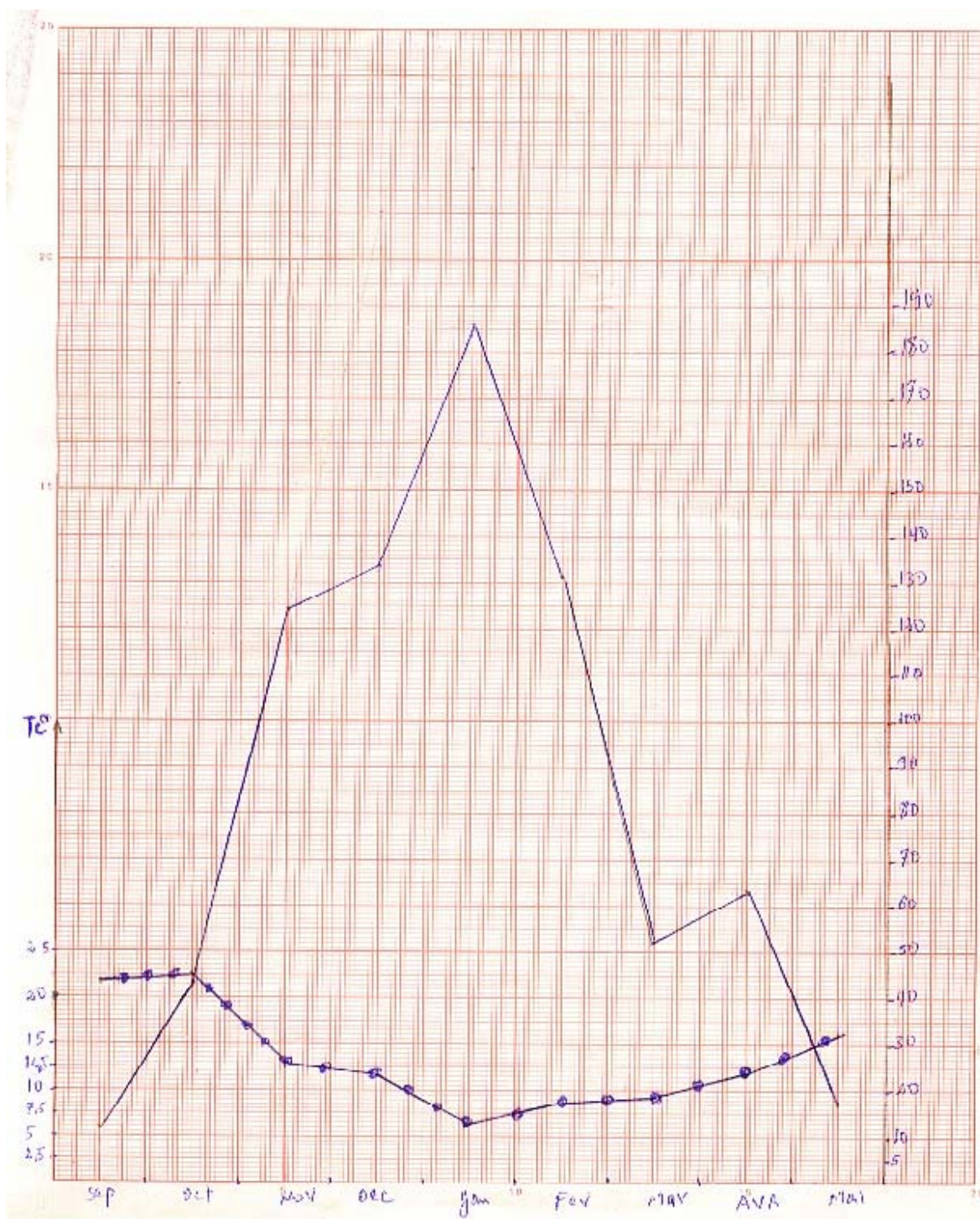


Figure 6.2 : Diagramme ombrothermique site Khroub (2002-2003)



### 6.2.3. Caractéristiques du sol :

Afin de déterminer les caractéristiques de notre sol, nous avons effectué des analyses physiques et des analyses chimiques à deux profondeurs (0-20cm et 20-40cm) représentés dans le tableau ci-dessus :

Tableau 6.5 : Méthodes d'analyses utilisées

<b>Analyses</b>	<b>Méthodes</b>
<b>Texture (%)</b>	Méthode internationale utilisant la pipette de robinson.
<b>Calcaire (%)</b>	Méthode gazométrique (dosage au calcimètre BERNARD)= $\%p/v * v/p$
<b>Matière organique (M.O)(%)</b>	$M.O = \%C * 1.72$
<b>PH</b>	Méthode électrométrique à l'électrode de verre basée sur la loi de NERLST
<b>Conductivité électrique (C.E mmhos/cm)</b>	Détermination à l'aide d'un conductimètre (METROHM) sur extrait aqueux de sol au 1/5=clue VF.
<b>P2O5 (PPm)</b>	Méthode d'OLSEN $P2O5 = u/v * V/p$ .
<b>K2O (PPm)</b>	Dosage au spectrophotomètre à flamme gorès extraction par la méthode classique.
<b>N (%)</b>	Méthode KJELDHAL.

#### 6.2.3.1. Station de Oued Smar :

##### 6.2.3.1.1. Caractéristiques physiques

Les analyses granulométriques ont donné les résultats représentés dans le tableau (6.6).

Tableau 6.6 : Analyses physiques du sol

<b>Fractions granulométriques.</b>	<b>0-20 cm</b>	<b>20-40 cm</b>
<b>Argile (%)</b>	50.61	52.53
<b>Limon (%)</b>	30.02	29.18
<b>Sable (%)</b>	19.08	18.57

Notre sol est de texture argileu-limoneuse [75].

##### 6.2.3.1.2. Caractéristiques chimiques :

Les résultats sont enregistrées dans le tableau (6.7)

Tableau 6.7 : Analyses chimiques du sol

<b>Profondeur</b>	<b>pH</b>	<b>C.E mmhos/cm</b>	<b>Caco3 (%)</b>	<b>C (%)</b>	<b>M.O (%)</b>	<b>P2O5 (PPm)</b>	<b>N (%)</b>	<b>C/N</b>	<b>K2O (PPm)</b>
0-20cm.	7.7	0.70	0	0.62	1.06	161	0.20 3	3.05	168
20-40cm.	7.8	0.70	0	0.00 08	0.002	172	0.17 5	0.00 4	158

D'après le tableau (6.7), nous pouvons tirer les résultats suivants :

**pH** : la réaction de notre sol est légèrement basique, un sol de texture argileuse peut avoir un pH de l'ordre de 7 à 7.8 sans inconvénients.

**Caco<sub>3</sub>** / : la teneur en calcaire est nul donc le sol est non calcaire.

**Matière organique (M O)** : la teneur en matière organique souhaitable pour un sol à taux d'argile dépasse 30% à 3.5% dans notre cas la teneur est faible [75].

**C.E** : l'échelle de la salure évaluée en fonction de la conductivité électrique de l'extrait aqueux montre que le sol est non salin.

**N%** : pour les deux profondeurs (0-20cm) et (20cm-40cm) du sol analysé, la teneur en cet élément dépasse 0.05%, donc notre sol est riche en N car un sol ayant une teneur en azote supérieure à 0.05% est un sol riche en cet élément [76].

**C/N** : ce rapport est faible : le degré de décomposition de la matière organique est donc élève ce qui rejoint la teneur en matière organique que nous avons enregistré.

**P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> et K<sub>2</sub>O** : dans l'ensemble des deux couches étudiées la teneur en P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> et K<sub>2</sub>O très faible, ce sol nécessite donc une correction.

#### 6.2.3.2. Station de Khroub :

##### 6.2.3.2.1. Caractéristiques physiques

Tableau 6.8 : Analyses physiques du sol

<b>Fractions granulométriques.</b>	<b>0-20 cm</b>	<b>20-40 cm</b>
Argile (%)	38.50	30
Limon (%)	20.15	26.12
Sable (%)	18.04	17.20

Il ressort de ce tableau que, le premier horizon est de texture argileuse, le deuxième est de type argileu-limoneuse [77].

##### 6.2.3.2.2. Caractéristiques chimiques

Tableau 6.9 : Caractéristiques chimiques du sol

<b>Profondeur</b>	<b>pH</b>	<b>C.E mmhos/cm</b>	<b>Caco<sub>3</sub> (%)</b>	<b>C (%)</b>	<b>M.O (%)</b>	<b>P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> (PPm)</b>	<b>N (%)</b>	<b>C/N</b>	<b>K<sub>2</sub>O (PPm)</b>
0-20cm.	8.40	0.018	12.00	0.55	0.95	34.80	0.62	0.88	91
20-40cm.	8.30	0.22	12.12	0.73	1.25	16.55	0.517	1.42	24.8

D'après le tableau nous pouvons tirer les résultats suivantes :

**pH** : la réaction de notre sol est basique [75].

**Caco<sub>3</sub>%** : Le sol est moyennement riche en calcaire dont la teneur est de 12% entre 5% et 15%.

**M.O%:** la teneur en matière organique souhaitable pour un sol à taux d'argile dépasse 30% est de 3% à 3,5% ,dans notre cas la teneur est faible [75].

**C.E :** l'échelle de salure évaluée en fonction de la C.E de l'extrait aqueux montre que le sol est non salin, car la valeur est inférieure à 2mmhos/cm.

**N% :** pour les deux profondeurs du sol analysées la teneur en cet élément dépasse 0.05%, notre sol est riche en azote, car un sol ayant une teneur supérieure à 0.05% est un sol riche [76].

**C/N :** ce rapport est faible ; donc le degré de décomposition de la M.O est élevé, ce qui rejoint la teneur en M.O que nous avons enregistré.

**P2O5 et K2O :** dans l'ensemble des deux couches étudiées la teneur en P2O5 et K2O est très faible ce qui nécessite une correction.

### 6.3. Protocole expérimental

#### 6.3.1. Dispositif expérimental

L'essai a été réalisé dans un dispositif expérimental en split-plot avec deux facteurs étudiés.

- Le facteur principal : Les lignées avec 7 niveaux pour F4 et 4 niveaux pour F5.
- Le facteur secondaire : Environnement avec 2 niveaux.

**Génération F4 :** Nous avons 2 blocs, 14 traitements, 28 unités expérimentales.

**Génération F5 :** Nous avons 2 blocs, 8 traitements, 16 unités expérimentales.

Donc en total nous avons 2 blocs, 22 traitements, 44 unités expérimentales.

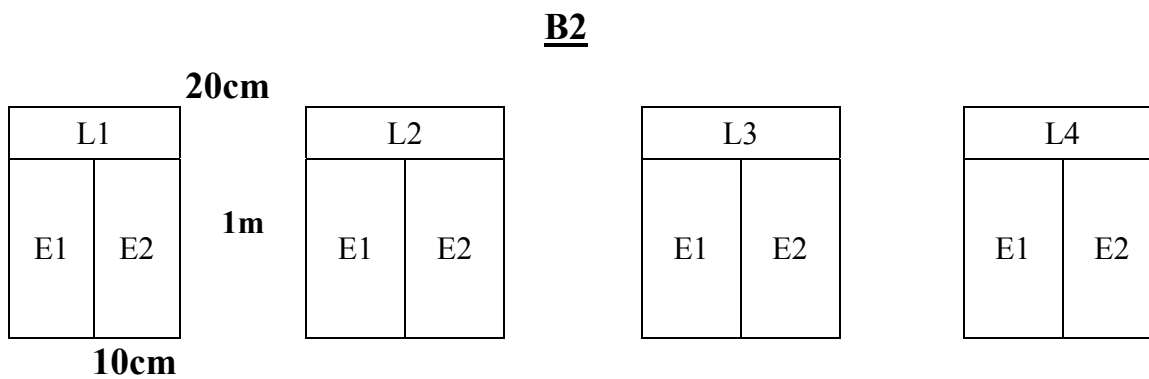
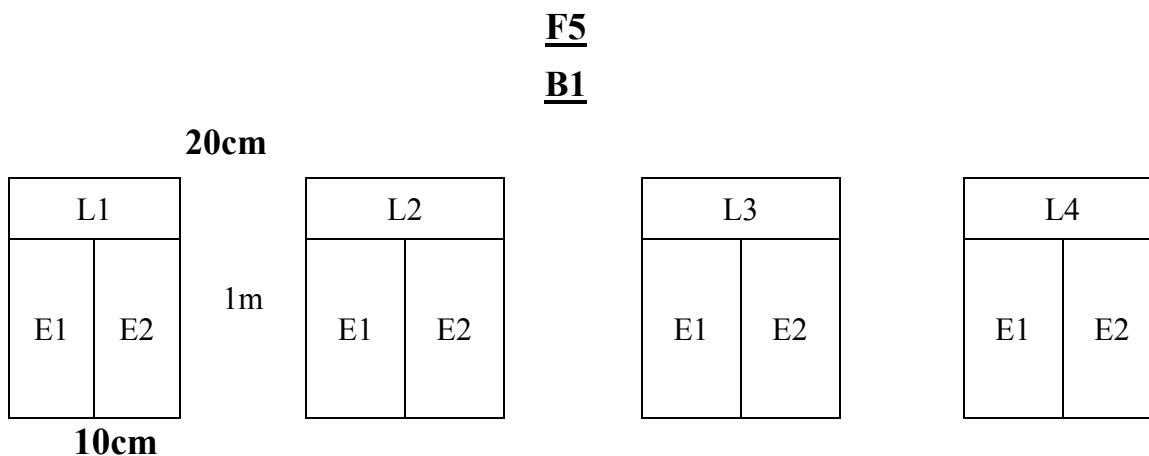
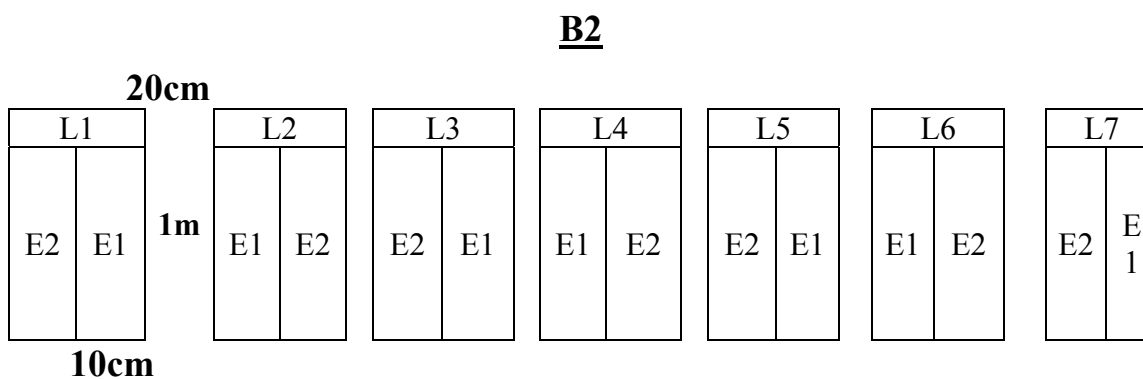
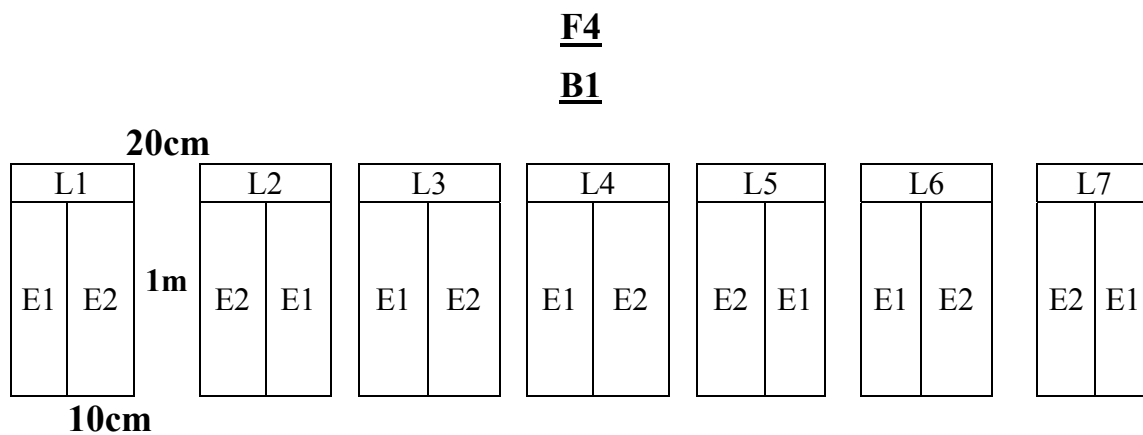


Figure 6.3 : Schéma du dispositif expérimental

### 6.3.2. Le matériel végétal

Notre choix se porte sur 11 lignées de blé dur (Triticum durum ) dont :

7 constitues la génération F4 :

L1 = OUED ZENATI386/MRB5.

L2 = OUED ZENATI386/KRONOS.

L3 = OUED ZENATI386/HEIDER.

L4 = WAHA\*/AWL/BIT.

L5 = WAHA\*/CAPETI-8.

L6 = T.POLONICUM\*ZB/KRONOS.

L7 = VITRON/DJENH KHATIFA.

4 constitues la génération F5 :

L1 = BIDI17/SYRICA/BIDI17.

L2 = CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI.

L3 = OUED ZENATI368/KRONOS.

L4 = BIDI17/INRAT69.

Le matériel végétal étudier a été fourni par la station d'amélioration génétique et de création variétale des céréales de l'institut technique de grande culture de Constantine (Khroub). Ces lignées sont issues d'un croisement intraspécifique entre des variétés largement cultivées en Algérie en vue de créer de nouvelles structures génétiques, chacune de ces variétés possèdent des caractères génétiques spécifiques (le rendement en grain, la résistance aux maladies, des caractères morphologiques, phénologiques, physiologiques intéressant pour la résistance à la sécheresse).

Les caractéristiques de quelques variétés utilisées comme géniteurs se trouvent dans le tableau 6.10

Tableau 6.10 : Caractéristiques des variétés parents

Caractéristique	Morphologie	Culturales	Maladies	Technologique	Productivité	Adaptation
OUED ZENATI	-Epi:blanc, compact A barbes noires et Longues - paille:haute pleine - grain:ambré , gros et peu allongé.	-cycle végétatif : tardif. -tallage: moyen.	Tolérance à la séptoriose -sensibles aux rouilles brune et jaune et à la fusariose.	-assez résistante à la moucheture et au mitadinage. -PMG : élevé. -qualité semoulière bonne.	-moyenne	Plaines intérieures
INRAT 69	Epi:blanc, compact A barbes noires. - paille:moye enne creuse - grain:jaune, terne et assez allongé.	cycle végétatif : demi precoce. -tallage: moyen à fort..	Tolérante à la fusariose. - Modérém ent tolérante à la rouille jaune et noire. Modérém ent sensible à la rouilles brune.	résistante à la moucheture et au mitadinage. -PMG : élevé.	bonne	Plaines Intérieures et littorale
BIDI 17	Epi :blanc, fusiforme compact paille: haute pleine grain:jaune terne, assez gross.	cycle végétatif : semi tardif. -tallage: faible.	Modérém ent tolérance à la rouille jaune. -sensibles à la rouille brune et noire et à la fusariose et séptoriose	assez sensible à la moucheture et au mitadinage. -PMG : élevé. -qualité semoulière bonne.	moyenne	Plaines Intérieures et littorales

WAHA	Epi: demi-lache, compact roussâtre paille: pleine grain: claire ambré, moyen.	-cycle végétatif : précoce. -tallage: moyen à fort.	Modérément tolérance à la séptoriose, aux rouilles, à la fusariose. -sensibles aux piétin échaudage	bonne résistance à la moucheture et au mitadinage. -PMG : moyen. -qualité semoulière assez bonne.	Très bonne	Plaines Intérieures et hautes plateaux
CAPETI-8	-Epi: blanc, demi-compact à barbes divergentes. -paille: moyenne, pleine grain: blanc ambré.	-cycle végétatif: précoce. -tallage: moyen.	-assez sensible aux rouilles. Modérément tolérance à la fusariose et séptoriose.	assez sensible à la moucheture et au mitadinage. -PMG : élevé.	bonne	nord des hautes plateaux, plaines intérieures.
VITRON	-Epi: blanc, demi-lache. -paille: moyenne. grain: roux, moyen.	cycle végétatif: précoce. -tallage: moyen.	-peu sensible à l'helmosporiose Modérément tolérante aux rouilles	légèrement sensible à la moucheture et au mitadinage. -PMG : élevé	bonne	hautes plateaux et zones sahariennes

#### 6.4. Conduit de l'essai

##### 6.4.1. Précédent cultural

- Site d'OUED SMAR : Le précédent était une légumineuse (pois chiche)
- Site d' KHROUB : Le précédent était une jachère travaillée.

##### 6.4.2. Préparation du sol

###### 6.4.2.1. Laboure

- Site d'OUED SMAR : effectué à l'aide d'une charrue à soc, à une profondeur allant de 30cm à 35cm, en mi-octobre.

- Site de KHROUB : effectué à l'aide d'une charrue à soc, à une profondeur allant de 30cm à 35cm, en mi-octobre.

#### 6.4.2.2. Façons superficielles

- Site d'OUED SMAR : Passage du rouleau croskill.
- Site de KHROUB : Passage de cove-crop pour émietter le sol.

#### 6.4.2.3. Préparation de lit de semence

- Site d'OUED SMAR : passage d'herse afin de préparer le lit de semence.
- Site de KHROUB : passage de cultivateur afin d'émietter le sol

#### 6.4.2.4. Fertilisation.

- Site d'OUED SMAR :
  - Epannage d'engrais phosphaté : superphosphate à raison de 200kg/ha.
  - Fertilisation N sous forme d'urée 46% à raison de 1qx/ha, stade 3 feuilles.
- Site de KHROUB :
  - Epannage d'engrais phosphaté à raison de 1qx/ha de superphosphate à raison de 200kg/ha.
  - Fertilisation Azotée sous forme d'urée 46% à raison de 1qx/ha, stade 3 feuilles.

#### 6.4.2.5. Semis

- Site d'OUED SMAR : Le semis a été fait le 20/12/2002 manuellement.
- Site de KHROUB : Le semis a été réalisé le 22/12/2003 manuellement.

L'écartement entre les grains est de 4cm, le semis a été clair dans le but de faciliter l'observation des plantes et pour les permettre d'exprimer au maximum, leur potentiel génétique en absence de toute compétition.

#### 6.4.2.6. Etat phytosanitaire

##### 6.4.2.6.1. Les adventices

Pour les deux sites, l'élimination de mauvaises herbes a été faite au fur et à mesure de leur apparition.



#### 6.4.2.6.2. Les déprédateurs animaux

Pour les deux cites nous avons remarqué la présence des fourmis après le semis et pendant le stade maturité.

#### 6.4.2.6.3. Les maladies

- Site d'OUED SMAR :

Au cours du stade de développement de la culture nous avons remarqué la présence de certaine maladies avec des degrés d'attaques négligeables sauf dans le cas de la rouille brune dont l'attaque a été importante par apport aux autres maladies avec des degrés d'infestation varies selon la résistance des lignées ce dernier est déterminé selon une échelle de 0 à 10 établie par l'ITGC :

1 = très résistant.

2 = très résistant.

3 = résistant.

4 = tolérant.

7 = sensible.

9=très sensible.

Pour la génération F4 :

L1 = tolérante.

L2 = sensible.

L3 = tolérante.

L4 = tolérante.

L5 = sensible.

L6 = tolérante.

L7 = résistante.

Pour la génération F5 :

L1 = tolérante.

L2 = tolérante.

L3 = tolérante

L4 = résistante.

- Site de KHROUB : Au cours du cycle de développement de la plante nous avons remarqué la présence de maladies avec des degrés d'attaques négligeables par rapport à l'autre site.

#### 6.4.2.6.4. Accidents de végétation

Durant notre expérimentation nous avons observé la verse au site de OUED SMAR chez les lignées :

#### 6.4.2.7. Récolte

- Site d'OUED SMAR : 08/06/2003
- Site de KHROUB : 26/06/2003.

Après la maturité complète de toutes les lignées, elle a été effectuée manuellement.

### 6.5. Méthodes d'études

#### 6.5.1. Détermination des différents stades phénologiques

Le suivi des lignées durant tout le cycle de développement nous a permis situer les différents stades phénologiques des génotypes testés. Un stade est noté lorsque 50% du caractère considéré est atteint.

#### 6.5.2. Paramètres étudiés

##### 6.5.2.1. Avant maturité

##### 6.5.2.1.1. Nombre de pieds par mètre carré

La densité de peuplement a été déterminée pour chaque parcelle élémentaire, la moyenne de deux répétitions est prise comme résultat pour le peuplement.

##### 6.5.2.1.2. Nombre de talles par plant

15 plants pris au hasard au niveau de chaque parcelle élémentaire, ont été l'objet d'un dénombrement du nombre de talles par plant en plein tallage.

##### 6.5.2.2. A maturité :

##### 6.5.2.2.1. Hauteur des plants à la floraison :

La hauteur des lignées a été mesurée à partir de 15 plants choisis au hasard sur chaque parcelle élémentaire. La mesure a été prise de la base jusqu'à l'épi (barbes non incluses).

#### 6.5.2.2.2. Longueur du col de l'épi

Mesurée en centimètres à partir du dernier entre-nœud jusqu'à la base de l'épi. Les mesures ont été effectuées 15 plants, pris au hasard au niveau de chaque parcelle élémentaire.

#### 6.5.2.2.3. Longueur de l'épi

Pour chaque parcelle élémentaire nous avons mesuré la longueur de 15 épis (barbes non incluses), pris au hasard.

#### 6.5.2.2.4. Composantes du rendement :

##### 6.5.2.2.4.1. Nombre d'épis par m<sup>2</sup>

Le dénombrement a été effectué après la floraison complète de tous les génotypes testes.

##### 6.5.2.2.4.2. Nombre d'épillets par épi

Pour chaque parcelle élémentaire nous avons prélevé de manière aléatoire 15 épis après maturité complète pour chaque lignée, sur chaque épi nous avons compté le nombre d'épillets total.

##### 6.5.2.2.4.3. Nombre d'épillets stériles par épi

Les mêmes épis qui ont servi pour la détermination du nombre total d'épillets par épi ont été aussi utilisés pour évaluer ce paramètre obtenu par le comptage de tous les épillets ne contenant pas de grains.

##### 6.5.2.2.4.4. Nombre de grain par épi

Nous avons procédé au comptage des grains à partir des épis de l'échantillon qui nous ont servi à déterminer les paramètres précédents.

##### 6.5.2.2.4.5. Le poids de mille grains

Un échantillon de grains est prélevé au niveau de chaque sac provenant d'une parcelle élémentaire, après nettoyage, 1000 grains entiers sont comptés à l'aide d'un compteur de grains puis pesés à près.

##### 6.5.2.2.4.6. Le rendement en grains réel

Après récolte, les grains récupérés sont battus, nettoyés et triés, ils sont ensuite pesés, on aura ainsi la quantité récoltée en kg/parcelle, cette quantité est convertie en qx/ha.

#### 6.5.2.2.5. La qualité technologique des grains

##### 6.5.2.2.5.1. Détermination du taux de mitadinage

Pour déterminer le taux de mitadinage, nous nous sommes basés sur la méthode normalisée pratique NE\*113685 :

un échantillon de grains est examiné à l'aide d'un coupe grains, le farinotome de POHL. Cette méthode exige au minimum 12 coupes par échantillon.

Le taux de mitadinage de l'échantillon examiné est donné par la formule suivante :  $N=n*100/P$ .

Ou :

n : est le nombre de grains mitadinés dans la fraction examinée.

P : est le nombre de grains examinés au farinotome de POHL.

Dans notre cas nous avons fait 12 coupes par échantillon et comme le farinotome de POHL comporte 50 alvéoles donc  $P=600$ .

##### 6.5.2.2.5.2. Dosage de protéine

En vue de calculer la teneur en protéine des grains nous devons procéder au dosage de l'azote totale par la méthode de KJELDHAL, appliquée aux céréales et normalisée en Algérie. Le taux de protéine est calculé en multipliant la teneur en azote par le facteur de conversion 5.7

##### 6.5.2.2.5.3. Dosage de gluten

Il a été extrait manuellement à partir de 10 g de farine et 5ml d'eau salée à 2.5%. le mélange est soumis à un pétrissage pendant 2 à 3 mn dans un mortier, puis la masse obtenue est malaxée entre les paumes de la main jusqu'à obtenir un paton doux au toucher. La lixiviation est alors réalisée en malaxant et comprimant légèrement entre les doigts le paton sous un filet d'eau dont l'écoulement est réglé de telle façon qu'il est impossible de compter les gouttes. Après obtention du réseau élastique, nous procédons à son lavage sous le filet d'eau dont le débit est augmenté jusqu'au moment où l'eau de lavage n'est plus blanche mais à peine trouble.

La masse élastique obtenue est pesée à l'état humide après essorage (gluten humide GH), puis après dissication dans un glutork (gluten sec GS)

#### 6.5.2.2.6. Analyse des protéines par chromatographie en phase gazeuse (CPG)

Broyage des grains.

Hydrolyse dans l'acide acétique de 3 g de produit broyé qui permet une hydrolyse de l'ensemble des protéines de gluten (gliadines et glutenines) pendant 10 min.

Filtration pendant 30 min pour l'obtention d'un extrait contenant les protéines qui sont solubles ensuite analyse par CPG

### 6.6. Les analyses statistiques

#### 6.6.1. Analyse de stabilité de rendement par la régression linéaire

Dans notre cas on a utilisé le modèle de régression proposé par YATE et COCHNAR, amélioré par FINLAY et WILKINSON puis par EBERHART et RUSSELL. Ils ont étudié l'adaptation des variétés aux variations environnementales. La stabilité d'un génotype est déterminée par la pente  $b$ , calculée à partir de l'équation de régression du rendement de la variété  $i$  dans l'environnement sur le rendement de toutes les variétés dans l'environnement  $j$ .

$$G_{ij} = \mu_{ij} + b_i E_j + \epsilon_{ij}$$

Ou :

**$G_{ij}$** : effet de l'interaction entre la variété  $i$  et l'environnement  $j$ .

**$\mu_{ij}$**  : rendement de la variété  $i$  dans l'environnement  $j$ .

**$\epsilon_{ij}$**  : déviation de la régression linéaire de la variété  $i$  dans l'environnement  $j$ .

**$b_i$**  : coefficient de régression linéaire de la variété  $i$ .

**$E_j$**  : rendement de toutes les variétés dans l'environnement  $j$

la pente  $b$  fournit une indication sur l'adaptation générale et sur la stabilité du génotype. Le cultivar le plus stable est celui qui présente une pente proche de l'unité.

- Lorsque  $b$  est égal à 1 avec un rendement moyen supérieur au rendement moyen général, ce lui-ci est considéré comme stable et à haut rendement dans tous les environnements (adaptation général).
- Lorsque  $b$  est égal à 1 avec un rendement moyen du cultivar inférieur au rendement moyen global dans tous les sites, ce lui-ci présenterait une stabilité générale faible.

- Lorsque  $b$  est supérieur à 1 avec un rendement moyen du cultivar supérieur au rendement moyen global, le cultivar est dit à haut rendement et adapté exclusivement aux zones favorables (adaptation spécifique).
- Lorsque  $b$  est inférieur à 1 avec un rendement moyen du cultivar supérieur au rendement moyen global, le cultivar est dit adapté exclusivement aux zones défavorables (adaptation spécifique).

#### 6.6.2. Analyse de la variance (ANOVA)

Elle consiste à analyser les différences entre les traitements. Objet de l'étude est la comparaison des résultats exprimés en fonction de la probabilité qui permet de conclure le niveau de différence entre les traitement :

- Si  $P > 0.05$  la différence entre les traitements est non significative.
- Si  $0.05 < P < 0.01$  la différence entre les traitements est significative.
- Si  $0.01 < P < 0.001$  la différence entre les traitements est hautement significative.
- Si  $P < 0.001$  la différence entre les traitements est très hautement significative.

Le seuil d'erreur utilisé est 5%.

Pour construire les groupes homogènes on a utilisé le test de NEWMAN-KEULS, en se basant sur les petites amplitudes significatives (P P A S).

Lorsque l'amplitude observée entre les moyens extrêmes d'un groupe de moyenne, sera inférieur à la P P A S, alors nous pouvons déduire que ses moyennes constituent des groupes homogènes.

#### 6.6.3. Calcul de coefficient d'héritabilité

$$h^2 = V_g/V_p$$

$V_g$  = variance génotypique.

$V_p$  = variance phénotypique =  $V_g + V_e$ .

$V_e$  = variance environnementale.

#### 6.6.4. Analyse en composantes principales (A.C.P)

Pour les principaux caractères à intérêt agronomique en vue de sélection pour la résistance à la sécheresse, évaluer les corrélation qui existent entre ces caractères et leurs effet sur le rendement ainsi de montrer les ressemblances et les différences génétiques qui existent entre les génotypes testés.

6.6.5. Calcul de coefficient de variabilité génétique CV%

$$CV = \frac{\sqrt{V_g}}{\bar{X}}$$

$\sqrt{V_g}$  = variance génotypique.

$\bar{X}$  = Moyen générale du caractère étudié.

## CHAPITRE 7

### RESULTATS ET DISCUSSIONS

#### 7.1. Les stades de développement des lignées :



Figure 7.1: F<sub>4</sub>L<sub>1</sub> : Oued Smar



Figure 7.2 : F<sub>4</sub>L<sub>1</sub> : Khroub



Figure 7.3: F<sub>4</sub>L<sub>2</sub> : Oued Smar



Figure 7.4: F<sub>4</sub>L<sub>2</sub> : Khroub





Figure 7.5 : F<sub>4</sub>L<sub>3</sub> : Oued Smar



Figure 7.6 : F<sub>4</sub>L<sub>3</sub> : Khroub



Figure 7.7 : F<sub>4</sub>L<sub>4</sub> : Oued Smar



Figure 7.8 : F<sub>4</sub>L<sub>4</sub> : Khroub



Figure 7.9 : F<sub>4</sub>L<sub>5</sub> : Oued Smar



Figure 7.10 : F<sub>4</sub>L<sub>5</sub> : Khroub



Figure 7.11 : F<sub>4</sub>L<sub>6</sub> : Oued Smar



Figure 7.12 : F<sub>4</sub>L<sub>6</sub> : Khroub



Figure 7.13 : F<sub>4</sub>L<sub>7</sub> : Oued Smar



Figure 7.14 : F<sub>4</sub>L<sub>7</sub> : Khroub



Figure 7.15 : F<sub>5</sub>L<sub>1</sub> : Oued Smar



Figure 7.16 : F<sub>5</sub>L<sub>1</sub> : Khroub





Figure 7.17 : F<sub>5</sub>L<sub>2</sub> : Oued Smar



Figure 7.18 : F<sub>5</sub>L<sub>2</sub> : Khroub



Figure 7.19 : F<sub>5</sub>L<sub>3</sub> : Oued Smar



Figure 7.20 : F<sub>5</sub>L<sub>3</sub> : Khroub



Figure 7.21 : F<sub>5</sub>L<sub>4</sub> : Oued Smar



Figure 7.22 : F<sub>5</sub>L<sub>4</sub> : Khroub

Les tableaux suivants montrent les différents stades de développement des génotypes testés dans les deux sites expérimentaux.

Tableau 7.1 : Les stades de développement des lignées de la génération F4 à Oued Smar

<b>N</b>	<b>Date Levée</b>	<b>Date Tallage</b>	<b>Date Montaison</b>	<b>Date Epiaison</b>	<b>Date Maturation</b>	<b>Durée de cycle (Nbre de jours)</b>	<b>Précocité (Nbre de jours)</b>
<b>1</b>	25/01/03	12/02/03	16/03/03	14/04/03	27/05/03	122	79
<b>2</b>	23/01/03	10/02/03	16/03/03	25/04/03	03/06/03	131	92
<b>3</b>	25/01/03	12/02/03	16/03/03	14/04/03	29/05/03	124	79
<b>4</b>	30/01/03	14/02/03	17/03/03	11/04/03	27/05/03	117	71
<b>5</b>	28/01/03	15/02/03	22/03/03	12/04/03	27/05/03	119	74
<b>6</b>	29/01/03	16/02/03	23/03/03	16/04/03	30/05/03	121	77
<b>7</b>	30/01/03	18/02/03	16/03/03	25/04/03	27/05/03	117	85

Tableau 7.2 : Les stades de développement des lignées de la génération F5 à Oued Smar

<b>N</b>	<b>Date Levée</b>	<b>Date Tallage</b>	<b>Date Montaison</b>	<b>Date Epiaison</b>	<b>Date Maturation</b>	<b>Durée de cycle (Nbre jours)</b>	<b>Précocité (Nbre jours)</b>
<b>1</b>	26/01/03	11/02/03	16/03/03	06/04/03	27/05/03	121	70
<b>2</b>	24/01/03	14/02/03	18/03/03	15/04/03	29/05/03	125	81
<b>3</b>	22/01/03	13/02/03	18/03/03	11/04/03	28/05/03	126	79
<b>4</b>	26/01/03	12/02/03	21/03/03	24/04/03	29/05/03	127	92

Tableau 7.3 : Les stades de développement des lignées de la génération F4 au Khroub

<b>N</b>	<b>Date Levée</b>	<b>Date Tallage</b>	<b>Date Montaison</b>	<b>Date Epiaison</b>	<b>Date Maturation</b>	<b>Durée de cycle (Nbre de jours)</b>	<b>Précocité (Nbre de jours)</b>
<b>1</b>	01/02/03	05/03/03	08/04/03	11/05/03	22/06/03	141	100
<b>2</b>	06/02/03	04/03/03	09/04/03	12/05/03	21/06/03	135	96
<b>3</b>	02/02/03	01/03/03	13/04/03	07/05/03	19/06/03	137	95
<b>4</b>	05/02/03	28/02/03	30/03/03	11/05/03	18/06/03	133	96
<b>5</b>	04/02/03	27/02/03	02/04/03	12/05/03	23/06/03	139	98
<b>6</b>	05/02/03	27/02/03	01/04/03	10/05/03	18/06/03	133	95
<b>7</b>	08/02/03	08/03/03	12/04/03	09/05/03	22/06/03	134	91

Tableau 7.4 : Les stades de développement des lignées de la génération F5 au Khroub

N	Date Levée	Date Tallage	Date Montaison	Date Epiaison	Date Maturation	Durée de cycle (Nbre de jours)	Précocité (Nbre de jours)
1	02/02/03	03/03/03	08/04/03	11/05/03	21/06/03	139	99
2	01/02/03	01/03/03	07/04/03	12/05/03	23/06/03	142	101
3	02/02/03	02/03/03	08/04/03	11/05/03	19/06/03	137	99
4	04/02/03	04/03/03	02/04/03	10/05/03	18/06/03	134	96

## 7.2 Discussion :

Il ressort du tableau (7.1) qu'il y a des lignées précoces telles que WAHA\*/AWL/BIT (71j), WAHA\*/CAPETI-8 (74j), T.POLONICUM\*ZB/KRONOS (77j) et des lignées tardives qui sont : OUED ZENATI386/KRONOS (92j), VITRON/DJENH KHATIFA (85j).

Concernant le site de Khroub, les lignées les plus précoces sont :

VITRON/DJENH KHATIFA (91j), OUED ZENATI386/HEIDER (95j), T.POLONICUM\*ZB/KRONOS (95j).

Il ressort du tableau (7.2) que les lignées les plus précoces sont :

BIDI17/SYRICA/BIDI17 (70j), OUED ZENATI368/KRONOS (79j), CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI (81j).

## **Environnement 2 : Site 2 khroub**

Nous constatons d'après le tableau (7.4) que les lignées les plus précoces de ce site sont : BIDI17/INRAT69 (96j), OUED ZENATI368/KRONOS (99j) et BIDI17/SYRICA/BIDI17 (99j).

La précocité des variétés est un facteur d'adaptation considéré comme la caractéristique du génotype la plus pertinente. Elle dépend de la longueur du cycle de développement et la durée de la phase floraison pour arriver à maturité. Ce paramètres définit aussi le décalage du cycle vis à vis des contraintes de l'environnement. Chez le blé dur, le comportement des génotypes face à une sécheresse post-floraison peut être due a ce critère qui permet à la plante d'éviter cette contrainte par le transfère rapide des réserves de la tige vers la graine. Des recherches menées par BEN SALEM et MONNEVEUX [48] sur des lignées d'orge de blé et de triticales, montrent que les teneurs en sucres solubles (les réserves glucidiques) augmentent en fonction du temps pour atteindre un maximum aux

environs du stade grain-laiteux, grain-pateux. Par la suite commence une phase de remobilisation. Celle-ci est plus précoces chez les génotypes à cycle plus court. Par ailleurs, les résultats enregistrés montrent qu'un génotype peut présenter des différences de date d'épiaison d'un lieu à l'autre allant jusqu'à 16 jours, sa précocité vis-à-vis des génotypes auxquels il est comparé peut changer. Ce comportement s'explique par le fait que la phénologie de la plante est rythmée par les sommes de températures supérieures à 0°C accumulées, sommes dépendantes de la variation climatique observée dans les deux sites [78].

La plupart des auteurs citent la précocité comme le meilleur moyen d'éviter la sécheresse printanière et les coups de chaleurs qui provoquent l'échaudage ; ceci est particulièrement intéressant pour notre pays dans la plupart des zones céréalières souffrant de ces aléas climatiques. En condition méditerranéennes, la recherche d'une plus grande précocité a été jusqu'ici le moyen le plus utilisé pour éviter les effets négatives du déficit hydrique et des hautes températures de fin de cycle sur le remplissage du grain. Toutes fois pour valoriser cet avantage, les lignées doivent avoir une bonne tolérance au froid et une capacité de croissance printanière élevée. La résistance à la sécheresse serait associée à une durée de la phase levée-épiaison relativement courte [79]. Ainsi il est intéressant de choisir des variétés dont les grains se remplissent avant la période de déficit hydrique, c'est-à-dire des variétés précoces à maturité, mais il est important pour ces variétés d'avoir une bonne résistance au froid. La précocité donc est un caractère souvent recherché en zones méditerranéennes, dans la mesure où il permet l'évitement du déficit hydrique terminal ; dans les zones où les gels tardifs sont fréquent (Khroub). La précocité peut présenter certains risques [80]. En générale, la plante peut développer des mécanismes d'adaptation phénologique pour éviter au maximum les périodes critiques.

## 7.2. Analyse des caractères morphologiques :

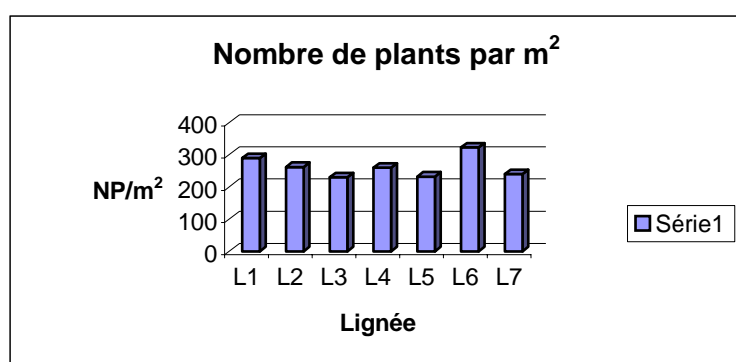
### 7.2.1. Le nombre de Plants par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>) :

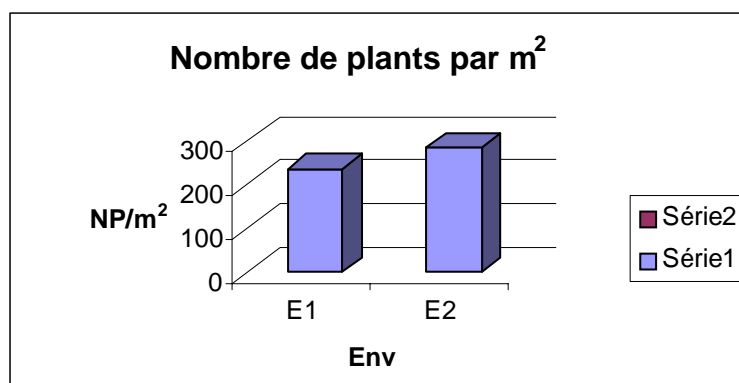
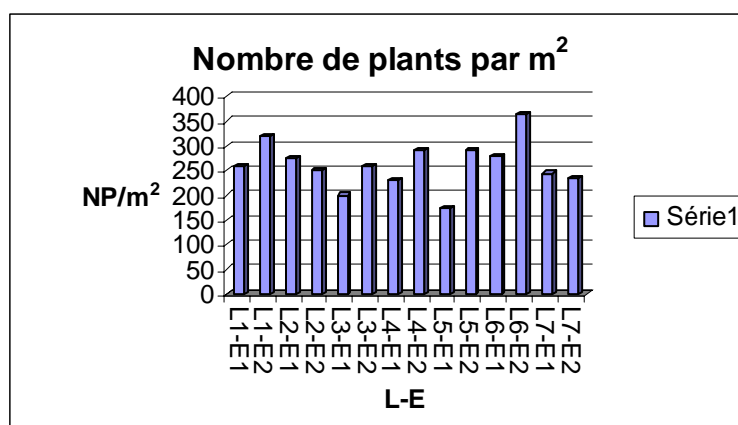
#### 7.2.1.1. Résultats :

Les résultats relatifs au nombre de plants par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>) sont représentés dans les deux tableaux (7.5), (7.6) et illustrés par les figures (7.23), (7.24), (7.25), (7.26), (7.27), (7.28).

Tableau 7.5 : Nombre de plants par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>) génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	G H	Probabilité	C V%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	290.00	17.32		0.0746 NS	13.6	262.50
	L2	262.50	25.98				
	L3	230.00	05.77				
	L4	260.00	05.77				
	L5	232.50	60.62				
	L6	322.50	14.43				
	L7	240.00	05.77				
<b>Environnement</b>	E1	237.86	23.92	B	0.0249 S	17.16	
	E2	287.14	23.92	A			
<b>Interaction</b>	L1-E1	260.00			0.4139 NS	17.16	
	L1-E2	320.00					
	L2-E1	275.00					
	L2-E2	250.00					
	L3-E1	200.00					
	L3-E2	260.00					
	L4-E1	230.00					
	L4-E2	290.00					
	L5-E1	175.00					
	L5-E2	290.00					
	L6-E1	280.00					
	L6-E2	365.00					
	L7-E1	245.00					
	L7-E2	235.00					

Figure 7.23 : Nombre de plantes par m<sup>2</sup> (facteur génotype)

Figure 7.24 : Nombre de plantes par m<sup>2</sup> (facteur environnement)Figure 7.25 : Nombre de plantes par m<sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement)Tableau 7.6 : Nombre de plants par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>) génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	G H	Probabilité	C V%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	412.50	25.98		0.9271 NS	19.3	369.75
	L2	380.00	17.32				
	L3	342.00	14.43				
	L4	340.00	13.62				
<b>Environnement</b>	E1	397.50	10.16		0.5757 NS	18.8	
	E2	340.00	10.16				
<b>Interaction</b>	L1-E1	425.00	31.82		0.5709 NS		
	L1-E2	400.00	31.82				
	L2-E1	385.00	21.21				
	L2-E2	375.00	21.21				
	L3-E1	295.00	17.68				
	L3-E2	390.00	17.68				
	L4-E1	485.00	26.63				
	L4-E2	195.00	26.63				



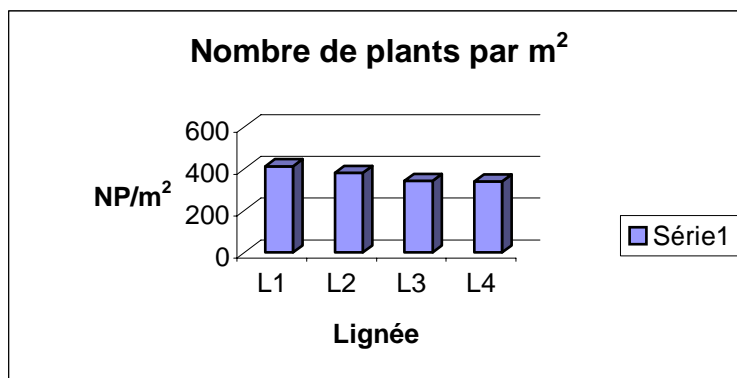


Figure 7.26 : Nombre de plants par m<sup>2</sup> (facteur génotype)

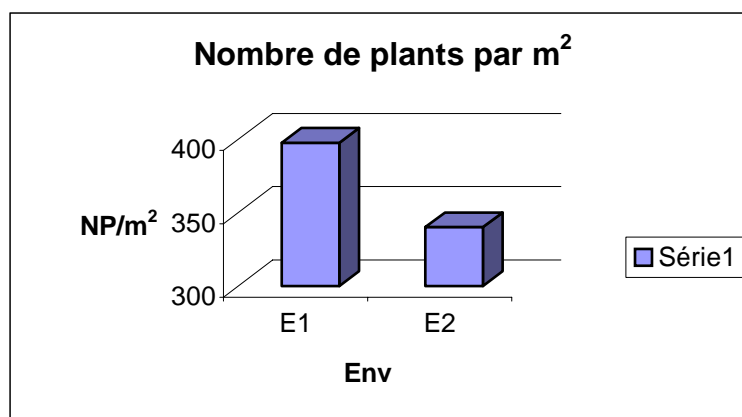


Figure 7.27 : Nombre de plants par m<sup>2</sup> (facteur environnement)

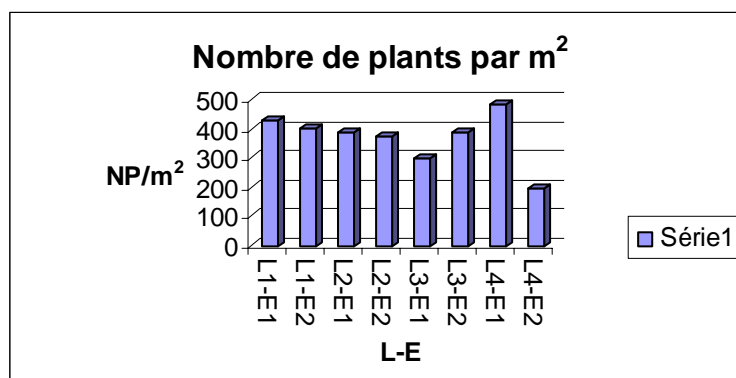


Figure 7.28 : Nombre de plants par m<sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement)

Selon les résultats obtenus pour le facteur génotype, l'analyse statistique de la variance n'a pas révélé une différence pour les deux générations F4 et F5. Cependant, il ressort du tableau (7.5) que la Lignée T.POLONICUM\*ZB/KRONOS a montré la valeur la plus élevée avec (322 plants/m<sup>2</sup>), alors que la valeur minimale est obtenue chez la lignée OUED ZENATI386/HEIDER avec (230.30 plants/m<sup>2</sup>).

Les résultats relatifs à la génération F5 montrent que la valeur la plus élevée est obtenue chez la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 avec (412.50 plants/m<sup>2</sup>) par contre, la valeur la plus faible est enregistrée chez la lignée BIDI17/INRAT69 avec (340 plants/m<sup>2</sup>).

Nous pouvons lier cette différence entre les génotypes testés aux caractéristiques d'une plantule de blé à ce stade car une jeune plantule de céréale possède une surface foliaire abondante est mieux armée pour résister aux aléas climatiques, un caractère génétique spécifique à chaque génotype. Le passage de la plantule de l'état hétérotrophe à l'état autotrophe se fait grâce à l'émission des premières feuilles. Plus ce passage est rapide plus la plante sera résistante et en conséquence un nombre de plants élevé. Outre cette cinétique de croissance, la taille de la première feuille compte beaucoup pour l'efficacité photosynthétique ; la réduction de son développement influe directement sur l'état des plantes et donc le nombre de plants produit par m<sup>2</sup> [81]. En outre, l'une des conséquences majeures d'une insuffisance de pluie au moment de la germination est la grande hétérogénéité des levées, aboutissant généralement à une faible densité des plantes [82].

Ceci ne concorde pas avec nos résultats obtenus, car la majorité des lignées ont donné un bon nombre de plants par m<sup>2</sup>, c'est logique le fait que la pluviométrie enregistrée durant ce stade a été largement suffisante.

L'analyse statistique de la variance pour le facteur environnement a montré une différence significative (S) pour la génération F4. Le test de NEWMAN et KAULS de la P P A S a révélé deux groupes homogènes : A et B.

Nous remarquons d'après les résultats du tableau (7.5) que la valeur supérieure a été enregistrée au Khroub avec (287.14 plants/m<sup>2</sup>), alors que le site d'Oued Smar a montré la faible valeur avec (237.86 plants/m<sup>2</sup>).

Par contre chez la F5, l'analyse de la variance n'a pas montré de différence significative néanmoins ; nous observons que la valeur la plus élevée est donnée par le site d'Oued Smar avec (397.5 plants/m<sup>2</sup>), la faible valeur est obtenue au Khroub avec (340 plants/m<sup>2</sup>).

Cette différence est due probablement aux caractéristiques climatiques et pédologiques de chaque site expérimental. Généralement ce caractère est fortement influencé par les conditions de milieu (nature de sol, préparation du sol, état de lit de semence, humidité du sol) tous ces facteurs influent sur la germination de la graine et donc sur le nombre de plants par m<sup>2</sup> final.

KIRIBY et JONES [83] suggèrent que ce paramètre dépend de la longueur de la photopériode au cours de la levée. En outre, si la longueur du jour augmente (caractéristique climatique varie d'un environnement à l'autre), le taux d'apparition des feuilles croît [84].

L'analyse statistique de l'interaction génotype-milieu ne montre aucune différence significative pour les deux générations. Ce pendant, il ressort de tableau (7.5) que le meilleur nombre de plants par m<sup>2</sup> a été donné par le génotype L6 avec une valeur de (365plants/m<sup>2</sup>) enregistré à Oued Smar, au Khroub, ce génotype a donné une valeur de (280 plants/m<sup>2</sup>). Le faible nombre de plant a été observé chez la lignée L5 avec (175 plants/m<sup>2</sup>) enregistré à Oued Smar, alors qu'au Khroub ce génotype a donné une valeur de (290 plants/m<sup>2</sup>).

Par ailleurs, d'autres génotype ont tendance à exprimer ce caractère de façon stable, le cas de la lignée L2 dont le nombre enregistré à Oued Smar a été de (275 plants/m<sup>2</sup>) ne variant pas beaucoup lorsqu'il est comparé à celui du Khroub (400 plants/m<sup>2</sup>).

Les résultats relatifs à la générations F5, tableau (16), montrent que le nombre de plants par m<sup>2</sup> le plus élevé a été donné par la lignée L4 avec une valeur de (485 plants/m<sup>2</sup>) enregistré à Oued Smar, tandis qu'au Khroub, le nombre de plants obtenu a été de (195 plants/m<sup>2</sup>) qui représente également le faible nombre de plants par m<sup>2</sup>.

Les résultats relatifs a ce caractère montrent que , le pourcentage de liaison entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (6.32%) chez la génération F4 alors qu'il est (3.69%) chez la génération F5, ce taux de combinaison représente la variabilité causée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). En outre, il s'avère que la variance environnementale représente (64.75%) de la variation phénotypique observée chez la génération F4 et (28.93%) est due à l'effet génotypique. Quant à la génération F5, le pourcentage de l'effet environnemental est évalué à (53.6%), alors que celui dû au génotype, il était de (42.71%). Ces données montrent qu'il y'a une tendance vers une faible magnitude ou ampleur de l'interaction génotype-milieu chez les deux générations (6.32%) pour la F4 et (3.69%) pour la F5 avec une forte contribution de facteur environnement (64.75%) chez la F4 et (53.6%) chez la F5 (96.42%).

### 7.2.2. Le nombre de Talles par plant (NT/plant) :

#### 7.2.2.1. Résultats :

Les résultats relatifs au nombre de Talles par plant (NT/P) sont compris dans les deux tableau (7.7) et (7.8) et illustrés par les figures (7.29), (7.30), (7.31), (7.32), (7.33), (7.34).

Tableau 7.7 : Nombre de talles par plant (NT/plant) génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	3.55	0.03	0.4332 NS		9.7	3.37
	L2	3.48	0.11				
	L3	3.37	0.11				
	L4	3.19	0.14				
	L5	3.10	0.12				
	L6	3.55	0.12				
	L7	3.34	0.01				
<b>Environnement</b>	E1	3.61	0.09	0.0002 THS	A	5.2	
	E2	3.13	0.09		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	3.66	0.04	0.2405 NS		5.2	
	L1-E2	3.45	0.04				
	L2-E1	3.71	0.13				
	L2-E2	3.25	0.13				
	L3-E1	3.74	0.13				
	L3-E2	3.00	0.13				
	L4-E1	3.33	0.18				
	L4-E2	3.05	0.18				
	L5-E1	3.25	0.14				
	L5-E2	3.95	0.14				
	L6-E1	3.85	0.14				
	L6-E2	3.25	0.14				
	L7-E1	3.74	0.02				
	L7-E2	2.95	0.02				

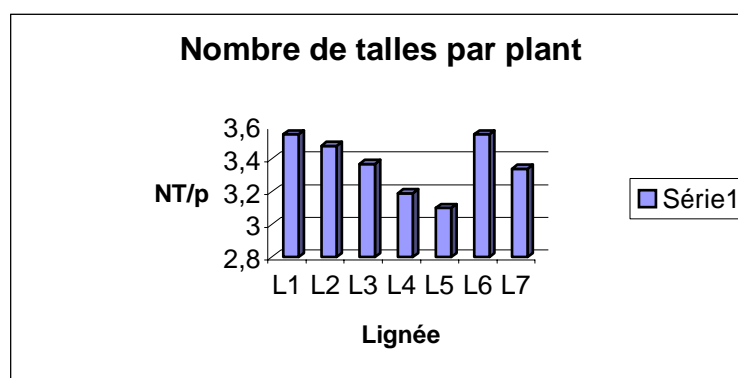


Figure 7.29 : Nombre de talles par plant (facteur génotype)

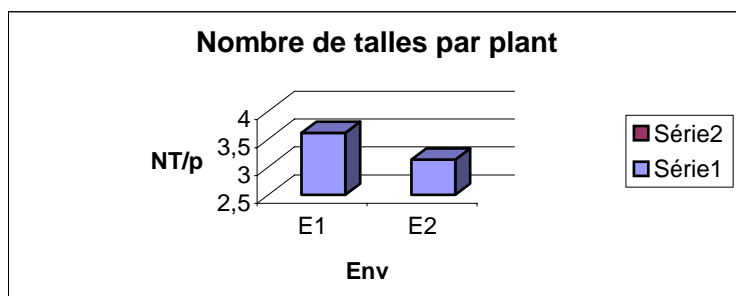


Figure 7.30 : Nombre de talles par plant (facteur environnement)

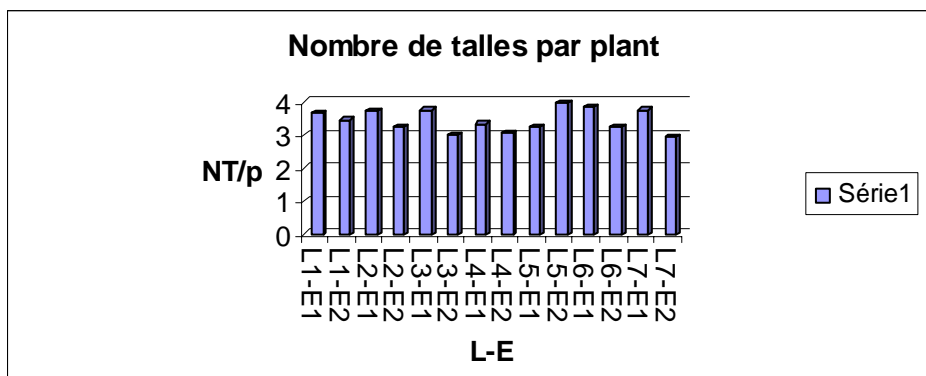


Figure 7.31 : Nombre de talles par plant (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.8 : Nombre de Talles par plant (N T/plant) génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	probabilité	G H	CV %	Moyenne Générale
<b>Lignée</b>	L1	2.67	0.11	0.0081 HS	B	5.7	3.25
	L2	2.95	0.00		B		
	L3	3.60	0.15		A		
	L4	3.80	0.00		A		
<b>Environnement</b>	E1	3.32	0.10	0.2306 NS		5.9	
	E2	3.19	0.10				
<b>Interaction</b>	L1-E1	2.74	0.13	0.5666 NS		5.9	
	L1-E2	2.60	0.13				
	L2-E1	2.90	0.00				
	L2-E2	3.00	0.00				
	L3-E1	3.74	0.24				
	L3-E2	3.45	0.24				
	L4-E1	3.90	0.00				
	L4-E2	3.90	0.00				

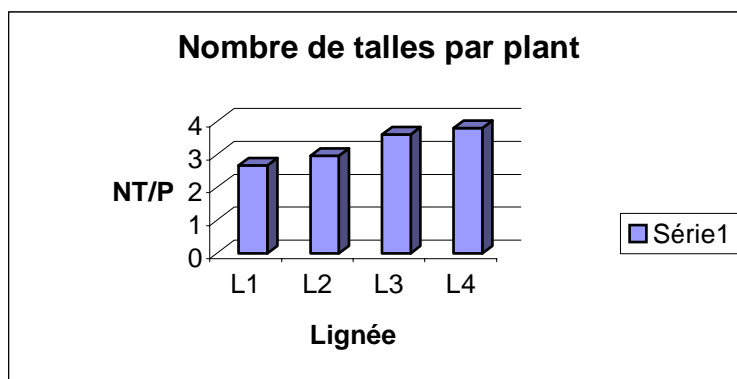


Figure 7.32 : Nombre de talles par plant (facteur génotype)

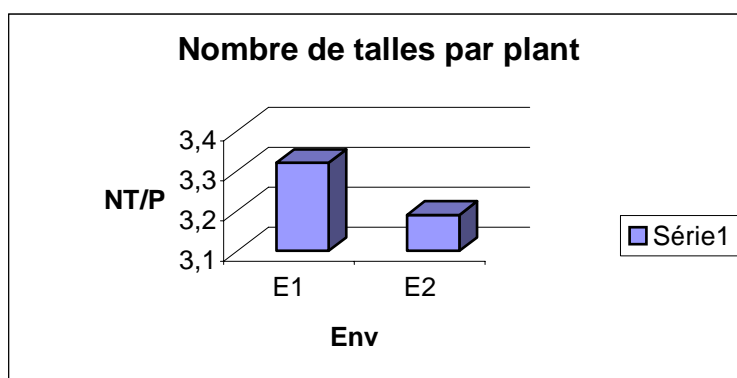


Figure 7.33 : Nombre de talles par plant (facteur environnement)

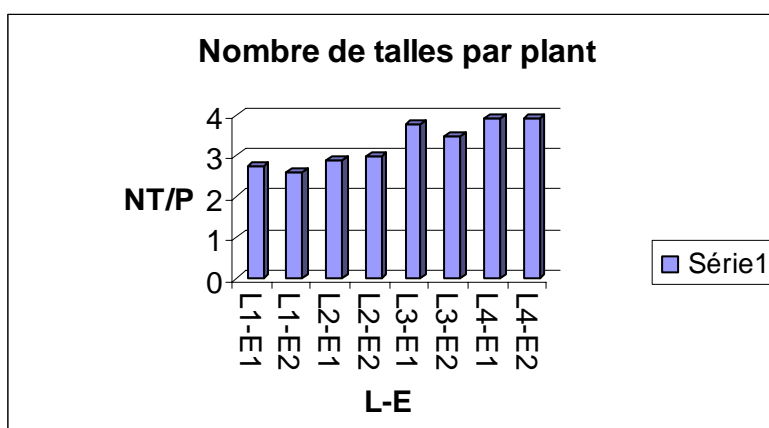


Figure 7.34 : Nombre de talles par plant (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype concernant le caractère nombre de talles par plant (NT/plant) concernant la F4 n'a pas montré une différence significative entre les génotypes testés ; Néanmoins la valeur la plus élevée est obtenue chez les deux lignées OUED ZENATI386/MRB5 et T.POLONICUM\*ZB/KRONOS avec une valeur de (3.55 Talles/plant), alors que la lignée WAHA\*/CAPETI-8 a montré la valeur la plus faible avec (3.10 Talles/plant).

En ce qui concerne la génération F5, l'analyse statistique de la variance a révélé une différence hautement significative (HS) entre les génotypes testés, le test de NEWMAN et KAULS de la P P A S a révélé deux groupes homogènes A et B.

Nous remarquons que la lignée OUED ZENATI368/KRONOS a donné la meilleure valeur avec (3.80 Talles/plant), tandis que la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 a montré la plus faible valeur avec (2.67 Talles/plant).

Nous observons qu'il y'a une différence entre les lignées des deux générations ceci est normal du faite que les gènes (caractères) qui constituent l'ensemble du génome des lignées sont en disjonction et en ségrégation, on assiste donc à la fixation des caractères [85], et comme le blé dur est une espèce autogame et grâce à ce régime de reproduction, l'homozygotie à chaque loci augmente et par conséquent l'hétérozygotie diminue [13]. Ainsi que leur généalogie individuelle pourrait être à l'origine de la différence observée entre ces génotypes.

En ce qui concerne les variations observées entre les différentes lignées, elles sont, probablement, imputables aux ségrégations à plusieurs locus et à des facteurs de milieu. [25].

SOMERS [86] de sa part a affirmé, selon des données recueillies chez le blé, que ce caractère est associé à plusieurs gènes et que son expression est essentiellement quantitative (polygénique), et l'existence au niveau chromosomique (ADN) d'un polymorphisme entre les génotypes testées qui peut être l'une des causes de la variabilité interindividuelle existait entre les lignées de la génération F5 [87].

Des travaux analogues menés par BENABDALLAH et BENBENSALEM [79] rapportent qu'un Nombre de talles par plant élevé, associé à d'autres paramètres morphologiques, confère à la plante un bon rendement et que ce caractère est sous le contrôle de facteurs génétiques, de facteurs du milieu ou des deux à la fois.

Généralement l'étude de ce caractère doit prendre en considération l'expression de différents gènes avec leur régulation en fonction du milieu [88].

Des recherches menées par GARCIA DEL MORAL et RAMOS [89], sur des lignées d'orge, montrent l'action des trois hormones auxine, gibbérellines et cytokinines, sur la capacité de tallage et d'enracinement.

Ces chercheurs ont pu montré aussi que pendant ce stade la plante déclenche une série de réponses physiologiques (hormones promotrices de la croissance végétale) : auxine, gibbérellines et cytokinines, l'inhibition des auxines par l'éthylène conduit a une

simulation de tallage et diminution de la dominance apicale. Par contre, l'inhibition de la gibbérellines par l'éthylène, qui est considéré comme un antagoniste son dégagement provoque une diminution de la longueur de la talle. Enfin l'éthylène renforce l'action des cytokinines favorise l'enracinement qui permet aux talles d'augmenter leurs possibilité de survie.

L'analyse statistique de la variance pour le facteur environnement concernant la génération F4 a révélé une différence hautement significative (HS). Le test de NEWMAN et KAULS de la P P A S a donné deux groupes homogènes : A et B.

Nous observons d'après le tableau (7.7) que la valeur la plus élevée a été enregistrée à Oued Smar avec (3.61 talles/plant), alors que le site de Khroub a donné la faible valeur avec (3.13 talles/plant).

La différence pour la génération F5 n'a pas été significative, les valeurs des deux sites se rapprochent ; ce pendent le site d'Oued Smar a enregistré le nombre de talles par plant le plus élevé avec (3.32 Talles/plant), le site de Khroub a donné la faible valeur (3.19 Talles/plant).

Nous remarquons, pour les deux générations, que le site d'Oued Smar donne la meilleur valeur, ça montre que les conditions climatiques de ce milieu sont plus favorables à celles de Khroub (la température, la duré du jour et le rayonnement, les précipitations), ces caractéristiques climatiques ont une grande influence sur l'expression de ce caractère [71].

D'autre part, un faible tallage est une conséquence d'un nombre de jours élevés de basses températures durant ce stade [90], de ce fait la baisse du nombre de Talles par plant au Khroub semble être due au nombre de jours élevés de basses températures enregistrés dans ce site. En outre, les basses températures du sol au niveau du plateau de tallage du blé limitent la formation des racines et des talles [83].

L'analyse statistique de l'interaction génotype-milieu n'a pas montré une différence significative pour les deux générations, c'est à dire que la différence de la valeur attendue entre deux génotypes quelconques est constante pour tous les milieux [27] et donc un génotype peut exprimer ses potentialités génétiques de façons stable quelque soit le milieu où il est placé.

Nous remarquons d'après le tableau (7.7) que les valeurs données par le même génotype peuvent varier d'un site à l'autre, le cas de la lignée VITRON/DJENH KHATIFA dont le nombre de talles par plant enregistré à Oued Smar a été de (3.74



talles/plant), alors que dans l'autre site ce génotype a donné une valeur de (2.95 talles/plant). D'autres génotypes ont tendance à donner un nombre constant de talles dans les deux sites, le cas de la lignée OUED ZENATI386/MRB5 qui a donné des valeurs respectives de (3.66 talles/plant) et de (3.45 talles/plant) à Oued Smar et au Khroub.

Les résultats relatifs à la génération F5 montrent aussi que, certains génotypes ont donné un nombre de talles stable, c'est le cas de la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 avec une valeur de (3.90 talles/plant) enregistrée dans les deux sites. Les autres lignées ont donné des valeurs variables d'un site à l'autre.

Bien que la puissance de tallage étant un caractère génétique, il est peut modifié par le milieu surtout par la température qui peut avoir un effet [91].

De même AURIAU, PLUCHARD [92] ont montré que la durée de tallage est un processus soumis à des déterminismes génétiques corrélés avec les conditions climatiques qui conditionnent son importance.

Durant notre expérimentation la température pendant ce stade a été basse surtout pour le site de Khroub, ce qui a abouti à une longue période de tallage. Ceci peut expliquer les faibles fluctuations des données intragénotypes et intergénotypes enregistrées pour ce caractère. Par ailleurs, la structure génétique de la plante a un effet considérable sur l'ampleur de l'interaction génotype-milieu, parce que la faible richesse en gènes adaptatifs impliqués par la structure génétique de la plante les rends plus susceptible à la variation sous l'effet des conditions de l'environnement. En outre, le tallage est une composante essentielle du rendement, son rôle est particulièrement important en cas de déficit hydriques précoce [79].

Il ressort des résultats relatifs à ce caractère que le pourcentage de liaison entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (1.22%) chez la génération F4 alors qu'il est (0.89%) chez la génération F5, ce taux de combinaison représente la variabilité causée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). En outre, il s'avère que la variance environnementale représente (98.75%) de la variation phénotypique observée chez la génération F4 et (0.625%) est due à l'effet génotypique. Quant à la génération F5, le pourcentage de l'effet environnemental est évalué à (2.67%), alors que celui dû au génotype, il était de (96.42%). Ces données montrent qu'il y'a une tendance vers une faible magnitude ou ampleur de l'interaction génotype-milieu chez les deux générations (1.22%) pour la F4 et (0.89%) pour la F5 avec

une forte contribution de facteur environnement (98.75%) chez la F4, et une forte contribution de facteur génotypique chez la F5 (96.42%).

### 7.2.3. La hauteur des plants à la floraison (HP):

#### 7.2.3.1. Résultats :

Les résultats relatifs à la hauteur des plants à la floraison sont compris dans les deux tableaux (7.9) (7.10) et illustrés par les figures (7.35), (7.36), (7.37), (7.38), (7.40), (7.41).

Tableau 7.9 : Hauteur des plants à la floraison (HP) (cm) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (cm)	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale (cm)
<b>Lignée</b>	L1	094.13	0.66	0.0000 THS	D	2.2	104.68
	L2	106.19	1.26		BC		
	L3	087.50	0.87		E		
	L4	096.25	4.58		D		
	L5	136.57	3.59		A		
	L6	109.22	0.33		B		
	L7	102.86	1.52		C		
<b>Environnement</b>	E1	109.46	2.12	0.0006 THS	A	3.9	
	E2	099.89	2.12		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	083.30	0.81	0.0001 THS	E	3.9	
	L1-E2	104.95	0.81		CD		
	L2-E1	098.80	1.54		D		
	L2-E2	113.58	1.54		C		
	L3-E1	093.67	1.06		E		
	L3-E2	081.33	1.06		E		
	L4-E1	0.94.25	5.60		D		
	L4-E2	098.26	5.60		D		
	L5-E1	167.49	4.39		A		
	L5-E2	105.65	4.39		CD		
	L6-E1	105.70	0.41		CD		
	L6-E2	112.75	0.41		C		
	L7-E1	123.00	1.86		B		
	L7-E2	082.72	1.86		E		

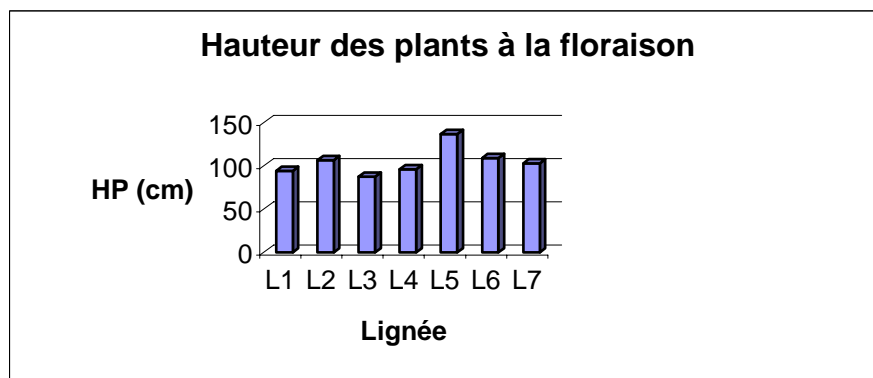


Figure 7.35 : Hauteur des plants à la floraison (facteur génotype)

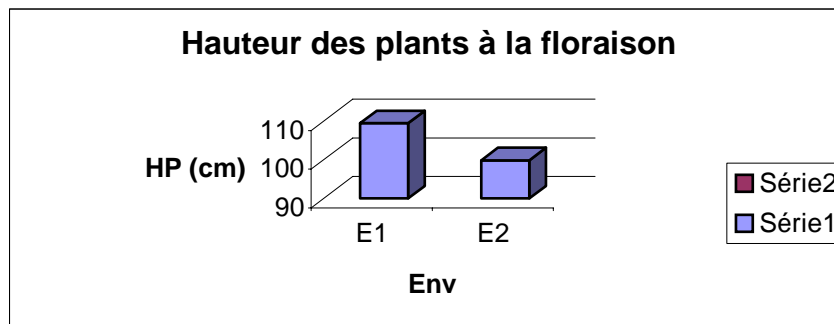


Figure 7.36 : Hauteur des plants à la floraison (facteur environnement)

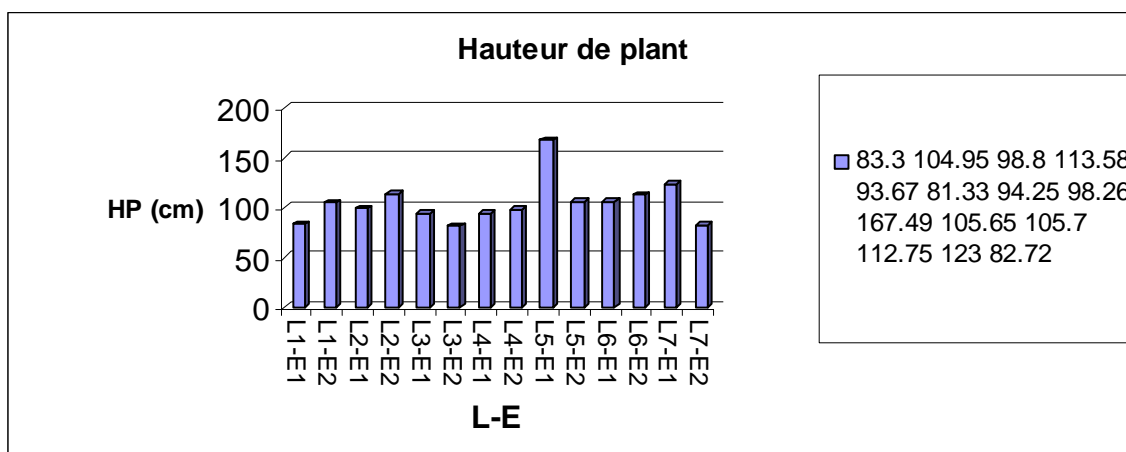


Figure 7.37 : Hauteur des plants à la floraison (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.10 : Hauteur des plants à la floraison (HP) (cm) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (cm)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV %	Moyenne générale (cm)
<b>Lignée</b>	L1	073.81	1.38	0.0584 NS		12.1	93.62
	L2	086.82	1.81				
	L3	108.39	1.01				
	L4	105.49	14.22				
<b>Environnement</b>	E1	103.78	6.68	0.0322 S		13.4	
	E2	083.46	6.68				
<b>Interaction</b>	L1-E1	076.43	1.69	0.3487 NS		13.4	
	L1-E2	071.18	1.69				
	L2-E1	107.21	2.22				
	L2-E2	066.43	2.22				
	L3-E1	115.25	1.24				
	L3-E2	101.30	1.24				
	L4-E1	116.24	17.42				
	L4-E2	094.75	7.42				

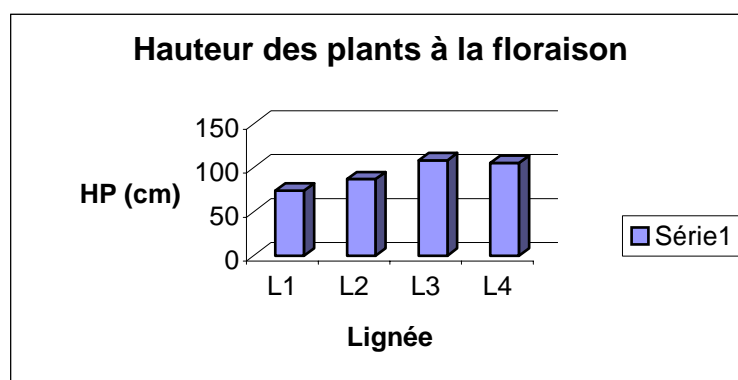


Figure 7.38 : Hauteur des plants à la floraison (facteur génotype)

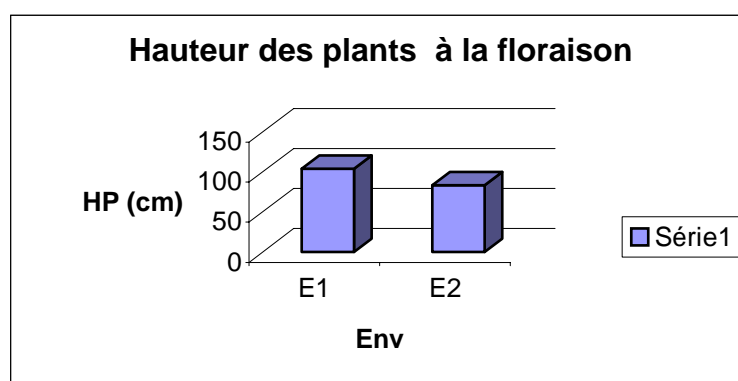


Figure 7.39 : Hauteur des plants à la floraison (facteur environnement)

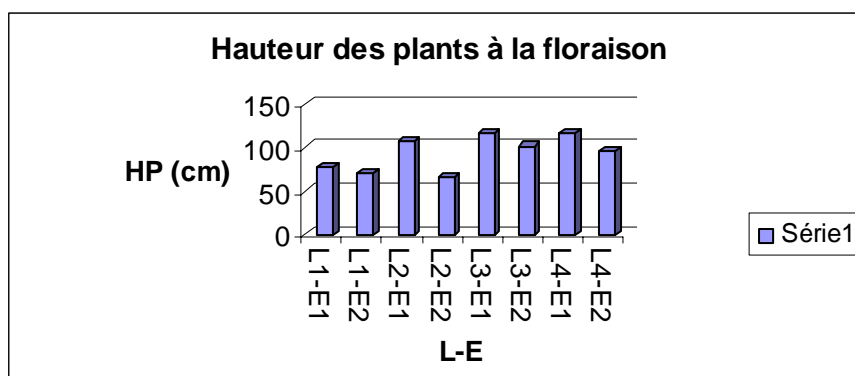


Figure 7.40 : Hauteur des plants à la floraison (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance du facteur génotype des données relatifs à la génération F4 a montré une différence très hautement significative (THS), le test de NEWMAN et KEUL de la P P A (S) a donné six groupes homogènes, il s'agit de : A, B, C, D, CD, E. Ce résultat révèle un effet génotypique significatif et mettant en évidence une variabilité phénotypique importante pour ce caractère.

Nous remarquons d'après le tableau (7.9) que la lignée WAHA\*/CAPETI-8 possède la hauteur la plus élevée avec une valeur de (136.57 cm), suivie par T.POLONICUM\*ZB/KRONOS avec (109.22 cm), alors que la hauteur la plus faible a été enregistrée chez la lignée OUED ZENATI386/HEIDER avec (87.50 cm). Ainsi l'écart de taille observé entre la lignée la plus haute et la plus courte est assez important.

En revanche, l'analyse de la variance pour la génération F5 n'a pas révélée une différence entre les génotypes testés. Cependant, la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI s'est distinguée avec la meilleur hauteur (108.39 cm) quant à la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17, ce génotype a enregistré la valeur la plus faible avec (73.81 cm).

Selon VERRIER et al. [25] ce caractère dépend du génotype de l'individu. Ces chercheurs ont montré, selon des résultats recueillis d'un croisement entre des génotypes à paille haute et d'autres à paille courte, que les chromosomes contribuent aux variations de ce caractère biométrique : très schématiquement, plus la proportion de chromosomes provenant de parent à paille haute ou à paille courte est importante dans le génome des descendants, plus ceux-ci sont soit à paille haute soit à paille courte. Pour ces mêmes auteurs, ce caractère résulte de l'action d'au moins plusieurs locus polymorphes (au minimum un par chromosome) et ces locus sont responsables des variations de ce caractère quantitatif et qui ont des effets qui se cumulent. En outre, la différence observée entre les deux générations, est probablement liée aux géniteurs (variétés parents) qui se diffèrent

d'une lignée à l'autre, en conséquence chaque génotype tend à exprimer le caractère hérité de ses parents et selon son coefficient d'héritabilité et son degré de dominance ce trait apparaît chez les descendants.

Etant donné l'importance de ce caractère dans la sélection des variétés de blé dur, plusieurs études ont montré, effectivement, qu'une taille relativement haute confèrerait à la plante, en cas de limitation sévère de l'alimentation hydrique, une meilleure capacité à tolérer la sécheresse ; ce comportement s'expliquerait par des potentiels plus élevés de constitutions de réserves glucidiques [93] ; [79].

Des travaux de mutagenèse par radiation sur orge ont montré que la réduction de la taille contribue à une réduction de la sensibilité à la verse et conduit à une augmentation de l'indice de récolte [89].

Certains auteurs ont suggéré, que les gènes de nanisme sont associées à une réduction de système racinaire ce qui a un effet indésirable sur la résistance à la sécheresse.

L'analyse statistique de la variance pour le facteur environnement a montré une différence très hautement significative (THS) pour la génération F4, le teste de NEWMAN et KEUL de la P P A S a révélé deux groupes homogènes : A, B.

Nous remarquons d'après le tableau (7.9) que la meilleur hauteur a été enregistrée à Oued Smar avec une valeur de (109.46 cm), alors que le site de Khroub a montré la faible valeur avec (99.89 cm).

La différence entre les deux sites pour la génération F5 a été significative (S), le teste de NEWMAN et KEULS a donné deux groupes homogènes : A, B.

Il ressort du tableau (7.10) que le site d'Oued Smar a donné la hauteur la plus élevée avec une valeur de (103.78 cm), tandis que le site de Khroub a présenté la faible hauteur avec (83.46 cm).

Ces résultats pourraient permettre donc de préciser que, pour ce caractère, l'environnement d'Oued Smar est caractérisé par des conditions climatiques (température, humidité) favorables à celles de Khroub. Ces caractéristiques permettent aux génotypes d'exprimer leurs capacités génétiques. Généralement, l'importance de ce caractère est due aux capacités de valorisation de l'alimentation hydrique et à la fertilité du sol disponible dans le milieu.

L'analyse statistique de la variance de l'interaction génotype-environnement a montré une différence très hautement significative (THS) pour la génération F4. Le teste de

NEWMAN et KEUL de la P P A S a révélé six groupes homogènes pour cette génération : A, B, C, CD, D, E.

Il ressort du tableau (7.9) que la hauteur la plus élevée est enregistrée chez la lignée WAHA\*/AWL/BIT à Oued Smar avec une valeur de (167.49 cm), tandis qu'au Khroub ce génotype a donné une hauteur de (105.65cm). La hauteur la plus faible est obtenue avec la lignée OUED ZENATI386/HEIDER enregistrée au Khroub avec une valeur de (81.33cm) quant à Oued Smar, ce génotype a donné une hauteur de (93.67 cm).

Nous remarquons aussi que certains génotypes se comportent différemment d'un site à l'autre, le cas de la lignée VITRON/DJENH KHATIFA dont la hauteur inscrite au Khroub était de (82.72cm), à Oued Smar ce génotype a donné une hauteur de (123.00cm).

La même remarque peut être constatée pour les autres génotypes dont la différence a été nettement visible. Donc les différentes lignées se sont manifestées selon leurs exigences en température, humidité et en alimentation minérale disponible dans le milieu.

Concernant la génération F5, l'analyse statistique de la variance n'a pas révélé une différence significative ; néanmoins la lignée BIDI17/INRAT69 a montré une supériorité avec une hauteur de (116.24 cm) enregistrée à Oued Smar, tandis que sa hauteur acquise au Khroub a été de (94.75 cm). Quant à la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17, elle s'est comportée de façons stable dans les deux environnements avec des valeurs respectives de (76.43 cm) à Oued Smar et de (71.18 cm) au Khroub. Ainsi la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI a enregistré la faible hauteur (66.43 cm) obtenue au Khroub, alors qu'à Oued Smar ce génotype a donné une hauteur de (107.21 cm).

Ces résultats montrent que, malgré l'absence d'interaction génotype-milieu, la variation intragénotypique existe.

Plusieurs chercheurs ont étudié l'interaction génotype-environnement chez les céréales, comme résultat : l'existence d'interaction génotype-milieu signifie que selon le milieu l'ensemble des gènes ne s'expriment pas de la même façon c'est à dire que certains génotypes sont plus stables que d'autre [78]. Outre, la variabilité enregistrée entre les génotypes testés est probablement liée en premier lieu à l'information génétique acquise des parents et à l'effet de milieu [94]. En conséquence, l'expression des génotypes sous forme de phénotypes reste très dépendante à l'environnement [25].

Généralement, pour de nombreux caractères comme la hauteur, le phénotype est la résultante de l'interaction entre le génotype de l'individu et le milieu dans lequel il se

développe, cette adaptation aux conditions de milieu est toujours le résultat de l'expression d'une combinaison harmonieuse de gènes, fonctionnant entre eux de façon intégrée, et assurant la réalisation d'un phénotype qui prédispose les génotypes à s'adapter au milieu où ils sont cultivés [95]. En outre, des recherches ont montré que, pour un génotype donné, le caractère présente généralement une variation graduelle provoquée par les variations des conditions de milieu. Cette variation se diffère d'un génotype à l'autre. Donc il est intéressant de caractériser l'expression phénotypique de différents gènes avec étude fine de leur régulation en fonction du milieu, dans une étude d'interaction génotype-milieu.

Etant donné l'importance de ce caractère dans la résistance de blé dur à la sécheresse, il est souvent recherché dans les programmes de sélection, pour ce la plusieurs chercheurs s'intéressent à l'étudier :

BLUM [46] a montré que la paille longue est souvent associée à une bonne résistance à la sécheresse grâce aux quantités d'assimilats stockées dans les tiges, principaux organes de réserve.

ALI DIB et MONNEUVEUX [96] ont suggèrent que les lignées à paille courtes possèdent des gènes de nanismes. Ces lignées ont une grande sensibilité aux facteurs de stress. Donc une paille longue donne à la plante une bonne résistance à un déficit hydrique tardif [97]. Il est à noter que l'agriculteur algérien préfère des variétés à paille longues pour l'utiliser comme aliment de bétail, mais comme inconvénient les génotypes à pailles longues possèdent une sensibilité à la verse.

D'autre part, les données recueillies sur ce caractère expliquent que le pourcentage de combinaison entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (36.42%) chez la génération F4 et (2.94%) chez la génération F5, ce taux de liaison représente la variabilité causée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). Par ailleurs, ces résultats montrent que, la variance environnementale représente (24.29%) de la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 quant à la génération F5, ce facteur a contribué de (59.57)%, alors que la contribution du génotype a été de (39.28%) chez la F4 et (37.47%) chez la F5 de la variance phénotypique totale. Donc nous remarquons qu'il y'a tendance des deux facteurs vers une interaction génotype-milieu moyen chez la F4 (36.42%) avec une forte contribution du facteur génotype (39.28%) et faible chez la F5 (2.94%) mais avec une forte contribution du facteur environnement (59.57%).



#### 7.2.4. La longueur du col de l'épi (LC) :

##### 7.2.4.1. Résultats :

Les résultats relatifs à la longueur du col de l'épi sont compris dans les deux tableaux (7.11) (7.12) et illustrés par les figures (7.41), (7.42), (7.43), (7.44), (7.45), (7.46).

Tableau 7.11 : Longueur du col de l'épi (LC) (cm) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (cm)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (cm)
<b>Lignée</b>	L1	39.79	1.26	0.0007 THS	C	4.2	41.18
	L2	38.98	1.41		C		
	L3	38.89	0.70		C		
	L4	49.39	1.28		A		
	L5	32.71	0.53		D		
	L6	43.87	2.21		B		
	L7	44.60	0.77		B		
<b>Environnement</b>	E1	43.54	1.15	0.0009 THS	A	5.4	
	E2	38.82	1.15		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	42.92	1.54	0.0163 S	BCD	5.4	
	L1-E2	36.66	1.54		CDE		
	L2-E1	39.80	1.72		CDE		
	L2-E2	38.17	1.72		CDE		
	L3-E1	42.10	0.86		BCD		
	L3-E2	35.68	0.86		DE		
	L4-E1	49.70	1.57		AB		
	L4-E2	49.08	1.57		AB		
	L5-E1	32.60	0.65		E		
	L5-E2	32.82	0.65		E		
	L6-E1	45.20	2.70		BC		
	L6-E2	42.58	2.70		BCD		
	L7-E1	52.43	0.94		A		
	L7-E2	36.76	0.94		CDE		

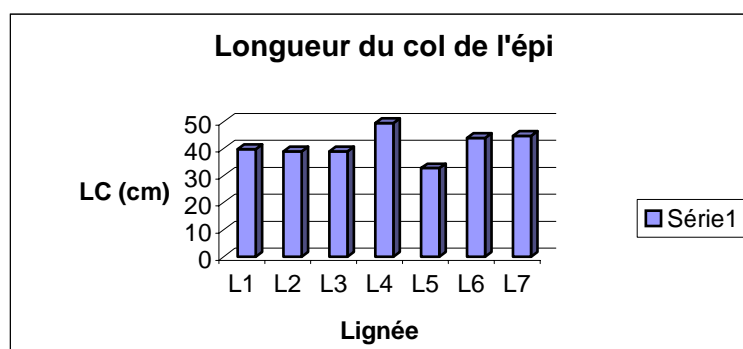


Figure 7.41 : Longueur du col de l'épi (facteur génotype)

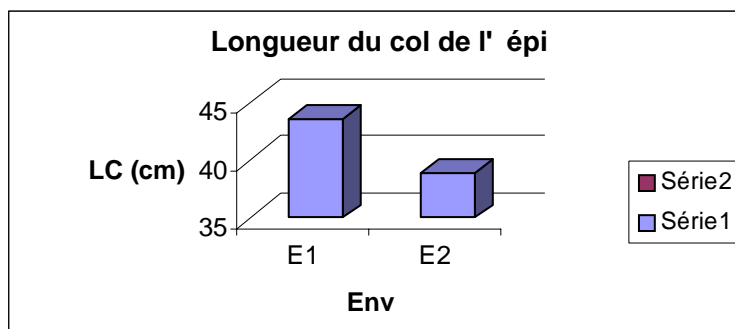


Figure 7.42 : Longueur du col de l'épi (facteur environnement)

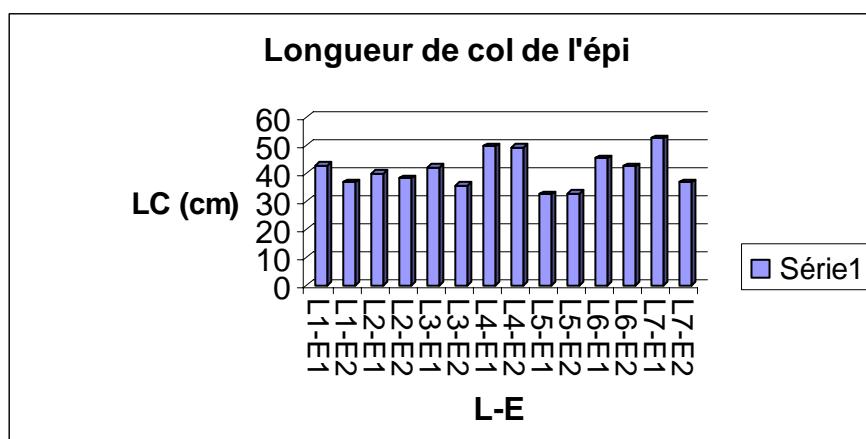


Figure 7.43 : Longueur du col de l'épi (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.12 : Longueur du col de l'épi (LC) (cm) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (cm)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (cm)
<b>Lignée</b>	L1	35.08	0.39	0.0033 HS	C	2.9	41.23
	L2	41.28	0.05		B		
	L3	46.06	1.16		A		
	L4	42.49	0.10		B		
<b>Environnement</b>	E1	45.05	0.57	0.0006 THS	A	2.6	
	E2	37.43	0.57		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	36.47	0.48	0.0025 HS	CD	13.4	
	L1-E2	33.69	0.48		DE		
	L2-E1	50.63	0.07		A		
	L2-E2	31.94	0.07		E		
	L3-E1	47.42	1.42		AB		
	L3-E2	44.71	1.42		B		
	L4-E1	45.58	0.13		B		
	L4-E2	39.40	0.13		C		

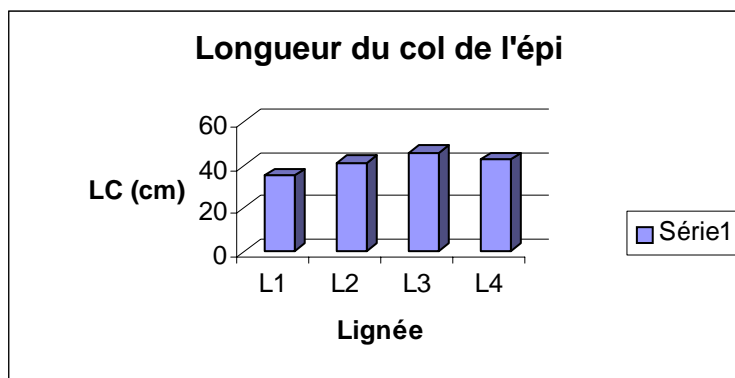


Figure 7.44 : Longueur du col de l'épi (facteur génotype)

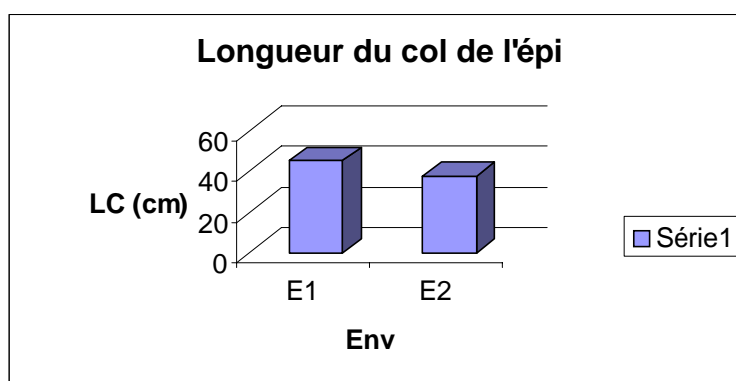


Figure 7.45 : Longueur du col de l'épi (facteur environnement)

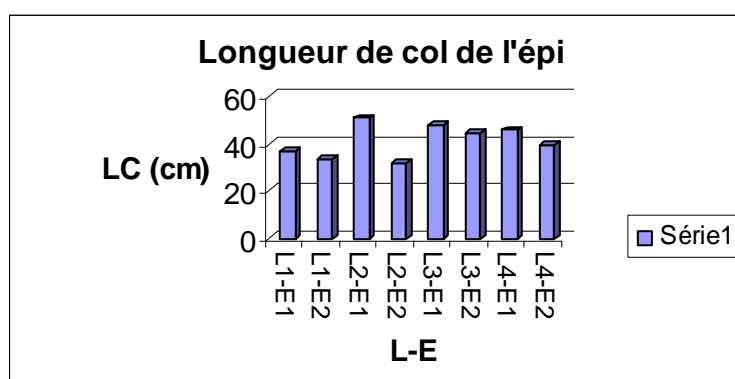


Figure 7.46 : Longueur du col de l'épi (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance du facteur génotype a révélé une différence très hautement significative (THS) concernant les deux générations F4 et F5.

Le test de NEWMAN et KEULS de la P P A S pour la génération F4 a donné quatre groupes homogènes : A, B, C, D. Ce teste a révélé chez la génération F5 trois groupes homogènes : A, B, C.

Les résultats relatifs à la génération F4 (tableau 7.11) montrent que, la lignée WAHA\*/AWL/BIT a donné la longueur du col de l'épi la plus élevée avec une valeur de (49.39 cm), alors que le col de l'épi le plus faible est enregistré chez la lignée WAHA\*/CAPETI-8 avec une valeur de (32.71 cm).

Concernant la génération F5, nous remarquons que la lignée OUED ZENATI368/KRONOS s'est distinguée avec la longueur du col la plus élevée avec une valeur de (46.06 cm) suivie de la lignée BIDI17/INRAT69 avec (42.49 cm), tandis que la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 a montré la longueur du col la plus faible avec (35.08 cm).

Ces résultats indiquent, effectivement, l'existence d'une variabilité intergénomique importante, mettant en évidence l'effet net du génotype sur ce caractère.

Des recherches conduites par VERRIER et al. [25], sur des céréales montrent implicitement que, l'influence du génotype sur un caractère donné et liée aux locus responsables sur ce caractère qui présentent un polymorphisme ou une variabilité génétique. Ces mêmes auteurs ajoutent que les variations observées des caractères quantitatifs sont imputables aux ségrégations à plusieurs locus et à des facteurs de milieu.

Durant notre expérimentation, nous avons remarqué une grande variabilité génétique entre les lignées testées, chaque génotype tend à s'extérioriser et donc à s'adapter aux conditions de milieu. Ce comportement est le résultat des mécanismes impliqués par le génotype pour s'adapter aux variations du milieu, cette adaptation est le résultat du processus de stabilisation progressive des caractères et des gènes qui les codent [87].

L'analyse statistique de la variance pour le facteur environnement a repéré une différence très hautement significative (THS) pour les deux générations F4 et F5. Le teste de NEWMAN et KEULS a révélé deux groupes homogènes : A, B.

Les résultats relatifs à la génération F4 montrent que le site d'Oued Smar a enregistré la meilleure longueur du col de l'épi avec (43.54 cm), tandis que le site de Khroub a montré la faible longueur du col de l'épi avec (38.82 cm).

Concernant la génération F5, il a été également observé que, le site d'Oued Smar donne régulièrement la meilleur longueur du col de l'épi avec (45.05 cm) quant au Khroub, ce site a enregistré la faible longueur du col de l'épi avec (37.43cm).

Ces résultats montrent que les caractéristiques climatiques du site d'Oued Smar permettent un bon développement aux différents génotypes, contrairement à ceux du Khroub qui n'ont pas été favorable à la bonne expression de ce caractère.

L'analyse statistique de la variance pour l'interaction génotype-milieu a révélé une différence significative (S) pour la génération F4 et hautement significative (HS) pour la génération F5. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné pour la génération F4 sept groupes homogènes : A, AB, BC, BCD, CDE, DE, E. Concernant la génération F5. Ce teste a révélé aussi la présence de sept groupes homogènes : A, AB, B, C, CD, DE, E.

Des différences notables entre les génotypes ont été observées dans les deux sites ce qui indique que, l'expression phénotypique de ce caractère est fortement influencée par les deux facteur : génotype et milieu.

Il est claire quand on parle d'interaction génotype-milieu de s'écarter de la situation d'additivité, c'est-à-dire lorsqu'une condition de milieu affecte différemment les génotypes comparés et que l'écart entre les génotypes n'est pas le même selon les conditions de milieu [25]. Nous remarquons donc qu'en présence d'interaction génotype-milieu, la performance d'un génotype varie d'un milieu à un autre. Mieux comprendre cette interaction permet non seulement de mieux caractériser les génotypes face aux variations du milieu mais aussi de faciliter la détection des locus impliqués dans le déterminisme des caractères quantitatifs (Quantitative Trait Loci ou QTL) en évaluant la stabilité ou la spécificité de leurs effets. Et ce-ci est valable pour tous les caractères dont l'interaction génotype-milieu existe [98].

Il ressort de tableau (7.11) que la lignée VITRON/DJENH KHATIFA a donné la meilleure longueur du col de l'épi enregistrée à Oued Smar avec (52.43 cm), par contre ce génotype a donné au Khroub une longueur de (36.76 cm), une variation importante remarquée pour ce caractère. Quant à la lignée WAHA\*/AWL/BIT, ce génotype est classé en deuxième position avec une longueur du col approximativement constante dans les deux sites, (49.70 cm) à Oued Smar et (49.08 cm) au Khroub. La faible longueur du col a été exprimée par la lignée L5 enregistrée dans les deux sites respectivement avec (32.60 cm) à Oued Smar et (32.82 cm) au Khroub.

Les résultats relatifs à la génération F5 nous indiquent que, la valeur la plus élevée est obtenue par la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI enregistrée à Oued Smar (50.63 cm), alors qu'au Khroub ce génotype a donné la faible longueur du col de (31.94 cm), mettant en évidence une grande variabilité génotypique pour ce caractère qui est, selon les résultats obtenues, très influencé par les conditions de l'environnement. Les autres lignées ont exprimé ce trait de façon soit différente le cas de la lignée BIDI17/INRAT69, ou de façon approximativement constante le cas des deux génotypes BIDI17/SYRICA/BIDI17 et OUED ZENATI368/KRONOS.

Ce caractère comme les autres traits morphologiques, selon des études faites sur des lignées en ségrégation de blé dur et d'orge de F2 et F3, confère à la plante une résistance remarquable au déficit hydrique tardive [58], et ceci grâce aux assimilats stockés qui vont être transportés vers la graine [99]. En outre, la contribution de ce caractère à l'élaboration du rendement s'accroît dès lors qu'un stress hydrique s'installe pendant le remplissage [100].

NACHIT et al. [2] ont montré que l'ampleur de l'interaction génotype-milieu est en fonction des variations environnementales et de la variation génotypique, cette dernière dépend des caractères morphologique, phénologiques et physiologiques des traits.

Il ressort pour ce caractère que le pourcentage d'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (8.80%) chez la génération F4 et de (15.37%) chez la génération F5, ce taux de liaison représente la variabilité causée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). D'autre part, ces résultats montrent que la variance environnementale représente (52.87%) de la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 quant à la génération F5, ce facteur a participé avec un pourcentage de (62.30)%, par contre la contribution du facteur génotypique a été de (38.38%) chez la F4 et de (22.37%) chez la F5 dans la variance phénotypique totale. Ces données recueillis indiquent qu'il y'a une tendance vers une interaction génotype-milieu faible (8.80%) avec une forte contribution de facteur environnement (52.87%), faible aussi chez la F5 (15.37%) avec forte contribution de facteur environnement (62.30%).

#### 7.2.5. La longueur de l'épi (LE) :

##### 7.2.5.1. Résultats :

Les résultats relatifs à la longueur de l'épi sont compris dans les deux tableaux (7.13), (7.14) et illustrés par les figures (7.47), (7.48), (7.49), (7.50), (7.51), (7.52).

Tableau 7.13 : Longueur de l'épi (LE) (cm) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (cm)	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale (cm)
<b>Lignée</b>	L1	6.90	0.18	0.0007 THS	C	4.3	7.31
	L2	8.74	0.17		A		
	L3	6.19	0.10		D		
	L4	6.89	0.16		C		
	L5	7.74	0.10		B		
	L6	7.06	0.02		C		
	L7	7.68	0.02		B		
<b>Environnement</b>	E1	7.47	0.11	0.0009 THS	A	3.0	
	E2	7.16	0.11	B			
<b>Interaction</b>	L1-E1	6.39	0.22	0.0163 S	FGH	3.0	
	L1-E2	7.42	0.22		CDEF		
	L2-E1	8.06	0.21		BC		
	L2-E2	9.42	0.21		A		
	L3-E1	6.65	0.12		FGH		
	L3-E2	5.73	0.12		H		
	L4-E1	6.97	0.20		DEFG		
	L4-E2	6.81	0.20		EFG		
	L5-E1	7.76	0.12		BCDE		
	L5-E2	7.73	0.12		BCDE		
	L6-E1	7.89	0.02		BCD		
	L6-E2	6.23	0.02		GH		
	L7-E1	8.59	0.11		B		
	L7-E2	6.76	0.11		EFG		

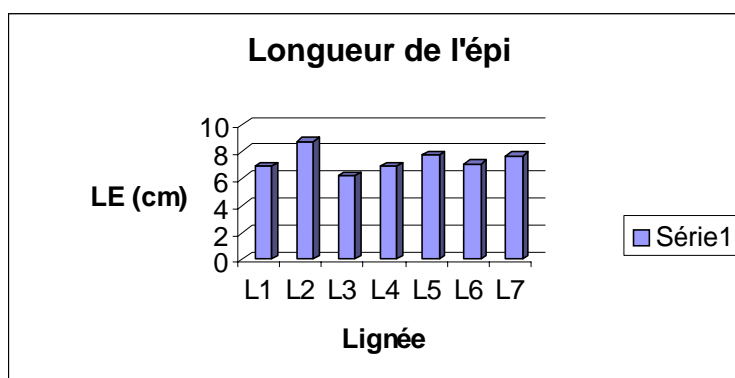


Figure 7.47 : Longueur de l'épi (facteur génotype)

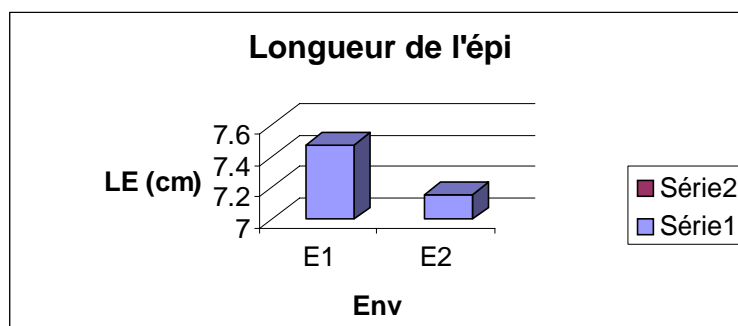


Figure 7.48 : Longueur de l'épi (facteur environnement)

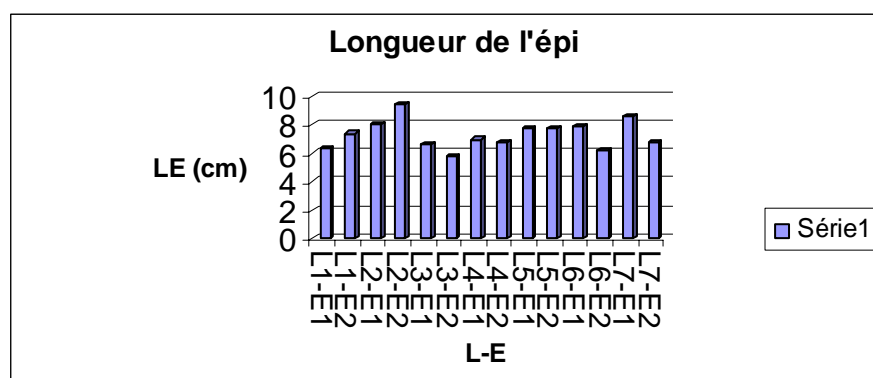


Figure 7.49 : Longueur de l'épi (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.14 : Longueur de l'épi (LE) (cm) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (cm)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (cm)
<b>Lignée</b>	L1	7.39	0.10	0.0024 HS	A	1.3	6.91
	L2	6.60	0.11		C		
	L3	7.09	0.10		B		
	L4	6.58	0.04		C		
<b>Environnement</b>	E1	7.25	0.09	0.0019 HS	A	2.3	
	E2	6.57	0.09		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	7.40	0.12	0.0054 HS	A	2.3	
	L1-E2	7.38	0.12		A		
	L2-E1	6.57	0.14		B		
	L2-E2	6.63	0.14		B		
	L3-E1	7.57	0.12		A		
	L3-E2	6.60	0.12		B		
	L4-E1	7.47	0.05		A		
	L4-E2	5.70	0.05		C		



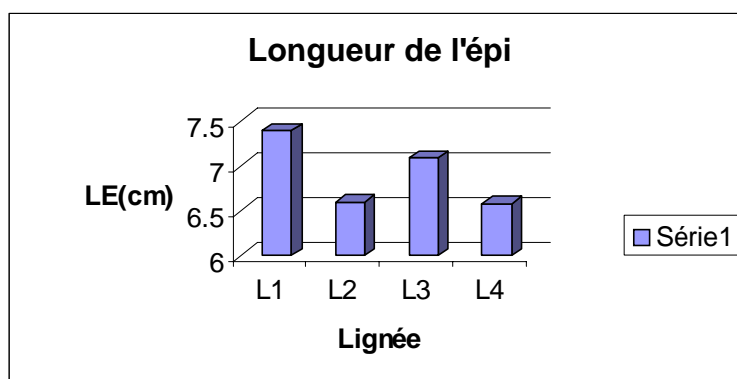


Figure 7.50 : Longueur de l'épi (facteur génotype)

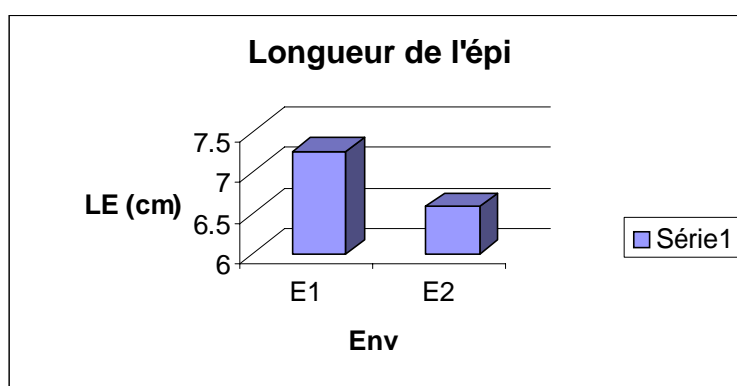


Figure 7.51 : Longueur de l'épi (facteur environnement)

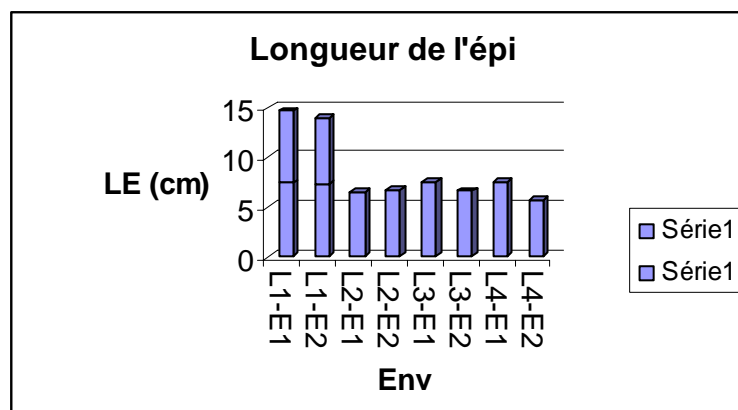


Figure 7.52 : Longueur de l'épi (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype révèle une différence très hautement significative (THS) entre les lignées de la génération F4 et hautement significative (HS) pour la génération F5. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné quatre groupes homogènes : A, B, C, D pour la génération F4, et trois groupes homogènes concernant la génération F5 : A, B, C.

Il ressort de tableau (7.13) que, la lignée OUED ZENATI386/KRONOS a donné la meilleur longueur de l'épi avec (8.74 cm), la faible longueur d'épi est enregistrée chez le génotype OUED ZENATI386/HEIDER avec (6.19 cm).

Les résultats relatifs à la génération F5 (tableau 7.14) montrent que, la longueur de l'épi la plus élevée est donnée par la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 avec (7.39 cm) quant à la lignée BIDI17/INRAT69, ce génotype a montré la longueur la plus faible avec (6.58 cm).

Comme la longueur de l'épi est un caractère mesurable (multifactoriel), la variation observée entre les différents génotypes dépend de l'interactions entre plusieurs gènes, soulignant que ce trait héritable est sous la dépendance non pas d'un seul mais d'un complexe de gènes avec le milieu. Ces interactions géniques et environnementales peuvent être l'une des causes de variabilité génétique obtenue [87]. En outre, la longueur de l'épi est un caractère multifactoriel, son expression résulte du génotype et des variations de milieu [101]. Donc c'est l'un des caractères susceptible d'avoir un effet sur l'adaptation de génotype à son milieu, pour ce là il a été l'objet de plusieurs recherches de mutagenèse provoquées, menées sur blé et orge, qui mettent en évidence que l'augmentation de la longueur conduira à une meilleur fertilité, caractère important dans les zones soumises à des gels printaniers [102]. Outre, l'épi assure une fonction photosynthétique importante au cours du remplissage de grain [103]. Sa contribution à la photosynthèse de la plante entière à l'état normale serait de 13%, par contre elle est de 76% en cas de stress hydrique [104].

A l'aide de la méthode de discrimination isotopique de carbone le rôle des épis (en particuliers les glumes) en tant qu'organe de photosynthèse a enfin été confirmé chez le blé, ce rôle réside de la couleur des glumes et des barbes. Par ailleurs, l'épi court contribue à la limitation des pertes en eau contrairement à un épi long [2]. DELECOLLE et GURNADE [105] déterminent une corrélation positive liant le rendement en grain à la longueur d'épi.

L'analyse statistique de la variance pour le facteur environnement a indiqué une différence hautement significative (HS) pour les deux générations F4 et F5. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné deux groupes homogènes : A, B.

Nous remarquons d'après le tableau (7.13) que la meilleur valeur a été enregistrée à Oued Smar avec (7.47 cm) quant au Khroub, ce site a donné la faible valeur avec (7.16 cm).

Concernant la génération F5 la différence entre les deux sites a été nettement claire, nous remarquons que la longueur d'épi la plus élevée est obtenue à Oued Smar avec (7.25cm), tandis que la faible longueur d'épi a été enregistrée au Khroub avec (6.67cm).

Nous constatons que ces résultats pourraient donc permettre de préciser que l'environnement d'Oued Smar est caractérisé par des conditions favorables pour ce caractère (la température, l'humidité) et que ce site convient mieux pour la sélection.

L'analyse statistique de la variance concernant l'interaction génotype-milieu a montré une différence significative (S) pour la génération F4 et hautement significative (HS) pour la F5, mettant en évidence l'effet des deux facteurs sur ce caractère.

Le teste de NEWMAN et KEULS a révélé chez la F4 onze groupes homogènes : FGH, CDEF, BC, A, H, DEFG, EFG, BCDE, BCD, GH, B. Concernant la génération F5, ce teste a donné trois groupes homogènes : A, B, C.

Nous constatons d'après ces résultats qu'un même génotype peut produire de nombreux phénotypes en fonction des conditions de milieu. La réponse d'un génotype particulier aux conditions de milieu est parfois appelée la norme de réaction de ce génotype [106]. Selon le même auteur, quand un individu se développe, nécessairement il le fait à la faveur des gènes qui sont lus à divers moments, et grâce à des échanges entre le milieu intérieur (génotype) et le milieu extérieur, et ces deux aspects sont intimement liés. On dit qu'il y a interaction entre les facteurs génétiques et environnementaux.

Il ressort de tableau (7.13) que la lignée OUED ZENATI386/KRONOS a donné l'épi le plus long avec (9.42 cm) enregistrée au Khroub, à Oued Smar ce génotype a donné une longueur d'épi de (8.06 cm), la même observation a été faite pour la lignée VITRON/DJENH KHATIFA sur laquelle nous avons enregistré une longueur d'épi de (8.59 cm) inscrit à Oued Smar quant au khroub, ce génotype a donné une longueur d'épi de (6.76 cm). Les autres génotypes se sont comportés de façon stable c'est le cas de la lignée L5.

Relativement aux lignées de la génération F5 nous remarquons que le génotype OUED ZENATI368/KRONOS a donné la meilleure longueur d'épi enregistrée à Oued Smar avec une valeur de (7.57 cm), alors que la longueur d'épi inscrite au Khroub a été de (6.60 cm), nous observons une variabilité génétique importante pour cette lignée. En revanche, la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 a montré une certaine stabilité dans les deux sites respectivement (7.40 cm) à Oued Smar et (7.38 cm) au Khroub, le même

comportement a été observé chez la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI.

Il ressort de ces résultats que l'expression de l'ensemble des gènes de la plante selon son environnement est régulée de façon précise [107]. Certains gènes sont exprimés dans les cellules d'un organe particulier ou pendant une période donnée ou encore sous l'action d'un stimulus spécifique. Ce sont des séquences de l'ADN appelées régulatrices, situées en général dans le promoteur d'un gène, qui déterminent le profil d'expression de celui-ci [1]. Nous remarquons aussi que toutes les lignées font, dans les deux sites, preuve d'une plasticité morphologique étonnante en réponse aux différentes conditions de ces deux milieux et aux variations de celles-ci. On observe donc ce que l'on appelle la formation d'accommodats, c'est à dire des variations purement phénotypiques liées aux diverses conditions d'altitude, d'ensoleillement, de température, de pluviométrie, de substrat. Cette faculté des génotypes de moduler ainsi leur expression et d'induire des accommodats très différenciés (faculté que l'on désigne par plasticité phénotypique) lui permet de s'adapter aux variations de milieu [99].

Les résultats relatifs à ce caractère indiquent que le pourcentage d'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (31.09%) chez la génération F4 et de (32.69%) chez la génération F5. Ce taux de liaison représente la variabilité occasionnée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). En outre, ces résultats montrent que la variance environnementale a contribué avec (13.79%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 quant à la génération F5, ce facteur a participé avec un taux de (38.48)% par contre, le facteur génotypique a contribué avec (55.77%) chez la F4 et de (28.87%) chez la F5 dans la variance phénotypique totale. Ces résultats montrent qu'il y'a une tendance vers une interaction génotype-milieu moyenne (31.09%) avec une forte contribution du facteur génotypique (55.77%) chez la génération F4, et aussi moyenne chez la F5 (32.69%) avec une forte contribution du facteur environnement (38.48%).

### 7.3. Les composantes du rendement

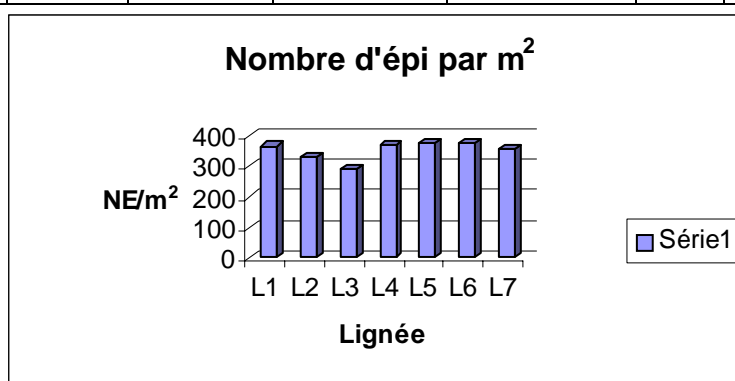
#### 7.3.1. Le nombre d'épi par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>) :

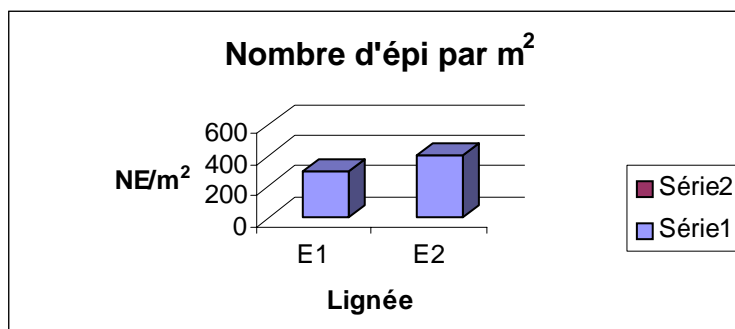
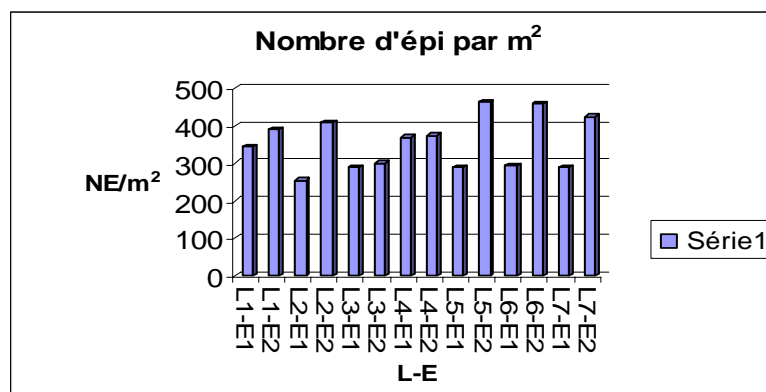
##### 7.3.1.1. Résultats :

Les résultats relatifs au nombre d'épi par m<sup>2</sup> sont représentés dans les deux tableaux (7.15) (7.16) et illustrés par les figures (7.53), (7.54), (7.55), (7.56), (7.57), (7.58).

Tableau 7.15 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	367.50	0.62	0.4417 NS		16.2	354.29
	L2	332.50	2.89				
	L3	295.00	11.55				
	L4	372.50	37.53				
	L5	377.50	37.53				
	L6	377.50	14.43				
	L7	357.50	37.53				
<b>Environnement</b>	E1	305.00	30.85	0.0034 HS	B	16.8	
	E2	403.57	30.85		A		
<b>Interaction</b>	L1-E1	345.00	74.25	0.2716 NS		16.8	
	L1-E2	390.00	74.25				
	L2-E1	255.00	3.54				
	L2-E2	410.00	3.54				
	L3-E1	290.00	14.14				
	L3-E2	300.00	14.14				
	L4-E1	370.00	45.96				
	L4-E2	375.00	45.96				
	L5-E1	290.00	45.96				
	L5-E2	465.00	45.96				
	L6-E1	295.00	17.68				
	L6-E2	460.00	17.68				
	L7-E1	290.00	45.96				
	L7-E2	425.00	45.96				

Figure 7.53 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (facteur génotype)

Figure 7.54 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (facteur environnement)Figure 7.55 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement)Tableau 7.16 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	395.0	11.55	0.0219 S	A	9.5	310.63
	L2	315.0	17.32		B		
	L3	267.5	8.66		B		
	L4	265.0	11.53		B		
<b>Environnement</b>	E1	290.00	11.73	0.0209 S	B	7.1	
	E2	331.25	11.73		A		
<b>Interaction</b>	L1-E1	390	14.14	0.0552 NS		7.1	
	L1-E2	400	14.14				
	L2-E1	320	21.21				
	L2-E2	310	21.21				
	L3-E1	210	10.61				
	L3-E2	325	10.61				
	L4-E1	240	14.14				
	L4-E2	290	14.14				

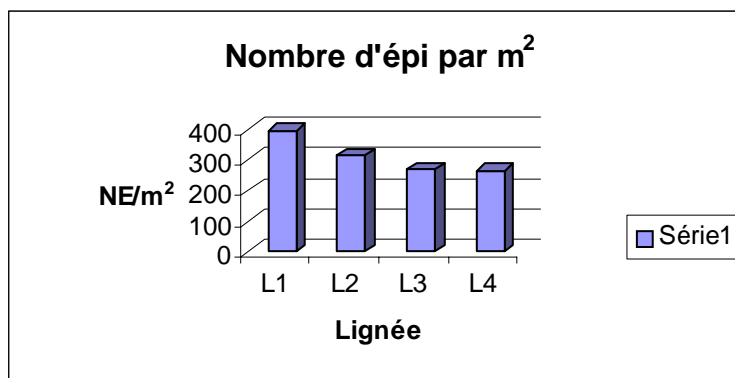


Figure 7.56 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (facteur génotype)

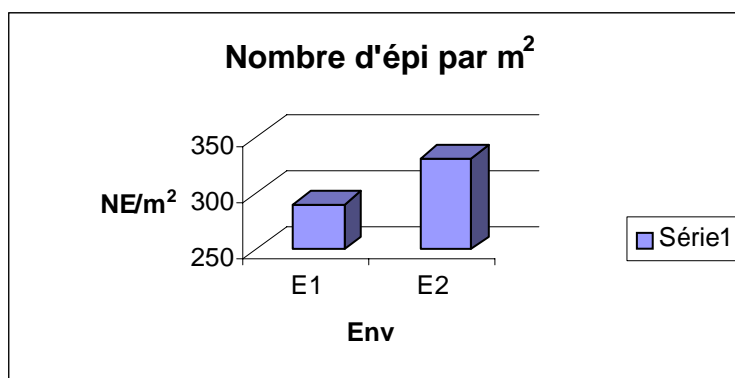


Figure 7.57 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (facteur environnement)

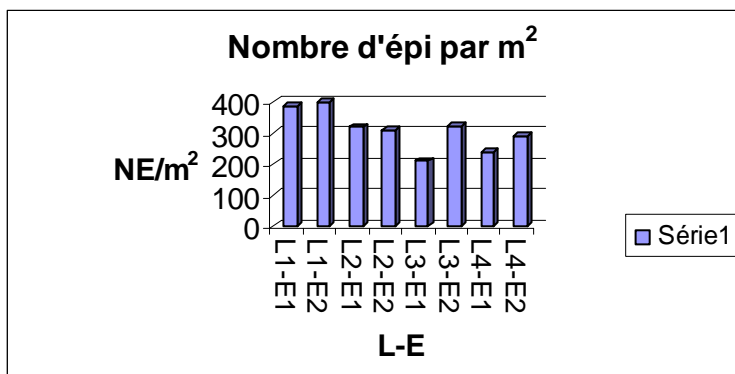


Figure 7.58 : Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype n'a pas montré une différence significative entre les lignées de la génération F4. Quant aux lignées de la génération F5, la différence a été significative (S). Le teste de NEWMAN et KEULS de la P P A S a révélé la présence de deux groupes homogènes : A, B.

Il ressort du tableau (7.15) que les deux lignées WAHA\*/CAPETI-8 et T.POLONICUM\*ZB/KRONOS ont donné le meilleur peuplement épi avec une valeur de

(377.5 épis/m<sup>2</sup>), tandis que le faible nombre d'épi par m<sup>2</sup> est enregistré chez la lignée OUED ZENATI386/HEIDER avec une valeur de (295 épis/ m<sup>2</sup>).

Nous remarquons d'après le tableau (7.16) que le peuplement épi le plus élevé est donné par le génotype BIDI17/SYRICA/BIDI17 L1 avec (395 épis/m<sup>2</sup>), alors que le faible peuplement épi est exprimé par le lignée BIDI17/INRAT69 avec (265 épis/m<sup>2</sup>).

Ce paramètre dépend de nombre de talles qui sont formés [100]. En conséquence, les génotypes possédant un tallage élevé auront automatiquement un nombre d'épi par m<sup>2</sup> élevé, ce qui concorde avec nous résultats. Nous avons obtenu chez les deux lignées L6 et L1 un nombre de talles par plant élevé de (3.55 talles/plant), ces génotypes ont donné aussi un peuplement épi de (377.5 épis/m<sup>2</sup>) pour L6 et (367.5 épis/m<sup>2</sup>) pour L1. Outre, ce caractère peut être considéré comme étant le produit de deux variables : nombre de talles produits et le taux des talles qui vont survivre pour donner des épis [108]. En plus, ce paramètre résulte de plusieurs variables. La contribution individuelle de chacune est dépendante de leur degré d'expression permis par le milieu [78]. Selon le même auteur, cette composante semble avoir un effet dans l'expression des différences génotypiques du point de vue rendement en grains.

Des études menées par GARCIA DEL MORAL et al. [109], sur des lignées d'orge et de blé, ont montré que le nombre d'épi par m<sup>2</sup> est l'un des facteurs les plus importants dans la formation de rendement. Ils soulignent aussi que le nombre d'épi déterminé à la fin d'épiaison peut affecter le nombre de grains par épi ainsi que le poids moyens des grains.

D'une part, ce paramètre est lié à l'état de la végétation à la sortie de l'hiver (nombre de plants par m<sup>2</sup> et l'état de tallage) [69] et d'autre part aux facteurs génétiques, l'aptitude d'un génotype à donner un bon peuplement d'épi est réalisée par les processus physiologiques liés au génotype [110].

L'analyse statistique de la variance pour le facteur environnement a révélé une différence significative (S) pour la F4 et hautement significative (HS) pour F5. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné deux groupes homogènes : A, B.

Nous remarquons d'après le tableau (7.15) que le peuplement épi le plus élevé est obtenu au Khroub avec (403.57 épis/m<sup>2</sup>), alors que le faible peuplement est enregistré à Oued Smar avec (305 épis/m<sup>2</sup>).

Il en est de même pour la génération F5, dans laquelle le site de Khroub a donné régulièrement le meilleur peuplement épi avec (331.25 épis/m<sup>2</sup>), alors que le site d'Oued Smar a enregistré le faible nombre d'épis par m<sup>2</sup> avec (290.00 épi/m<sup>2</sup>).



Ces résultats montrent que l'environnement de Khroub est plus favorable ; ses caractéristiques climatiques et édaphiques permettent aux génotypes d'exprimer ce caractère, il résulte donc que ce paramètre dépend beaucoup des conditions environnementales [1].

L'analyse statistique de la variance pour l'interaction génotype-environnement n'a pas montré une différence significative pour les deux générations. Cela signifie que le comportement des lignées ne diffère pas d'un site à l'autre.

Cependant, nous observons chez la génération F4 que le génotype WAHA\*/CAPETI-8 a donné le meilleur peuplement épi enregistré au Khroub avec une valeur de (465 épis/m<sup>2</sup>), par contre à Oued Smar ce génotype a montré un nombre d'épis par m<sup>2</sup> faible de (290.00 épis/m<sup>2</sup>). En revanche nous remarquons que le génotype L4 a donné un nombre d'épi par m<sup>2</sup> stable enregistré dans les deux sites (370 épis/m) à Oued Smar et (375 épis/m) au Khroub. Il est à noter que la majorité des lignées ont donné un bon peuplement épi dans le site de Khroub.

En ce qui concerne la génération F5, nous remarquons que le génotype BIDI17/SYRICA/BIDI17 a donné le peuplement épi le plus élevé enregistré au Khroub avec une valeur de (400 épis/m<sup>2</sup>), alors qu'à Oued Smar ce génotype a donné un nombre d'épi par m<sup>2</sup> de (390 épis/m). La même remarque a été notée pour les autres lignées, sauf dans le cas du génotype CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI où il a montré une supériorité à Oued Smar par rapport au Khroub avec un peuplement épi de (320 épis/m<sup>2</sup>).

Nous pouvons dire que l'absence d'interaction génotype-milieu s'explique par le fait que la différence de la valeur attendue entre les différents génotypes est constante pour tous les milieux [27] et donc le peu d'influence de milieu sur le caractère [78].

Ainsi, les résultats obtenus pour ce caractère indiquent que le pourcentage d'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (3.23%) chez la génération F4 et de (11.22%) chez la génération F5, ce rapport de liaison représente la variabilité provoquée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). Par ailleurs, ces données montrent que la variance environnementale contribue avec (96.77%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 quant à la génération F5, ce facteur a participé avec un taux de (27.78)%. En parallèle, il résulte que le facteur génotypique a contribué avec (0.67%) chez la F4 et de (61.07%) chez la F5 dans la variance phénotypique totale. Ces résultats

indiquent qu'il y'a une aptitude vers une interaction génotype-milieu très faible (3.23%) avec une forte contribution du facteur génotypique (96.77%) chez la génération F4, et une interaction faible chez la F5 (11.22%) avec une forte contribution du facteur génotypique (61.07%).

### 7.3.2. Le nombre d'épillets totales par épi (NET/épi) :

#### 7.3.2.1. Résultats :

Les résultats relatifs au nombre d'épillets totales par épi sont compris dans les deux tableaux (7.17) et (7.18) et illustrés par les figures (7.59), (7.60), (7.61), (7.62), (7.63), (7.64).

Tableau 7.17 : Nombre d'épillets totales par épi (NET/épi) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	19.40	0.17	0.0004 THS	BC	3.0	19.14
	L2	22.88	0.25		A		
	L3	18.86	0.07		CD		
	L4	17.83	0.03		D		
	L5	17.88	0.14		D		
	L6	20.68	0.21		B		
	L7	20.43	0.02		B		
<b>Environnement</b>	E1	19.14	0.14	0.0000 THS	B	1.3	
	E2	20.27	0.14	A			
<b>Interaction</b>	L1-E1	19.54	0.21	0.0000 THS	C	1.3	
	L1-E2	19.25	0.21		C		
	L2-E1	23.60	0.31		A		
	L2-E2	22.17	0.31		B		
	L3-E1	17.55	0.08		D		
	L3-E2	20.17	0.08		C		
	L4-E1	16.80	0.04		C		
	L4-E2	18.85	0.04		C		
	L5-E1	15.45	0.18		C		
	L5-E2	20.30	0.18		C		
	L6-E1	20.61	0.25		C		
	L6-E2	20.75	0.25		C		
	L7-E1	20.45	0.02		C		
	L7-E2	20.42	0.02		C		

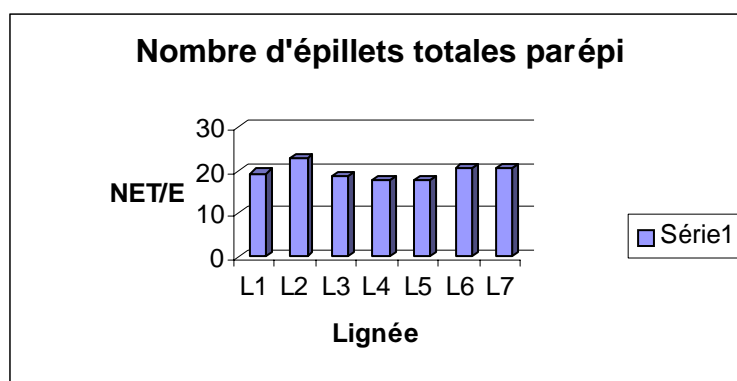


Figure 7.59 : Nombre d'épillets totales par épi (facteur génotype)

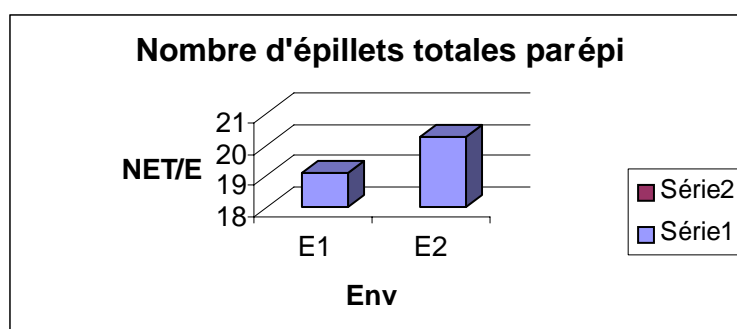


Figure 7.60 : Nombre d'épillets totales par épi (facteur environnement)

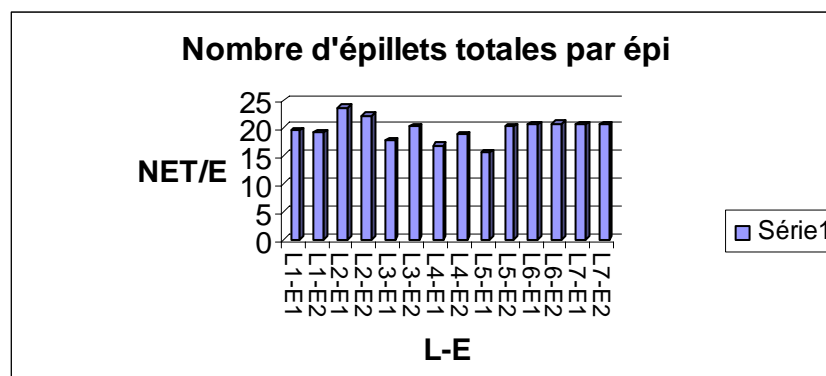


Figure 7.61 : Nombre d'épillets totales par épi (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.18 : Nombre d'épillets totales par épi (NET/épi) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	19.52	0.03	0.0004 THS	B	1.0	19.96
	L2	19.16	0.01		BC		
	L3	18.86	0.01		C		
	L4	22.30	0.06		A		
<b>Environnement</b>	E1	21.38	0.03	0.0001 THS	A	0.3	
	E2	18.55	0.03		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	20.90	0.04	0.0001 THS	D	0.3	
	L1-E2	18.15	0.04		F		
	L2-E1	22.05	0.01		B		
	L2-E2	16.26	0.01		G		
	L3-E1	19.35	0.02		E		
	L3-E2	18.38	0.02		F		
	L4-E1	23.20	0.07		A		
	L4-E2	21.40	0.07		C		

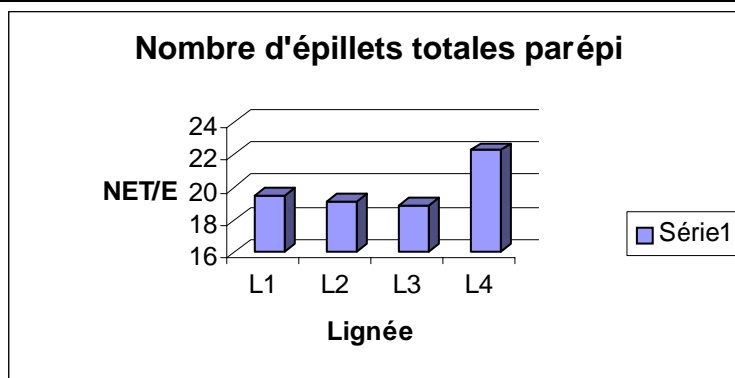


Figure 7.62 : Nombre d'épillets totales par épi (facteur génotype)

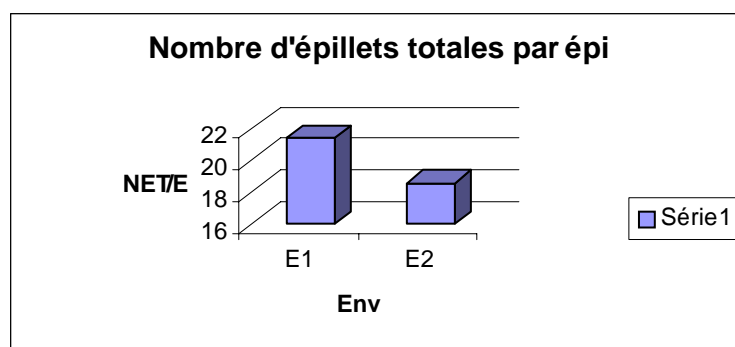


Figure 7.63 : Nombre d'épillets totales par épi (facteur environnement)

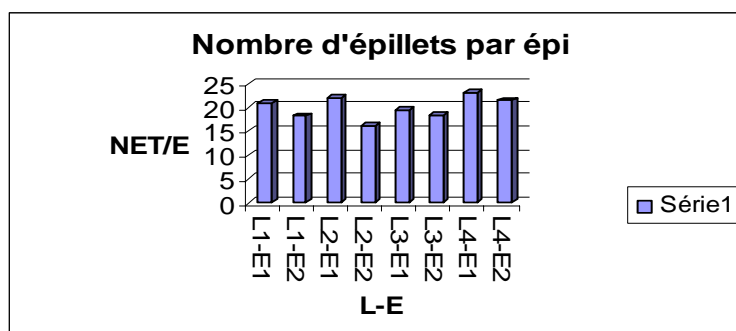


Figure 7.65 : Nombre d'épillets totales par épi (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype a révélé une différence très hautement significative (THS) pour les deux générations. Ces résultats mettent en évidence l'effet net du génotype sur ce caractère. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné pour la génération F4 cinq groupes homogènes : A, B, BC, CD, D et quatre groupes homogènes pour la génération F5, il s'agit: A, B, BC, C.

Nous constatons d'après les résultats du tableau (7.17) que la lignée OUED ZENATI386/KRONOS présente le nombre d'épillets totales par épi le plus élevé avec (22.68 ET/épi) suivie de T.POLONICUM\*ZB/KRONOS avec (20.68 ET/épi). La lignée WAHA\*/AWL/BIT a donné la valeur la plus faible avec (17.83 ET/épi).

Il ressort du tableau (7.18) que le génotype BIDI17/INRAT69 donne le meilleur nombre d'épillets par épi : (22.30 ET/épi), alors que la faible valeur est enregistrée chez le génotype OUED ZENATI368/KRONOS : (18.86 ET/épi). Cette différence peut être due à la phase reproductive très longue qui a caractérisé certaines lignées ; ce qui aboutit à l'élévation du nombre d'épillets totales par épi [10]. En revanche, un raccourcissement de la phase reproductive contribue à une réduction du nombre d'épillets totales par épi, aussi plus le tallage sera long plus l'épi sera long avec un nombre d'épillets élevé [111].

Durant notre expérimentation nous avons remarqué que la lignée L2 de la génération F4, possède la période de tallage la plus longue avec un épi long, a donné le meilleur nombre d'épillets totales par épi. La même observation a été faite pour les deux lignées L4 et L3 de la génération F5.

En parallèle, un nombre d'épillets élevé est associé à une épiaison tardive ce qui confirme nos résultats enregistrés car les génotypes possédant le nombre d'épillets le plus élevé sont des génotypes tardives [112]. Outre, le nombre d'épillets dépend simultanément de la durée de formation des ébauches d'épi [113]. Ce paramètre dépend aussi du besoin de

vernalisation et de la réaction photopériodique des géotypes et des températures moyennes [92].

L'analyse statistique de la variance a montré, pour le facteur environnement, une différence très hautement significative (THS) pour ce facteur. Le teste de NEWMAN et KEULS a révélé la présence de deux groupes homogènes : A, B.

Il ressort de tableau (7.17) que le site de Khroub a donné le meilleur nombre d'épillets totales par épi avec une valeur de (20.27 ET/épi), tandis que la faible valeur a été enregistré à Oued Smar avec (19.14 ET/épi). Par contre, nous remarquons chez la génération F5 que le site d'Oued Smar a donné la meilleur valeur avec (21.38 ET/épi). La faible valeur a été obtenue au Khroub avec (18.55 ET/épi). Cette différence peut être liée aux caractéristiques climatiques propres à chaque milieu. D'ailleurs chaque géotype exprime ses potentialités génétiques dans le milieu expérimentale adéquat.

Ce paramètres, selon les résultats enregistrés, semble être fortement influencé par l'environnement, il résulte que le nombre d'épillets par épi est, surtout, fonction de la somme des températures entre le stade début tallage et épi à 1cm, et de la durée du jour [114]. De même, il a été affirmé que cette composante est sous le contrôle de l'alimentation en eau de la plante ; de la photopériode et de la température [115].

L'analyse statistique de la variance pour l'interaction géotype-milieu a montré une différence très hautement significative (THS) pour les deux générations F4 et F5, signifiant l'influence du milieu sur ce caractère. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné quatre groupes homogènes pour la génération F4 : A, B, C, D, et sept groupes homogènes pour la génération F5 : A B C D E F G.

Nous remarquons d'après le tableau (7.17) que la lignée OUED ZENATI386/KRONOS s'est distingué avec le meilleur nombre d'épillets par épi avec (23.60 ET/épi) enregistré à Oued Smar quant au site de Khroub, ce géotype a donné un nombre d'épillets par épi de (22.17ET/épi). Ce dernier, selon les résultats obtenus, montre une bonne stabilité génétique. Par contre, chez la lignée OUED ZENATI386/HEIDER, le nombre d'épillets totale par épi diffère d'un site à l'autre. Il est de (17.55 ET/épi) à Oued Smar et de (20.17 ET/épi) au Kroub. On remarque chez la lignée WAHA\*/CAPETI-8 que le nombre d'épillets par épi varie de (15.45 ET/épi) à Oued Smar jusqu'à (20.30 ET/épi) au Khroub. Ces deux géotypes n'arrivent pas à maintenir une bonne stabilité, ils expriment ce caractère en fonction des conditions de l'environnement.

Les lignées de la génération F5 se manifestent de façon différente ; il ressort du tableau (7.18) que le génotype BIDI17/INRAT69 a présenté la meilleure valeur avec (23.20 ET/épi) enregistrée à Oued Smar. Au Khroub, ce génotype a donné un nombre d'épillets par épi de (21.40 ET/épi), il s'avère que ce génotype possède une certaine stabilité génétique. Le même comportement est remarqué chez la lignée OUED ZENATI368/KRONOS, dont le nombre d'épillets par épi reste pratiquement constant dans les deux sites avec (19.35 ET/épi) à Oued Smar et (18.38 ET/épi) au Khroub. En revanche, les deux lignées BIDI17/SYRICA/BIDI17 et CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI ont donné un nombre d'épillets par épi qui diffère d'un site à un autre, par conséquent une variabilité génétique considérable a été observée chez ces deux génotypes.

Pour bien élucider l'interaction génotype-milieu le sélectionneur doit travailler dans des régions qui sont relativement hétérogènes en ce qui concerne le sol et le climat. Il doit tenir compte du fait qu'un même génotype peut réagir de façon variable dans des milieux différents [35].

Les résultats accueillis sur ce caractère indiquent que le pourcentage d'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (17.67%) chez la génération F4 et de (9.90%) chez la génération F5, ce rapport de liaison représente la variabilité provoquée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). Par ailleurs, ces données montrent que la variance environnementale contribue avec (34.09%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 quant à la génération F5, ce facteur a contribué avec un taux de (69.05)%. Par contre, nous observons que le facteur génotypique a contribué avec (48.29%) chez la F4 et de (21.07%) chez la F5 dans la variance phénotypique totale. Ces résultats indiquent qu'il y'a une orientation vers une interaction génotype-milieu moyen (17.67%) avec une forte contribution du facteur génotypique (48.29%) chez la génération F4, alors qu'elle est faible chez la F5 (9.90%) avec une forte contribution du facteur environnement (69.05%).

### 7.3.3. Le nombre d'épillets stériles par épi (NES/épi)

#### 7.3.3.1. Résultats :

Les résultats relatifs au nombre d'épillets stériles par épi sont représentés dans les deux tableaux (7.19) et (7.20) et illustrés par les figures (7.65), (7.66), (7.67), (7.68), (7.69), (7.70).

Tableau 7.19 : Nombre d'épillets stériles par épi (NES/épi) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	0.66	0.01	0.0000 THS	D	6.1	1.09
	L2	1.05	0.00		C		
	L3	1.64	0.07		B		
	L4	0.43	0.03		E		
	L5	0.42	0.03		E		
	L6	2.30	0.06		A		
	L7	1.15	0.12		C		
<b>Environnement</b>	E1	1.41	0.05	0.0000 THS	A	9.3	
	E2	0.77	0.05	B			
<b>Interaction</b>	L1-E1	0.59	0.01	0.0000 THS	DEF	9.3	
	L1-E2	0.73	0.01		DE		
	L2-E1	1.25	0.00		C		
	L2-E2	0.85	0.00		D		
	L3-E1	2.60	0.09		B		
	L3-E2	0.67	0.09		DEF		
	L4-E1	0.40	0.04		EF		
	L4-E2	0.45	0.04		EF		
	L5-E1	0.50	0.04		EF		
	L5-E2	0.35	0.04		F		
	L6-E1	3.16	0.08		A		
	L6-E2	1.45	0.08		C		
	L7-E1	1.40	0.14		C		
	L7-E2	0.90	0.14		D		

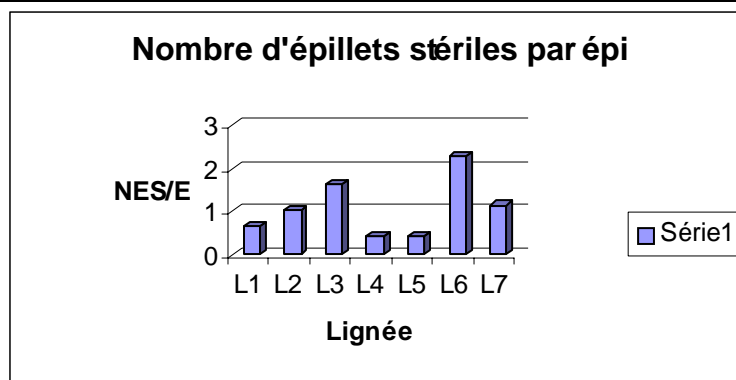


Figure 7.65 : Nombre d'épillets stériles par épi (facteur génotype)



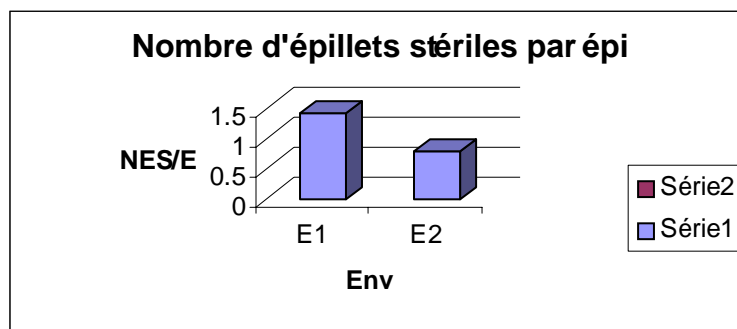


Figure 7.66 : Nombre d'épillets stériles par épi (facteur environnement)

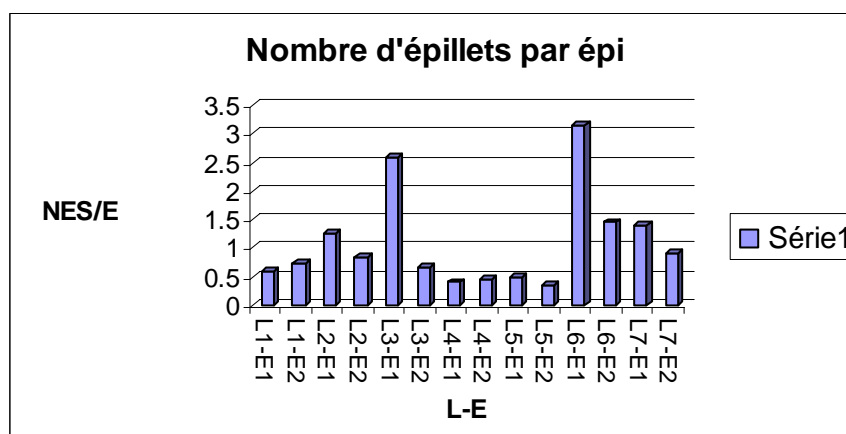


Figure 7.67 : Nombre d'épillets stériles par épi (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.20 : Nombre d'épillets stériles par épi (NES/épi) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	0.34	0.07	0.0007 THS	C	9.1	1.19
	L2	0.90	0.06		B		
	L3	1.65	0.00		A		
	L4	1.88	0.03		A		
<b>Environnement</b>	E1	1.74	0.04	0.0002 THS	A	7.0	
	E2	0.64	0.04		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	0.43	0.09	0.0016 THS	CD	7.0	
	L1-E2	0.25	0.09		D		
	L2-E1	1.55	0.07		B		
	L2-E2	0.25	0.07		D		
	L3-E1	2.60	0.00		A		
	L3-E2	0.70	0.00		C		
	L4-E1	2.40	0.04		A		
	L4-E2	1.35	0.04		B		

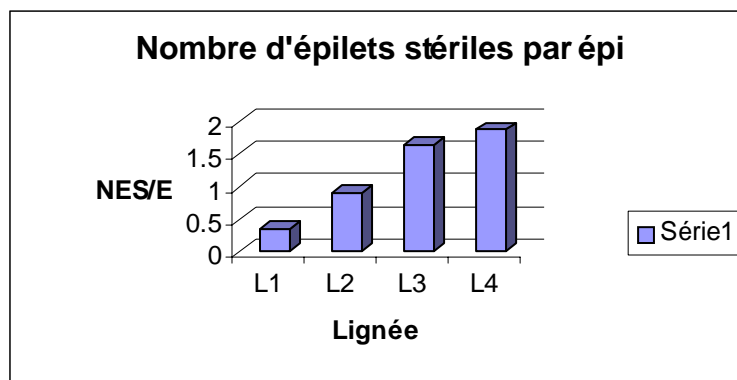


Figure 7.68 : Nombre d'épilets stériles par épi (facteur génotype)

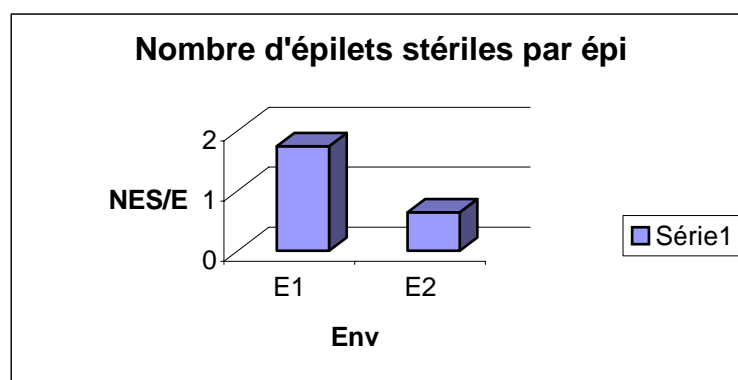


Figure 7.69 : Nombre d'épilets stériles par épi (facteur environnement)

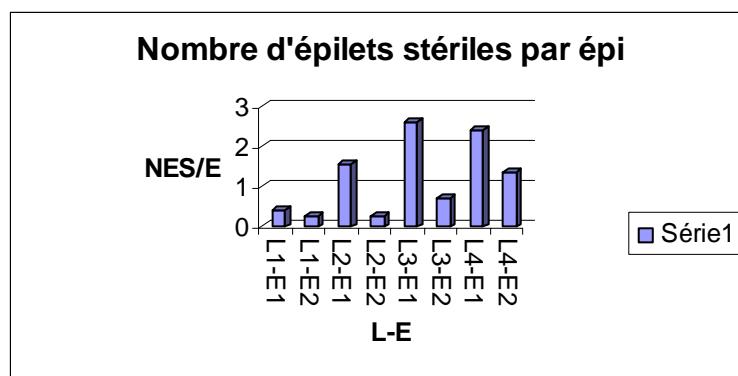


Figure 7.70 : Nombre d'épilets stériles par épi (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype a révélé une différence très hautement significative (THS) pour ce facteur concernant les deux générations F4 et F5, montrant donc l'effet significative de facteur génotype sur ce caractère. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné pour la génération F4 cinq groupes homogènes : A, B, C, D. Par contre, chez la génération F5, ce test a révélé la présence de trois groupes homogènes : A, B, C.

Le tableau (7.19) montre que le génotype T.POLONICUM\*ZB/KRONOS a donné le nombre d'épillets stériles par épi le plus élevé avec (2.30 ES/épi). La faible valeur est enregistrée chez le génotype WAHA\*/CAPETI-8 avec (0.42 ES/épi).

Les résultats relatifs au tableau (7.20) montrent que la lignée WAHA\*/AWL/BIT s'est distinguée avec le plus élevé nombre d'épillets stériles par épi avec (1.88 ES/épi) quant à la lignée OUED ZENATI386/MRB5, ce génotype a enregistré la valeur la plus faible avec (0.34 ES/épi).

Il ressort de ces résultats que ce caractère variétal est fortement influencé par les conditions de milieu, par ailleurs une carence en azote au début de la montaison peut provoquer une augmentation du nombre d'épillets stériles par épi, cette augmentation affecte en priorité les épillets situés à la base de l'épi [71]. Durant notre expérimentation, nous avons constaté, effectivement, que les épillets stériles se situaient en particulier à la base de l'épi.

De sa part MORGAN [56], dans ses recherches menées sur des variétés de blé et d'orge, a expliqué que la fertilité de l'épi est la composante la plus favorisée chez les génotypes à forte capacité d'ajustement osmotique. Ceci a une relation directe avec la structure génétique de la variété.

D'après l'analyse statistique de la variance du facteur environnement, la différence entre les deux sites a été très hautement significative (THS). Le test de NEWMAN et KEULS de la P P A S a donné deux groupes homogènes : A, B

Il ressort du tableau (7.19) que le site d'Oued Smar a montré la valeur la plus élevée du nombre d'épillets stériles par épi avec (1.74 ES/épi), tandis que la plus faible valeur a été enregistrée au Khroub avec (0.77 ES/épi).

Le même résultat a été obtenu chez la génération F5, chez laquelle le site d'Oued Smar a donné le nombre d'épillets stériles par épi le plus élevé avec (1.41 ES/épi), la plus faible valeur a été toujours enregistrée au Khroub avec (0.64 ES/épi). Ces résultats montrent que les caractéristiques climatiques du site d'Oued Smar favorisent l'apparition d'un nombre d'épillets stériles élevé chez les lignées testées.

L'analyse statistique de la variance concernant l'interaction génotype-environnement a révélé une différence très hautement significative (THS). Ce qui montre l'existence de l'interaction génotype-milieu pour ce paramètre et confirme certainement l'effet des deux facteurs sur ce caractère. Le test de NEWMAN et KEULS de la P P A S a donné 9 groupes homogènes.

Les résultats relatifs au tableau (7.19) montrent que le génotype T.POLONICUM\*ZB/KRONOS a donné le nombre d'épillets stériles par épi le plus élevé avec (3.16 E S/épi) lorsqu'il est soumis aux caractéristiques climatiques du site d'Oued Smar. Par contre, ce génotype a donné un nombre d'épillets stériles par épi de (1.45 E S/épi) enregistré au Khroub. En revanche, la lignée WAHA\*/CAPETI-8 a donné le nombre d'épillets stériles par épi le plus élevé enregistré au Khroub avec (0.35 E S/épi) par contre à Oued Smar, ce génotype a donné un nombre de (0.50 ES/épi). Nous observons que, cette lignée présente une bonne stabilité génétique, la même remarque pour la lignée L1 dont le nombre d'épillets stériles par épi reste constant dans les deux sites avec (0.40 ES/épi) à Oued Smar et (0.45 ES/épi) au Khroub.

Les résultats relatifs à la génération F5 (tableau 7.20) montrent que les deux lignées OUED ZENATI368/KRONOS et BIDI17/INRAT69 ont donné le nombre d'épillets stériles par épi le plus élevé, respectivement de (2.60 ES/épi) et (2.40 ES/épi) enregistré à Oued Smar. Par contre, ces deux génotypes ont montré un faible nombre d'épillets stériles par épi au Khroub notamment pour la lignée OUED ZENATI368/KRONOS dont le nombre enregistré a été de (0.25 ES/épi). Ce génotype montre une variabilité génétique importante résulte de l'effet des deux facteurs : génotype et environnement quant à la lignée BIDI17/INRAT69, ce génotype a gardé régulièrement un nombre d'épillets stériles par épi élevé avec une valeur de (1.35 ES/épi). La lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 s'est distinguée avec un nombre faible d'épillets stériles par épi enregistré dans les deux sites de (0.43 E S/épi) à Oued Smar et de (0.25 E S/épi) au Khroub, ce qui montre une bonne stabilité exprimée par ce génotype.

Nous remarquons que les résultats obtenus mettent en évidence une différence de réponse des différents génotypes testés aux variations environnementales dans les deux sites expérimentaux. Certains auteurs comme AURIAU et PULSHARD [92], affirment effectivement que ce caractère est fortement lié aux conditions de milieu et aux accidents qui provoquent l'avortement des ovaires et donc un nombre d'épillets stériles par épi élevé.

En outre, il arrive par fois, suite au stress climatique à la méiose, que les gamètes ne soient pas fonctionnelles et que la fécondation ne puisse pas avoir lieu, ce qui limite le nombre de grains formés (stress hydrique avec des fortes températures) ; car le pollen perd sa viabilité et ne peut féconder le sac embryonnaire [71]. Effectivement, durant notre expérimentation, pendant la floraison, une période de sécheresse a été enregistrée à Oued

Smar qui a dû influencer négativement certains génotypes particulièrement sensibles à ce stress pendant ce stade ce qui a été traduit par un nombre d'épillets stériles élevé.

Les résultats recueillis sur ce caractère expliquent que le pourcentage d'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (1.24%) chez la génération F4 et de (6.55%) chez la génération F5, ce taux de lien représente la variabilité provoquée par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%).

Il s'avère aussi, d'après ces données, que la variance environnementale a contribué avec (59.79%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4, alors que ce facteur a contribué avec (66.68%) chez la génération F5. D'autre part, nous observons que le facteur génotypique a contribué avec (22.68%) chez la F4 et de (26.77%) chez la F5 dans la variance phénotypique totale. En conséquence, nous remarquons qu'il y'a une tendance vers une interaction génotype-milieu très faible (1.24%) avec une forte contribution du facteur environnement (59.79%) chez la génération F4. en parallèle, nous avons remarqué qu'elle est faible aussi chez la F5 (6.55%) avec forte contribution du facteur environnement (66.68%).

#### 7.3.4. Le nombre de grains par épi (NG/épi) :

##### 7.3.4.1. Résultats :

Les résultats relatifs au nombre de grains par épi sont représentés dans les deux tableaux (7.21) et (7.22) et illustrés par les figures (7.71), (7.72), (7.73), (7.74), (7.75), (7.76).

Tableau 7.21 : Nombre de grains par épi (NG/épi) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	52.10	0.12	0.0000 THS	B	2.3	48.93
	L2	62.28	0.48		A		
	L3	38.11	0.97		E		
	L4	52.11	0.30		B		
	L5	48.17	0.09		C		
	L6	41.87	0.55		D		
	L7	47.73	1.04		C		
<b>Environnement</b>	E1	43.67	0.55	0.0000 THS	A	2.2	
	E2	54.19	0.55		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	52.50	0.14	0.0001 THS	D	2.2	
	L1-E2	51.70	0.14		D		
	L2-E1	59.88	0.58		B		
	L2-E2	64.70	0.58		A		
	L3-E1	30.77	1.19		H		
	L3-E2	45.45	1.19		E		
	L4-E1	43.28	0.37		E		
	L4-E2	60.95	0.37		B		
	L5-E1	45.85	0.11		E		
	L5-E2	50.50	0.11		D		
	L6-E1	34.20	0.67		G		
	L6-E2	49.75	0.67		D		
	L7-E1	39.22	1.27		F		
	L7-E2	56.30	1.27		C		

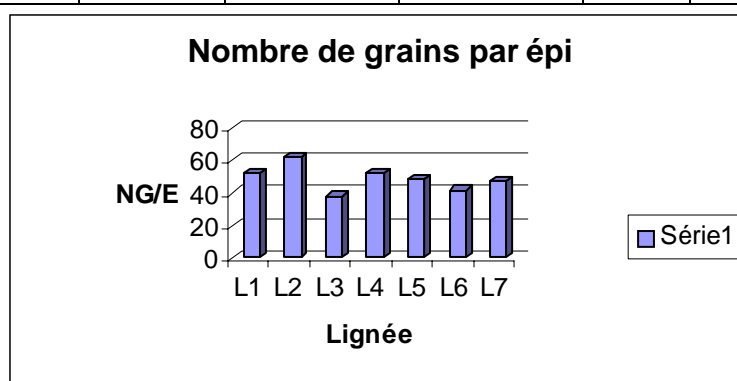


Figure 7.71 : Nombre de grains par épi (facteur génotype)

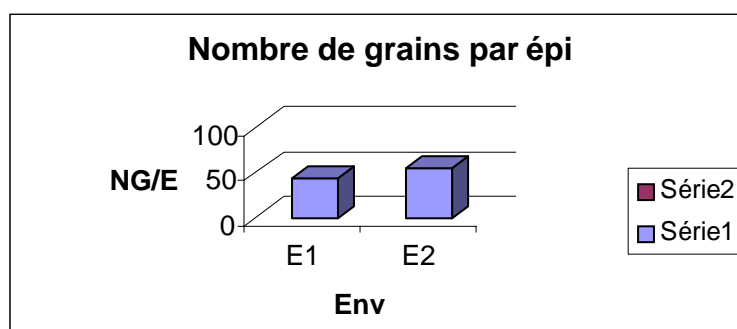


Figure 7.72 : Nombre de grains par épi (facteur environnement)

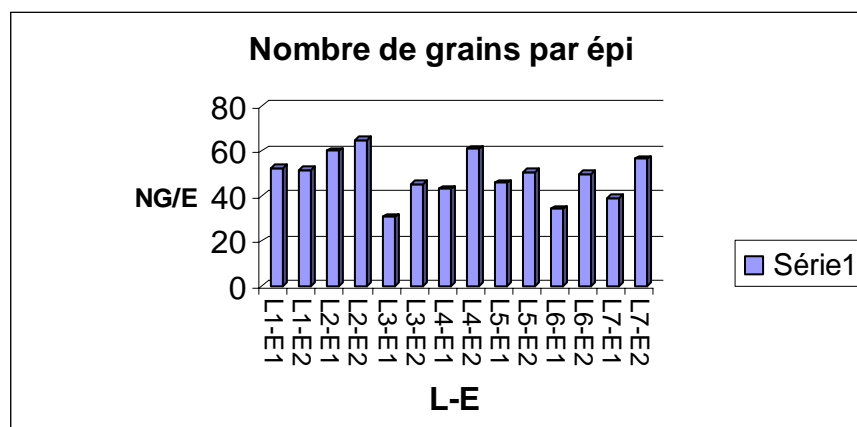


Figure 7.73 : Nombre de grains par épi (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.22 : Nombre de grains par épi (NG/épi) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale
<b>Lignée</b>	L1	53.66	0.13	0.0013 HS	A	1.3	48.81
	L2	46.30	0.64		C		
	L3	48.71	1.49		B		
	L4	46.56	0.16		C		
<b>Environnement</b>	E1	42.83	0.76	0.0004 THS	B	2.9	
	E2	54.79	0.76		A		
<b>Interaction</b>	L1-E1	54.52	0.16	0.0021 HS	A	2.9	
	L1-E2	52.80	0.16		A		
	L2-E1	34.85	0.78		C		
	L2-E2	57.75	0.78		A		
	L3-E1	44.16	1.83		B		
	L3-E2	53.25	1.83		A		
	L4-E1	37.76	0.20		C		
	L4-E2	55.35	0.20		A		

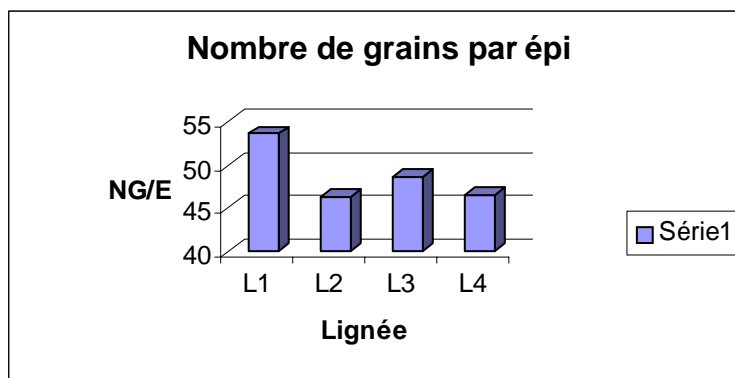


Figure 7.74 : Nombre de grains par épi (facteur génotype)

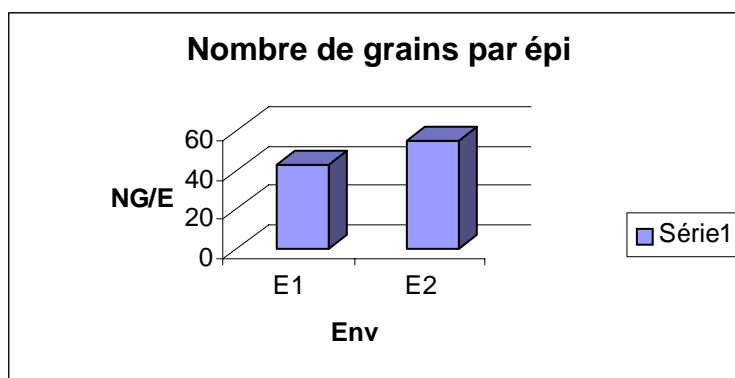


Figure 7.75 : Nombre de grains par épi (facteur environnement)

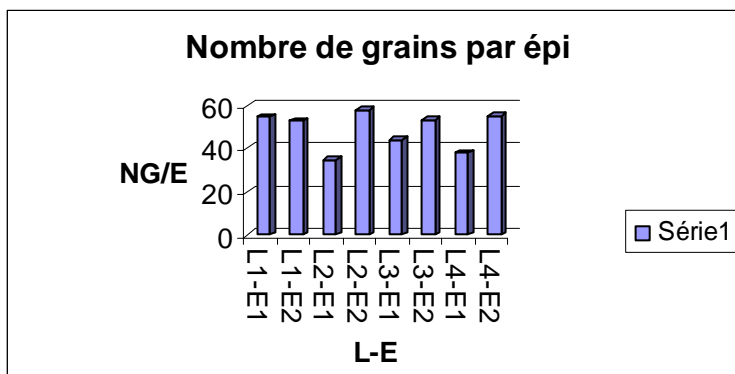


Figure 7.76 : Nombre de grains par épi (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype a révélé une différence très hautement significative (THS) entre les lignées de la générations F4 et hautement significative (HS) pour la génération F5. Ces résultats montrent, en conséquence, l'effet significatif du génotype sur ce caractère.



Le teste de NEWMAN et KAULS de la P P A S a donné respectivement cinq groupes homogènes : A, B, C, D, E pour la génération F4 et trois groupes homogènes : A, B, C pour la génération F5.

Les résultats relatifs au tableau (7.21) montrent que le génotype OUED ZENATI386/KRONOS a donné le nombre de grains par épi le plus élevé avec une valeur de (62.28 grains/épi), alors que le nombre de grains par épi le plus faible a été enregistré chez le génotype OUED ZENATI386/HEIDER avec (38.11 grains/épi). Les autres lignées varient de (52.11 grains/épi) à (41.87 grains/épi).

Il ressort du tableau (7.22) de la génération F5 que le génotype BIDI17/SYRICA/BIDI17 a donné la meilleure valeur du nombre de grains par épi avec (53.66 grains/épi), tandis que le génotype CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI a montré la valeur la plus faible avec (46.30 grains/épi), suivi de L4 avec une valeur de (46.30 grains/épi).

Ces résultats montrent l'existence d'une variabilité considérable entre les génotypes testés qui peuvent, suivant leurs caractéristiques intrinsèques et les conditions pédo-climatiques, présenter un comportement différent. C'est ainsi que le caractère nombre de grains par épi est sensible aux conditions climatiques de la période fin tallage à montaison car toute déficience en assimilats se traduit par l'augmentation du taux d'avortement des épillets [1].

Des travaux menés par GARCIA DEL MORAL et RAMOS [109], utilisant des lignées isogéniques d'orge et de blé de différente précocité, ont permis de montrer que le nombre final de grains par épi dépend fortement du nombre de primordia floraux au moment de l'initiation de la barbe, qui a son tour dépend de la durée des phases suivantes : initiation des glumelles, des étamines et des barbes. Ces chercheurs suggèrent que le taux de mortalité florale dépend principalement des facteurs internes (et dans une moindre mesure des conditions environnementales) durant la croissance de l'inflorescence. Ils ont montré aussi que, la durée de la période de remplissage des grains peut modifier le nombre de grains par épi, diminuant l'avortement des fleurs pollinisées après l'anthèse.

D'autres études réalisées par THORNE [116], sur orge font dépendre le nombre de grains par épi aux variations dans la durée de persistance de la surface foliaire (Leaf Area Duration) et de l'efficacité d'assimilation durant la maturation, et il donne peu d'importance à la période de pré-anthèse.

FISCHER [117] de sa part a montré que les températures et le rayonnement au cours de pré-anthèse sont les facteurs limitants de la production de grains chez le blé et l'orge. En outre, une plus longue durée de la période végétative ou de remplissage des grains favorise la formation d'un nombre plus élevé de grains par épi.

Nous constatons d'après ces résultats que, la fertilité des épis est plus forte chez les génotypes épiant tardivement c'est le cas de la lignée L2. Cette liaison qui met en cause le gel tardif dans la réduction de la fertilité des lignées précoces.

Les résultats relatifs à l'analyse statistique de la variance du facteur environnement a révélé une différence très hautement significative (THS) pour les deux générations F4 et F5. Le teste de NEWMAN et KEULS de la P P A S a donné deux groupes homogènes : A, B.

Il ressort du tableau (7.21) que le site de Khroub a donné la meilleure valeur du nombre de grains par épi avec (54.79 grains/épi), alors que la plus faible valeur a été obtenu à Oued Smar avec (43.67 grains/épi).

Quant à la génération F5, le meilleur nombre de grains par épi a été donné par le site de Khroub avec une valeur de (52.79 grains/épi), alors que le site d'Oued Smar a enregistré la faible valeur avec (42.83 grains/épi).

Ces résultats montrent, clairement, une différence entre ces deux sites pour ce caractère et indiquent que, le site de Khroub semble être favorable par rapport au site d'Oued Smar pour ce caractère qui est fortement lié aux caractéristiques climatiques, car un déficit hydrique en période de montaison peut affecter le nombre d'épillets par épi et surtout sa fertilité [118]. Ce qui confirme les résultats obtenus dans le site d'Oued Smar où nous avons enregistré une période sèche avec des températures élevées.

L'analyse statistique de la variance concernant l'interaction génotype-milieu a montré une différence très hautement significative (THS) entre les lignées de la générations F4, quant à la génération F5 la différence a été hautement significative (HS). Ces résultats mettent en évidence l'effet des deux facteurs sur ce caractère.

Le teste de NEWMAN et KEULS de la P P A S a donné respectivement cinq groupes homogènes : A, B, C, D, E pour la génération F4 et trois groupes homogènes : A, B, C pour la génération F5.

Les résultats relatifs au tableau (7.21) montrent que la lignée OUED ZENATI386/KRONOS a donné le meilleur nombre de grains par épi enregistré à Oued Smar avec (64.70 grains/épi), en revanche ce génotype a donné un nombre de grains par

épi de (59.88 grains/épi) au Khroub. En outre, nous remarquons d'après ces résultats que, la lignée WAHA\*/AWL/BIT a présenté un bon nombre de grains par épi de (60.95 grains/épi) enregistré au Khroub, par contre à Oued Smar ce génotype a montré un nombre de grains par épi de (43.28 grains/épi).

La différence entre les deux sites est importante et montre l'ampleur de la variabilité génétique pour ce génotype. La même remarque peut être observée chez les autres lignées dont le nombre de grains varie d'un site à l'autre. Ce pendant, le génotype OUED ZENATI386/MRB5 a montré une certaine stabilité malgré le faible nombre de grains par épi enregistré. Nous remarquons que, ce dernier a donné un nombre de grains par épi de (52.50 grains/épi) à Oued Smar et de (51.70 grains/épi) au Khroub. Le faible nombre de grains par épi a été obtenu chez la lignée OUED ZENATI386/HEIDER avec (30.77 grains/épi) enregistré au Khroub, à Oued Smar, ce génotype a donné un nombre de (45.45 grains/épi).

Les résultats relatifs au tableau (7.22) montrent que le meilleur nombre de grains par épi a été donné par le génotype CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec (57.75 gains/épi) enregistré au Khroub, alors que ce dernier a donné le faible nombre de grains par épi avec (44.16 grains/épi) inscrit à Oued Smar. Il s'avère, d'après ces résultats, que l'étude de l'interaction génotype-milieu est très utile. C'est ainsi que dans les programmes d'amélioration de blé plusieurs chercheurs s'intéressent à l'interpréter.

BIDINGER et KANG [119], ont montré que l'interaction peut être attendue quand il y a une large variation entre les génotypes testés pour des caractères morphophysiologiques qui confèrent la résistance à (ou action d'éviter de) un ou plusieurs stressés. Cette variation quantitative est due à différents facteurs :

1. Il y a plusieurs gènes en cause (caractères polygéniques).
2. Le polymorphisme de chacun d'entre eux qui concerne des allèles actifs d'effets en général peu différents, éventuellement modulés par l'épistasie (interactions entre gènes non alléliques).
3. Les fluctuations de l'environnement affectent la valeur de ces caractères.

La plupart des caractères de croissance, d'adaptation, de forme, et aussi des caractères physiologiques, biochimiques ou moléculaires relèvent de cette catégorie (flux photosynthétique, activités enzymatiques, quantités de protéines individuelles ou d'ARN messagers) [120].

Par ailleurs, les résultats enregistrés pour ce caractère montrent que le pourcentage d'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (4.88%) chez la génération F4 et de (15.50%) chez la génération F5, ce taux de combinaison représente la variabilité induite par l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). Il s'avère aussi, d'après ces données, que la variance environnementale a contribué avec (72.25%) de la variation phénotypique totale observée chez la génération F4, alors que sa contribution a été de (78.72%) chez la génération F5. En outre, nous remarquons que le facteur génotypique a participé avec (22.68%) chez la F4 et (6.37%) chez la F5 dans la variance phénotypique totale. Ces résultats indiquent qu'il y'a une aptitude vers une interaction génotype-milieu très faible (4.88%) avec une forte contribution du facteur environnement (72.25%) chez la génération F4, par contre l'interaction a été moyenne chez la F5 (15.50%) avec forte contribution constamment du facteur environnement (78.72%).

#### 7.3.5. Le poids de mille grains (PMG) :

##### 7.3.5.1. Résultats :

Les résultats relatifs au poids de mille grains sont compris dans les deux tableaux (7.23) (7.24) et illustrés par les figures (7.77), (7.78), (7.79), (7.80), (7.81), (7.82).

Tableau 7.23 : Poids de mille grains (P M G) (g) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (g)	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale (g)
<b>Lignée</b>	L1	52.49	0.01	0.0000 THS	A	1.3	43.13
	L2	35.19	0.28		D		
	L3	43.70	0.46		B		
	L4	43.37	0.25		B		
	L5	43.09	0.14		B		
	L6	39.86	0.16		C		
	L7	44.21	0.04		B		
<b>Environnement</b>	E1	41.46	0.22	0.0000 THS	B	1.0	
	E2	44.80	0.22	A			
<b>Interaction</b>	L1-E1	54.20	0.01	0.0000 THS	A	1.0	
	L1-E2	50.78	0.01		B		
	L2-E1	27.55	0.34		F		
	L2-E2	42.83	0.34		D		
	L3-E1	45.00	0.57		C		
	L3-E2	42.40	0.57		D		
	L4-E1	42.25	0.31		D		
	L4-E2	44.49	0.31		C		
	L5-E1	41.27	0.17		D		
	L5-E2	44.92	0.17				
	L6-E1	34.47	0.19		E		
	L6-E2	45.25	0.19		C		
	L7-E1	45.50	0.05		C		
	L7-E2	42.92	0.05		D		

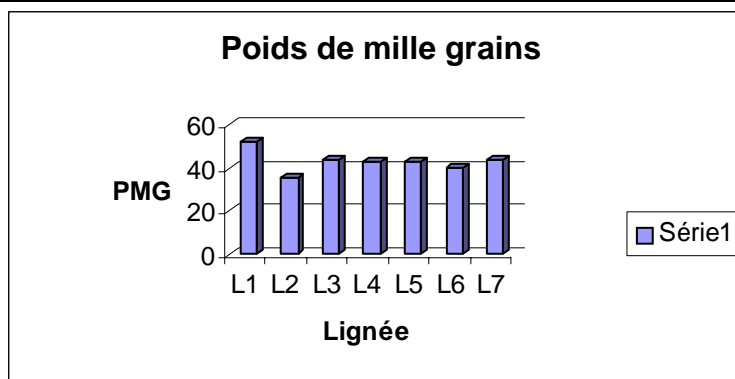


Figure 7.77 : Poids de mille grains (facteur génotype)

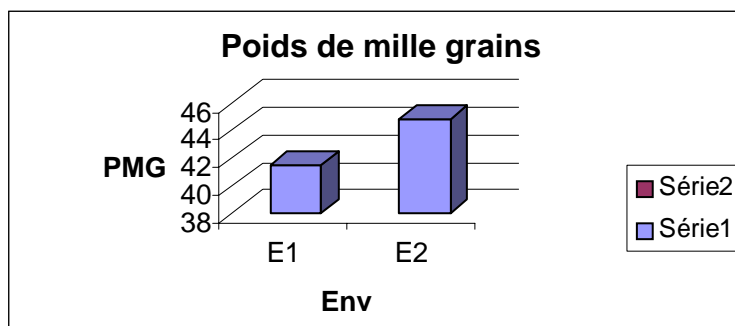


Figure 7.78 : Poids de mille grains (facteur environnement)

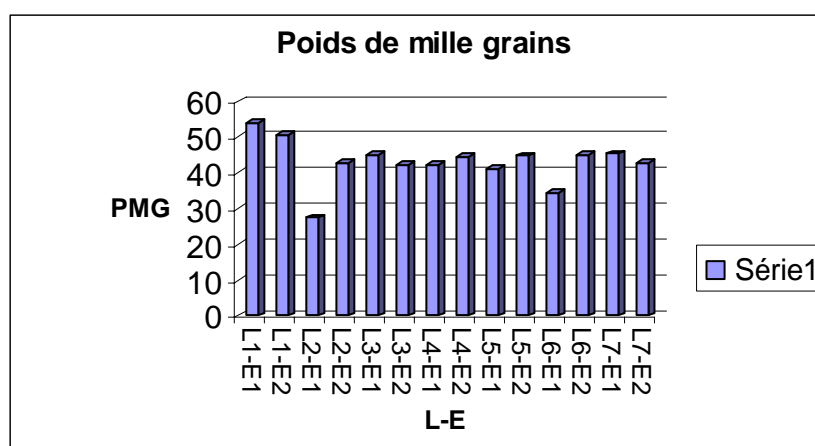


Figure 7.79 : Poids de mille grains (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.24 : Poids de mille grains (P M G) (g) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (g)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (g)
<b>Lignée</b>	L1	43.26	0.02	0.0003 THS	B	1.6	41.08
	L2	34.83	0.27		D		
	L3	48.02	0.08		A		
	L4	38.21	0.04		C		
<b>Environnement</b>	E1	40.85	0.13	0.0199 HS	B	0.6	
	E2	41.31	0.13		A		
<b>Interaction</b>	L1-E1	44.21	0.02	0.0002 THS	B	0.6	
	L1-E2	42.32	0.02		C		
	L2-E1	36.01	0.33		D		
	L2-E2	33.65	0.33		D		
	L3-E1	51.25	0.10		A		
	L3-E2	44.79	0.10		B		
	L4-E1	31.92	0.05		F-E		
	L4-E2	44.49	0.05		B		

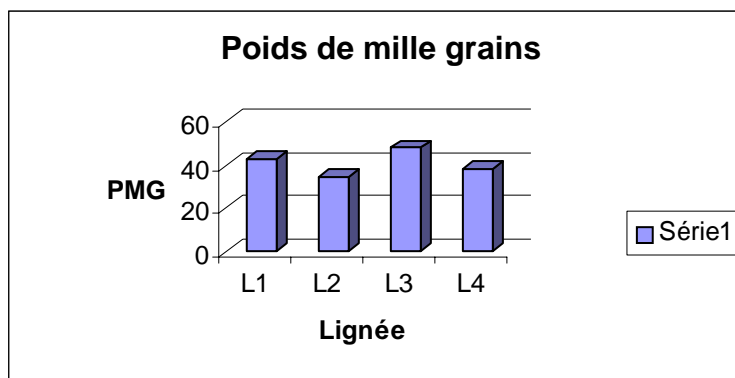


Figure 7.80 : poids de mille grains (facteur génotype)

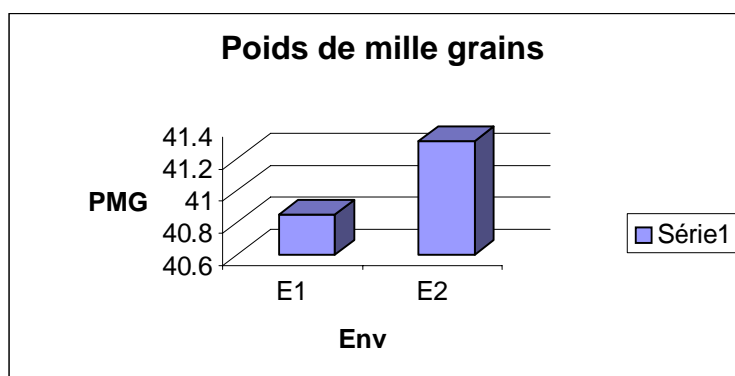


Figure 7.81 : poids de mille grains (facteur environnement)

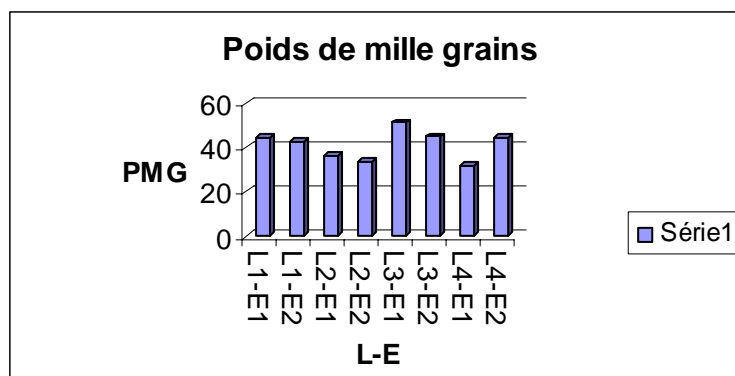


Figure 7.82 : poids de mille grains (l'interaction génotype-environnement)

Les résultats relatifs à l'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype a dévoilé une différence très hautement significative (THS) pour les deux générations F4 et F5, montrant l'effet significatif du facteur génotype sur ce caractère.

Le teste de NEWMAN et KEULS de la P P A S a révélé, chez les deux génération F4 et F5, la présence de quatre groupes homogènes : A, B, C, D.

Il ressort du tableau (7.23) que le génotype OUED ZENATI386/MRB5 a donné le PMG le plus élevé avec une valeur de (52.49 g), tandis que le génotype OUED ZENATI386/KRONOS a montré le PMG le plus faible avec (35.19 g), les autres génotypes varient de (44.21 g) à (39.86 g).

D'autre part, Les résultats du tableau (7.24) montrent que, la lignée OUED ZENATI368/KRONOS a donné le PMG le plus élevé avec (48.02 g), alors que le faible PMG a été enregistré chez la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec (34.83 g). Ces fluctuations peuvent être dues, en premier lieu aux facteurs génétiques des différentes lignées testées et en deuxième lieu à l'effet de l'environnement. En effet, généralement, le PMG est peu maîtrisable car il est fortement lié aux conditions de milieu au moment de la formation et du remplissage des grains : un manque d'eau après floraison avec des températures élevées entraînent une diminution du PMG ; ce qui se traduit par l'échaudage des grains [1]. Par ailleurs, ce caractère est sous l'effet des composantes suivantes : matière fraîche, matière sèche, eau et matières protéiques qui diminuent sous l'effet de l'élévation de la température [11]. En outre, la diminution du poids de mille grains (PMG) est peut être liée au dessèchement de la dernière feuille et du dernier noeud ce qui est probablement l'une des causes des fluctuations de ce paramètre entre les génotypes testés, car une lignée qui peut maintenir ces deux caractères pour une longue période peut avoir un PMG élevé [121].

Des recherches similaires sur orge et blé menées par GARCIA DEL MORAL et RAMOS [89], ont montré que le poids de mille grains dépend de la vitesse du remplissage des grains. Pour eux, les hautes températures, la sécheresse ou les maladies foliaires accélèrent la sénescence des feuilles après l'anthèse et réduisent la période de croissance des grains. Cette vitesse de remplissage des grains dépend du génotype et des conditions environnementales, qui contrôlent le transfert des assimilats vers les grains en croissance. Par ailleurs, il y'a une corrélation entre le poids de mille grains et la biomasse végétative, mettant en évidence la grande importance des réserves végétatives pour le remplissage de grains donc, il est souhaitable que les lignées sélectionnées, surtout dans les régions méditerranéennes, aient une capacité élevée à accumuler les réserves dans les organes végétatives.

Les résultats de l'analyse statistique relatifs au facteur environnement montrent une différence très hautement significative (THS) pour la F4 quant à la génération F5, la



différence a été hautement significative (HS). Le teste de NEWMAN et KEULS de la P P A S a révélé deux groupes homogènes : A, B.

Il ressort du tableau (7.23) que le site de Khroub a donné le PMG le plus élevé avec (44.80 g), tandis que le site d'Oued Smar a enregistré le PMG le plus faible avec (41.46 g).

En ce qui concerne la génération F5 ; nous remarquons que, régulièrement, le site de Khroub donne le PMG le plus élevé avec (41.31 g), alors que le site d'Oued Smar donne le PMG le plus faible avec (40.85 g). Nous constatons d'après ces résultats que le site de Khroub est favorables du fait que ses caractéristiques pédo-climatiques sont plus adéquates que celles de l'environnement d'Oued Smar où les géotypes testés n'arrivent pas à exprimer leurs capacités intrinsèques convenablement. Ce caractère génétique, sous l'effet du climat, subit des variations importantes et qui interviennent de façon prépondérantes sur le rendement final [121]. Ainsi, en présence de température supérieure à 21c<sup>0</sup> les protéines s'accumulent relativement plus vite que l'amidon ; il résulte une baisse du PMG accompagnée d'une augmentation du taux de protéine ce qui peut être l'une des causes de la diminution du PMG dans le site d'Oued Smar où nous avons enregistré durant la phase remplissage des grains des températures supérieures à 21c<sup>0</sup> [122].

Concernant l'interaction géotype-milieu, l'analyse statistique de la variance a révélé une différence très hautement significative (THS) pour les deux générations F4 et F5. Cela affirme l'influence des deux facteurs : géotype et milieu en interaction sur ce caractère.

Le teste de NEWMAN et KEULS a révélé chez la génération F4 six groupes homogènes : A, B, C, D, E, F. Chez la génération F5, ce teste a donné cinq groupes homogènes A, B, C, D, E.

Les résultats relatifs au tableau (7.23) montrent que le géotype OUED ZENATI386/MRB5 a donné le meilleur PMG avec (54.20 g) enregistré à Oued Smar quant au site de Khroub, ce géotype a montré un PMG de (50.78 g) occupant le rangé du le deuxième groupes homogène. La même remarque concernant les autres géotypes avec lesquels le PMG varie d'un site à l'autre, c'est le cas de la lignée OUED ZENATI386/KRONOS dont le PMG change de manière considérable où nous avons enregistré une valeur de (42.83 g) au Khroub, alors qu'à Oued Smar ce géotype a donné un PMG de (27.55 g).

Chez les lignées de la générations F5, le géotype OUED ZENATI368/KRONOS a montré le PMG le plus élevé enregistré à Oued Smar avec (51.25 g), dans l'autre site ce

génotype a inscrit un PMG de (44.79 g). En revanche, la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI a montré une stabilité remarquable dont le PMG enregistré dans les deux sites ne varie pas beaucoup : (36.01 g) au Khroub et (33.65 g) à Oued Smar, par contre le génotype BIDI17/INRAT69 a montré une variabilité importante concernant ce paramètre car selon les résultats enregistrés le PMG marqué au Khroub a été de (44.49 g), alors qu'à Oued Smar la valeur obtenue a été de (31.92 g).

Ces variations peuvent être imputables à des différences de gènes entre les lignées et à des différences de conditions de milieu dans lesquelles sont placés les individus mesurés [25]. Rappelons que ces deux composantes ne peuvent être mises en évidence, et donc prises en considération, que si elles présentent elles mêmes des variations.

Il faut noter que ce caractère est très recherché pour la qualité technologique des grains car le rendement en semoule est en corrélation positive avec le poids de mille grains. En effet, l'échaudage critère lié directement aux conditions de culture, entraîne un poids de mille grains faible d'où l'élimination des grains fortement échaudés au cours de nettoyage et réduction du rendement semoulière [123].

En outre, les résultats enregistrés pour ce caractère montrent que le pourcentage de liaison entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (21.97%) chez la génération F4 et de (34.00%) chez la génération F5, ce taux de combinaison entre les deux facteurs représente la contribution de l'interaction génotype-environnement dans la variance phénotypique totale (100%). Ces données montrent que la variance environnementale a contribué avec (32.67%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4, alors que chez la génération F5, ce facteur a contribué avec (0.39%). En revanche, nous constatons que le facteur génotypique a participé avec (22.68%) chez la F4 et de (69.54%) chez la F5 dans la variance phénotypique totale. Ces résultats montrent qu'il y'a une tendance vers une interaction génotype-environnement moyenne (21.97%) avec une forte contribution du facteur génotype (45.47%) chez la génération F4. Chez la génération F5, l'interaction entre les deux facteurs a été élevée (34.00%) avec une dominance considérable du facteur génotypique (69.54%).

#### 7.4. Le rendement réel en grains (qx/ha) (R R)

##### 7.4.1. Résultats :

Les résultats relatifs au rendement réel en grains sont compris dans les deux tableaux (7.25) et (7.26) et illustrés par les figures (7.83), (7.84), (7.85), (7.86), (7.87), (7.88).

Tableau 7.25 : Rendement réel en grains (RR) (qx/ha) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (qx/ha)	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale (qx/ha)
<b>Lignée</b>	L1	44.84	0.76	0.0000 THS	B	2.6	42.67
	L2	44.30	0.34		B		
	L3	53.75	0.64		A		
	L4	46.88	1.41		B		
	L5	44.40	0.69		B		
	L6	33.92	0.55		C		
	L7	30.63	0.49		D		
<b>Environnement</b>	E1	37.43	0.69	0.0000 THS	B	3.1	
	E2	47.91	0.69	A			
<b>Interaction</b>	L1-E1	44.83	0.94	0.0000 THS	C	3.1	
	L1-E2	44.85	0.94		C		
	L2-E1	43.36	0.42		CD		
	L2-E2	45.25	0.42		C		
	L3-E1	28.15	0.78		E		
	L3-E2	79.35	0.78		A		
	L4-E1	54.25	1.73		B		
	L4-E2	39.50	1.73		D		
	L5-E1	45.70	0.85		C		
	L5-E2	43.10	0.85		CD		
	L6-E1	26.55	0.67		E		
	L6-E2	41.30	0.67		CD		
	L7-E1	19.20	0.60		F		
	L7-E2	42.05	0.60		CD		

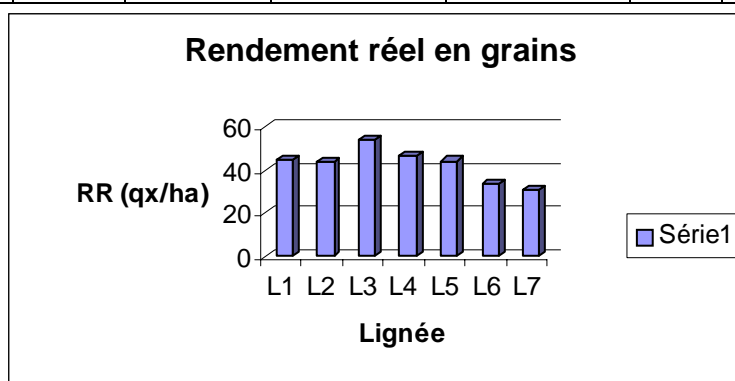


Figure 7.83 : Rendement réel en grains (facteur génotype)

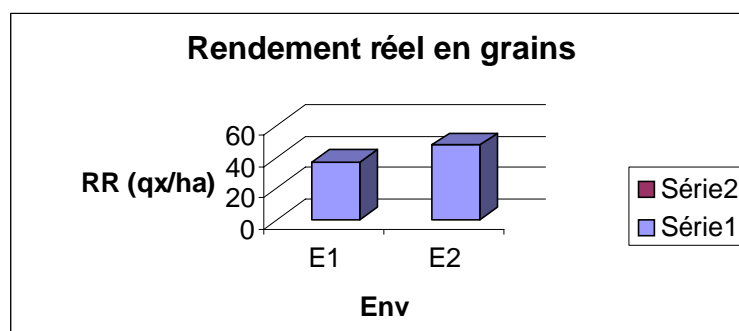


Figure 7.84 : Rendement réel en grains (facteur environnement)

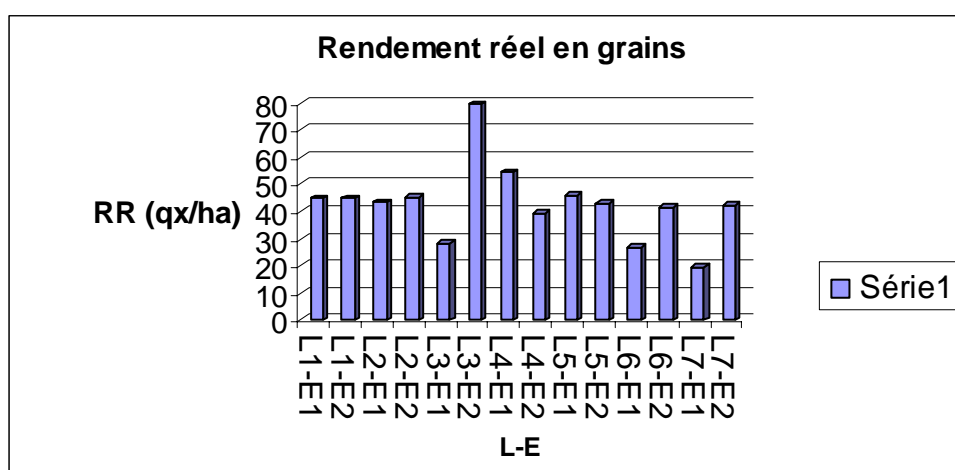


Figure 7.85 : Rendement réel en grains (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.26 : Rendement réel en grains (RR) (qx/ha) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (qx/ha)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (qx/ha)
<b>Lignée</b>	L1	49.40	0.81	0.0001 THS	A	3.2	31.43
	L2	29.38	0.26		B		
	L3	24.80	0.00		C		
	L4	22.15	1.10		D		
<b>Environnement</b>	E1	29.30	0.64	0.0031 HS	B	3.8	
	E2	33.56	0.64		A		
<b>Interaction</b>	L1-E1	57.80	0.99	0.0005 THS	A	3.8	
	L1-E2	41.00	0.99		B		
	L2-E1	26.40	0.32		E		
	L2-E2	32.35	0.32		D		
	L3-E1	12.70	0.00		G		
	L3-E2	36.70	0.00		C		
	L4-E1	20.30	1.34		F		
	L4-E2	24.00	1.34		E		

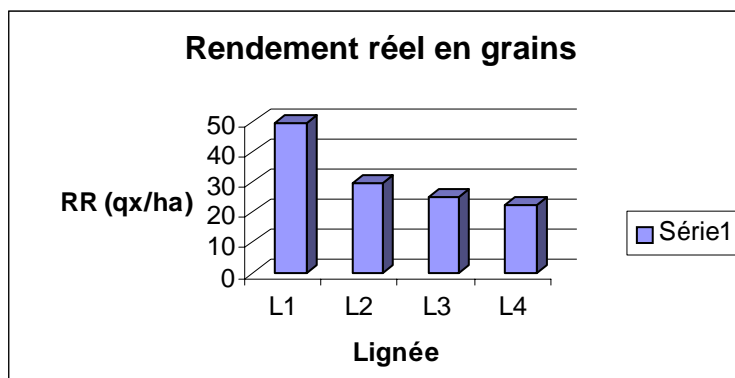


Figure 7.86 : Rendement réel en grains (facteur génotype)

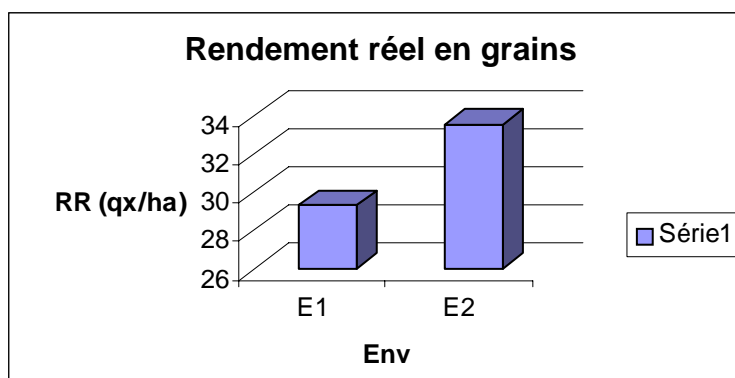


Figure 7.87 : Rendement réel en grains (facteur environnement)

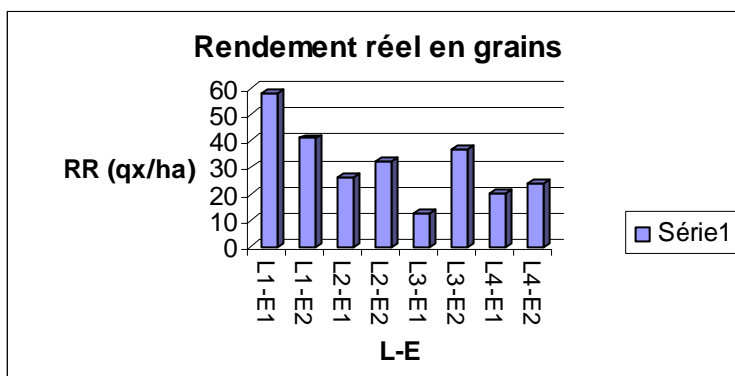


Figure 7.88 : Rendement réel en grains (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance effectuée sur les données relatifs aux rendements en grains a révélé une différence très hautement significative (THS) pour les deux générations.

Le teste de NEWMAN et KEULS a donné pour les deux génération F4 et F5 quatre groupes homogènes, il s'agit de : A, B, C, D.

Il ressort du tableau (7.25) que la lignée OUED ZENATI386/HEIDER s'est distinguée avec le meilleur rendement (53.75 qx/ha) suivie de la lignée WAHA\*/AWL/BIT avec (46.88 qx/ha) ; le plus bas rendement a été enregistré chez le génotype VITRON/DJENH KHATIFA avec (30.63 qx/ha).

Concernant la génération F5 nous avons remarqué que le meilleur rendement a été enregistré chez la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 avec une valeur de (49.40 qx/ha), tandis que le plus faible rendement a été donné par le génotype BIDI17/INRAT69 : (22.15 qx/ha).

Généralement le rendement en grains est fortement influencé par les variations, en quantité et en qualité, des pluies reçues au cours du cycle de développement de la culture, également les différences de rendement en grains, entre les génotypes testés, peuvent être dues au contrôle génétique influencé par des caractères morphologiques tels que la puissance de tallage, la longueur et la fertilité de l'épi et le poids de mille grains (PMG) et physiologiques [124]. Par ailleurs, ces caractères sont influencés par les deux processus photosynthétiques et métaboliques de la plante. Ces deux processus physiologiques, qui déterminent le rendement, sont l'accumulation des produits photosynthétiques et leur répartition entre les grains et la paille. Ils doivent être maximisés et équilibrés afin d'obtenir un bon rendement.

Des recherches menée par MIZIANI et al. [93] ont montré que le rendement en grains est étroitement lié à la durée de remplissage des grains. Pareillement, chez les céréales le rendement en grains dépend des trois facteurs : le nombre d'épi au m<sup>2</sup>, le nombre de grains par épi et le poids moyen du grains [125].

L'analyse de la variance pour le facteur environnement a montré une différence très hautement significative (THS) pour la F4 et hautement significative (HS) pour la F5. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné deux groupes homogènes : A, B.

Nous observons d'après les résultats du tableau (7.25) que le site du Khroub a donné le meilleur rendement avec (47.91 qx/ha) quant au site d'Oued Smar, le rendement enregistré a été de (37.43 qx/ha).

Chez la génération F5 nous avons constaté que, le site du Khroub donne , régulièrement, le meilleur rendement avec (33.35 qx/ha) par rapport au site d'Oued Smar où nous avons enregistré un rendement de (29.30 qx/ha). Ce caractère subit, selon les résultats enregistrés, des variations importantes en fonction de milieu. Ces fluctuations peuvent être dues aux conditions climatiques des deux sites expérimentaux.

La différence pour l'interaction génotype-milieu a été très hautement significative (THS) pour les deux générations F4 et F5 mettant en évidence l'existence d'une interaction génotype-environnement pour ce caractère.

Le teste de NEWMAN et KEULS de la P P A S a révélé la présence de : 8 groupes homogènes.

Les résultats relatifs au tableau (7.25) montrent que le génotype OUED ZENATI386/HEIDER a donné le rendement le plus élevé avec (79.35 qx/ha) enregistré au khroub, par contre son rendement à Oued Smar a été de (28.17 qx/ha), une grande différence constatée entre le rendement de ce génotype dans les deux sites expérimentaux mettant en évidence la forte influence du milieu sur ce caractère. Les autres génotypes ont donné des rendements presque similaires entre les deux sites c'est le cas de la lignée OUED ZENATI386/MRB5 dont le rendement en grains enregistré à Oued Smar a été de (44.83qx/ha), au Khroub, le rendement signalé a été de (44.85qx/ha). En parallèle, le génotype VITRON/DJENH KHATIFA a montré le rendement le plus faible (19.20qx/ha) enregistré à Oued Smar, tandis que son rendement au Khroub a été de (42.05qx/ha), le même comportement remarqué à celui de génotype OUED ZENATI386/MRB5.

Il ressort du tableau (7.26) que la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 a donné le meilleur rendement avec (57.80 qx/ha) enregistré à Oued Smar quant au site du khroub, le rendement obtenu a été de (41.00 qx/ha). Les autres lignées ont donné des rendements faibles par rapport au génotype BIDI17/SYRICA/BIDI17 c'est le cas de la lignée BIDI17/INRAT69 dont le rendement enregistré dans les deux sites a été de (24.00 qx/ha) au Khroub et (20.30 qx/ha) à Oued Smar. Le rendement le plus faible a été donné par le génotype CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec une valeur de (26.40 qx/ha) enregistré à Oued smar. Ces résultats confirment, effectivement, que le rendement en grains est sous la dépendance des facteurs génétiques et toutes les caractéristiques environnementales influençant la croissance de la plante. En outre, la majorité des caractères économiquement importants en sélection végétale comme le rendement en grains présentent une distribution continue qui exprime que ce caractère est sous la dépendance d'un grand nombre de gènes et de facteurs environnementaux (caractère multifactoriel) [17]. En conséquence, ce paramètre est difficile à estimer car son expression ne dépend pas seulement du patrimoine génétique, il est également influencé par les facteurs de milieu [124].

Il est à noter aussi que ce caractère est fortement corrélé positivement à la précocité à l'épiaison. En outre, la sélection pour une grande tardiveté expose les géotypes sélectionnés aux effets des hautes températures et à la sécheresse, pour réduire la variabilité des rendements en grains liée à la précocité, il faut donc déterminer une période optimale qui fait donner le moins de risques vis-à-vis des deux contraintes de nature imprévisible. Cette recherche est à compléter par l'étude des différents mécanismes de réponse (précocité génétique, réponse à la photopériode).

Nous remarquons aussi que les rendements les plus élevés sont obtenus par les lignées à pailles courtes c'est le cas de la lignée L1 dont le rendement en grains a été de

(53.75 qx/ha) et une paille de (87.50 cm), la même remarque pour la L4 dont le rendement a été de (46.86 qx/ha) et une paille de (96.25 cm). Donc chaque géotype possède un rendement maximum ne peut l'exprimer que lorsque l'ensemble des facteurs biotiques et abiotiques sont favorables à l'extériorisation du potentiel génétique. Actuellement, il est impossible de connaître exactement les exigences environnementales optimales des variétés. En effet, le rendement en grains dépend étroitement des quantités d'eau disponibles pendant la période allant de l'anthèse à la maturité.

Dans la plus part des études de l'interaction génotype-milieu, le rendement en grain est toujours considéré comme la variable dépendante tandis que les paramètres morphophysiologiques sont les variables indépendantes. Le rendement en grains évalué sur plusieurs environnements restera toujours la meilleure approche pour la sélection.

L'alternance de la sélection au sein des populations en ségrégation des plusieurs sites ainsi que le testage des lignées avancées dans ces différentes localisations est une bonne stratégie qui nous permette d'identifier les géotypes qui s'adaptent aux conditions expérimentales.

D'autre part, les résultats obtenus pour ce caractère montrent que le degré d'interaction entre les deux facteurs : géotypique et environnemental est de (31.58%) chez la génération F4 et de (29.76%) chez la génération F5, ce taux de liaison entre les deux facteurs indique la contribution de l'interaction génotype-environnement dans la variation phénotypique totale (100%). Ces données montrent aussi que la variance environnementale a contribué avec (57.74%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4. Par contre, chez la génération F5, ce facteur a contribué avec (7.42%). En outre, nous remarquons que le facteur géotypique a participé avec



(16.68%) chez la F4 alors qu'il a contribué chez la génération avec (63.42%) dans la variation phénotypique totale observée.

Ces résultats indiquent que les deux facteurs ont une tendance vers une interaction élevée (31.58%) avec une forte contribution du facteur environnement (57.74%) chez la génération F4. En parallèle, chez la génération F5, l'interaction entre les deux facteurs a été également élevée (29.76%) mais avec une prédominance du facteur génotypique (63.42%).

#### 7.4. Qualité technologique des grains

##### 7.4.1. Le Mitadinage (M) (%)

###### 7.4.1.1. Résultats :

Les résultats relatifs au mitadinage sont compris dans les deux tableaux (7.27) et (7.28) et illustrés par les figures (7.89), (7.90), (7.91), (7.92), (7.93), (7.94).

Tableau 7.27 : Le mitadinage (M) (%) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (%)	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale (%)
<b>Lignée</b>	L1	09.28	0.32	0.0022 HS	B	5.4	8.35
	L2	20.71	4.57		A		
	L3	04.35	1.61		B		
	L4	02.15	0.17		B		
	L5	09.40	0.86		B		
	L6	04.61	0.07		B		
	L7	07.95	0.29		B		
<b>Environnement</b>	E1	10.89	1.68	0.0045 HS	A	8.8	
	E2	05.81	1.68		B		
<b>Interaction</b>	L1-E1	17.06	0.40	0.0019 HS	B	8.8	
	L1-E2	01.50	0.40		CD		
	L2-E1	32.67	5.60		A		
	L2-E2	08.75	5.60		BCD		
	L3-E1	02.70	1.98		CD		
	L3-E2	06.00	1.98		BCD		
	L4-E1	02.51	0.21		CD		
	L4-E2	01.80	0.21		CD		
	L5-E1	03.29	1.05		CD		
	L5-E2	15.50	1.05		BC		
	L6-E1	08.58	0.08		BCD		
	L6-E2	00.63	0.08		D		
	L7-E1	09.40	0.35		BCD		
	L7-E2	06.50	0.35		BCD		

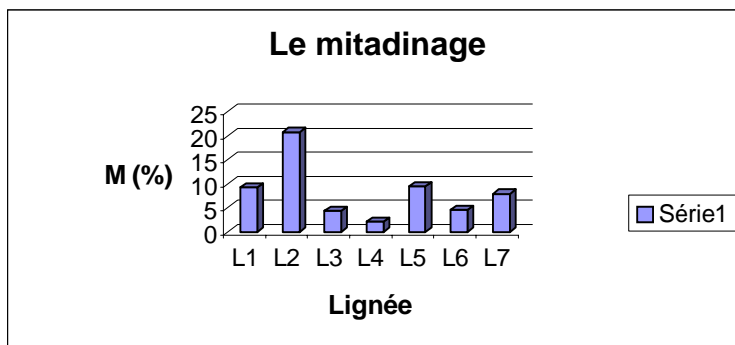


Figure 7.89 : Mitadinage (facteur génotype)

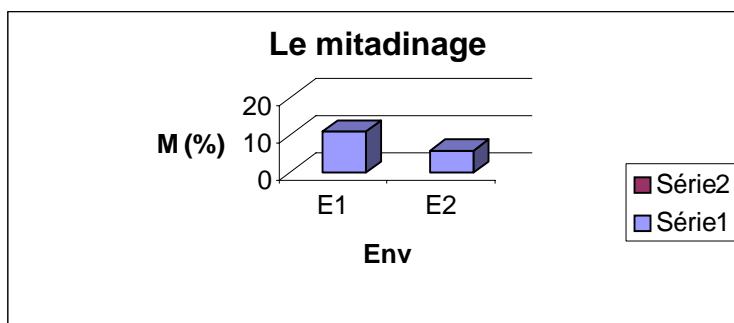


Figure 7.90 : Mitadinage (facteur environnement)

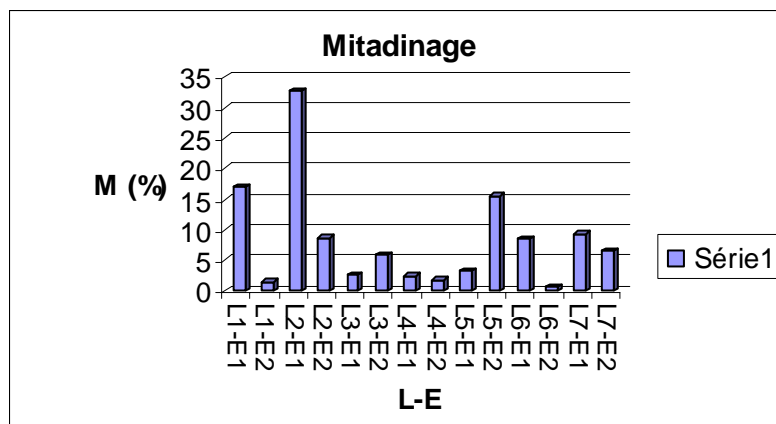


Figure 7.91 : Le mitadinage (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.28 : Le Mitadinage (M) (%) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (%)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (%)
<b>Lignée</b>	L1	22.47	0.25	0.0000 THS	A	2.7	13.38
	L2	12.50	0.00		B		
	L3	12.66	0.18		C		
	L4	05.90	0.12		D		
<b>Environnement</b>	E1	20.81	0.15	0.0001 THS	B	2.1	
	E2	05.95	0.15		A		
<b>Interaction</b>	L1-E1	28.44	0.31	0.0003 THS	A	2.1	
	L1-E2	16.50	0.31		B		
	L2-E1	20.50	0.00		E		
	L2-E2	04.50	0.00		D		
	L3-E1	24.06	0.22		C		
	L3-E2	01.25	0.22		G		
	L4-E1	10.25	0.14		B		
	L4-E2	01.55	0.14		E		

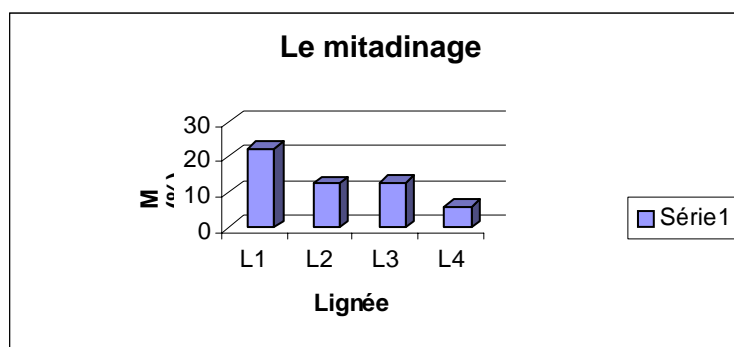


Figure 7.92 : Le mitadinage (facteur génotype)

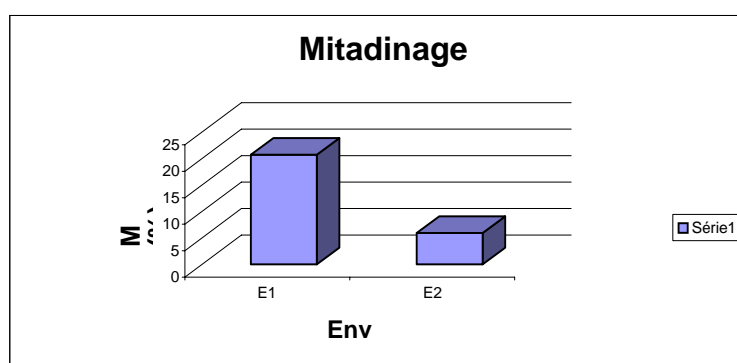


Figure 7.93 : Le mitadinage (facteur environnement)

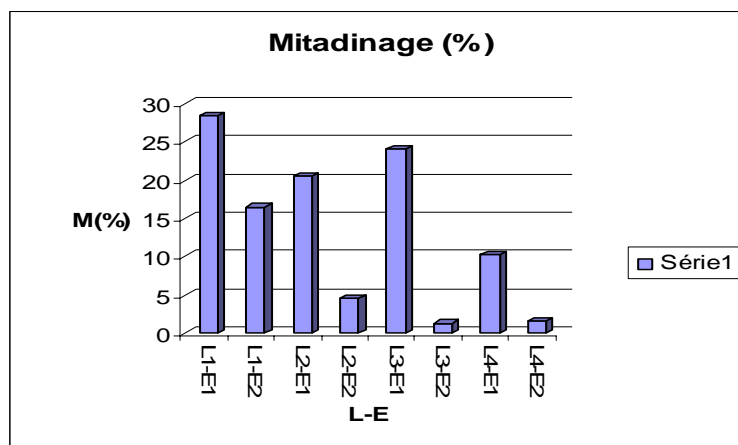


Figure 7.94 : Le mitadinage (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance du facteur génotype a montré une différence hautement significative (HS) pour la génération F4 quant à la génération F5, la différence a été très hautement significative (THS), ce qui révèle l'effet significatif du génotype sur ce caractère. Le teste de NEWMAN et KEULS a révélé chez les génération F4 deux groupes homogènes : A, B et quatre groupes chez la génération F5 :A, B, C, D.

Il ressort du tableau (7.27) que le génotype OUED ZENATI386/KRONOS a montré le taux de mitadinage le plus élevé avec (20.71%), tandis que le plus faible taux est enregistré chez la lignée WAHA\*/AWL/BIT avec (2.15%). Le pourcentage des grains mitadinés des autres génotypes varie de (9.40%) à (4.35%).

Nous constatons chez la génération F5 que le taux de mitadinage le plus élevé est donné par la lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 avec (22.47%) ainsi que pour la lignée OUED ZENATI368/KRONOS avec (12.66%), alors que le plus faible taux est enregistré chez la lignée L4 avec (5.90%). Si l'on se réfère aux normes qui sont considéré :

- Très élevés lorsque le pourcentage de mitadinage dépasse 20% : dans ce cas, les inconvénients en semoulerie sont divers (rendement semoulier et valeur pastière fortement diminués).
- Moyens lorsque ce pourcentage est compris entre 10 et 20%. Les inconvénients sont alors limités.
- Faibles lorsqu'il est inférieur à 10% : les grains sont dans ce cas, en majorité, vitreux. Le rendement semoulier est alors normalement élevé.

Nous constatons que, les lignées : OUED ZENATI386/KRONOS de la F4 et BIDI17/SYRICA/BIDI17 de la F5 sont très sensibles au mitadinage, alors que les deux lignées WAHA\*/AWL/BIT de la génération F4 et BIDI17/INRAT69 de la génération F5

se montrent assez résistantes avec un taux de mitadinage faible inférieur à 10%, le grain est considéré donc très vitreux.

Généralement ce paramètre est très important en industrie alimentaire où le rendement en semoule est inversement proportionnel au taux de mitadinage.

En Algérie, la sélection des lignées de blé dur résistantes au mitadinage reste un critère de base pour la production de grains vitreux permettant, au niveau industriel, l'obtention d'un rendement élevé en semoule.

La résistance au mitadinage est un caractère dépend des facteurs génétiques [114], un grain de blé dur à albumen totalement vitreux riche en protéine se brise et donne de la semoule. Par contre, un grain farineux ou mitadin (présence de plages à texture farineuse et à texture vitreuse lors de la mouture, donne de la farine et, ainsi, le rendement en semoule est faible, en effet l'amande est friable et à tendance à se désagréger en produits très fins [123] ; par ailleurs une semoule mitadinée donne des pâtes alimentaires tenant moins bien à la cuisson.

L'analyse de la variance pour le facteur environnement a révélé une différence hautement significative (HS) en ce qui concerne les lignées de la génération F4, alors que la différence a été très hautement significative (THS) entre les lignées de la génération F5, ce qui montre l'effet significatif de milieu sur ce caractère. Le teste de NEWMAN et KEULS de la P P A S a révélé la présence de deux groupes homogènes A et B.

Il ressort du tableau (7.27) que le taux de mitadinage le plus élevé est enregistré à Oued Smar avec (10.89%), tandis que le taux le plus faible a été obtenu par le site de Khroub avec (5.81%).

La même remarque a été observée chez la génération F5, dont le taux le plus élevé en grains mitadinés a été enregistré à Oued Smar, le faible taux a été remarqué au Khroub. Ces résultats montrent, effectivement, que ce caractère dépend aussi des conditions climatiques ainsi que les techniques culturales en particulier la fertilisation azotée [123].

L'analyse statistique de la variance pour l'interaction génotype-environnement a montré une différence hautement significative (HS) pour la génération F4 quant à la génération F5, la différence a été très hautement significative (THS), ce qui affirme l'effet significatif des deux facteurs génotype et environnement en interaction sur ce caractère. Le teste de NEWMAN et KEULS a donné 6 groupes homogènes

Les résultats relatifs au tableau (7.27) montrent que la lignée OUED ZENATI386/KRONOS a donné le taux de mitadinage le plus élevé enregistré à Oued-

Smar avec (32.67%). Au Khroub, ce génotype a donné un taux de mitadinage de (8.75%). Quant à la lignée OUED ZENATI386/MRB5, le taux de mitadinage enregistré à Oued Smar a été de (17.06%), tandis que ce dernier a donné un taux de (1.50%) inscrit au Khroub. Le faible taux de mitadinage a été donné par la lignée OUED ZENATI386/KRONOS enregistré au Khroub (0.63%), alors qu'à Oued Smar ce génotype a donné un taux de mitadinage de (8.58%). L'expression des autres génotypes varie moins d'un site à l'autre, c'est le cas des deux lignées WAHA\*/AWL/BIT et VITRON/DJENH KHATIFA.

Il ressort du tableau (7.28) que le taux de mitadinage le plus élevé a été donné par le génotype BIDI17/SYRICA/BIDI17 enregistré à Oued Smar avec (28.44%) par contre, au Khroub ce génotype a montré un taux de (16.50%). Le taux le plus faible a été obtenu par le génotype OUED ZENATI368/KRONOS enregistré au Khroub avec (1.25%), alors que le pourcentage de grains mitadinés enregistré par ce génotype à Oued Smar a été de (24.06%).

Si nous examinons les résultats des deux générations nous remarquons que, l'ensemble des lignées ont enregistré le taux de mitadinage le plus élevé à Oued Smar, tandis que le faible taux a été signalé au Khroub. Ce qui montre que, les caractéristiques du site d'Oued Smar favorisent l'obtention d'un taux de mitadinage élevé.

Ces résultats mettent en évidence effectivement que l'expression de ce caractère dépend du potentiel génétique des lignées ainsi que le milieu expérimental ce qui explique que des gènes qui fonctionnent dans un environnement peuvent être inhiber dans un autre ce qui aboutit au phénomène de l'interaction génotype-milieu.

Il ressort de ces résultats que le pourcentage de l'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (30.70%) chez la génération F4, alors qu'il est de (3.33%) chez la génération F5, ce taux de combinaison entre les deux facteurs indique l'apport de la variance de l'interaction génotype-environnement dans la variation phénotypique totale (100%). Il s'avère encore de ces données que la variance environnementale a contribué avec (38.29%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 et de (79.82%) chez la génération F5. En revanche, il paraît que le facteur génotypique a contribué avec (31.57%) chez la F4 et de (16.89%) chez la génération F5 dans la variation phénotypique totale observée. Ces résultats indiquent donc qu'il y'a une tendance vers une interaction, entre les deux facteurs, élevée (33.70%) avec une forte contribution du facteur environnement (38.29%) chez la génération F4. Alors

que, chez la génération F5, l'interaction entre les deux facteurs a été très faible (3.33%) avec une forte contribution du facteur environnement (79.82%).

#### 7.4.2. La teneur en protéines totales des grains (TP) (%)

##### 7.4.2.1. Résultats :

Les résultats relatifs à la teneur en protéine totales des grains sont compris dans les deux tableaux (7.29) et (7.30) et illustrés par les figures (7.95), (7.96), (7.97), (7.98), (7.99), (7.100).

Tableau 7.29 : Teneur en protéine totales des grains (TP) (%) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (%)	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale (%)
<b>Lignée</b>	L1	12.58	0.11	0.0000 THS	B	3.0	12.33
	L2	13.86	0.12		A		
	L3	11.84	0.11		B		
	L4	12.01	0.12		B		
	L5	12.10	0.15		B		
	L6	10.59	0.67		C		
	L7	13.36	0.18		A		
<b>Environnement</b>	E1	12.46	0.34	0.2821 NS		2.5	
	E2	12.21	0.34				
<b>Interaction</b>	L1-E1	13.65	0.17	0.0020 HS	A	2.5	
	L1-E2	11.50	0.06		B		
	L2-E1	14.11	0.19		A		
	L2-E2	13.61	0.06		A		
	L3-E1	11.84	0.19		B		
	L3-E2	11.84	0.01		B		
	L4-E1	11.95	0.19		B		
	L4-E2	12.06	0.09		B		
	L5-E1	11.98	0.19		B		
	L5-E2	12.23	0.18		B		
	L6-E1	10.03	1.15		C		
	L6-E2	11.15	0.21		B		
	L7-E1	13.67	0.21		A		
	L7-E2	13.05	0.23		A		

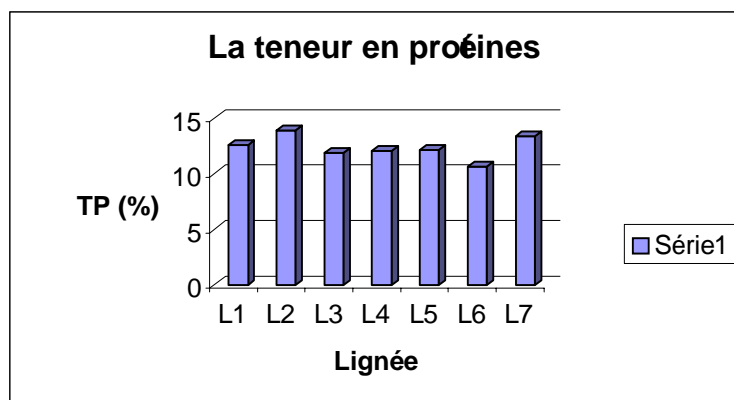


Figure 7.95 : La teneur en protéines (facteur génotype)

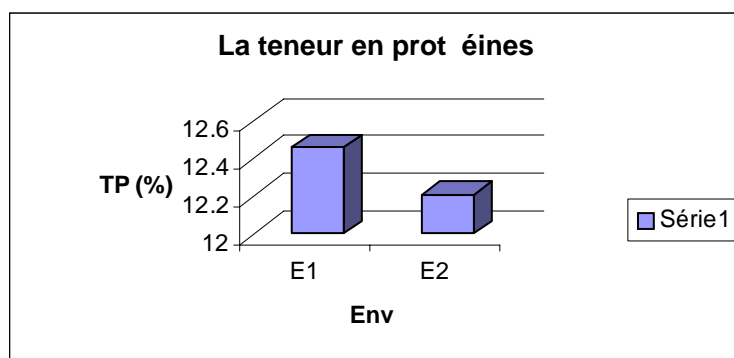


Figure 7.96 : La teneur en protéines (facteur environnement)

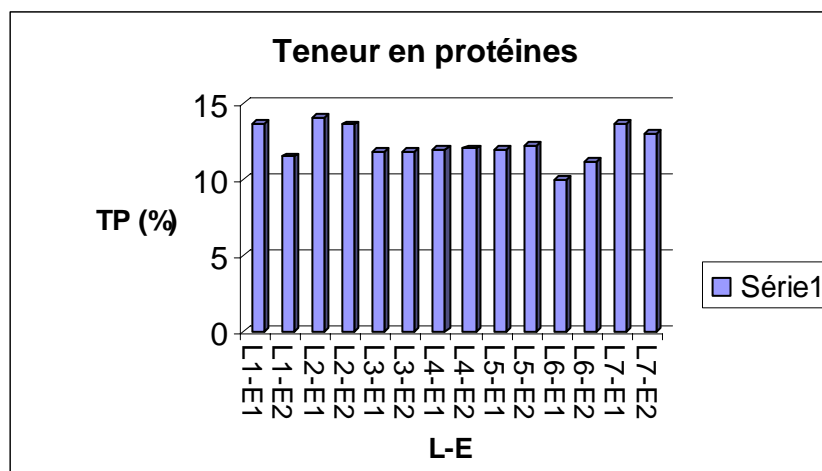


Figure 7.97 : La teneur en protéines (l'interaction génotype-environnement)



Tableau 7.30 : Teneur en protéines totales des grains (TP) (%) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (%)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (%)
<b>Lignée</b>	L1	12.44	0.17	0.0025 HS	B	2.4	12.28
	L2	11.47	0.29		B		
	L3	12.19	0.22		B		
	L4	13.02	0.12		A		
<b>Environnement</b>	E1	12.22	0.10	0.5365 NS		2.2	
	E2	12.34	0.10				
<b>Interaction</b>	L1-E1	12.28	0.13	0.6325 NS		2.2	
	L1-E2	12.60	0.27				
	L2-E1	11.31	0.12				
	L2-E2	11.63	0.49				
	L3-E1	12.23	0.11				
	L3-E2	12.26	0.36				
	L4-E1	13.07	0.14				
	L4-E2	12.98	0.14				

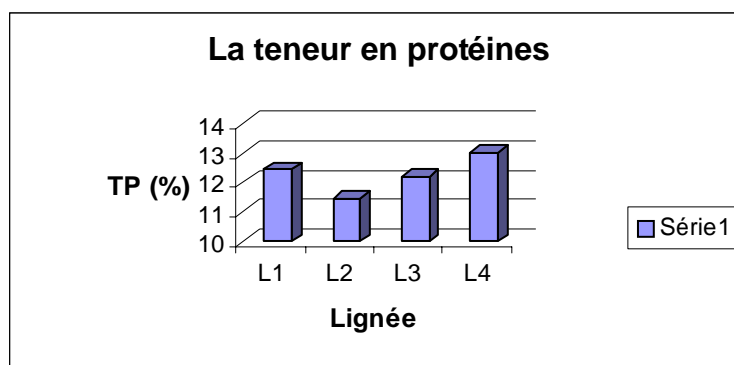


Figure 7.98 : La teneur en protéines (facteur génotype)

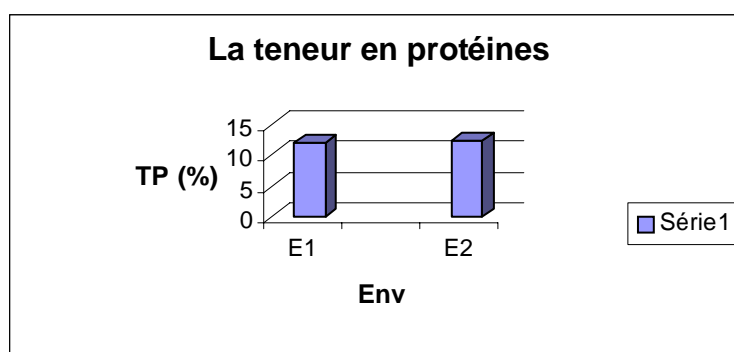


Figure 7.99 : La teneur en protéines (facteur environnement)

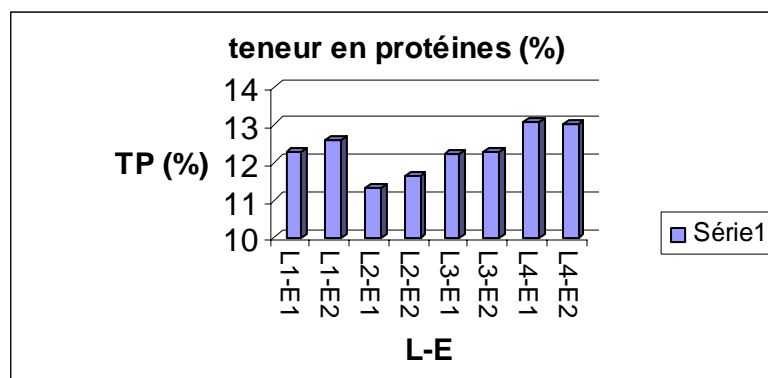


Figure 7.100 : La teneur en protéines (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour la teneur en protéines de réserve des grains a révélé une différence très hautement significative (THS) pour la génération F4 quant à la génération F5, la différence a été hautement significative (HS).

Le teste de NEWMAN et KEULS a donné trois groupes homogènes : A, B, C chez la génération F4 et la présence de deux groupes homogènes : A, B pour la génération F5. Les résultats obtenus mettent en évidence l'effet significative du facteur génotype sur ce caractère.

Il s'avère chez la génération F4 que la teneur en protéines diffère d'un génotype à l'autre. C'est ainsi que le génotype OUED ZENATI386/KRONOS a donné la teneur en protéine la plus élevée avec (13.86%), suivi par le génotype VITRON/DJENH KHATIFA avec (13.36%), tandis que la faible teneur en protéines est enregistrée par la lignée T.POLONICUM\*ZB/KRONOS avec (10.59%).

En ce qui concerne la génération F5, nous remarquons que le génotype BIDI17/INRAT69 a donné la teneur en protéines la plus élevée avec (13.02%), alors que la faible teneur a été obtenue chez la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec (11.47%).

Il résulte que ces valeurs de teneurs en protéines totales varie sous l'influence de facteurs génétiques aussi bien qu'agro-climatiques [126]. Ainsi, il a été signalé l'existence d'une relation inverse entre la teneur en protéines et le rendement en grains, ce qui pourrait permettre de sélectionner à la fois pour un rendement et une teneur en protéines élevée [127]. Mais pour certains génotypes, cette liaison paraît peu marquée. En outre, les protéines ne sont pas réparties de façons uniforme dans le grain, formé de plusieurs parties distinctes du point de vue morphologique et fonctionnel. Ainsi, la couche à aleurone est constituée de 30 à 35% de protéines et le germe de 35 à 40% alors que le péricarpe ne

contient que 6 à 7% de protéines et le centre de l'albumen amylicé 6 à 9% seulement. Mais globalement et compte tenu de l'importance pondérale relative de ces différents tissus, 70 à 80% des protéines se trouvent dans l'albumen. Ce sont celles que l'on trouve dans le semoule [128].

La différence pour le facteur environnement n'a pas été significative ; ce pendant, il ressort de tableau (7.29) que le site d'Oued Smar a enregistré la meilleure teneur en protéines avec (12.46%) quant au site de Khroub, la teneur enregistrée a été de (12.21%).

Concernant la génération F5, nous remarquons que le site de Khroub a donné la teneur en protéine la plus élevée avec (12.34%), par contre l'environnement d'Oued Smar a enregistré la faible valeur avec (12.22%).

Bien qu'il y'ait une différence entre les deux sites, la teneur en protéines selon les résultats enregistrés semble être faiblement influencée par les conditions de milieu.

Les résultats de l'analyse de la variance pour l'interaction génotype-milieu a montré une différence hautement significative (HS) pour la génération F4, alors que pour la génération F5, la différence n'a pas été significative.

Le teste de NEWMAN et KEULS a révélé la présence de trois groupes homogènes chez la F4 : A, B, C et. Ces résultats montrent que les performances d'un génotype varient d'un environnement à l'autre et que l'ampleur de la variation observée dépend de l'importance de l'effet des deux facteurs : génotype et milieu et leur degré de combinaison.

Il ressort de tableau (7.29) que la teneur en protéines totales a été obtenue par la lignée OUED ZENATI386/KRONOS enregistrée à Oued Smar avec (14.11), au Khroub ce génotype a donné une teneur en protéine de (13.61%).

Nous remarquons aussi que la lignée VITRON/DJENH KHATIFA a donné une bonne teneur en protéine dans les deux sites expérimentaux (13.67%) à Oued Smar et (13.05%) au Khroub. En revanche, la faible teneur en protéines totales a été obtenue chez la lignée T.POLONICUM\*ZB/KRONOS avec (10.03%) enregistrée à Oued Smar, au Khroub ce génotype a donné une valeur de (11.15%).

En ce qui concerne la génération F5, les résultats obtenus montrent que la meilleure teneur en protéines a été obtenue chez la lignée BIDI17/INRAT69 avec une valeur de (13.07%) enregistrée à Oued Smar, au Khroub ce génotype a donné une valeur de (12.98%). La faible teneur en protéines a été remarquée chez le génotype CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec une valeur de (11.31%) enregistrée à Oued Smar quant au khroub, ce génotype a donné une valeur de (11.63%).

Si tant est que le pourcentage de l'interaction entre les deux facteurs : génotypique et environnemental est de (2.45%) chez la génération F4, est de (49.87%) chez la génération F5. Le taux de combinaison entre les deux facteurs varie entre les deux générations, indique l'apport de la variance de l'interaction génotype-environnement dans la variation phénotypique totale (100%).

Il s'avère encore de ces données que la variance environnementale a contribué avec (6.54%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 et de (0.37%) chez la génération F5. Par ailleurs, ces résultats indiquent que le facteur génotypique a contribué avec (90.99%) chez la F4 et de (16.89%) chez la génération F5 dans la variation phénotypique totale observée, implicitement, ceci indique qu'il y'a tendance vers une interaction, entre les deux facteurs, faible (2.45%) avec une forte contribution du facteur génotype (38.29%) chez la génération F4. Chez la génération F5, l'interaction entre les deux facteurs a été aussi très faible (0.37%) avec une forte contribution du facteur génotype (49.87%).

#### 7.4.3. LA teneur en gluten (TG) (%)

##### 7.4.3.1. Résultats :

Les résultats relatifs à la teneur en gluten sont compris dans les deux tableaux (7.31) et (7.32) et illustrés par les figures (7.101), (7.102), (7.103), (7.104), (7.105), (7.106).

Tableau 7.31 : Teneur en gluten (TG) (%) de la génération F4

Facteurs étudiés		Moyenne (%)	Ecart-type	Probabilité	G H	C V%	Moyenne générale (%)
<b>Lignée</b>	L1	10.31	0.14	0.0000 THS	B	4.4	10.53
	L2	12.30	0.19		A		
	L3	09.34	0.28		B		
	L4	10.01	0.05		B		
	L5	09.86	0.38		B		
	L6	09.69	0.68		B		
	L7	12.22	0.32		A		
<b>Environnement</b>	E1	10.57	0.39	0.5856 NS		2.4	
	E2	10.50	0.39				
<b>Interaction</b>	L1-E1	10.34	0.12	0.6283 NS		2.4	
	L1-E2	10.27	0.21				
	L2-E1	12.11	0.22				
	L2-E2	12.48	0.23				
	L3-E1	09.18	0.27				
	L3-E2	09.49	0.40				
	L4-E1	10.03	0.08				
	L4-E2	10.00	0.04				
	L5-E1	10.03	0.54				
	L5-E2	09.68	0.37				
	L6-E1	10.08	1.18				
	L6-E2	09.30	0.03				
	L7-E1	12.19	0.35				
	L7-E2	12.25	0.42				

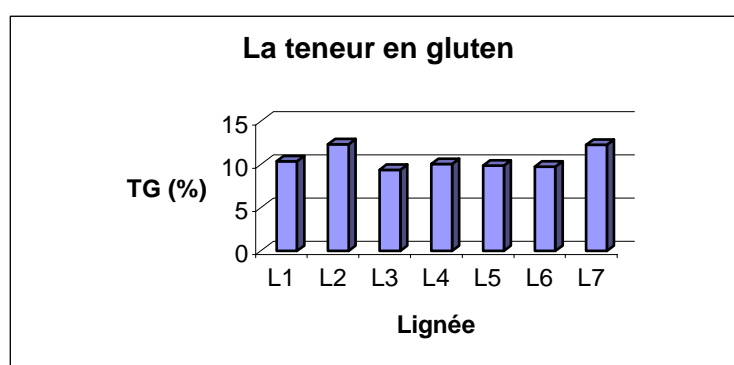


Figure 7.101 : La teneur en gluten (facteur génotype)

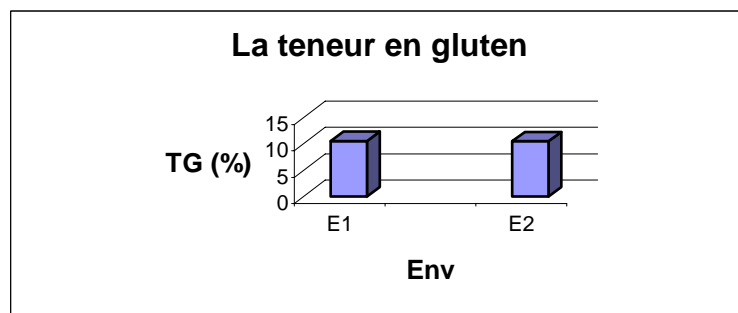


Figure 7.102 : La teneur en gluten (facteur environnement)

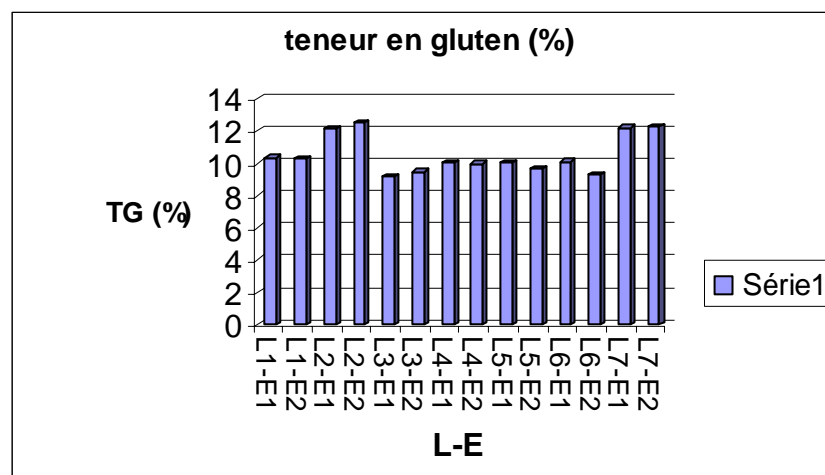


Figure 7.103 : La teneur en gluten (l'interaction génotype-environnement)

Tableau 7.32 : Teneur en gluten (TG) (%) de la génération F5

Facteurs étudiés		Moyenne (%)	Ecart-type	Probabilité	G H	CV%	Moyenne générale (%)
<b>Lignée</b>	L1	12.44	0.17	0.0025 HS	B	2.4	12.28
	L2	11.47	0.29		C		
	L3	12.19	0.22		B		
	L4	13.02	0.12		A		
<b>Environnement</b>	E1	12.22	0.10	0.5365 NS		2.2	
	E2	12.34	0.10				
<b>Interaction</b>	L1-E1	12.28	0.13	0.6325 NS		2.2	
	L1-E2	12.60	0.27				
	L2-E1	11.31	0.12				
	L2-E2	11.63	0.49				
	L3-E1	12.23	0.11				
	L3-E2	12.26	0.36				
	L4-E1	13.07	0.14				
	L4-E2	12.98	0.14				

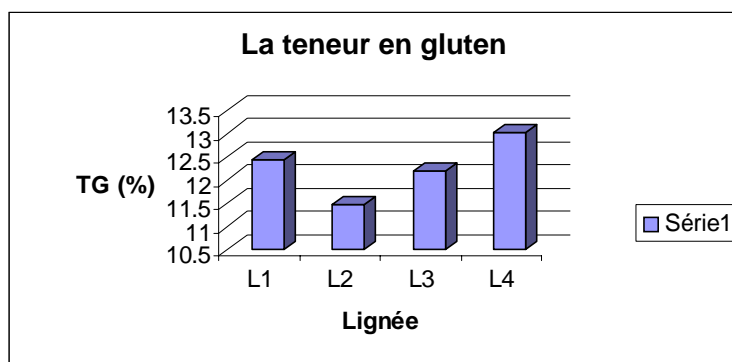


Figure 7.104 : La teneur en gluten (facteur génotype)

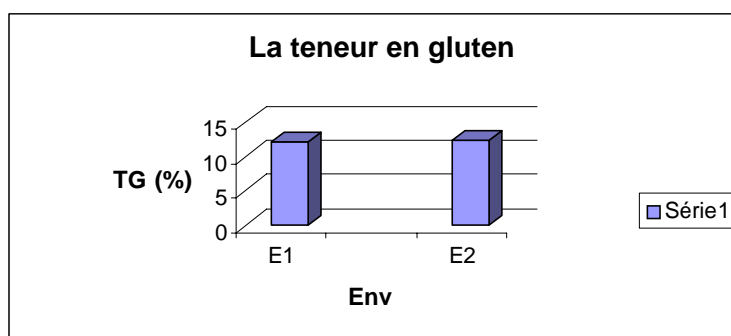


Figure 7.105 : La teneur en gluten (facteur environnement)

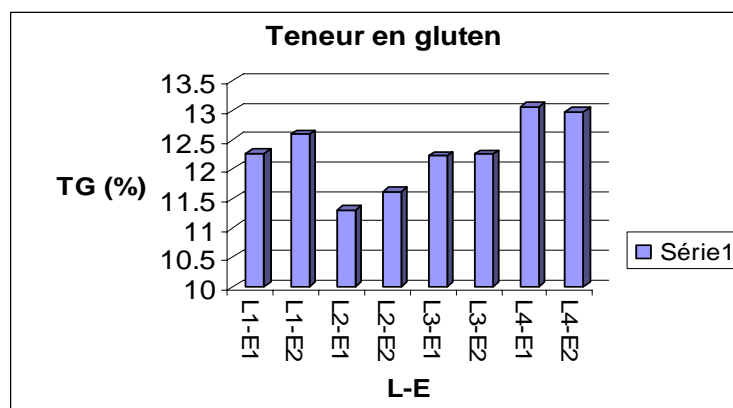


Figure 7.106 : La teneur en gluten (l'interaction génotype-environnement)

L'analyse statistique de la variance pour le facteur génotype a révélé une différence très hautement significative (THS) pour la génération F4 quant à la génération F5, la différence a été hautement significative (HS). Le teste de NEWMAN et KAULS de la P P A S a révélé la présence de deux groupes homogènes chez la F4 : A, B, et trois groupes pour la F5 : A, B, C.

Les résultats relatifs au tableau (7.31) montrent que la lignée OUED ZENATI386/KRONOS a donné la meilleure teneur en gluten avec (12.30%), alors que la lignée OUED ZENATI386/HEIDER a donné la faible teneur avec (9.34%).

Concernant la génération F5, la teneur en gluten la plus élevée est obtenue chez la lignée BIDI17/INRAT69 avec (13.02%) quant à la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI, ce génotype s'est distingué par la faible teneur en gluten avec (11.47%). Les résultats enregistrés mettent en évidence une variabilité génétique pour ce caractère, ce qui confirme l'effet net de facteur génotype sur ce caractère. Ainsi la richesse de blé en gluten est fonction du facteur génétique.

Les résultats relatifs à l'analyse de la variance du facteur environnement ne reflètent pas une différence significative entre les différents génotypes testés, ce qui affirme la faible influence de facteur milieu sur ce caractère.

Il ressort de tableau (7.31) que le site d'Oued Smar a donné la meilleure teneur en gluten avec (10.57%). En revanche, le site de Khroub a enregistré la faible teneur en gluten avec (10.50%)

Les résultats relatifs à la génération F5, tableau (7.32), montrent que le site de Khroub a donné la teneur en gluten la plus élevée avec (12.34%) quant au site d'Oued Smar, la teneur enregistrée a été de (12.22%).

Nous remarquons que, dans les deux générations, les résultats des deux sites se rapprochent, indiquent la faible influence de ce facteur sur ce paramètre.

L'analyse statistique de la variance pour l'interaction génotype-milieu n'a pas révélé une différence significative, ceci montre que les performances d'un génotype, pour ce caractère, ne varient pas d'un site à l'autre ce qui aboutit à une absence d'interaction entre les deux facteurs. Ce pendant, il ressort du tableau (7.31) que le génotype OUED ZENATI386/KRONOS a donné la meilleure teneur en gluten (12.48%) enregistrée au Khroub, à Oued Smar, ce génotype a donné une teneur de (12.11%). La faible teneur a été donnée par la lignée OUED ZENATI386/HEIDER enregistrée à Oued Smar quant au Khroub, la valeur obtenue a été de (9.49%)

En ce qui concerne la génération F5, il apparaît que le génotype BIDI17/INRAT69 s'est distingué avec la meilleure teneur en gluten (13.07%) enregistrée à Oued Smar. Au Khroub, ce génotype a donné une valeur de (12.98%). La faible teneur en gluten a été observée chez la lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec (11.31%) enregistrée à Oued Smar quant au Khroub, la teneur enregistrée par ce génotype a été de (11.63%).

En outre, les résultats obtenus montrent que le pourcentage de l'interaction entre les deux facteurs : génotype et environnement est de (1.52%) chez la génération F4. En revanche, l'interaction chez la génération F5 a été de (13.48%), ce taux de combinaison



entre les deux facteurs indique l'apport de la variance de l'interaction génotype-environnement dans la variation phénotypique totale (100%). Il ressort encore, de ces données que la variance environnementale a contribué avec (11%) dans la variation phénotypique totale observée chez la génération F4 et de (7.86%) chez la génération F5. Ainsi, ces résultats indiquent que le facteur génotypique a contribué avec (87.69%) chez la F4 et de (16.89%) chez la génération F5. Par conséquent, nous remarquons qu'il y'a tendance des deux facteurs vers une interaction très faible (1.52%) avec une forte contribution du facteur génotype (87.96%) chez la génération F4. Par contre, chez la génération F5 l'interaction entre les deux facteurs a été de (13.48%) avec une forte contribution du facteur génotype (94.38%).

#### 7.5. Coefficient d'héritabilité au sens large ( $h^2_{sl}$ )

Tableau 7.33 : Coefficient d'héritabilité au sens large ( $h^2_{sl}$ ) de la génération F4

<b>Caractère génétique</b>	<b>Coefficient d'héritabilité</b>	<b>Coefficient d'héritabilité en %</b>
<b>Nombre de plants par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>)</b>	0.097	9.7%
<b>Nombre de talles par plant (NT/plant)</b>	0.0062	0.62%
<b>Hauteur de plant à la floraison (HP)</b>	0.39	39%
<b>Longueur de col de l'épi (LC)</b>	0.3838	38.38%
<b>Longueur d'épi (LE)</b>	0.5517	55.55%
<b>Nombre d'épillets totales par épi (NET/épi)</b>	0.48	48%
<b>Nombre d'épillets stériles par épi (NES/épi)</b>	0.4585	45.85%
<b>Nombre de grains par épi (NG/E)</b>	0.2266	22.66%
<b>Poids de mille grains (PMG)</b>	0.4541	45.41%
<b>Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>)</b>	0.0064	0.64%
<b>Rendement réel (RR)</b>	0.1666	16.66%
<b>Mitadinage (M)</b>	0.315	31.57%
<b>Teneur en protéines totales (TP)</b>	0.909	90.9%
<b>Teneur en gluten (TG)</b>	0.87	87%

Tableau 7.34 : Coefficient d'héritabilité au sens large ( $h^2_{sl}$ ) de la génération F5

<b>Caractère génétique</b>	<b>Coefficient d'héritabilité</b>	<b>Coefficient d'héritabilité en %</b>
<b>Nombre de plants par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>)</b>	0.9642	96.42%
<b>Nombre de talles par plant (NT/plant)</b>	0.98	98%
<b>Hauteur de plant à la floraison (HP)</b>	0.3747	37.47%
<b>Longueur de col de l'épi (LC)</b>	0.2237	22.37%
<b>Longueur d'épi (LE)</b>	0.28	28%
<b>Nombre d'épillets totales par épi (NET/épi)</b>	0.21	21%
<b>Nombre d'épillets stériles par épi (NES/épi)</b>	0.26	26%
<b>Nombre de grains par épi (NG/E)</b>	0.063	6.3%
<b>Poids de mille grains (PMG)</b>	0.65	65%
<b>Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>)</b>	0.61	61%
<b>Rendement réel (RR)</b>	0.63	63%
<b>Mitadinage (M)</b>	1.683	16.83%
<b>Teneur en protéines totales (TP)</b>	0.49	49%
<b>Teneur en gluten (TG)</b>	0.94	94%

### 7.5.1. Discussion

Nous constatons que le coefficient d'héritabilité varie d'un caractère à l'autre, il est élevé pour certains dont l'expression dépend en grande partie de génotype. C'est le cas du caractère nombre de talles par plant (NT/p), alors qu'il est moyen pour d'autres confirmant le peu d'influence du milieu sur ces caractères au cours de cette campagne sur l'expression phénotypique. C'est le cas du caractère morphologique hauteur des plants à la floraison (HP). Par contre, ce coefficient est faible pour des caractères dont l'expression est fortement influencée par l'environnement. C'est le cas de la composante de rendement à savoir le nombre de grains par épi (NG/E). Ce coefficient donne une mesure de l'emprise que peut avoir le sélectionneur sur un tel caractère [78]. Dans le cas d'un caractère quantitatif à variation continue, son expression est déterminée par la «valeur génotypique» et par la «déviations due au milieu». Nous remarquons, d'après ces résultats, que la présence d'interaction génotype-environnement diminue la part de la variance génétique dans la variance phénotypique totale. Elle diminue donc l'héritabilité au sens large cela confirme les résultats obtenus par [27]. Les paramètres morphologiques étudiés ne peuvent, en toute rigueur, être utilisés en sélection qu'après vérification de leur rôle effectif dans l'adaptation du blé dur et si leur héritabilité est suffisante pour donner prise à la sélection.

6.6. Coefficient de variabilité génétique (CV%)

Tableau 7.35 : Coefficient de variabilité génétique (CV%) de la génération F4

<b>Caractères</b>	<b>Coefficient de variation génétique</b>
<b>Nombre de plant par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>)</b>	0.28%
<b>Nombre de talles par plant (NT/p)</b>	1.4%
<b>Hauteur de plant (HP)</b>	15.87%
<b>Longueur de col de l'épi (LC)</b>	0.089%
<b>Nombre d'épillets totales par épi.(NET/épi)</b>	9.2%
<b>Nombre d'épillets stériles par épi.(NES/épi)</b>	8.2%
<b>Nombre de grains par épi (NG/épi)</b>	15.5%
<b>Poids de mille grains (PMG)</b>	12.6%
<b>Longueur d'épi (L E)</b>	10.5%
<b>Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>)</b>	2.9%
<b>Rendement réel (RR)</b>	18.4%
<b>Mitadinage (M)</b>	70.8%
<b>Teneur en protéines totales (TP)</b>	5.8%
<b>Teneur en gluten (TG)</b>	11.35%

Tableau 7.36 : Coefficient de variabilité génétique (CV%) de la génération F5

<b>Caractères</b>	<b>Coefficient de variation génétique</b>
<b>Nombre de plant par m<sup>2</sup> (NP/m<sup>2</sup>)</b>	0.14%
<b>Nombre de talles par plant (NT/P)</b>	15.5%
<b>Hauteur de plant (HP)</b>	16.3%
<b>Longueur de col de l'épi (LC)</b>	11%
<b>Nombre d'épillets totales par épi.(NET/épi)</b>	7.9%
<b>Nombre d'épillets stériles par épi.(NES/épi)</b>	26%
<b>Nombre de grains par épi (NG/épi)</b>	6.9%
<b>Poids de mille grains (PMG)</b>	14%
<b>Longueur d'épi (L E)</b>	5.8%
<b>Nombre d'épi par m<sup>2</sup> (NE/m<sup>2</sup>)</b>	18.5%
<b>Rendement réel (RR)</b>	39.2%
<b>Mitadinage (M)</b>	51.04%
<b>Teneur en protéines totales (TP)</b>	5%
<b>Teneur en gluten (TG)</b>	6%

#### 6.6.1. Discussion

Les résultats obtenus montrent donc une variabilité génétique importante pour certains caractères et faible pour d'autres chez les lignées testées.

Ces caractères varient en fonction du génotype. Ces résultats sont en accord avec ceux obtenus par HURD [129] ; ALI DIB et MONNEVEUX [96], qui ont montré que les caractéristiques morphologiques et les composantes du rendement sont contrôlées génétiquement.

Les résultats relatifs au coefficient de variabilité génétique calculés montrent que, cette variabilité varie d'un caractère à un autre. Il s'avère que ce coefficient dépend du taux de variabilité observée entre les différents génotypes testés, il nous donne une idée sur le polymorphisme phénotypique existant pour chaque caractère, ainsi que le degré de différence ou de ressemblance génétique entre les lignées.

Les résultats obtenus montrent qu'il existe un CV% faible pour les trois caractères suivants : NT/P (1.4%), LC (0.089%), NE/m<sup>2</sup> (2.9%) pour la génération F4. Ce qui signifie

que le taux de variabilité est très faible entre les génotypes testés en conséquence la différence n'a pas été significative.

En ce qui concerne les lignées de la génération F5, les caractères dont le CV% est faible sont LE (5.8%), NG/E (6.9%), NET/E (7.9%). Ceci signifie que le taux de variabilité est très faible entre les génotypes testés.

Les caractères NET/E et LE chez la génération F4 et LC chez la F5, ont enregistré un CV% moyen. La différence pour ces caractères a été significative.

Un CV% élevé a été observé pour les caractères HP, PMG, RR, NG/E chez les lignées de la génération F4, et pour les caractères NT/P, HP, PMG, NE/m<sup>2</sup> chez la génération F5. Ce qui explique une différence remarquable entre ces génotypes.

Les caractères dont le CV% est très élevé chez les lignées de la F4 sont le M%, RR et le M% chez les lignées de la génération F5, cette variabilité très élevée explique la différence enregistrée entre les différents génotypes pour ces caractères.

Le terme variation traduit le fait que tous les génotypes ne sont pas semblables entre eux. La variation peut être individuelle. Ce terme, désigne aussi l'existence de différences entre les individus d'une même population pour un caractère donné [25].

Les ressemblances et les différences entre individus peuvent être sous la dépendance de facteurs génétiques, de facteurs du milieu ou des deux à la fois.

Notre objectif était de comprendre la structure de la diversité génétique disponible par caractère pour la gérer efficacement et orienter son utilisation en sélection. On se base sur les caractères quantitatifs d'intérêt agronomique.

L'étude des bases génétiques de la variation de caractères d'intérêt agronomique chez le blé nécessite l'identification de l'origine de la variation observée : composantes de la variance génétique, effets environnementaux et identification des locus impliqués (QTL), en intégrant les avancées de la biologie moléculaire et de la génomique. En générale, un caractère possédant un CV% inférieur à 10 % est un caractère intéressant et qui doit être retenu en sélection alors qu'un caractère possédant un CV% supérieur 10% doit être écarté durant la sélection [130].

### 7.7. Analyse de stabilité de rendement des lignées étudiées :

Les résultats sont représentés dans les deux tableaux (7.37) et (7.38) et illustrés sur les figure 7.107 et 7.108, ils représentent la réaction des lignées étudiées vis-à-vis des deux sites.

Tableau 7.37 : Les rendements des lignées de la génération F4

I var	J Environnements (sites).				Moyenne ( $\mu_i$ )
	Site d'Alger (Oued Smar)		Site de Constantine (El Khroub)		
	rep1	rep2	rep1	rep2	
<b>L1</b>	45.81	43.86	44.50	45.20	44.84
<b>L2</b>	43.01	43.70	45.50	45.00	44.30
<b>L3</b>	27.20	29.10	79.50	79.20	53.75
<b>L4</b>	56.20	52.30	39.00	40.00	46.87
<b>L5</b>	46.80	44.60	43.00	43.20	44.40
<b>L6</b>	25.30	27.80	41.00	41.60	33.92
<b>L7</b>	18.30	20.10	42.00	42.10	30.62
<b>Moyenne (<math>\mu_{ij}</math>)</b>	37.51	37.35	47.78	48.04	<b>(<math>\mu</math>) 42.67</b>

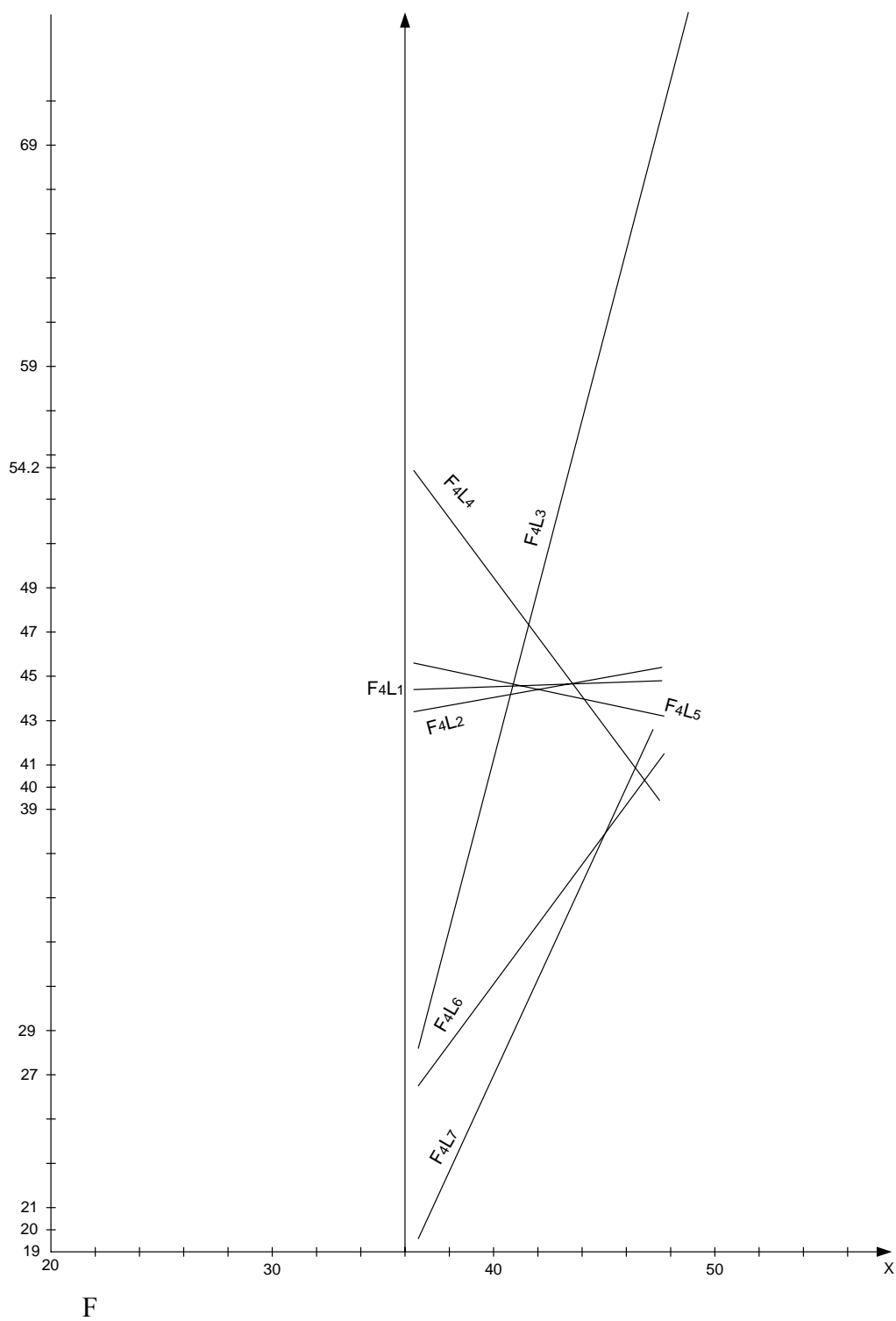


Figure 7.107 : Les droites de régression des lignées de la génération F4

- La lignée OUED ZENATI386/MRB5 avec une pente  $b$  de (0.0037) et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de (0.007). Ce génotype montre un rendement moyen (44.84qx/ha) supérieur au rendement moyen global (42.67 qx/ha), il valorise mal les environnements favorables. C'est le type de lignée adaptée aux environnements défavorables, il possède donc une adaptation spécifique. L'équation de la droite de régression :  $Y= 0.0037X + 44.68$
- La lignée OUED ZENATI386/KRONOS présente un coefficient de régression qui représente la pente  $b$  inférieur à 1 (0.1331), et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) très faible (0.0007). Ce génotype possède une adaptation spécifique aux conditions défavorables (adaptation spécifique) ; son rendement moyen (44.30 qx/ha) est inférieur au rendement moyen global. L'équation de la droite de régression :  $Y=0.1331X+38.37$
- Le génotype OUED ZENATI386/HEIDER présente un coefficient de régression  $b$  supérieur à 1 (4.8817), et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) assez élevé (0.95), elle possède un rendement moyen supérieur au rendement global (42.62 qx/ha). Ce génotype est dit à haut rendement et adapté exclusivement aux zones favorables, c'est un génotype sensible ; a haut rendement, exigeant, il apparaît donc mieux adapté aux zones d'intensification céréalière, où l'eau ne constitue pas le principal facteur limitant. L'équation de la droite de régression :  $Y= 4.8817X - 154.55$
- La lignée WAHA\*/AWL/BIT présente un coefficient de régression  $b$  supérieur à 1 avec la valeur absolue (1.4028), son rendement en grains (46.87 qx/ha) est supérieur au rendement moyen général (42.62 qx/ha), c'est le type des lignées adaptées exclusivement aux zones favorables (adaptation spécifique). L'équation de la droite de régression :  $Y= -1.4028X + 106.73$
- Le génotype WAHA\*/CAPETI-8 montre une production en grains (44.40 qx/ha) supérieure au rendement moyen général (42.62 qx/ha). Par contre, elle valorise mal les environnements favorables car, cette lignée possède une pente d'une valeur absolue de ( $b=0.2461$ ). Donc il est caractérisé par une pente significativement inférieure à l'unité et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de (0.72). C'est le type de génotype adapté aux environnements défavorables. La stabilité de rendement de la lignée L5 dans ces milieux, s'explique par son origine génétique : ce génotype est en effet issu de parents locaux qui ont acquis cette



adaptation à travers une évolution très longue sous les conditions du milieu (adaptation spécifique). L'équation de la droite de régression :  $Y = -0.2461X + 0.72$

- Le génotype T.POLONICUM\*ZB/KRONOS : cette lignée est caractérisée par un coefficient de régression ( $b=1.4025$ ) supérieur à l'unité et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de (0.98), son rendement en grains (33.92 qx/ha) est inférieur au rendement moyen général (42.62 qx/ha), ce génotype valorise mal les conditions défavorables, c'est le type de lignée qui possède une adaptation spécifique aux conditions favorables. L'équation de la droite de régression :  $Y = 1.4025X - 26.05$
- La lignée VITRON/DJENH KHATIFA : ce génotype possède une pente ( $b=2.1782$ ) supérieure à 1 et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de (0.995), mais par contre un rendement moyen (30.62 qx/ha) inférieur au rendement global (30.62 qx/ha), cette lignée est caractérisée par une adaptation spécifique. L'équation de la droite de régression :  $Y = 2.178X - 62.31$

Tableau 7.38 : Les rendements des lignées de la génération F5

I var	J Environnements (sites).				Moyenne ( $\mu_i$ )
	Site d'Alger (Oued Smar).		Site de Constantine (El Khroub)		
	Rep1	rep2	rep1	rep2	
L1	58.20	57.40	40.00	42.00	49.67
L2	26.50	26.30	32.00	32.70	29.37
L3	12.80	12.60	37.00	36.80	24.80
L4	20.20	20.40	22.00	26.00	22.15
<b>Moyenne (<math>\mu_{ij}</math>)</b>	29.35	29.17	32.75	34.37	<b>(<math>\mu</math>) 31.43</b>

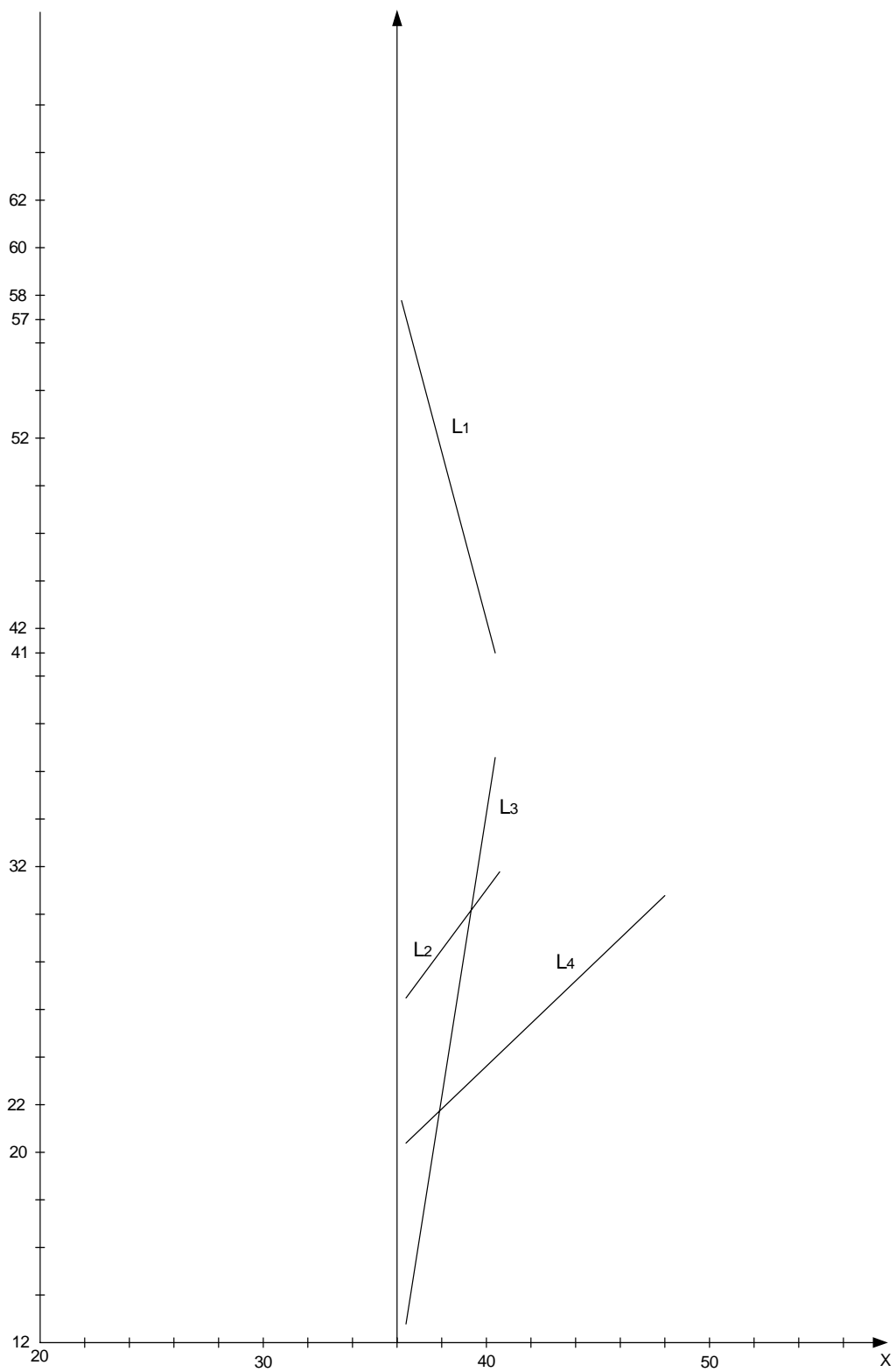


Figure 7.108 : Les droites de régression des lignées de la génération F5

- La lignée BIDI17/SYRICA/BIDI17 : ce génotype possède un coefficient de régression d'une valeur absolue de ( $b=3.559$ ) supérieur à l'unité et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de ( $0.86$ ), son rendement moyen ( $49.67\text{qx/ha}$ ) est supérieur au rendement moyen global ( $31.43\text{qx/ha}$ ). Ce génotype est dit à haut rendement et adapté exclusivement aux zones favorables (adaptation spécifique). L'équation de la droite de régression :  $Y = -3.55X + 161.21$
- La lignée CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI : ce génotype possède une pente ( $b = 1.3205$ ) supérieure à 1 et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de ( $0.9689$ ), cette lignée valorise mal les conditions défavorables, elle est caractérisée par une adaptation spécifique, son rendement moyen ( $29.37\text{ qx/ha}$ ) est inférieur au rendement global ( $31.43\text{ qx/ha}$ ). L'équation de la droite de régression :  $Y = 1.320X - 12.1016$
- La lignée OUED ZENATI368/KRONOS : ce génotype est caractérisé par une pente ( $b=5.243$ ) supérieure à l'unité, et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de ( $0.9303$ ), elle est caractérisée par une adaptation spécifique exclusive aux zones favorables, sa production en grains ( $24.80\text{ qx/ha}$ ) est inférieur au rendement global ( $31.43\text{ qx/ha}$ ). L'équation de la droite de régression :  
 $Y = 5.243X - 139.8956$
- La lignée BIDI17/INRAT69 : ce génotypes, contrairement aux trois autres, présente un coefficient de régression ( $b=0.965$ ) proche de l'unité et un coefficient de détermination ( $r^2$ ) de ( $0.85$ ), elle possède une stabilité intermédiaire. Son rendement moyen ( $22.15\text{ qx/ha}$ ) est significativement inférieur au rendement moyen global ( $31.43\text{ qx/ha}$ ). Le comportement de ce génotype s'explique par son type de développement inadapté pour les deux sites qui son bioclimatiquement différents, c'est un génotype dit adapté exclusivement aux zones défavorables (adaptation spécifique). L'équation de la droite de régression :  $Y = 0.965X - 8.172$ .

Nous constatons que tous les génotypes testés possèdent une adaptations spécifique soit aux conditions favorables ou défavorables. Cette adaptation spécifique est liée à une grande rusticité (production de biomasse végétative importante, faible indice de récolte qui interviendront surtout dans des milieux à très fortes contraintes).

L'objectif recherché de cette adaptation est d'obtenir une variété qui exécute bien dans des conditions d'environnement précises et à des stressés particuliers (sécheresse,

froid, salinité) ce type de sélection nécessite l'étude de l'interaction génotype-milieu. Les génotypes spécifiquement adaptés peuvent être visés pour répondre bien sous les conditions de l'environnement qui prédominent dans une région donnée, à condition que ces conditions ne soient pas très variables. En général, la sélection pour l'adaptation spécifique a tendance à impliquer des plus grands gains génétiques relatifs à ceux pour une stratégie de l'adaptation large. Les gains génétiques sont dérivés de l'exploitation de l'interaction génotype-milieu effectuée sur des traits adaptatifs utiles [41].

La haute stabilité du rendement est toujours référée à la capacité d'un génotype de maintenir habituellement, un haut ou bas niveaux du rendement, à travers une grande gamme d'environnements. La plupart des mesures de la stabilité sont en rapport avec l'un ou l'autre de deux concepts de stabilité: statique" et "dynamique" [131].

La stabilité statique est analogue au concept biologique d'homéostasie: un génotype stable a tendance à maintenir un rendement constant à travers différents environnements

La stabilité dynamique implique pour un génotype stable une réponse du rendement dans chaque environnement qui est toujours parallèle à la réponse moyenne des génotypes testés, c'est à dire mettre à zéro l'interaction génotype-milieu. La mesure de stabilité dynamique dépend de l'ensemble de génotypes testés, contrairement à la mesure de stabilité statique [132]. La stabilité statique peut être plus utile que dynamique dans une grande gamme de situations, surtout dans les pays en voie de développement [133].

La haute stabilité du rendement peut être associée avec un rendement moyen faible, ou basse stabilité avec haut rendement moyen, qui complique la sélection du génotype. Evidemment, un génotype moins stable avec un rendement élevé serait préférable.

Plusieurs auteurs comme BECKER et LEON [131]; BRANCOURT-HULMEL et al. [40], ont montré que le type de variété dont la structure génétique implique des hauts niveaux d'hétérogénéité ou d'hétérozygotie est moins sensible aux variations de l'environnement et, par conséquent, une bonne stabilité de rendement. Ceci confirme nos résultats obtenus, la majorité des lignées de la génération F4 ont donné les meilleurs rendements par rapport à celles de la génération F5, et ont montré une bonne stabilité de rendement.

### 7.8. L'analyse en composantes principales des caractères et des géotypes :

Cette analyse nous a permis d'obtenir les corrélations existantes entre les différentes variables étudiées, ainsi que la ressemblance génétique entre les différents géotypes testés. Les résultats sont représentés dans les tableaux et reportés dans les cercles des corrélations des caractères et des individus.

Tableau 7.39 : Coefficients de corrélations entre les caractères mesurés de la génération F4

	NP/m <sup>2</sup>	NT/P	HP	LC	LET/E	NES/E	NG/E	PMG	LE/E	NE/m <sup>2</sup>	RR
NP/m <sup>2</sup>	1.000										
NT/P	-0.016	1.000									
HP	-0.217	0.048	1.000								
LC	0.106	0.423	-0.166	1.000							
NET/E	0.411	0.0098	-0.346	-0.024	1.000						
NES/E	-0.001	0.572	-0.043	0.252	0.163	1.000					
NG/E	0.258	-0.405	-0.097	-0.251	0.541	-0.627	1.000				
PMG	0.106	-0.152	-0.116	0.025	-0.372	-0.350	-0.013	1.000			
LE	-0.168	0.279	0.479	0.031	0.320	0.080	0.200	-0.320	1.000		
NE/m <sup>2</sup>	0.348	-0.488	-0.097	-0.154	0.081	-0.324	0.353	0.377	-0.087	1.000	
RR	0.023	-0.491	-0.268	-0.434	-0.054	-0.577	0.304	0.033	-0.442	0.076	1.000

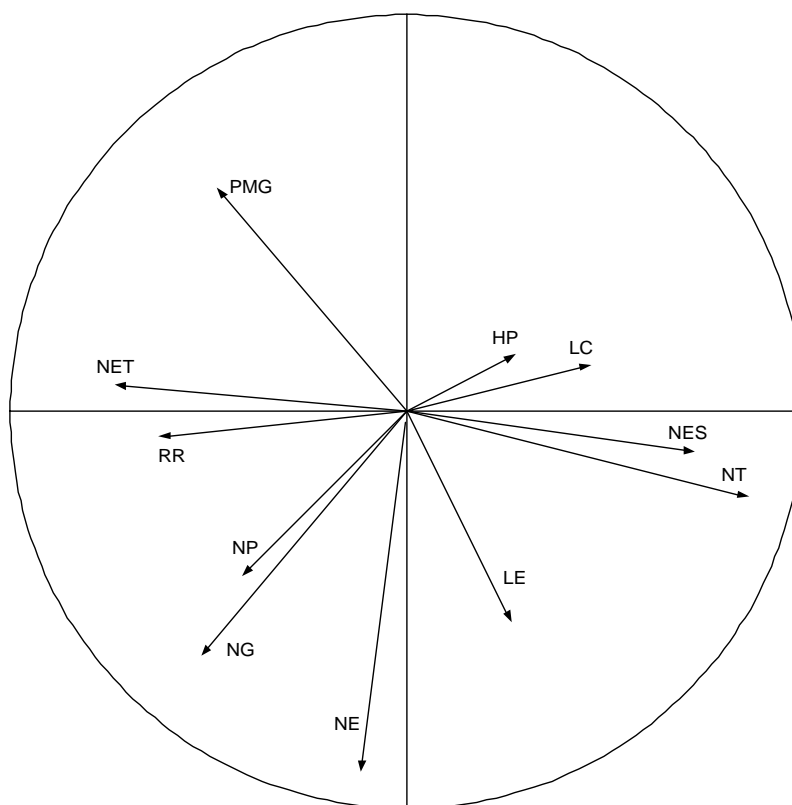


Figure 7.109 : Cercle des corrélations entre les caractères

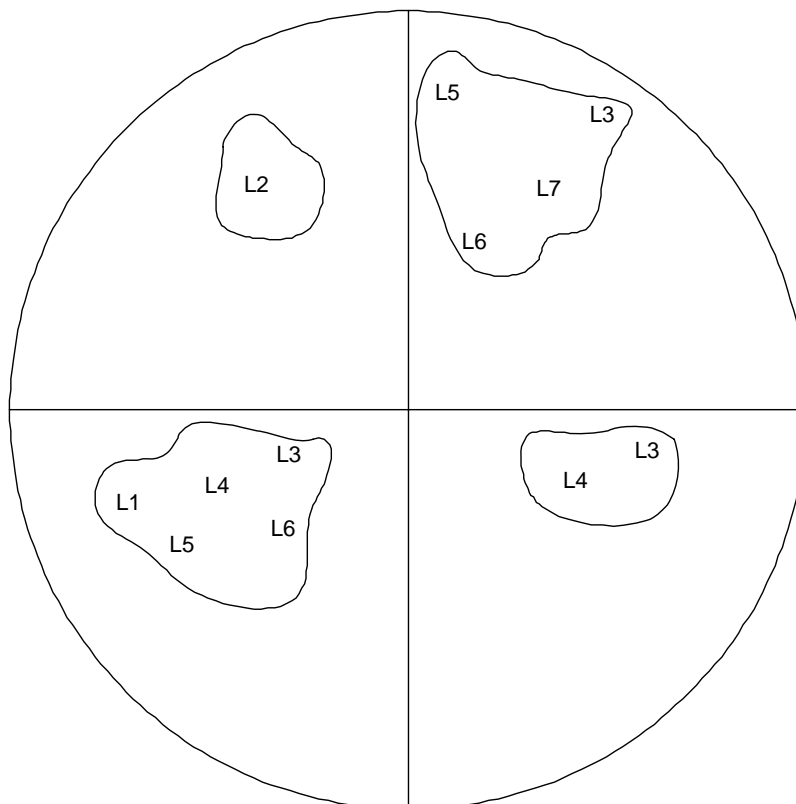


Figure 7.110 : Cercle des individus

- **NP/m<sup>2</sup> et NT/P** : Ces deux variables sont situées sur la même direction mais en direction opposée avec un coefficient de corrélation de (-0.016) ; ce qui signifie que l'une augmente quand l'autre diminue, ce qui semble logique car une lignée qui possède un nombre de plants par m<sup>2</sup> élevé donne généralement un tallage faible car il y'aura toujours une concurrence entre les plants pour l'espace, l'alimentation.
- **HP, LC, LE** : Nous remarquons que les trois variables HP, LC et LE se situent sur la même direction et ne s'opposent pas avec des coefficients de corrélation suivants :
  - (0.166) entre les deux variables HP et LC.
  - (0.479) entre les deux variables HP et LE.
  - (0.031) entre les deux variables LC et LE.

Ces résultats montrent qu'il y'a une corrélation positive entre ces trois caractères génétiques qui forment un groupe, qui nous qualifions « longueurs des caractères ». Donc quand l'une augmente l'autre augmente aussi et lorsque l'une diminue l'autre diminue aussi.

- **NET/épi, NES/épi** : Nous remarquons d'après les résultats du tableau (7.39) de matrice et du cercle de corrélations que ces deux variables se situent sur la même direction et ne s'opposent pas ayant un coefficient de corrélation de (0.163). Ces deux caractères sont en corrélation positive, ils augmentent et diminuent simultanément.
- **NE/m<sup>2</sup>** : D'après les données de la matrice et du cercle de corrélation, cette variable est liée positivement avec la variable NET/épi avec un coefficient de corrélation de (0.081) mais négativement à l'égard de la variable NES/épi avec un coefficient de corrélation de (-0.324).
- **NG/épi, PMG** : Ces deux variables situées sur la même position et ne s'opposent pas, lorsque l'une diminue l'autre diminue aussi avec un coefficient de corrélation de (-0.013).
- **RR** : Les résultats relatifs au tableau de la matrice et le cercle de corrélation montrent que ce caractère est en corrélation positive avec NP/m<sup>2</sup> (0.023), NG/épi (0.304), PMG (0.033) et NE/m<sup>2</sup> (0.076). Quand ces caractères augmentent le rendement augmente aussi. Par contre le rendement en grains est en corrélation négative avec les caractères NT/P (-0.494), HP (-0.268), LC (-0.434), NET/épi (-0.054), NES/épi (-0.577), LE (-0.442).

Ce qui signifie qu'une lignée à paille longue avec un col d'épi long plus une longueur d'épi élevée avec un tallage herbacé élevé donne un rendement faible. Par contre une lignée possède un nombre de grains par épi élevé avec un poids de mille grains élevé plus un nombre d'épi par m<sup>2</sup> haut donne un rendement supérieur.

Les résultats relatifs au cercle des individus montrent que:

- Les individus OUED ZENATI386/HEIDER, T.POLONICUM\*ZB/KRONOS, WAHA\*/CAPETI-8, VITRON/DJENH KHATIFA se ressemblent génétiquement.
- Le génotype OUED ZENATI386/KRONOS est dissemblable des autres génétiquement.
- Les génotypes OUED ZENATI386/HEIDER et WAHA\*/AWL/BIT se ressemblent génétiquement.

- Les géotypes OUED ZENATI386/MRB5 et OUED ZENATI386/HEIDER et WAHA\*/AWL/BIT, WAHA\*/CAPETI-8, T.POLONICUM\*ZB/KRONOS se ressemblent génétiquement.

Tableau 7.40 : Coefficients de corrélation entre les caractères mesurés de la génération F5

	NP/m <sup>2</sup>	NT/P	HP	LC	NG/E	PMG	LE	NE/m <sup>2</sup>	NET/E	NES/E	RR
NP/m <sup>2</sup>	1.000										
NT/P	-0.209	1.000									
HP	0.328	0.637	1.000								
LC	-0.025	0.482	0.819	1.000							
NG/E	-0.149	-0.253	-0.682	-0.820	1.000						
PMG	-0.291	0.104	0.095	0.085	0.297	1.000					
LE	0.315	-0.118	0.068	0.047	-0.293	0.076	1.000				
NE/m <sup>2</sup>	0.089	-0.796	-0.671	-0.516	0.447	-0.01	-0.013	1.000			
NET/E	0.067	0.351	0.574	0.576	-0.666	-0.179	0.009	-0.252	1.000		
NES/E	-0.040	0.734	0.834	0.751	-0.763	0.082	0.205	-0.826	0.608	1.000	
RR	0.198	-0.719	-0.640	-0.568	0.528	0.03	0.114	0.846	-0.219	-0.808	1.000

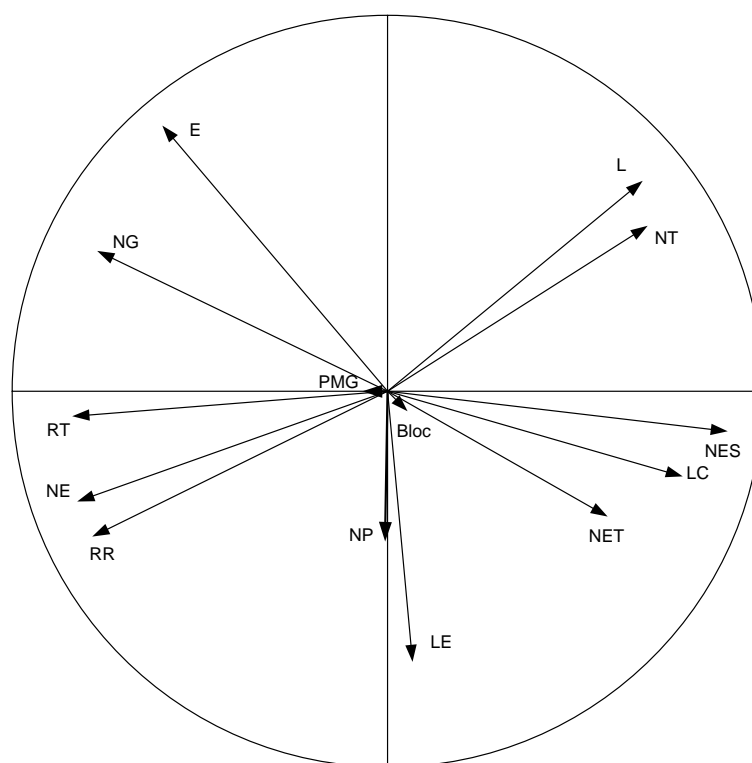


Figure 7.111 : Cercle des corrélations entre caractères



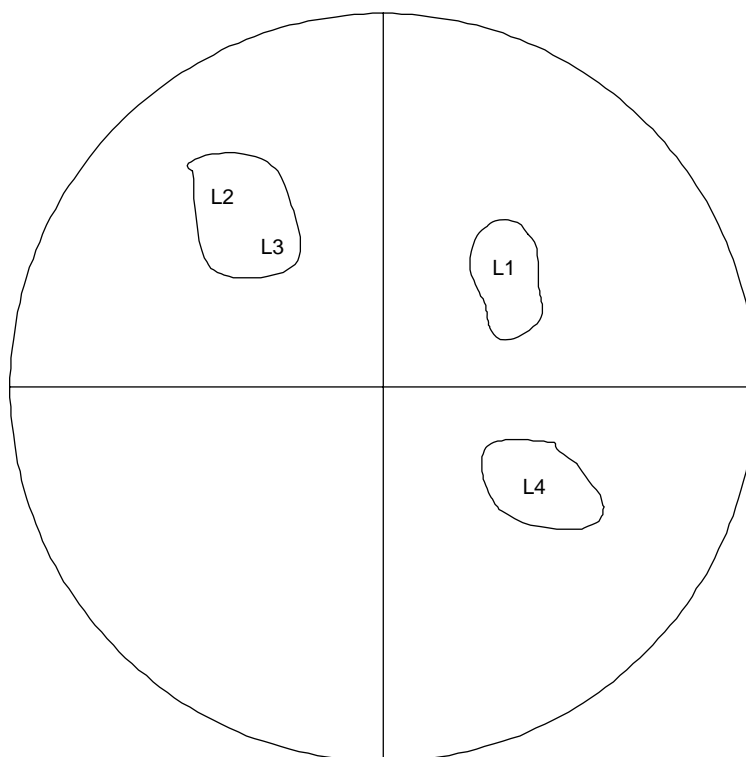


Figure 7.112 : Cercle des individus

Les résultats relatifs à la génération F5 sont interprétés de la manière suivante :

- **NP/m<sup>2</sup>, NT/p** : Nous remarquons que les deux variables se situent sur la même position mais en direction opposée avec un coefficient de corrélation de (-0.209) la corrélation donc entre ces deux variables est négative. C'est à dire que, quand l'une augmente l'autre diminue ce qui semble logique car il y'a un effet de compétition entre les plants pour l'espace, l'alimentation, la lumière ce qui est nécessaire pour les talles herbacées [71] et qui aboutit à un nombre de talle faible.
- **HP, LC, LE** : Ici ces trois variables ne s'opposent pas car elles sont sur la même direction avec les coefficients de corrélations :
  - HP avec LC (0.819).
  - HP avec LE (0.068).
  - LE avec LC (0.047).

Ceci signifie qu'un génotype à paille longue possède aussi une longueur de col élevée et donne toujours un épi long.

- **NET/E, NES/E** : Ces deux variables sont situées sur la même direction et ne s'opposent pas avec un coefficient de corrélation de (0.608), donc la corrélation entre ces deux variables est positive. C'est à dire que, quand l'une augmente l'autre augmente et le contraire. Ce qui semble logique car un nombre d'épillets totale par épi élevé accompagné par un nombre d'épillets stériles par épi élevé.
- **NG/E, PMG** : D'après les résultats du tableau (7.40) et du cercle de corrélation ces deux variables sont sur la même direction et ne s'opposent pas avec un coefficient de corrélation de (0.297) ce qui signifie que ces deux caractères sont en corrélation positive, quand l'une augmente l'autre augmente et l'inverse.
- **RR** : Les résultats relatifs au tableau (7.40), ainsi que le cercle de corrélation montrent que ce caractère se situe sur la même direction avec les variables NP/m<sup>2</sup>, NE/m<sup>2</sup>, NG/E, PMG et LE avec les coefficients de corrélation suivants :
  - RR avec NP/m<sup>2</sup>=0.198.
  - RR avec NE/m<sup>2</sup>=0.846.
  - RR avec NG/E=0.528.
  - RR avec PMG=0.03.
  - RR avec LE=0.114.

Donc une lignée possédant un nombre de plants par m<sup>2</sup> et un peuplement épi élevé avec un nombre de grains par épi et un poids de mille grains avec une longueur d'épi élevée donne un bon rendement en grains. Par contre selon les résultats du tableau (7.40) et le cercle de corrélation, ce caractère est en corrélation négative avec les variables NT/P, NET/E, NES/E, HP, LC. Les coefficients de corrélation suivants montrent ça :

RR avec NT/P= -0.719.

RR avec NET/E = -0.219.

RR avec NES/E = -0.808.

RR avec HP = -0.640.

RR avec LC = -0.568.

Ce qui semble logique car un génotype possédant ces caractères avec des valeurs élevées donne un faible rendement.

Les résultats exprimés dans la figure (7.112) montrent que :

Les individus qui se ressemblent génétiquement sont : CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec OUED ZENATI368/KRONOS, alors que les lignées BIDI17/INRAT69, BIDI17/SYRICA/BIDI17 se différencient.

La corrélation génétique entre deux ou plusieurs caractères est un domaine très recherché en amélioration génétique de blé dur. Elle nous indique la tendance de deux caractères à varier dans la même direction, en sens opposés ou d'être sans relation. Elle s'exprime sur une échelle de -1 à 1. Nous devons différencier la corrélation phénotypique (influencée par la génétique et les conditions environnementales) de la corrélation génétique (uniquement influencée par la génétique). Cette dernière sera prise en compte dans la recherche des objectifs de sélection afin de prédire l'évolution d'un ou de plusieurs caractères en fonction de ceux sélectionnés. Il est tout à fait possible que corrélation génétique et phénotypique soient de sens opposés, de telles observations s'expliquent par l'effet du milieu.

La corrélation entre deux traits mesure leur tendance à varier dans la même direction (corrélation positive) ou en direction opposée (corrélation négative). Les coefficients de corrélation (Tableau 7.39 et 7.40) peuvent être interprétés de la manière suivante :

Les corrélations génétiques peuvent être dues aux effets d'additivité, de dominance et d'épistasie. Nous considérons ici seulement les corrélations de «valeurs de sélection» (breeding values) dues aux effets additifs. Elles sont liées à l'action pléiotropique des gènes, des gènes identiques commandant l'un et l'autre caractère. (Il peut aussi bien exister d'autres gènes qui commandent seulement un des deux caractères.) [35].

Les corrélations génétiques mises en évidence dans une expérience sur une première génération peuvent être expliquées souvent d'autres façons. Elles peuvent être dues au linkage ou à une sélection du matériel à partir d'une population subdivisée. Il est difficile de déterminer le type de corrélation si on ne dispose que d'une expérience portant sur une seule génération. Une liaison génétique entre deux caractères peut avoir trois origines :

- La pléiotropie : c'est-à-dire qu'une même unité de ségrégation (gène ou bloc de gènes) agit sur plusieurs caractères.

- Le linkage dû à l'effet de la sélection naturelle qui tend à regrouper dans une même unité de ségrégation les gènes dont la combinaison présente un avantage sélectif ; l'aboutissement du processus étant alors la pléiotropie.
- Le déséquilibre de liaison par effet de dérive variation aléatoire de la fréquence génétique dans les populations d'effectifs limités, qui a pu entraîner des associations sans significations génétique (le danger est alors de leur en donner une) [27].

La ressemblance génétique entre les individus montre que ces génotypes possèdent les mêmes caractères génétiques et ceci est lié aux parents utilisés en croisement donc les lignées qui se ressemblent génétiquement sont issues soit d'un géniteur, soit des deux géniteurs c'est à dire que les génotypes qui sont génétiquement identiques selon l'analyse en composantes principales partagent soit un seul parent soit les deux.

#### 7.9. Etude du polymorphisme protéique par chromatographie à phase gazeuse (CPG)

Les plantes sont constamment soumises à toutes sortes de stress environnementaux d'origine biotique (agressions par des agents pathogènes) ou abiotique (excès ou défaut de lumière, fluctuations brutales de température, hypoxie, stress hydrique, salinité).

Incapables de se mouvoir, elles ont donc développé, au cours de l'évolution, des stratégies variées pour s'adapter à leur environnement changeant, en déclenchant des spectres parfois très complexes de réponses moléculaires, métaboliques et morphologiques.

Sur le plan métabolisme (protéines), cette adaptation propre aux végétaux (blé dur) met en jeu la synthèse de métabolites très diversifiés et souvent de structures complexes. La connaissance de l'ensemble des protéines formées et les gènes correspondants s'avère un objectif important. Les analyses de protéome, permettent d'approcher actuellement la fonctionnalité du génome.

Pour comprendre de tels effets, une étude détaillée de l'identité et de la quantité des métabolites de la plante impliquées est indispensable. On dispose aujourd'hui d'outils ou techniques performants pour mesurer ces quantités.

La teneur en protéines est actuellement un critère majeur de la qualité de semoule et des pâtes alimentaires et par conséquent de l'amélioration génétique du blé dur (*Triticum durum*). Donc, plutôt que de caractériser les phénotype, il apparaît souhaitable, en génétique des populations et en génétique d'adaptation des plantes cultivées, d'étudier les gènes eux-mêmes et donc leur expressions en protéines [134].

De nombreuses analyses sont adoptées actuellement pour mesurer la variabilité des protéines, il s'agit des techniques plus simples utilisant la chromatographie, l'électrophorèse, elles ont permis de mettre en évidence dans de nombreuses espèces le polymorphisme protéique (parfois appelé aussi polymorphisme biochimique) avec lesquelles les protéines sont séparées selon leurs concentrations dans l'extrait. En pratique, un extrait de grains de blé broyées dans l'acide acétique peut contenir jusqu'à 80% des protéines de réserve [135], contenant un mélange complexe de nombreuses protéines à des concentrations variées. En outre, avec la technique de la chromatographie, les protéines du mélange sont triées essentiellement en fonction de leur concentration. Il se forme alors une ou plusieurs pics correspondant chacun à une protéine.

Les résultats obtenus montrent une variabilité intragénotypique et intergénotypique importante, il paraît que la composition en protéines varie au sein du génotype lui-même et d'un environnement à l'autre, le génotype donc régit selon les conditions climatiques existantes génétiquement par la synthèse de telle ou telle protéine. C'est le résultat de l'interaction entre le génotype et l'environnement. En conséquence, chaque pic obtenu correspond à une protéine synthétisée par le génotype quand il trouve les conditions favorables à son expression génétique.

En revanche, la variabilité génétique des protéines entre les différents génotypes testés est aussi importante, les résultats de l'analyse chromatographique montrent qu'il y'a une différence entre la forme et l'amplitude des pics, ce qui nous ramène à dire que ces deux critères résultent de la concentration et le type de protéine détectée par l'appareil. Le pic le plus haut correspond à la protéine la plus concentrée dans l'extrait et la protéine dont la concentration est faible donne un pic court. En outre, les résultats obtenus montrent effectivement que la teneur en protéine dépend de l'effet des deux facteurs : génétique et environnement. Nous remarquons donc que les pics ont des formes différentes ce qui peut expliquer probablement qu'il y a présence de plusieurs protéines différentes.

Comme il a été mentionné précédemment que la variabilité entre individus est peut être due à la variation de la constitution génétique à un locus. Également, l'expression d'un caractère quantitatif dépend de la fréquence génique, l'existence de plusieurs formes alléliques donc la présence de polymorphisme allélique aboutit à cette diversification des protéines [136]. Ce polymorphisme allélique, appelé aussi multiallélisme en génétique des populations, est expliqué par la présence de plusieurs formes alléliques pour un type de protéine dans la population étudiée, et la présence et la concentration de telle ou telle

protéine est liée à la présence et la fréquence des allèles qui codent pour cette protéine. Chez les organismes diploïdes, la diversité génétique au sein des individus est un élément important de la variabilité, tout locus particulier pouvant être hétérozygote (ayant deux allèles distincts dans la séquence d'ADN) ou homozygote (allèles identiques sur les deux chromosomes homologues).

#### 7.10. Comparaison entre quelques lignées et leurs géniteurs

Si nous comparons les résultats de quelques génotypes testés à leurs parents ou géniteurs choisis selon des données recueillies durant les campagnes 1999-2000, 2000-2001, 2001-2002, il ressort que les résultats suivants:

Nous remarquons pour le paramètre Nombre de plants par m<sup>2</sup> chez la lignée L6 de la génération F4, issue d'un croisement entre T.POLONICUM\*ZB/KRONOS que ce génotype a montré une supériorité avec un nombre de plants par m<sup>2</sup> de (322 plants/m<sup>2</sup>) par rapport à ses géniteurs T.POLONICUM\*ZB et KRONOS qui ont donné un nombre de plants par m<sup>2</sup> de (237.50 plant/m<sup>2</sup>) pour T.POLONICUM et (230.00 plant/m<sup>2</sup>). Ceci est peut être dû à l'effet d'hétérosis ou vigueur d'hybride défini comme la supériorité des descendants par rapport à son meilleur parent qui est dans notre cas la variété .POLONICUM\*ZB. En revanche, nous observons pour le génotype L3 de la même génération avec (230.30 plants/m<sup>2</sup>) issue d'un croisement entre OUED ZENATI386/HEIDER que ce dernier a montré une infériorité par rapport à son parents OUED ZENATI avec un nombre de plant de (235.75 plants/m<sup>2</sup>) et supériorité à l'égard de son géniteur HEIDER avec (223.00 plants/m<sup>2</sup>), dans ce cas se génotype donne une valeur intermédiaire entre les deux parents c'est l'effet d'additivité des effets des deux parents.

Chez les lignée de la génération F5, nous remarquons que la lignée L1, qui a enregistré un nombre de plants par m<sup>2</sup> de (412.50 plants/m<sup>2</sup>) issue d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17 (croisement backcross), a montré une supériorité par rapport à ses parents BIDI17 avec un nombre de plant de (232.63 plants/m<sup>2</sup>) et SYRICA avec (279.50 plants/m<sup>2</sup>). Ceci est peut être dû à l'effet d'hétérosis comme il a été déjà vu précédemment. En parallèle, Le génotype L4 avec un nombre de plants par m<sup>2</sup> de (340 plants/m<sup>2</sup>) provient d'un croisement entre BIDI17/INRAT69 a montré lui aussi une supériorité par rapport à ses deux géniteurs BIDI17 avec un nombre de plants par m<sup>2</sup> de (232.63 plants/m<sup>2</sup>), INRAT69 avec (223.75 plants/m<sup>2</sup>). Ceci est toujours lié à l'effet d'hétérosis.

Pour le caractère Nombre de talles par plants, il s'avère que les lignées L1 et L6 issues respectivement des croisements OUED ZENATI386/MRB5 et T.POLONICUM\*ZB/KRONOS ont montré une supériorité avec un nombre de talles enregistré de (3.55 Talles/plant) par rapport à leurs parents OUED ZENATI368 avec (2.88 Talles/plant) et MRB5 avec (3.02 Talles/plants) pour L1 et T.POLONICUM\*ZB avec (2.77 Talles/plants) et KRONOS (2.55 Talles/plants) pour L6 . Ceci est peut être du constamment à l'effet d'hétérosis ou vigueur d'hybride. En revanche, nous remarquons pour le génotype L5 avec un nombre de talles de (3.10 Talles/plant) et qui résulte d'un croisement entre WAHA\*/CAPETI-8 a montré aussi une supériorité par rapport a ses parents WAHA avec (2.57 Talles/plant) et CAPETI-8 avec (2.66 Talles/plant), Ceci peut toujours s'expliquer par l'effet d'hétérosis.

Concernant la génération F5, nous remarquons que la lignée L4 qui a donné la meilleure valeur avec (3.80 Talles/plant) issue d'un croisement entre BIDI17/INRAT69 a montré une supériorité par apport a ses deux géniteurs BIDI17 avec un nombre de talles de (2.28 Talles/plant) et INRAT69 avec (2.88 Talles/plant). Ceci est toujours lié à l'effet d'hétérosis. En parallèle, Le génotype L1 qui a montré la plus faible valeur avec (2.67 Talles/plant) provient d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17 a montré lui aussi une supériorité par rapport a son géniteur BIDI17 avec un nombre de talles par plant de (2.28 Talles/plant) et SYRICA (2.53 Talles/plant). Ceci est toujours lié à l'effet d'hétérosis.

En ce qui concernant le caractère hauteur des plants à la floraison, nous percevons chez la lignée L5 qui possède la hauteur la plus élevée avec une valeur de (136.57 cm) et qui est issue d'un croisement entre WAHA\*/CAPETI-8 que ce génotype a montré une supériorité à l'égard de ses deux parents WAHA avec une hauteur de (73.27cm) et CAPETI-8 (102.30 cm). Ceci est due probablement à l'effet d'hétérosis ou vigueur d'hybride. En revanche, nous remarquons pour le génotype L3 possédant une hauteur de (87.50 cm) et qui résulte d'un croisement entre OUED ZENATI386/HEIDER que ce dernier a montré une hauteur intermédiaire entre ses deux parents OUED ZENATI386 qui possède une hauteur de (108.07cm) et HEIDER avec (86.63 cm), c'est due probablement à l'effet d'additivité des effets des deux géniteurs car le génotype montre un phénotype intermédiaire.

Chez les lignée de la génération F5, nous remarquons pour le génotype L3 qui s'est distingué avec la meilleure hauteur (108.39 cm) et qui provient d'un croisement entre

OUED ZENATI368/KRONOS, que cette lignée a montré une similitude à son parent OUED ZENATI368 qui possède une hauteur de (108.07cm) et une supériorité à l'égard de son géniteur KRONOS avec (88.63 cm). Ceci est probablement lié à l'effet de dominance de géniteur OUED ZENATI368 et la récessivité du parent KRONOS. En revanche, il ressort chez le génotype L1 qui a enregistré la valeur la plus faible (73.81 cm) et qui est issu d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17 que ce dernier a montré une infériorité par rapport à son géniteur BIDI17 avec une hauteur de (117.05cm) et une égalité à l'égard de son parent SYRICA avec (74.53 cm). Ceci peut être lié à l'effet de dominance du parent SYRICA et donc récessivité du parent BIDI17 donc ce génotype a hérité le caractère dominant du parent SYRICA.

Il paraît pour le paramètre longueur du col de l'épi que la lignée L4, distinguée par la meilleure longueur du col de l'épi avec une valeur de (49.39 cm), provient d'un croisement entre WAHA\*/AWL/BIT, montre une supériorité à l'égard de ses deux parents : WAHA avec une longueur du col de (31.80cm) et AWL/BIT avec (35.32 cm). Ceci est peut du à l'effet d'hétérosis ou vigueur d'hybride. En revanche, nous remarquons chez le génotype L5 possédant une longueur du col de (32.71 cm), issue d'un croisement entre WAHA\*/CAPETI-8 que ce dernier a montré aussi une supériorité par rapport à ses deux parents WAHA qui possède une longueur du col de (31.80cm) et CAPETI-8 avec (30.55 cm), c'est due toujours à l'effet d'hétérosis. Il ressort de ces résultats que le géniteur WAHA ne transmet pas ce caractère à ses descendants.

Chez les lignée de la génération F5, nous constatons chez la lignée L3 qui s'est distinguée avec la meilleure longueur du col avec (46.06 cm), issue d'un croisement entre OUED ZENATI368/KRONOS, que ce génotype a montré une supériorité à l'égard de ses deux parents OUED ZENATI368 avec une longueur du col de (32.70cm) et KRONOS avec (35.28 cm). Ceci est toujours lié à l'effet d'hétérosis. En outre, il apparaît chez Le génotype L1 qui a enregistré la valeur la plus faible avec (35.08 cm), résulte d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17, que ce génotype a montré une infériorité par rapport à son géniteur BIDI17 qui possède une longueur du col de (36.70cm) et une égalité avec son géniteur SYRICA avec (35.32 cm). Ceci peut être lié à l'effet de dominance du caractère du géniteur SYRICA et donc récessivité du parent BIDI17.

Les résultats relatifs au paramètre longueur de l'épi pour la lignée L2, notée par la meilleure longueur de l'épi avec une valeur de (8.74 cm), issue d'un croisement entre OUED ZENATI386/KRONOS, montrent que ce génotype a présenté une supériorité par



rapport à ses parents OUED ZENATI386 possédant une longueur de l'épi de (7.63 cm) et KRONOS avec (7.87 cm), c'est du à l'effet hétérosis. En revanche, nous remarquons chez le génotype L3 possédant une longueur de l'épi de (6.19 cm), provient d'un croisement entre OUED ZENATI386/HEIDER que ce dernier a montré une infériorité à l'égard de ses deux parents OUED ZENATI386 qui possède une longueur de l'épi de (7.63 cm) et une égalité à son géniteur HEIDER avec (6.23 cm), c'est peut être du à l'effet de dominance de caractère de géniteur HEIDER et donc récessivité du parent OUED ZENATI386. Il ressort de ces résultats que le géniteur OUED ZENATI386 ne transmis pas ce caractère à ses descendants.

Concernant les lignée de la génération F5, nous observons chez la lignée L1 qui s'est distinguée avec la meilleure longueur de l'épi (7.39 cm), issue d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17. Ce génotype a montré une supériorité à l'égard de ses deux parents BIDI17 qui possède une longueur de l'épi de (6.54 cm) et SYRICA avec (7.12 cm). Ceci est toujours lié à l'effet d'hétérosis. En outre, il apparaît chez Le génotype L4 qui a enregistré la valeur la plus faible avec (6.58 cm), provient d'un croisement entre BIDI17/INRAT69, que ce génotype a montré une prépondérance par rapport a ses deux géniteurs BIDI17 et NRAT69, le premier possède une longueur d'épi de (6.54 cm) et l'autre une longueur d'épi de (6.54 cm). Ce résultat montre que ce génotype donne un longueur d'épi supérieure à ces deux géniteurs, c'est du à l'effet d'hétérosis.

Il s'avère pour le caractère Le nombre d'épi par m<sup>2</sup>, chez les deux lignées L5 et L6 qui se distinguent par le meilleur peuplement épi (377.5 épis/m<sup>2</sup>), issues respectivement d'un croisement entre WAHA\*/CAPETI-8 et T.POLONICUM\*ZB/KRONOS, que ces deux génotypes ont montré une supériorité à l'égard de leurs géniteurs WAHA avec (239.50 épi/m<sup>2</sup>) et CAPETI-8 avec (312.00 épis/m<sup>2</sup>), T.POLONICUM\*ZB avec (202.75 épi/m<sup>2</sup>) et KRONOS avec (285 épis/m<sup>2</sup>), c'est le résultat de l'effet hétérosis. D'autre part, il résulte chez le génotype L3 qui a donné un peuplement épi de (295 épis/ m<sup>2</sup>), résulte d'un croisement entre OUED ZENATI386/HEIDER que ce dernier a montré une infériorité par rapport a son parent OUED ZENATI386 qui a un peuplement épi de (172.50 épi/m<sup>2</sup>) et une légère supériorité à l'égard de son géniteur HEIDER avec (291.00 épi/m<sup>2</sup>), c'est toujours l'effet d'additivité des effets des deux parents pour ce caractère or une expression génétique intermédiaire entre les deux géniteurs.

Les résultats relatifs à la génération F5 montrent que la lignée L1, qui s'est distinguée avec le meilleur peuplement épi (395 épis/m<sup>2</sup>), issue d'un croisement entre

BIDI17/SYRICA/BIDI17, a présenté une supériorité à l'égard de ses deux parents BIDI17 avec un peuplement épi de (193.00 épi/m<sup>2</sup>) et SYRICA avec (259.00 épi/m<sup>2</sup>). Ceci est toujours lié à l'effet d'hétérosis. En parallèle, il apparaît chez Le génotype L4 qui a enregistré la valeur la plus faible avec (265 épis/m<sup>2</sup>), provient d'un croisement entre BIDI17/INRAT69, que ce génotype a montré lui aussi une supériorité par rapport a ses deux géniteurs BIDI17 avec (193.00 épi/m<sup>2</sup>) et NRAT69 avec (224.75 épi/m<sup>2</sup>). Ce résultat montre que ce génotype donne un peuplement épi supérieur à ces deux géniteurs, c'est du à l'effet d'hétérosis.

Il s'avère pour le caractère Nombre d'épillets totales par épi , chez la lignée L2, qui se distingue par le meilleur nombre d'épillets totales par épi (22.88 ET/épi), dérive d'un croisement entre OUED ZENATI386/KRONOS, que ce génotype a montré une supériorité par rapport à ses géniteurs OUED ZENATI386 avec (22.38 ET/épi) et KRONOS avec (21.54 ET/épi).

D'autre part, il paraît chez le génotype L4 qui a donné le plus faible nombre d'épillets par épi (17.83 ET/épi), issue d'un croisement entre WAHA\*/AWL/BIT, que ce dernier a montré une infériorité par rapport a son parent WAHA avec (19.75 ET/épi) et une valeur similaire à son géniteur AWL/BIT avec (17.95 ET/épi), c'est peut être du à l'effet de dominance de caractère du parent AWL/BIT.

Concernant la génération F5, nous observons chez la lignée L1, qui s'est distinguée avec le meilleur nombre d'épillets totales par épi (22.30 ET/épi), issue d'un croisement entre BIDI17/INRAT69, que ce génotype a présenté une valeur intermédiaire entre ses deux géniteurs : BIDI17 avec (22.20 ET/épi) et INRAT69 avec (23.85 ET/épi). Ceci est peut être lié à l'effet d'additivité. En revanche, il paraît chez Le génotype L3 qui a donné la valeur la plus faible avec (18.86 ET/épi), issue d'un croisement entre OUED ZENATI368/KRONOS, que ce génotype a montré lui aussi une infériorité par rapport a son géniteur OUED ZENATI368 avec (22.38 ET/épi) et une égalité à l'égard de son parent KRONOS avec (18.75 ET/épi). Ce résultat montre que ce génotype donne un nombre d'épillets par épi hérité du parent dominant KRONOS.

Les résultats relatifs au paramètre nombre d'épillets stériles par épi génotype L6 caractérisée par le nombre d'épillets stériles par épi le plus élevé (2.30 ES/épi), issue d'un croisement entre T.POLONICUM\*ZB/KRONOS, montrent que ce dernier a présenté une infériorité par rapport à son géniteur T.POLONICUM avec (2.80 ES/épi) et une supériorité à l'égard de son parent KRONOS avec (2.20). C'est du à l'effet d'additivité entre les deux

parents. En outre, il ressort chez le génotype L5 qui a enregistré le plus faible nombre d'épillets stériles par épi (0.42 ES/épi), issue d'un croisement entre WAHA\*/CAPETI-8, que ce dernier a montré une infériorité par rapport à son meilleur parent WAHA avec (0.55 ES/épi) et une supériorité à l'égard de son géniteur CAPETI-8 avec (0.32 ES/épi), c'est peut être du aussi à l'effet d'additivité entre les deux géniteurs.

En ce qui concerne la génération F5, nous observons que la lignée L4, qui s'est distinguée avec le nombre d'épillets stériles par épi le plus élevé (1.88 ET/épi), issue d'un croisement entre BIDI17/INRAT69, a présenté une infériorité à l'égard de son géniteur BIDI17 avec (2.75 ES/épi) et une supériorité par rapport à INRAT69 avec (1.15 ES/épi). Ceci montre que ce génotype présente un caractère intermédiaire entre les deux géniteurs, c'est l'effet de codominance ou d'additivité des effets des deux géniteurs. En revanche, il résulte chez le génotype L1 qui a donné la valeur la plus faible avec (0.34 ES/épi), provient d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17, que ce génotype a montré lui aussi une infériorité par rapport à son géniteur BIDI17 (2.75 ES/épi) et une valeur semblable à son géniteur SYRICA avec (0.36 ES/épi). Ce résultat montre que ce génotype donne un nombre d'épillets par épi hérité de son parent dominant SYRICA.

Nous remarquons pour la caractéristique nombre de grains par épi (NG/épi) chez le génotype L2 de la génération F4 qui s'est distingué par le nombre de grains par épi le plus élevé (62.28 grains/épi), issue d'un croisement entre OUED ZENATI386/KRONOS, que ce dernier a montré une supériorité par rapport à son géniteur OUED ZENATI386 avec (37.25 grains/épi) et même aussi à l'égard de son parent KRONOS avec (42.23 grains/épi). C'est dû à l'effet d'hétérosis. En outre, il apparaît chez le génotype L3 qui a enregistré le plus faible nombre de grains par épi (38.11 grains/épi), provient d'un croisement entre OUED ZENATI386/HEIDER, que ce dernier a montré une supériorité par rapport à ses deux parents OUED ZENATI386 (37.25 grains/épi) et HEIDER avec (36.52 grains/épi). C'est toujours dû à l'effet de vigueur d'hybride.

D'après les résultats enregistrés chez la génération F5, nous observons que la lignée L1, qui a donné le nombre de grains par épi le plus élevé (53.66 grains/épi), issue d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17, a montré une supériorité à l'égard de ses géniteurs BIDI17 avec (39.25 grains/épi) et SYRICA avec (41.55 grains/épi). Cela montre que ce génotype présente une vigueur d'hybride supérieure à son géniteur. Par ailleurs, il résulte chez le génotype L2 qui a enregistré la valeur la plus faible avec (46.30 grains/épi), résulte d'un croisement entre CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI, que ce

génotype a montré lui aussi une supériorité par rapport a son géniteur CHEN'S (44.75 grains/épi) et son parent AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI possédant un nombre de grains de (45.23 grains/épi). Ce résultat montre que ce génotype est caractérisé par une vigueur d'hybride lui permet de donner un nombre de grains supérieur à ses deux géniteurs.

Nous remarquons pour le paramètre poids de mille grains (PMG) chez le génotype L1 qui s'est distingué par le poids de mille grains le plus élevé (52.49 g), et qui est issue d'un croisement entre OUED ZENATI386/MRB5, que ce dernier a montré une supériorité au détriment de ses géniteurs OUED ZENATI386 avec (39.75 g) et MRB5 avec (46.53 grains/épi). C'est le résultat du phénomène de vigueur d'hybride. En plus, nous observons chez le génotype L2 qui a donné le plus faible poids de mille grains (35.19 g), provient d'un croisement entre OUED ZENATI386/KRONOS, que ce génotype a montré une infériorité par rapport a son parent OUED ZENATI368 (39.75 g) mais une légère supériorité à l'égard de son géniteur KRONOS avec un PMG de (34.52 g) , c'est l'effet d'additivité des effets des deux géniteurs, le génotype dans ce cas présente un phénotype intermédiaire entre les deux parents. Ces résultats enregistrés montrent que le parent OUED ZENATI386 ne transmis pas ce caractère a ses descendants.

En ce qui concerne les résultats enregistrés chez la génération F5, nous remarquons que la lignée L1 qui a donné le poids de mille grains le plus élevé (48.02 g), provient d'un croisement entre OUED ZENATI368/KRONOS, a montré une supériorité par rapport à ses deux géniteurs OUED ZENATI368 (39.75 g) et KRONOS avec un PMG de (34.52 g). Ce résultat est toujours lié à l'effet d'hétérosis. Par ailleurs, il résulte chez Le génotype L2 qui a enregistré la valeur la plus faible de PMG (34.83 g), issue d'un croisement entre CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI, que ce dernier a montré un désavantage par rapport a son géniteur CHEN'S (40.50 g) mais une supériorité au détriment de son géniteur AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI. Ce résultat montre que ce génotype a donné une valeur intermédiaire entre les deux géniteurs, c'est le cas d'une additivité entre les deux parents.

Il s'avère pour le paramètre rendement en grains, des résultats de la lignée L3 de la génération F4 qui s'est distingué avec le meilleur rendement en grains (53.75 qx/ha) et qui est issue d'un croisement entre OUED ZENATI386/HEIDER, que ce génotype a montré une prépondérance par rapport à son géniteur OUED ZENATI386 avec (20.32 qx/ha) et même à l'égard de son parent HEIDER caractérisé d'un rendement de (25.02 qx/ha). Cela

est lié comme auparavant à l'effet d'hétérosis ou vigueur d'hybride. En parallèle, nous remarquons chez le génotype L7 caractérisé par le plus faible rendement en grains (30.63 qx/ha), provient d'un croisement entre VITRON/DJENH KHATIFA, que ce génotype a montré lui aussi une primauté par rapport a ses deux parents VITRON avec (24.50 qx/ha) et DJENH KHATIFA avec (23.45qx/ha).

Il ressort des résultats enregistrés chez la génération F5 que la lignée L1 qui a donné le rendement en grains le plus élevé (49.40 qx/ha) et qui est issue d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17, a montré une supériorité par rapport à ses deux géniteurs BIDI17 avec (18.32 qx/ha) et SYRICA avec (26.20 qx/ha). C'est toujours lié à l'effet d'hétérosis. En outre, il résulte chez Le génotype L4 qui s'est distingué par le plus faible rendement en grains (22.15 qx), résulte d'un croisement entre BIDI17/INRAT69, que ce dernier a montré une supériorité par rapport a ses deux géniteurs BIDI17 (18.32 qx/ha) et INRAT69 (18.00 qx/ha). Cette vigueur d'hybride ou hétérosis est expliquée par le fait que ce génotype accumule l'information génétique de ses deux parents ce qui lui donne plus de vigueur.

Les données obtenues pour le caractère mitadinage pour la lignée L2 de la génération F4 distinguée avec le taux de mitadinage le plus élevé (20.71%) et qui est issue d'un croisement entre OUED ZENATI386/KRONOS, montrent que ce génotype a prouvé une supériorité au détriment de ses deux géniteurs OUED ZENATI386 qui a donné un taux de mitadinage de (3.03%) et KRONOS avec un taux de (4.23%). Ces résultats montrent que ce génotype est très sensible au mitadinage par rapport à ses deux géniteurs. En outre, nous remarquons chez le génotype L4 caractérisé par une résistance remarquable au mitadinage (2.15%), provient d'un croisement entre OUED ZENATI386/HEIDER, que ce génotype a montré lui aussi une supériorité et donc une bonne résistance au mitadinage par rapport a ses deux parents OUED ZENATI368 avec (3.03%) et HEIDER avec (2.75%).

Les résultats relatifs à la génération F5 montrent que la lignée L1 caractérisée par une forte sensibilité au mitadinage (22.47%), issue d'un croisement entre BIDI17/SYRICA/BIDI17, a donné un taux de grains mitadinés très élevé par rapport a ses géniteurs BIDI17 avec (1.48%) et SYRICA avec (2.33%). Cela est probablement lié a l'effet d'hétérosis et par conséquent une forte sensibilité de ce génotype au mitadinage. En parallèle, il ressort chez Le génotype L4 qui s'est distingué par le plus faible taux de mitadinage (5.90%), résulte d'un croisement entre BIDI17/INRAT69, que ce dernier a montré une supériorité par rapport a ses deux géniteurs BIDI17 avec un taux de (1.48%) et

INRAT69 avec (0.52%). Cette différence observée montre que le taux de variabilité génétique existant entre les géniteurs et leurs descendants est causé par l'effet des deux facteurs : génotype et milieu. Donc, bien que ce génotype soit résistant au mitadinage, il n'arrive pas à dépasser ses parents.

Il résulte de ces résultats que l'expression génétique des différents caractères est liée d'une part à l'effet de dominance et de récessivité, c'est à dire que le caractère est hérité d'un des deux géniteurs dominant et d'autre part à l'effet de codominance ou additivité des effets des deux géniteurs et aussi à l'effet d'hétérosis.

D'après ces résultats, nous pouvons dire aussi que c'est un avantage pour la sélection pour les lignées qui ont montré une supériorité par rapport à ses parents. Ceci nous ramène à conclure qu'il est intéressant de substituer ce génotype par son géniteur. Par contre, les lignées qui ont montré une infériorité à l'égard de leurs deux géniteurs nécessitent davantage une amélioration.

## CONCLUSION

A l'issue de ce travail, les résultats obtenus nous permettent de montrer que les caractères morphologiques, les composantes du rendement, le mitadinage ainsi que la teneur en protéines et en gluten sont influencés par les deux facteurs : génotype et environnement, nous avons constaté également que, la différence entre les lignées et les deux environnements étaient nettement significatives. Ceci s'explique par la variabilité génétique des lignées testés et les caractéristiques climatiques qui diffèrent d'un site à l'autre. Donc, Une grande variabilité génétique intéressant l'améliorateur et le sélectionneur est apparue.

Pour les caractères morphologiques HP, LC, LE, l'effet du génotype et celui de l'environnement ainsi l'interaction ont été significatifs exception faite pour le caractère NP/m<sup>2</sup> et le caractère NT/P dont la différence n'a pas été significative uniquement entre les lignées de la génération F4. Les lignées WAHA\*/CAPETI-8, T.POLONICUM\*ZB/KRONOS, WAHA\*/AWL/BIT, OUED ZENATI386/KRONOS de la génération F4 et les génotypes OUED ZENATI368/KRONOS, BIDI17/SYRICA/BIDI17 de la génération F5, sont à retenir pour ces trois caractères.

En ce qui concerne les composantes du rendement NET/E, NES/E, NG/E, PMG, nous avons enregistré une différence significative pour les deux facteurs étudiés ainsi que l'interaction sauf le cas du paramètre NE/m<sup>2</sup> dont la différence n'a pas été significative entre les génotypes testés des deux générations.

Les lignées OUED ZENATI386/KRONOS, WAHA\*/CAPETI-8, OUED ZENATI386/MRB5 de la génération F4 et les génotypes BIDI17/INRAT69, BIDI17/SYRICA/BIDI17, OUED ZENATI368/KRONOS de la génération F5 sont à recommander.

Nous avons obtenus pour les caractères M, TP, TG une différence significative entre les lignées étudiées par contre, la différence pour l'effet environnement n'a pas été significative chez les deux caractères TP et TG. Notre attention est particulièrement attiré par les lignées : WAHA\*/AWL/BIT et OUED ZENATI386/HEIDER, OUED ZENATI386/KRONOS de la génération F4 et OUED ZENATI386/MRB5, WAHA\*/AWL/BIT de la génération F5 possédant une bonne résistance au mitadinage, une bonne teneur en protéines et en gluten.

Le rendement en grains étant un paramètre particulièrement important, il s'avère chez la génération F4 que le génotype OUED ZENATI386/HEIDER a donné le meilleur rendement avec (53.75 qx/ha) suivi par WAHA\*/AWL/BIT avec un rendement de (46.88 qx/ha). Contrairement, le rendement le plus bas a été enregistré par le génotype VITRON/DJENH KHATIFA (30.36 qx/ha).

Chez la génération F5, le génotype BIDI17/SYRICA/BIDI17 a donné le meilleur rendement avec (49.40 qx/ha) suivi par le génotype CHEN/AUK/4/F6/PALEST-20C/606//MEXI/3/RABI avec (29.38 qx/ha). Quant à la lignée BIDI17/INRAT69, le rendement enregistré était le plus faible avec (22.15 qx/ha). Ces lignées semblent être les meilleures pour notre objectif de sélection.

Le présent travail constitue donc une tentative d'utiliser les résultats d'une étude de l'effet des deux facteurs génotype, environnement et son interaction sur l'expression génétique des caractères morphologiques, les composantes du rendement et les critères technologiques de quelques lignées de blé dur en ségrégation issues d'un croisement intraspécifique destinées aux zones semi-arides d'altitude et zones littorales en vue d'une sélection pour l'adaptation et la stabilité du rendement.

Les résultats de l'expérimentation indiquent que la réponse d'un génotype est variable d'un environnement à l'autre, les génotypes sélectionnés répondent différemment aux conditions du milieu (sécheresse intermittente, hautes températures de fin de cycle et gel tardif).

Ainsi, la sélection sur la base de la production en grains semble être difficile, car elle reste soumise à l'influence de différents caractères comme, le nombre de talles par plant, le nombre d'épis, la hauteur des plantes et le poids de 1000 grains, qui prennent des valeurs variables en fonction des conditions climatiques. Ces résultats indiquent que la sélection sur la base d'un seul caractère, dans des milieux aussi variables est peu efficace car elle doit tenir compte, en plus du rendement en grain, des caractères morphologiques (la hauteur, la longueur d'épi, la longueur d'épi) des composantes du rendement et la qualité technologique des grains, qui est un bon indicateur de l'adaptation au milieu, donc une sélection multicaractères dans plusieurs milieux est assez importante. Les résultats obtenus concernant la stabilité génétique des rendements en grains ont montré que l'ensemble des génotypes testés possèdent une adaptation spécifique soit aux conditions favorables ou défavorables (stresses climatiques).



Il serait intéressant de reprendre ce travail dans le cadre des dispositifs ou des essais multilocaux et à plusieurs années à fin de confirmer et de tirer des résultats plus fiables voir de compléter les résultats obtenus.

En général, une étude de l'interaction génotype-milieu donne aux améliorateurs et aux sélectionneurs l'opportunité de décrire le comportement des lignées avancées (F4, F5, F6, F7) face à une plus vaste gamme de contraintes et selon le degré de corrélation qui existe entre les différents caractères et leur degré d'héritabilité la sélection sera plus efficace.

## ANNEXES

### Les tableaux d'analyse de la variance des différents caractères pour les caractères étudiés de la génération F4 :

#### Analyse de variance de nombre de plant par m<sup>2</sup> :

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	36875.00	13	2836.54				
var. facteur 1	27300.00	6	4550.00	3.55	0.0746		
var. blocs	1889.28	1	1889.28	1.47	0.2701		
var. résiduelle 1	7685.72	6	1280.95			35.79	13.6%
var. totale	83725.00	27	3100.93				
var. facteur 2	17003.58	1	17003.58	8.00	0.0249		
var. inter F1.2	14971.42	6	2495.24	1.17	0.4139		
var. tot S-bloc	36875.00	13	2836.54	1.33	0.3621		
var. résiduelle 2	14875.00	7	2125.00			46.10	17.6%

#### Analyse de variance de nombre de talles par plant :

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	1.43	13	0.11				
var. facteur 1	0.74	6	1.12	1.15	0.4332		
var. blocs	0.05	1	0.05	0.45	0.5322		
var. résiduelle 1	0.64	6	0.11			0.33	9.7%
var. totale	3.60	27	0.13				
var. facteur 2	1.63	1	1.63	52.90	0.0002		
var. inter F1.2	0.32	6	0.05	1.75	0.2405		
var. tot S-bloc	1.43	13	0.11	3.56	0.0503		
var. résiduelle 2	0.22	7	0.03			0.18	5.2%

#### Analyse de variance de la hauteur de plant à la floraison :

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	6161.08	13	473.93				
var. facteur 1	6084.16	6	1014.03	187.13	0.0000		
var. blocs	44.40	1	44.40	8.19	0.0283		
var. résiduelle 1	32.51	6	5.42			2.33	2.2%
var. totale	12630.10	27	467.78				
var. facteur 2	640.52	1	640.52	38.32	0.0006		
var. inter F1.2	5711.51	6	951.92	56.95	0.0001		
var. tot S-bloc	6161.08	13	473.93	28.35	0.0002		
var. résiduelle 2	117.00		16.71			4.04	3.9%

#### Analyse de variance de la longueur du col de l'épi :

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	722.73	13	55.59				
var. facteur 1	680.84	6	113.47	29.14	0.0007		
var. blocs	18.53	1	18.53	4.76	0.0705		

var. résiduelle 1	23.37	6	3.89			1.97	4.8%
var. totale	1092.85	27	40.48				
var. facteur 2	155.67	1	155.67	31.78	0.0009		
var. inter F1.2	180.16	6	30.03	6.13	0.0163		
var. tot S-bloc	722.23	13	55.59	11.35	0.0023		
var. résiduelle 2	34.29	7	4.90			2.21	5.4%

**Analyse de variance de nombre longueur d'épi :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	16.71	13	1.29				
var. facteur 1	16.11	6	2.68	27.62	0.0007		
var. blocs	0.02	1	0.02	0.19	0.6785		
var. résiduelle 1	0.58	6	0.10			0.31	4.3%
var. totale	26.84	27	0.99				
var. facteur 2	0.69	1	0.69	14.25	0.0070		
var. inter F1.2	9.10	6	1.52	31.25	0.0002		
var. tot S-bloc	16.71	13	1.29	26.50	0.0003		
var. résiduelle 2	0.34	7	0.05			0.22	3.0%

**Analyse de variance du nombre d'épillets totales par épi :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	79.27	13	6.10				
var. facteur 1	77.10	6	12.85	36.26	0.0004		
var. blocs	0.05	1	0.05	0.15	0.7128		
var. résiduelle 1	2.13	6	0.35			0.60	3.0%
var. totale	116.48	27	4.31				
var. facteur 2	8.90	1	8.90	129.22	0.0000		
var. inter F1.2	27.82	6	4.64	67.29	0.0000		
var. tot S-bloc	79.27	13	6.10	88.49	0.0000		
var. résiduelle 2	0.48	7	0.07			0.26	1.3%

**Analyse de la variance du nombre d'épi par m<sup>2</sup>:**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	42285.73	13	3252.75				
var. facteur 1	22335.73	6	3722.62	1.13	0.4471		
var. blocs	228.59	1	228.59	0.07	0.7952		
var. résiduelle 1	19721.41	6	3286.90			57.3	16.25%
var. totale	169285	27	6269.84				
var. facteur 2	68014.31	1	68014.31	19.24	0.0034		
var. inter F1.2	34235.70	6	5705.95	1.61	0.2716		
var. tot S-bloc	42285.73	13	3252.75	0.92	0.5753		
var. résiduelle 2	24750.00	7	3535.71			39.4	16.8%

**Analyse de variance du nombre d'épillets stériles par épi :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	11.47	13	0.88				
var. facteur 1	11.41	6	1.90	434.96	0.0000		
var. blocs	0.04	1	0.04	8.17	0.0285		

<b>var. résiduelle 1</b>	0.03	6	0.00			0.00	6.1%
<b>var. totale</b>	18.63	27	0.69				
<b>var. facteur 2</b>	2.89	1	2.89	277.59	0.0000		
<b>var. inter F1.2</b>	4.19	6	0.70	67.01	0.0000		
<b>var. tot S-bloc</b>	11.47	13	0.88	84.68	0.0000		
<b>var. résiduelle 2</b>	0.07	7	0.01			0.10	9.3%

**Analyse de variance de grains par épi :**

	<b>S.C.E</b>	<b>DDL</b>	<b>Carres moyens</b>	<b>Test F</b>	<b>Proba</b>	<b>E.T</b>	<b>C.V</b>
<b>var. tot S-bloc</b>	1471.75	13	113.21				
<b>var. facteur 1</b>	1463.96	6	243.99	189.95	0.0000		
<b>var. blocs</b>	0.09	1	0.09	0.07	0.7991		
<b>var. résiduelle 1</b>	7.71	6	1.28			1.13	2.3%
<b>var. totale</b>	2586.87	27	95.81				
<b>var. facteur 2</b>	775.22	1	775.22	9386.18	0.0000		
<b>var. inter F1.2</b>	331.93	6	55.32	1322.99	0.0001		
<b>var. tot S-bloc</b>	1471.75	13	113.21	1297.32	0.0000		
<b>var. résiduelle 2</b>	7.97	7	1.14			1.07	2.3%

**Analyse de variance de poids de milles grains :**

	<b>S.C.E</b>	<b>DDL</b>	<b>Carres moyens</b>	<b>Test F</b>	<b>Proba</b>	<b>E.T</b>	<b>C.V</b>
<b>var. tot S-bloc</b>	653.45	13	50.27				
<b>var. facteur 1</b>	651.38	6	108.56	353.34	0.0000		
<b>var. blocs</b>	0.22	1	0.22	0.73	0.4307		
<b>var. résiduelle 1</b>	1.84	6	0.31			0.55	1.3%
<b>var. totale</b>	1047.78	27	38.81				
<b>var. facteur 2</b>	77.89	1	77.89	452.21	0.0000		
<b>var. inter F1.2</b>	315.23	6	52.54	305.03	0.0000		
<b>var. tot S-bloc</b>	653.45	13	50.27	291.83	0.0000		
<b>var. résiduelle 2</b>	1.21	7	0.17			0.42	1.0%

**Analyse de variance de mitadinage :**

	<b>S.C.E</b>	<b>DD L</b>	<b>Carres moyens</b>	<b>Test F</b>	<b>Proba</b>	<b>E.T .</b>	<b>C.V.</b>
<b>var. tot S-bloc</b>	947.28	13	72.87				
<b>var. facteur 1</b>	892.96	6	148.83	17.05	0.0022		
<b>var. blocs</b>	1.94	1	1.94	0.22	0.6560		
<b>var. résiduelle 1</b>	52.38	6	8.73			6.29	1.5%
<b>var. totale</b>	2066.70	27	76.54				
<b>var. facteur 2</b>	180.20	1	180.20	17.19	0.0045		
<b>var. inter F1.2</b>	865.85	6	144.31	13.77	0.0019		
<b>var. tot S-bloc</b>	947.28	13	72.87	6.95	0.0088		
<b>var. résiduelle 2</b>	73.36	7	10.48			3.24	2.3%

**Analyse de variance de rendement en grains**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	0.79	13	0.26				
var. facteur 1	27.53	6	4.59	4.71	0.0000		
var. blocs	1.94	1	1.94	2.95	0.3603		
var. résiduelle 1	1.69	6	0.14			0.31	2.5%
var. totale	36.14	27	1.34				
var. facteur 2	0.45	1	0.45	32.59	0.2821		
var. inter F1.2	6.13	6	1.02	7.25	0.0020		
var. tot S-bloc	0.79	13	0.26	1.88	0.1861		
var. résiduelle 2	0.10	7	0.14			0.38	3.0%

**Analyse de variance de la teneur en protéine :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	0.79	13	0.26				
var. facteur 1	27.53	6	4.59	4.71	0.0000		
var. blocs	1.94	1	1.94	2.95	0.3603		
var. résiduelle 1	1.69	6	0.14			0.31	2.5%
var. totale	36.14	27	1.34				
var. facteur 2	0.45	1	0.45	32.59	0.2821		
var. inter F1.2	6.13	6	1.02	7.25	0.0020		
var. tot S-bloc	0.79	13	0.26	1.88	0.1861		
var. résiduelle 2	0.10	7	0.14			0.38	3.0%

**Analyse de variance de la teneur en gluten :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	39.21	13	0.05				
var. facteur 1	35.57	6	0.04	0.57	0.0000		
var. blocs	0.06	1	0.06	1.00	0.5000		
var. résiduelle 1	0.06	6	0.06			0.25	2.4%
var. totale	0.16	27	1.45				
var. facteur 2	0.04	1	5.93	28.00	0.5856		
var. inter F1.2	0.94	6	0.16	0.74	0.6283		
var. tot S-bloc	0.16	13	0.05	0.25	0.8617		
var. résiduelle 2	2.54	7	0.21			0.46	4.4%

**Les tableaux d'analyse de la variance des différents caractères pour les caractères étudiés de la génération F4**

**Analyse de variance de nombre de plant par m<sup>2</sup>**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	144075.00	7	20582.14				
var. facteur 1	14225.00	3	4741.67	0.14	0.9271		
var. blocs	30625.00	1	30625.00	0.93	0.4088		
var. résiduelle 1	99225.00	3	33075.00			181.8	49.3%
var. totale	37875.00	15	25225.00				
var. facteur 2	13225.00	1	13225.00	0.38	0.575		
var. inter F1.2	80625.00	3	26875.00	0.77	0.570		
var. tot S-bloc	144075.00	7	20587.14	0.59	0.748		
var. résiduelle 2	140450.00	4	35112.50			187.3	50.8%

**Analyse de variance de nombre de talles par plant:**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	3.49	7	0.50				
var. facteur 1	3.39	3	1.13	33.26	0.0081		
var. blocs	0.01	1	0.01	0.17	0.7082		
var. résiduelle 1	0.10	3	0.03			0.18	5.7%
var. totale	3.80	15	0.25				
var. facteur 2	0.07	1	0.07	1.99	0.2306		
var. inter F1.2	0.09	3	0.03	0.78	0.5666		
var. tot S-bloc	3.49	7	0.50	13.63	0.0146		
var. résiduelle 2	0.15	4	0.04			0.19	5.9%

**Analyse de variance de la hauteur de plant à la floraison:**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V.
var. tot S-bloc	3791.73	7	541.68				
var. facteur 1	3190.30	3	1063.43	8.28	0.0584		
var. blocs	246.24	1	216.24	1.68	0.2855		
var. résiduelle 1	385.19	3	128.40			11.3	12.1%
var. totale	6758.7	15	450.58				
var. facteur 2	1650.8	1	1650.80	10.56	0.0322		
var. inter F1.2	690.74	3	230.25	1.47	0.3487		
var. tot S-bloc	3791.7	7	541.68	3.46	0.1239		
var. résiduelle 2	625.49	4	156.37			12.5	13.4%

**Analyse de variance de la longueur du col de l'épi :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	261.24	7	37.32				
var. facteur 1	251.19	3	83.73	59.31	0.0033		
var. blocs	5.82	1	5.82	4.12	0.1345		
var. résiduelle 1	4.24	3	1.41			1.19	2.9%
var. totale	668.47	15	44.56				
var. facteur 2	230.36	1	230.36	203.98	0.0006		
var. inter F1.2	172.36	3	57.45	50.87	0.0025		
var. tot S-bloc	261.24	7	37.32	33.05	0.0040		
var. résiduelle 2	4.52	4	1.13			1.06	2.6%

**Analyse de variance de nombre de grains par épi**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	141.09	7	20.16				
var. facteur 1	139.72	3	46.57	108.06	0.001		
var. blocs	0.08	1	0.08	0.18	0.698		
var. résiduelle 1	1.29	3	0.43			0.66	1.3%
var. totale	1068.27	15	71.22				
var. facteur 2	572.29	1	572.29	285.2	0.0004		
var. inter F1.2	346.87	3	115.62	57.64	0.0021		
var. tot S-bloc	141.09	7	20.16	10.05	0.0236		
var. résiduelle 2	8.02	4	2.01			1.42	2.9%

**Analyse de variance du poids de mille grains:**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T	C.V
var. tot S-bloc	403.03	7	57.58				
var. facteur 1	401.12	3	133.71	298.49	0.0003		
var. blocs	0.57	1	0.57	1.28	0.3411		
var. résiduelle 1	1.34	3	0.45			0.67	1.6%
var. totale	612.09	15	40.81				
var. facteur 2	0.87	1	0.87	14.39	0.0199		
var. inter F1.2	207.94	3	69.31	1162.6	0.0002		
var. tot S-bloc	403.03	7	57.58	965.78	0.0002		
var. résiduelle 2	0.24	4	0.06			0.24	0.6%

**Analyse de variance de la longueur d'épi**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	1.88	7	0.27				
var. facteur 1	1.86	3	0.62	72.91	0.0024		
var. blocs	0.00	1	0.00	0.24	0.6584		
var. résiduelle 1	0.03	3	0.01			0.09	1.3%
var. totale	6.06	15	0.40				
var. facteur 2	1.84	1	1.84	70.96	0.0019		
var. inter F1.2	2.23	3	0.74	28.77	0.0054		
var. tot S-bloc	1.88	7	0.27	10.41	0.0223		
var. résiduelle 2	0.10	4	0.03			0.16	2.3%

**Analyse de variance du nombre d'épi par m<sup>2</sup>**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	50843.75	7	7263.39				
var. facteur 1	44318.75	3	14772.92	16.92	0.0219		
var. blocs	3906.25	1	908.20	4.47	0.1289		
var. résiduelle 1	2618.75	3	872.92			2955	9.5%
var. totale	68693.75	15	4579.58				
var. facteur 2	6806.25	1	6806.25	14.14	0.0209		
var. inter F1.2	9118.75	3	3039.58	6.32	0.0552		
var. tot S-bloc	50843.75	7	7263.39	15.09	0.0125		
var. résiduelle 2	1925.00	4	481.25			21.94	7.1%

**Analyse de variance du nombre d'épillets totales :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	30.29	7	4.33				
var. facteur 1	30.05	3	10.02	260.66	0.0004		
var. blocs	0.13	1	0.13	3.28	0.1672		
var. résiduelle 1	0.12	3	0.04			0.20	1.0%
var. totale	75.53	15	5.04				
var. facteur 2	31.98	1	31.98	9386.18	0.0001		
var. inter F1.2	13.24	3	4.41	1322.99	0.0001		
var. tot S-bloc	30.29	7	4.33	1297.32	0.0001		
var. résiduelle 2	0.01	4	0.00			0.06	0.3%

**Analyse de variance du nombre d'épillets stériles :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	6.10	7	0.87				
var. facteur 1	597	3	1.99	168.23	0.0007		
var. blocs	0.10	1	0.10	8.26	0.0626		
var. totale	12.56	15	0.84				
var. facteur 2	4.90	1	4.90	696.17	0.0002		
var. inter F1.2	1.54	3	0.51	78.91	0.0016		
var. tot S-bloc	6.10	7	0.87	123.93	0.0008		
var. résiduelle 2	0.03	4	0.01			0.08	7.0%
var. résiduelle 1	0.04	3	0.01			0.11	9.1%

**Analyse de variance du mitadinage:**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	560.76	7	30.11				
var. facteur 1	559.32	3	186.44	1423.84	0.0000		
var. blocs	1.05	1	1.05	8.02	0.0649		
var. résiduelle 1	0.39	3	0.13			0.36	2.7%
var. totale	1555.75	15	103.72				
var. facteur 2	883.58	1	883.58	10759.20	0.0001		
var. inter F1.2	111.08	3	37.03	450.88	0.0003		
var. tot S-bloc	560.76	7	80.11	975.48	0.0002		
var. résiduelle 2	0.33	4	0.08			0.29	2.1%

**Analyse de variance de rendement en garins:**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	1833.75	7	261.69				
var. facteur 1	1826.88	3	609.63	613.55	0.0001		
var. blocs	1.89	1	1.89	1.90	0.2616		
var. résiduelle 1	2.98	3	0.99			1.00	3.2%
var. totale	2756.50	15	183.77				
var. facteur 2	72.68	1	72.68	50.36	0.0031		
var. inter F1.2	844.30	3	281.43	195.02	0.0005		
var. tot S-bloc	1833.75	7	261.96	181.53	0.0006		
var. résiduelle 2	5.77	4	1.44			1.00	3.8%

**Analyse de variance de la teneur en protéine :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	5.85	13	0.39				
var. facteur 1	4.96	6	1.65	0.79	0.0025		
var. blocs	0.06	1	0.06	0.79	0.5365		
var. résiduelle 1	0.07	6	0.07			0.27	2.2%
var. totale	0.19	27	0.06				
var. facteur 2	0.06	1	0.06	18.57	0.5365		
var. inter F1.2	0.16	6	0.05	0.41	0.6325		
var. tot S-bloc	0.19	13	0.06	0.70	0.5855		
var. résiduelle 2	0.53	7	0.09			0.30	2.4%



**Analyse de variance de la teneur en gluten :**

	S.C.E	DDL	Carres moyens	Test F	Proba	E.T.	C.V.
var. tot S-bloc	6.37	13	0.46				
var. facteur 1	5.58	6	1.86	14.60	0.0063		
var. blocs	0.05	1	0.05	2.36	0.3713		
var. résiduelle 1	0.02	6	0.02			0.14	1.4%
var. totale	0.35	27	0.12				
var. facteur 2	0.29	1	0.29	12.41	0.1710		
var. inter F1.2	0.04	6	0.01	0.08	0.9668		
var. tot S-bloc	0.35	13	0.12	0.78	0.5472		
var. résiduelle 2	0.90	7	0.15			0.39	3.8%

**Annexe de la régression linéaire**

**La génération F4**

**La lignée L1**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	0.0037	0.988	0.001	97.97
Terme constant : 44.68				
Ecart type : résiduel : 1.0356				
$r^2$ : 0.0007				

**La lignée L2**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	0.1331	0.0405	10.783	8.04
Terme constant : 38.37				
Ecart type : résiduel : 0.42				
$r^2$ : 0.84				

**La lignée L3**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	4.8817	0.1484	1084.954	1.06
Terme constant : -154.55				
Ecart type : résiduel : 1.5535				
$r^2$ : 0.9982				

**La lignée L4**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	-1.04028	0.2073	45.81	1.77
Terme constant : 106.7335				
Ecart type : résiduel : 2.1725				
$r^2$ : 0.9582				

**La lignée L5**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	-0.2461	0.1076	5.236	14.98
Terme constant : 54.90				
Ecart type : résiduel : 1.1275				
$r^2$ : 0.72				

**La lignée L6**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	1.4057	0.1305	116.09	0.6
Terme constant : -26.05				
Ecart type : résiduel : 1.3676				
$r^2$ : 0.9831				

**La lignée L7**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	2.1782	0.1049	431.344	0.14
Terme constant : -62.3199				
Ecart type : résiduel : 1.0994				
$r^2 : 0.9954.$				

**La génération F5****La lignée L1**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	2.1782	0.1049	431.344	0.14
Terme constant : -62.3199				
Ecart type : résiduel : 1.0994				
$r^2 : 0.9954$				

**La lignée L2**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	1.3205	0.1674	62.25	1.24
Terme constant : -12.1016				
Ecart type : résiduel : 0.7451				
$r^2 : 0.9689$				

**La lignée L3**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	5.2434	1.0146	26.706	3.22
Terme constant : -139.8956				
Ecart type : résiduel : 4.517				
$r^2 : 0.9303$				

**La lignée L4**

	Coefficient de corrélation	Ecart Type	F(1, 2)	probabilité (%)
X	0.965	0.285	11.39	7.63
Terme constant : -8.172				
Ecart type : résiduel : 1.272				
$r^2 : 0.85.$				

## REFERENCES

1. Anonyme, 2000-Actes du premier symposium international sur la filière blé, en jeux et stratégie, Alger. Ed, OAIC, 522p.
2. Nachit, M.N., Sorrells, M.E., Zobel, R.W., Gauch, H.G., Fischer H., Coffman, W.R., 1992-Association of environmental variables with sites' mean grain yield and components of genotype-environment interaction in durum wheat. *J. Genet. Breed.* 46, pp 369–372.
3. Finlay, KW, Wilkinsongn., 1963-The analysis of adaptation in a plant breeding program. *Aust J Agric Res*; 14, pp 742-746.
4. Beaudry, J R., 1985 :-Génétique générale. Ed. Maloine, 180p.
5. Cauderon, Y., 1978 :-Hybridation intraspécifique et amélioration du blé. *An. Am. des plantes* n 8 (2), pp 15-41.
6. Maciejwski, J., 1991 :-Semences et plants, agriculture d'aujourd'hui. Ed. tech. et doc. LAVOISIER, pp 37-39.
7. Picard, E., 1988-Sélection de blé intégration des biotechnologies biofuture. Ed. INRA, paris, 50p.
8. Messiaen, C., 1981-Les variétés résistantes, méthodes de lutte contre les maladies et ennemies des plantes. Ed. I NRA. Paris, pp 58-69.
9. Cauderon, Y., 1958 :-Etude cytogénétique des agropyrum français et leurs hybrides avec les blés. *An. Am. des plantes* n 4, pp 43-70.
10. Boyeldieu, J., 1980 :-Les cultures des céréales. Nouvelle encyclopédie des connaissances agricoles. Ed. HACHETTE. 251p.
11. Rousset, M., 1986-Amélioration des plantes autogames. *Agronomie* N 9, pp 616-619.
12. Demarly, Y. et Sibi, M., 1989.-Amélioration des plantes et biotechnologie. Ed. John Libbey Eurotext, paris, pp 9-36.
13. Demarly, Y., 1977-Génétique et amélioration des plantes. *Coll. Sci. Agronomie.* Ed. Masson, Paris, p 278.
14. Gallais, A., 1968-Evolution de la vigueur des variétés synthétiques tétraploïdes au cours des générations de multiplication 1 en régimes de paumixie. *An. Am. des plantes* n 18 (1), pp 5-16.
15. Lheritier, P., 1975-Génétique. Ed. Masson et Cie. Paris, pp 232-237.

16. Lampion, B., 1980-L'hybridation intraspécifique expérimentale chez les 5 espèces RHINANTHUS de France. Rev. Cyto. et de Bio. Vég. Le Bot. T. 3, pp 199-219.
17. Plomion, C., 1997- Cartographie génétique chez les végétaux et utilisation des cartes de liaison. INRA, Station de Recherches Forestières, France, pp 95-102.
18. Walsh, S., 1997- A diagnostic method for assessing regional variations in crop yields. Agric. Syst. 1997;54, pp 169-188. 138.
19. Delourme, D., 1999-Génétique. Dunord, Paris, ISBN 2100047523, p63.
20. Caboche, M., 2002-La génomique végétale :Outils et perspectives. Ann. Amélior. Plantes, 26, pp 176-182. 30.
21. Ogoubi, A., 2001-Analyse intégrée des rendements du blé tendre et de leurs causes de variation dans un réseau de parcelles d'agriculteurs du Thymerais. Agronomie 1994;14, pp 341-361.
22. Falconer, D., 1972-Introduction to quantitative genetics par Olivier and Royd. Ed. Masson et Cie, 284 p.
23. Rives, H., 1962-L'analyse de la variance. L'additivité. An. Am. des plantes N 12 (1), pp 5-18.
24. Lints, F., 1987-Génétique. Ed. Technique et documentation, Paris, 539p.
25. Verrier, E., Brabant, P., Gallais, A., 2001-Heridité et milieu. Faits et concepts de base en génétique quantitative. Polycopié INA Paris-Grignon, 134 p.
26. Gallais, A., 1967-Modele pour l'étude des effets génétiques. An. Am. des plantes n 17(3), pp 229-241.
27. Gallais, A., 1990-Théorie de la sélection en amélioration des plantes. Masson, paris, pp. 45-382.
28. Vilain, M., 1989-Production végétale. T.2, La maîtrise technique de la production. Ed. J. B. Balliere et fils. Paris, pp 245-279.
29. Henry, A., 1999-Precis de génétique des populations. Dunord, Paris, ISDN 2100045180, pp 39-54.
30. Didier, D., 1999-Génétique. Dunord, Paris, ISBN 2100047523, p33. 46
31. Lefort, G., 1985-Les distances génétiques :estimation et application. Ed. INRA, France, pp. 103-114.
32. Demarly, Y., 1984-Mécanismes génétiques de l'adaptation chez les végétaux. Bull. Soc., Bot.,131, Actual Bot. (1), pp 125-137.
33. Oulie, B., 1986-Amélioration des plantes. Ed. C N P R, 96P. 111.
34. Beaudry, J R., 1984-Génétique générale. Decanie. Ed. Montréal. 501P 16

35. Stern, K., 1999-La génétique des populations prise comme base de la sélection. *Cereal Chem.* 69, pp 152-169.
36. Hanson, P., 1961-Statistical genetics and plant breeding. NAS-NRC Pub, 982, pp 164-196.
37. Mergen, K., 1960-Interaction génotype-milieu et modèle mixte. I. Modélisation. *Génét. Sélection Evolution*, 15, pp 379-394.
38. Anderson, M, 1960-Pondération des valeurs génotypiques dans la sélection par index sur plusieurs caractères. *Biometrics*, 25, pp 295-308.
39. Monneveux, P et This, D., 1997-La génétique face au problème de la tolérance des plantes cultivées à la sécheresse : espoirs et difficulté. Synthèse : sécheresse. Ed. INRA, paris, pp 29-36.
40. Brancourt-hulmel, M., 1997- A Diagnosis of Yield-Limiting Factors on Probe Genotypes for Characterizing Environments in Winter Wheat Trials. *Crop science CROP ECOLOGY, PRODUCTION & MANAGEMENT*, pp 236-242.
41. Deraissac, M., 1992-Mécanismes d'adaptation à la sécheresse et maintien de la productivité. *Agro. Tropicale* 46, pp 29-39.
42. Yekhlef, N., 1998-Efficacité de l'utilisation de l'eau : marqueurs physiologiques de la résistance à la sécheresse chez le blé dur. *Rev. Semestrielle de l'université Mentouri de Constantine SSN1111-5041:N10*, p9.
43. Anonyme., 1997-Etude de l'adaptation variétale des céréales cultivés en Algérie sous différentes conditions agro-climatiques. *Rev. Céréalicultures*, N 31, pp 17-22.
44. Monneveux, P et This, D., 1997- Intégration des approches physiologiques, génétiques et moléculaires pour l'amélioration de la tolérance à la sécheresse chez les céréales. *CJFR Génétique et Amélioration des Plantes*, ENSA-INRA, Montpellier, France. Pp 16-31.
45. Henin, S., 1976-Definition de la sécheresse et politique d'utilisation de l'eau. *Fourrage* 67, p 13-25.
46. Blum, A., 1988-Plant breeding for stress environments. Bocaaton, Florida, Ed. C R C press, INC, p 223.
47. Fischer, R.A et Maurer, S., 1978-Drought resistance in spring wheat cultivars I. Grain yield response. *Aust.J.Agric.Res*, 29, 897-912.
48. Bensalem, M et Monneveux, P., 1992-Etude comparative de l'adaptation à la sécheresse du blé, de l'orge et du triticale. In : Tolérance à la sécheresse des céréales en zones méditerranéennes. Diversité génétique et amélioration variétale, Montpellier (France), 15-17 décembre. Ed. INRA, Paris, pp 275-295.
49. Roarke, B et Quisenberry, JE., 1977-Environmental and genetic components of stomatal behavior in two genotypes of upland cotton. *Plant Physiol* ; 59, pp 354-358.

50. Quarrie, SA., Jones, HG., 1979-Genotypic variation in leaf-water potential, stomatal conductance and abscissic acid concentration in spring wheat subjected to artificial drought stress. *Ann Bot* ; 44, pp 323-327.
51. Henson, IE., Mahalakshmi, V., Bidinger, FR, Alagarswamy, G., 1982-Osmotic adjustment to water stress in pearl millet (*Pennisetum americanum* L. Leeke) under field conditions. *Plant Cell Environ* ; 5, pp 147-154.
52. Peterson, GC., Krittika, S., Weibel, DE., 1982-Inheritance of bloomless and some sparsebloom mutants in sorghum. *Crop Sci* ; 22, pp 63-68.
53. Armenta-soto, J, Chang, TT, Loresto, GC, O'toole, JC., 1983-Genetic analysis of root characters in rice. *Sabrao J*; 15, pp 103-108.
54. Ekayanake, IJ., O'toole, JC., Garrity, DP., Masajo, TM., 1985-Inheritance of root characters and their relation to drought resistance in rice. *Crop Sci* ; 25, pp 927-33.
55. Derera, NF., Marshall, DR., Balaam, LN., 1969-Genetic variability in root development in relation to drought tolerance in spring wheats. *Exp Agric* ; 5, pp 327-337.
56. Morgan, J.M., 1980-Osmotic adjustment in the spikelets and leaves of wheat. *J. Exp. Bot.*, 31, pp 655-665.
57. Acevedo, E, Ceccarelli, S., 1989-Role of physiologist-breeder in a breeding program for drought tolerance conditions. In : Baker FWG, ed. *Drought resistance in cereals*. Wallingford: CAB International, 117-39.
58. Alhakimi, A, Monneveux, P., 1995-Soluble sugars, proline, and relative water content (RWC) as traits for improving drought tolerance and divergent selection for RWC from *Triticum polonicum* into *Triticum durum*. *J Genet Breed* ; 49, pp 237-244.
59. Ledoigt, G et Coudret, A., 1992-Stress hydrique: étude des mécanismes moléculaires et des modifications de l'expression du génome. *Bull Soc Bot Fr* ; 139, pp 175-190.
60. Tarczynski, MC., Jensen, RG., Bohnert, HJ., 1993-Stress protection of transgenic tobacco by production of the osmolyte mannitol. *Science* ; 259, pp 508-510.
61. Rathinasubapathi, B., Mccue, KF., Gage, DA., Hanson, AD., 1994-Metabolic engineering of glycine betaine synthesis : plant betaine aldehyde dehydrogenases lacking typical transit peptides are targeted to tobacco chloroplasts where they confer betaine aldehyde resistance. *Planta* ; 193, pp 155-162.
62. Houde, M., Dhindsa, RS., Sarhan, F., 1992-A molecular marker to select for freezing tolerance in Gramineae. *Mol Gen Genet* ; 234, pp 43-48. 79.
63. Autrique, E, Nachit, MM, Monneveux, P, Tanksley, SD, Sorrells, M., 1996-Genetic diversity in durum wheat based on RFLPs, morphophysiological traits, and coefficient of parentage. *Crop Sci* ; 36, pp 735-742.

64. Weng, J., Nguyen, HT., 1992-Differences in the heat-shock response between thermotolerant and thermosusceptible cultivars of hexaploid wheat. *Theor Appl Genet* ; 84, pp 941-946.
65. Lefort-buson, M., Rodolphe, F., Charcosset, A., 1990-De nouvelles perspectives pour l'analyse génétique des caractères quantitatifs. À la recherche des locus importants. *Biofutur* ; 91, pp 30-37.
66. Paterson, AH., Lander, ES., Hewitt, JD., Peterson, S., Lincoln, SE., Tanksley, SD., 1988-Resolution of quantitative traits into mendelian factors by using a complete RFLP linkage map. *Nature* ; 335, pp 721-726.
67. Havaux, A et Lannoyer, N., 1982-Changement biochimique observé pendant l'adaptation au froid de l'orge. *Revue agronomique mensuelle : science de production végétale et de l'environnement*. Ed, INRA, pari, P2. 74
68. Clement, M., 1970-Les céréales, collection d'enseignement agricole. 2<sup>ème</sup>. Ed, Bailliere, France, P263.
69. Couvreur, E., 1985-Formation du rendement de blé et risques climatiques. *Perspectives agricoles*, pp 12-15.
70. Payot, L., 1979-La différence des plantes cultivées. 7<sup>ème</sup>. Ed. La maison rustique, paris, pp 211-212.
71. Gate, P., 1995-Ecophysiologie de blé. *Tec et Doc*. Ed lavoisier, 429p.
72. Duthil, J., 1973-Elément d'écologie et d'agronomie. Tome 2. 3<sup>ème</sup>. Ed. La maison rustique, paris, p256.
73. Soltner, D., 1990-Les grandes productions végétales. 17<sup>ème</sup>. Ed. Coll. Sc et Tec agricole, p85.
74. Rivol, R., 1986-Possibilité d'utilisation de la résistance des céréales aux nématodes in: Les génétiques dans le système de protection de cultures céréalières contre les champignons, virus, nématodes. Symposium organisé par GNIS et ONIC, INRA. Ed. INRA, P59.
75. Soltner, D., 1988-Les grandes productions végétales. 16<sup>ème</sup> Ed. Coll. Sc. et Tec. agricole, p109.
76. Soltner, D., 1975-Les bases de la production végétale :sol, plante, climat. 3<sup>ème</sup>. Coll. Sc. et Tec. agricole, 448 p.
77. Henin, S., 1969-Le profil cultural du sol, l'état physique du sol et ses conséquences agronomiques. Ed, maison rustique, paris, 332 p.
78. Bouzerzour, H, Djekoune. A, Benmahammed. A, Hassous. L., 1998-Contribution de la biomasse aérienne, de l'indice de récolte et de la précocité au rendement en grain de l'orge (*H. vulgare* L.) en zone semi-aride d'altitude. *Cahiers Agricultures*, Volume 7, Numéro 4, p 307-317.

79. Benabdallah, N et Bensalem, M., 1992-Paramètres morphologiques de sélection pour la résistance à la sécheresse des céréales en zones méditerranéennes. Ed, INRA., paris, pp 250-261.
80. Mouret, J.C., Conesa, A.P., Bouchier, A., Gaid, M., Ould said, O., 1991-Identification des facteurs de variabilité du rendement du blé dur en conditions hydriques limitantes dans la régions de Sidi-Bel-Abbès (Algérie). In :physiology-breeding of winter cereals for stressed mediterranean environments. E. ACEVIDO, A.P. CONESA, P. MONNEVEUX, J.-P. SRIVASTAVA eds., Colloques INRA N<sup>o</sup> 55, pp 35-48.
81. Boubaker, M et Ben hammouda, M, Sakouhi, L., 1999-Réponse du blé dur au stress hydrique et à la profondeur de semis pendant le stade jeune plante. Cahiers Sécheresse, volume 10, Numéro 1, p 35-38.
82. Fontès, J., Aizpuru, M., Carayon, J., Larincq, P., Guinko, S., Hien, M., 1999-L'amélioration variétale et les autres actions contribuant à la sécurité alimentaire en Tunisie, en matière de céréales. Cahiers Sécheresse, volume 10, N 1, p 27-33.
83. Kirib, Y I. et Jones, H G., 1977-The relation between the mains shoots and tillers in barley plants. Journal of Agr. Sci. Cambrige n 68, pp.361-389.
84. Cao, W et Moss, D.N., 1989-Temperature and daylength interaction on phyllochron in wheat and barley. Crop Sci., 29, pp 1046-1048.
85. Fussel, L.K et Bidinger, F.R., 1991-Crop physiology and breeding for drought tolerance: research and development. Field crop Res., 27:183-199.
86. Somers, J., 2003-Marqueurs, expression génétique et autres aspects moléculaires. Possibilités d'empilement de gènes de la résistance à la fusariose de l'épi dans les blés canadiens. Centre de recherches sur les céréales (CRC), Agriculture et Agroalimentaire Canada (AAC), Winnipeg (Man.).
87. Barbier, G., 1998-The value of indirect selection. I. Mass selection. Biometrics, 21, pp 682-707.
88. Daaloul, M., 2000-la technologie dans l'agriculture tunisienne. Cas du secteur céréalier. Une agriculture stabilisée pour la tunisie. Colloques Tuniso-Américain, Tunis (Tunisie), pp 66-75.
89. Garcia del moral, L.F., Ramos, J.M., 1991-Identification des paramètres morphophysiologiques d'adaptation aux contraintes environnementales. Adaptation de l'orge dans le sud de l'Espagne. In : Tolérance à la sécheresse des céréales en zones méditerranéennes. Diversité génétique et amélioration variétale, Montpellier (France), 15-17 décembre. Ed. INRA, Paris, pp 253-262.
90. Lefort, G et Sebilote, M., 1968-Action du gel sur la culture de blé d'hiver en fonction du micro relief et de la fertilisation. An. Am. des plantes Vol 19 (6), pp 685-698.



91. Lpmat, T., 1971-Interprétation statistique des essais deux voies : décomposition factorielle des résidus et étude de la structure des interactions. *Ann. Amélior. Plantes*, 28, pp 395-409.
92. Auriou, P et Plushard, P., 1993-L'amélioration du rendement du blé tendre. In Gallais, P., 1992-Amélioration des espaces végétales, p 98.
93. Miziani, A., Bamoun, A., Hamou, M., 1991-Essai de définition des caractères d'adaptation du blé dur dans différentes zones agroclimatiques de l'Algérie. In : Tolérance à la sécheresse des céréales en zones méditerranéennes. Diversité génétique et amélioration variétale, Montpellier (France), 15-17 décembre. Ed. INRA, Paris, pp 191-203.
94. Becker, M., 1984-Mass selection and mating system in cereals. *Crop. Sci.*, 14, pp 345-350.
95. Wricke, G et Weber, W E., 1978-Number of lines for synthetic varieties in rye. *Ann. Amélior. Plantes*, 28, pp 667-674.
96. Ali dib, T et Monneveux, P., 1992-Adaptation à la sécheresse et notion d'idiotype chez le blé dur. I. caractères morphologiques d'enracinement. *Agronomie*, 12, pp 371-379.
97. Acevedo, E., 1991-Improvement of winter cereals in Mediterranean environments. Use of yield, morphological and physiological traits. In: *Physiology-breeding of winter cereals for stressed mediterranean environments*, INRA-ICARDA. Paris: INRA, coll. Les colloques n°55, pp 273-306.
98. Brancourt, M., 1995-Méthodologie d'analyse des interactions génotype -milieu dans les réseaux expérimentaux. *Crop. Sci.*, 6, pp 15-23. 28.
99. Auriou, P., 1978-Sélection pour le rendement en fonction du climat chez le blé. *An. I N A n 8 (2)*, pp. 4-5.
100. Gate, P., 1991-Bilan climatique des céréales : principaux faits marquants et comportement variétal. *Rev. Perspectives Agricoles n 163*, pp 77-86.
101. Jonard, P., 1964-Etude comparative de la croissance de deux variétés de blé tendre. *Ann. Amél. Des plantes*. 14 (2), pp 101-130.
102. Singl, W V., 1966-Studies on frost injury to wheat. 111:screening of varieties for resistance to ear and stem frosting. *Austr. J. of Agric. Res.*, 15, pp 869-875.
103. Febrero, A., Bort, J., Brown, R H., Araus, J.L., 1990-The role of durum wheat ear photosynthetic organ during grain filling. In: *Advanced trends in photosynthesis*, Mallorca, Spain, pp 15-18.
104. Evans, L.T., Rawson, H.M., 1970-photosynthesis and respiration by the flag leaf and components of the ear during grain development in wheat. *Aust.J. Biol. Sci.*, pp 23-245.

105. Delecolle, R et Gurnade, J., 1980-Liaisons entre la morphologie du brin, le rendement de l'épi et les composantes du rendement chez le blé tendre, effet variétal. An. Agro. n 31 (1), pp 85-105.
106. Mathy, K., 2000-Etude de l'efficacité de la sélection assistée par marqueurs par rapport à la sélection classique. Oléagineux Corps gras Lipides. Vol 8 n 5, pp 496-501.
107. Noir, S et Lashermes, P., 2000-Organisation et évolution des gènes de résistance chez les plantes. Cahiers d'études et de recherches francophones. Agricultures. Vol. 9, N 4, pp 301-309.
108. Innes, P., Blackwell, R.D., Austin, R.B., Ford, M.A., 1981-The effect of selection for number of ears on the yield and water economy of winter wheat. J; Agri. Sci. Camb. 97, pp 523-532.
109. Garcia del moral, L.F., Ramos, J.M., 1985-Relationships between vegetative growth, grain yield and grain protein content in six winter barley cultivars. Can. J. Pl. Sci. 65, pp 523-532.
110. Zair, M., 1994-L'irrigation d'appoint et la fertilisation azotée du blé dur. Revue céréaliculture N 24, pp 1-7.
111. Couvreur, F et Masse, J., 1983-Formation du rendement et niveau de production. Rev. Perspective n 32, pp. 8-11.
112. Jaradat, A., 1986-Phenotypic divergence for morphological and yield related traits among from Jordan, revue enphytea, N 52, p20.
113. Gate, P., 1987-Mieux comprendre l'élaboration du rendement de grains par épi chez le blé. Influence des facteurs climatiques. Pers. Agri. N 114, pp 38-53.
114. Grignac, P., 1978-Les blés durs, monographie succincte. An. Am. des plantes n 20 (2), pp 159-188.
115. Anonyme., 1989-Contribution à l'étude de la période de compétition maximal des mauvaises herbes vis à vis de blé dur (variété waha cultivée en zone sub-humide). Rev. Céréaliculteur. N 30, pp 7-11.
116. Thorne, G N., 1974-Physiology of grain yield of wheat and barley. Rothmasted exp. Stn. Report for 1973, part 2, pp 5-25.
117. Fischer, R.A., 1975-yield potential in adwarf spring wheat and the effect of shading. Crop. Sci, 15, pp 607-613.
118. Grignac, P., 1986-Contraintes de l'environnement et l'élaboration de rendement dans la zone méditerranéenne française, in : l'élaboration de rendement des cultures céréalières. Colloques Fronco-Roman germent ferrand, 17-19 mars, pp 198-207.
119. Bidinger, G et Kang, P., 1998-Héritabilité et réponse à la sélection de caractères physiologiques liés au rendement chez le soja. Ann. Amélior. Plantes, 29, pp 54-66.

120. Devienne, K., 2001-Contrôle métabolique et modélisation des caractères complexes Station de Génétique Végétale, UMR 320 INRA/UPS/INA PG La Ferme du Moulon 91190 Gif-sur-Yvette, pp 1-9.
121. Grignac, P., 1981-Rendement et composantes du rendement du blé d'hiver dans l'environnement méditerranéen français. Communication scientifiques. Séminaire de Bari, Sep-Oct 1-2, p11.
122. Triboi, E., Gachon, L., 1981-Elaboration du rendement chez le blé d'hiver dans les plaines de Limagne et limites des potentialités de production de blé dur dans différents systèmes de culture et dans différentes zones méditerranéennes. Rev. Agri. N 32, pp 196-213.
123. Abecassis, J., 1991-Qualité du blé dur de la semoule et des pâtes alimentaires. Laboratoire de technologie des céréales. Ed. INRA, pp 15-18.
124. Mohsen, B., Ben-hammouda, M., Sakouhi, L., 1998- Adaptation et stabilité du rendement de trois espèces céréalières dans les régions semi-arides et sub-humides de la Tunisie. Cahiers Sécheresse, volume 10, N<sup>o</sup> 4, pp 273-279.
125. Sambrero, A., Ontano, R., Montoya, J.L., 1992-La culture de l'orge en Castille et Léon croissance, développement et production. In : Tolérance à la sécheresse des céréales en zones méditerranéennes. Diversité génétique et amélioration variétale, Montpellier (France), 15-17 décembre. Ed. INRA, Paris, pp 239-252.
126. Dubois, J.B., Fossati, A., 1981-Influence of nitrogen uptake and nitrogen partitioning efficiency on grain yield and grain protein concentration of twelve winter wheat genotypes (*Triticum aestivum* L.). Z. Pflanzen Zurich, p 86.
127. Payne, P.I., 1983-Breeding for protein quantity and protein quality In seed crops. In: Daussant, J., Mosse, J., Vaughan, J., Seed proteins. Academic Press, Londres, pp 223-253.
128. Godon, B., 1996-Protéines végétales. Coll. Sci. et Tec. Lavoisier, p 120.
129. Hurd, E H., 1974-Phenotype and drought tolerance in wheat. Agriculture Meteorology 14, pp 39-55.
130. Epinat-le signor, C., Dousse, S., Lorgeou, J., Denis, J.-B., Bonhomme, R., Carolo, P ET Charcosset, A., 2001- Interpretation of genotype x environment Interactions for Early Maize Hybrids over 12 Years. CROP BREEDING, GENETICS & CYTOLOGY. Crop Science 41, pp 663-669.
131. Becker, H.C et Léon, J., 1988-Stability analysis in plant breeding. Plant Breed., 101, pp 1-23.
132. Lin, C.S., Binns, M.R., Lefkovitch, L.P., 1986-Stability analysis: Crop Sci., 26, pp 894-900.
133. Simmonds, N.W., 1991-Selection for local adaptation in a plant breeding programme. Theor. Appl. Genet., 82, pp 363-367.

134. Werner, 1995:-Wheat varietal identification by capillary electrophoresis of gliadines. *Cereal Chem.* 71, pp 397-402.
135. Marion, L., 1994 :-Improved sequential extraction procedure of wheat proteins. *Università degli studi della Tuscia, Viterbo.* 88, pp 197-199.
136. Ollivier, L., 1981-Généétique quantitative. Ed. INRA et Masson. Paris, pp 5-123.
137. Veuille, M., Auffray, J., Bouletreau, M., Boursot, P., 1997-Le niveau ultime de l'adaptation : l'organisme cours de biodiversité. I N A, Paris-Grignon.