

**UNIVERSITE SAAD DAHLAB DE BLIDA**

**Faculté des Sciences Agrovétérinaires et biologiques**

Département des Sciences Agronomiques

## **MEMOIRE DE MAGISTER**

Spécialité : Amélioration des productions végétales

**APTITUDE A LA COMBINAISON ET HERITABILITE DE QUELQUES  
CARACTERES AGRONOMIQUES DU BLE TENDRE**

*(Triticum aestivum L.)*

Par

**Zine El Abidine FELLAHI**

Devant le jury composé de :

M. BENMOUSSA	Professeur, U.S.D. Blida	Président
A. BOUTEKRABT	Professeur, U.S.D. Blida	Promoteur
H. BOUZERZOUR	Professeur, U.F.A. Sétif	Co-promoteur
A. BENMAHAMMED	Professeur, U.F.A. Sétif	Examineur
A. BENBELKACEM	Maître de recherche A, INRAA	Examineur

Blida, Avril 2013

## RESUME

La présente étude a été conduite au cours des campagnes agricoles 2010/2011 et 2011/2012 sur le site de la Station Expérimentale Agricole de l'Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) de Sétif. L'objectif de l'étude est d'évaluer le potentiel génétique de neuf génotypes parentaux de blé tendre et leurs 20 hybrides  $F_1$  qui peuvent être employés dans des futurs programmes d'amélioration. L'aptitude à la combinaison, l'action des gènes, l'héritabilité et le degré d'expression de l'hétérosis sont estimés en utilisant l'analyse génétique Lignée x Testeur. L'analyse de la variance indique la présence de la variabilité génotypique pour la majorité des variables mesurées. Les résultats montrent la prépondérance de l'action non-additive des gènes dans le contrôle génétique du poids de la plante, celui de la paille, le poids des épis, la surface de la feuille étendard, la longueur de l'épi et du col de l'épi, le contenu en chlorophylle CCI et la teneur en proline. D'autre part, le nombre d'épis par plante, le nombre de grains par épi, le rendement grain, le poids de 1000-grains, l'indice de récolte, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, l'extrusion, la teneur relative en eau et le contenu en chlorophylle SPAD sont déterminés par des effets largement de type additifs. L'héritabilité est faible en valeur pour certains caractères étudiés, indiquant un effet milieu très important qui masque l'effet génétique. Les résultats montrent également la supériorité des hybrides par rapport aux parents pour certains caractères, ceci suggère un effet d'hétérosis positif. L'étude des corrélations indique que le rendement en grain est fortement lié au poids de la plante et au poids des épis. La biomasse et le nombre d'épis par plant sont suggérés comme critères de sélection qui pourrait engendrer des améliorations significatives du rendement.

### Mots clés

AGC, ASC, croisement, testeur, analyse, blé tendre (*Triticum aestivum* L.)

## ABSTRACT

The present investigation was conducted during the 2010/2011 and 2011/2012 cropping seasons at the ITGC-Agricultural Experimental Station of Setif. The objective was to identify the genetic potential of nine parental genotypes of bread wheat and their 20 F<sub>1</sub> hybrids that can be used in future breeding programs for developing promising genotypes. Combining ability, gene action, heritability and the heterosis expression was estimated by performing Line × Tester analysis. The analysis of variance indicates the presence of genotypic variability for most variables measured. The results showed the preponderance of the non-additive gene action in the genetic control of the plant weight, that of straw yield, spikes weight, flag leaf area, spike length, peduncle length, chlorophyll content (CCI) and proline content. On the other hand, the number of spikes per plant, the number of grains per spike, grain yield, thousand kernel weights, harvest index, earliness at heading, plant height, extrusion length, the relative water content and chlorophyll content (SPAD) are determined largely by additive type of gene effects. Heritability was low in magnitude for some traits studied, showing a very important effect of environment that masks the genetic effect. The results also show the superiority of the hybrids compared to the parents for some characters, this suggests a positive effect of hétérosis. The study of correlations indicates that grain yield is highly correlated to the plant weight and spikes weight. Biomass and number of spikes per plant are suggested as criteria for the selection which could generate significant improvements of the grain yield.

### Key words

GCA, SCA, cross, tester, analysis, bread wheat (*Triticum aestivum* L.).

## ملخص

أنجزت هذه الدراسة خلال الموسمين الزراعيين 2011/2010 و 2012/2011 على مستوى محطة التجارب الفلاحية للمعهد التقني للمحاصيل الكبرى (ITGC) بسطيف. تهدف الدراسة إلى تحديد القدرة الوراثية لتسعة أنماط وراثية أبوية و هجائها العشرين من الجيل الأول (F<sub>1</sub>) و التي يمكن استعمالها في برامج التحسين المستقبلية. تم تقدير درجة التوريث، الفعل الجيني، القدرة على التآلف و درجة التعبير عن قوة الهجين باستعمال التحليل الوراثي سلالة x كشاف. أظهر تحليل التغير وجود تباين وراثي بالنسبة لمعظم المؤشرات المدروسة. تظهر النتائج المتحصل عليها إلى تفوق الفعل الجيني غير المضيف بالنسبة لكل من وزن النبات، مردود القش، وزن السنابل، مساحة ورقة العلم، طول السنبل، طول عنق السنبل، مؤشر المحتوى اليخضوري (CCI) و محتوى البرولين. من ناحية أخرى، كانت الصفات التالية : عدد السنابل في النبات الواحد، عدد الحب في السنبل، المردود الحبي، وزن ألف حبة، مؤشر الحصاد، التبكير للتسنبل، طول النبات، طول نبط السنبل، المحتوى المائي النسبي والمحتوى اليخضوري (SPAD) تحت تأثير الأفعال الجينية المضيئة إلى حد كبير. قيم درجة التوريث كانت ضعيفة في بعض الصفات المدروسة مشيرة إلى التأثير الكبير للعوامل البيئة الذي حجب التأثير الوراثي. أظهرت النتائج أيضا تفوق الهجاء مقارنة بالأباء في بعض الصفات، وهذا يشير إلى وجود تأثير إيجابي لقوة الهجين. أشارت دراسة الارتباط إلى أن المردود الحبي ارتبط ارتباطا وثيقا بوزن النبات و وزن السنابل. يمكن اقتراح الكتلة الإحيائية و عدد السنابل في النبات الواحد كصفتين فعاليتين في انتخاب سلالات ذات مردود حبي عالي.

### الكلمات المفتاحية

AGC، ASC، تصالب، كشاف، تحليل، قمح لين (*Triticum aestivum* L.).

## REMERCIEMENTS

Tout d'abord, louange à «ALLAH» qui m'a donné le courage, ma guidé sur le droit chemin tout au long de ce travail et m'a inspiré les bons pas et les justes réflexes. Sans sa miséricorde, ce travail n'aurait pas abouti.

Je tiens à remercier vivement mon promoteur Monsieur BOUTEKRABT Ammar, professeur à l'université de Blida, pour avoir dirigé ce travail, pour tous les conseils précieux qu'il m'a prodigué. Je lui dois beaucoup de respects.

J'exprime ma plus profonde reconnaissance et gratitude à Monsieur BOUZERZOUR Hamenna, professeur à l'université de Sétif qui a été à l'origine du choix de ce thème original et intéressant, qui ma constamment aidé et orienté. Je le remercie de sa disponibilité pour m'éclairer de ses compétences.

Je tiens à remercier les membres du jury:

Au président du jury, Monsieur BENMOUSSA Mebrouk, professeur à l'université de Blida, qui m'a fait l'honneur de présider ce jury.

A Monsieur BENMAHAMMED Amar, professeur à l'université de Sétif, de m'avoir honoré en acceptant de faire partie de ce jury. Veuillez trouvez ici mes remerciements les plus sincères.

A Monsieur BENBELKACEM Abdelkader, Maître de recherche A à l'INRAA, pour l'honneur que vous m'avez fait d'accepter de juger ce travail. Veuillez agréer l'expression de ma reconnaissance et de mes remerciements les plus sincères.

Mes vifs remerciements vont également à mes collègues de l'INRAA, Unité de Sétif, pour leurs contributions et leur aide tout le long de mon travail de mémoire.

J'adresse mes sincères remerciements à toutes les personnes de l'ITGC de Sétif, particulièrement Mr. MAKHLOUF Mahfoud et Mr. ZERARGUI Hocine pour leurs disponibilités et leurs aides précieuses.

Je n'oublie pas mes très chers parents, mon frère et mes sœurs, pour leur soutien et leur patience.

A tous mes collègues de Magister, Mr. HANNACHI Abderrahmane, Mr. NAIMI Yacine, Mr. AYADA Slimane, Melle DJAIDJAA Zohra et Mme DAHMANI Sonia.

Je voudrai remercier aussi tous mes proches et amis, qui m'ont toujours soutenu et encouragé au cours de la réalisation de ce mémoire.

Mes remerciements s'adressent aussi à tous ceux qui ont contribué de près ou de loin dans la réalisation de ce travail. Qu'ils trouvent ici ma très sincère reconnaissance.

*Ce mémoire est dédié à la mémoire de ma Grand-Mère AKILA*

## TABLE DES MATIERES

RESUME.....	1
REMERCIEMENTS.....	4
TABLE DES MATIERES.....	6
LISTE DES ILLUSTRATIONS, GRAPHIQUES ET TABLEAUX.....	8
INTRODUCTION.....	11
1. REVUE BIBLIOGRAPHIQUE .....	13
1.1. Origines génétique et géographique du blé tendre ( <i>Triticum aestivum</i> L.).....	13
1.2. Superficies et productions de blé tendre dans le monde et en Algérie .....	19
1.3. Le cycle végétatif du blé tendre .....	23
1.4. Les contraintes de la production du blé tendre .....	24
1.5. L'amélioration du blé tendre en Algérie .....	27
1.6. Contexte général de l'analyse Lignée x Testeur .....	38
1.7. L'analyse génétique des aptitudes à la combinaison et de l'action des gènes.....	39
2. MATERIELS ET METHODES.....	43
2.1. Site expérimental .....	43
2.2. Matériel végétal .....	43
2.3. Dispositif expérimental.....	45
2.4. Caractères mesurés.....	47
2.5. Analyses des données.....	51
3. RESULTATS ET DISCUSSIONS .....	58
3.1. Climat des campagnes d'étude.....	58
3.2. Analyse du comportement des géniteurs.....	59
3.3. Analyse génétique .....	75
DISCUSSION GENERALE .....	95
CONCLUSION .....	101
REFERENCES.....	102

APPENDICES .....	125
A. Liste des symboles et des abréviations .....	125
B. Mode de présentation des données enregistrées .....	128
C. Mode de calcul des sommes des carrés des écarts et des carrés moyens ....	129
D. Mode de présentation des données collectées sur les hybrides $F_1$ .....	130
E. Test de signification des effets de l'aptitude à la combinaison.....	131
F. Mode de calcul de l'erreur standard de l'héritabilité au sens large.....	132
G. Test de signification de l'hétérosis.....	133
H. Publication .....	134



## LISTE DES ILLUSTRATIONS, GRAPHIQUES ET TABLEAUX

Figure 1.1 :	Origines génétiques des différentes espèces de blés	13
Figure 1.2 :	La région du croissant fertile centre d'origine de la domestication du blé en grain	14
Figure 1.3 :	Caractérisation des 21 chromosomes du blé tendre par la technique du C- banding	16
Figure 1.4 :	Carte physique du groupe de liaison 5D de <i>Triticum aestivum</i> et de son parent d' <i>Aegilops tauschii</i>	18
Figure 1.5 :	Evolution de la production et de la consommation du blé tendre dans le monde	19
Figure 1.6 :	Evolution de la production algérienne de céréales de la période 2000 - 2011	21
Figure 1.7 :	Le cycle de développement de la culture de blé tendre	23
Figure 1.8 :	La sélection pedigree classique et assistée par les marqueurs moléculaires	34
Figure 2.1 :	Col de l'épi ou pédoncule	48
Figure 3.1 :	Pluviométrie et températures, moyennes des 20 dernières années et des deux dernières campagnes enregistrées sur le site ITGC de Sétif	58
Figure 3.2 :	Performances du rendement grain des lignées et des testeurs	61
Figure 3.3 :	Liaisons entre la biomasse et le rendement grain d'une part et entre le rendement grain et le poids des épis des 9 géniteurs, d'autre part	66
Figure 3.4 :	Liaisons entre le rendement, le poids des épis et le nombre d'épis par plant des 9 géniteurs	67
Figure 3.5 :	Liaisons entre la hauteur, le poids de mille grains et le nombre de grains par épi des 9 géniteurs	67
Figure 3.6 :	Liaison entre le poids de la plante (BIO) et le rendement grain (RDT) par plante chez les hybrides	71

Figure 3.7 :	Liaison entre le nombre d'épis par plante (NE) et le poids de la plante (BIO) chez les hybrides	72
Figure 3.8 :	Relation entre la performance moyenne des parents et l'AGC des caractères physiologiques étudiés	110
Figure 3.9 :	Relation entre la performance moyenne des parents et l'AGC des caractères morphologiques étudiés	110
Figure 3.10 :	Relation entre la performance moyenne des parents et l'AGC du rendement et ses composantes	110
Tableau 1.1 :	Evolution de la production et la consommation mondiales du blé tendre	19
Tableau 1.2 :	Production mondiale de blé tendre	20
Tableau 1.3 :	Production de blé tendre, importations et consommations	21
Tableau 1.4 :	Origine des importations algériennes de blé dur et de blé tendre au cours des campagnes 2008/09 et 2009/10	22
Tableau 1.5 :	Variétés de blé tendre issues du programme national de sélection	28
Tableau 2.1 :	Randomisation en plein champs des lignées, des testeurs de blé tendre et leurs hybrides F <sub>1</sub>	46
Tableau 2.2 :	Squelette de l'analyse de la variance du dispositif lignées x testeurs	52
Tableau 3.1 :	Carrés moyens de l'analyse de la variance des caractères morphologiques	62
Tableau 3.2 :	Valeurs moyennes des caractères morphologiques mesurés chez les parents	63
Tableau 3.3 :	Valeurs moyennes des caractères mesurés chez les hybrides	64
Tableau 3.4 :	Corrélations phénotypiques entre les variables mesurées chez les géniteurs	66
Tableau 3.5 :	Corrélations phénotypiques entre les variables mesurées chez les hybrides	69
Tableau 3.6 :	Analyse de la régression progressive du rendement sur les variables mesurées chez les hybrides	82

Tableau 3.7 :	Analyse de la régression progressive du poids de la plante sur les variables mesurées chez les hybrides	83
Tableau 3.8 :	Carrés moyens de l'analyse de la variance des caractères physiologiques mesurés	84
Tableau 3.9 :	Performances moyennes des caractères physiologiques mesurés chez les parents et les hybrides	74
Tableau 3.10 :	Carrés moyens de l'analyse de la variance de l'aptitude à la combinaison des caractères mesurés	76
Tableau 3.11 :	Les effets de l'aptitude générale à la combinaison (AGC) des différents paramètres physiologiques mesurés	77
Tableau 3.12 :	Les effets de l'aptitude spécifique à la combinaison (ASC) des caractères mesurés chez les hybrides	79
Tableau 3.13 :	Corrélations phénotypiques entre les valeurs des parents et les AGC et les valeurs des hybrides et les ASC des différents caractères mesurés	81
Tableau 3.14 :	Contribution (%) des lignées, des testeurs et de leur interaction à la variance totale	86
Tableau 3.15 :	Estimation des composantes génétiques de la variance totale des caractères mesurés	88
Tableau 3.16 :	Estimation de l'héritabilité, du gain génétique, des variances phénotypique, génétique et environnementale et des coefficients de variabilité phénotypique et génétique des caractères mesurés	90
Tableau 3.17 :	Hétérosis (%) par rapport au parent moyen des caractères mesurés	93
Encadré 1.1 :	Principe de réalisation d'une carte physique	16

## INTRODUCTION

La demande de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) est en constante évolution malgré que les habitudes alimentaires des algériens restent basées sur l'utilisation du blé dur (*Triticum durum* Desf.). Parmi les alternatives offertes pour satisfaire cette demande, figure la sélection de variétés performantes et adaptées. Le processus de sélection nécessite la création de la variabilité génétique issue de géniteurs présentant de bonnes caractéristiques agronomiques et de bonnes aptitudes à la combinaison. Dans ce contexte l'information relative aux aptitudes à la combinaison et aux effets génétiques est un pré requis pour entamer un programme d'amélioration génétique. Le choix adéquat des parents pour l'hybridation est une nécessité pour le développement des variétés de blé à haut rendement. L'analyse des aptitudes à la combinaison est la plupart du temps employée pour connaître le mode d'action des gènes et sélectionner des lignées parentales sur la base des performances de leurs descendants.

L'aptitude à la combinaison est peu déterminée par les performances phénotypiques. En effet la supériorité des hybrides par rapport aux parents dont ils sont issus n'est pas toujours une garantie de la présence de lignées transgressives, vu que l'hétérosis peut avoir des composantes génétiques non fixables, donc non héréditaires. De ce fait le choix des méthodes de développement de nouveaux cultivars prend de l'importance [1]. Le dispositif des lignées x testeurs fournit le moyen pour déterminer le potentiel génétique des lignées parentales et d'identifier celles qui présentent de bonnes aptitudes à la combinaison. Ces dernières peuvent être hybridées pour développer des cultivars accumulant les effets génétiques fixables [2].

Selon SINGH et CHAUDHARY [3], ce dispositif fournit les possibilités de déterminer les aptitudes générale et spécifique à la combinaison et d'estimer les composantes génétiques de la variance, ainsi que l'hérédité, le gain génétique et l'hétérosis. De telles informations aident le sélectionneur dans le choix des lignées parentales à croiser qui peuvent générer une meilleure descendance.

L'objectif de la présente étude est d'évaluer les aptitudes à la combinaison, déterminer l'héritabilité et d'analyser les effets géniques des caractères agronomiques du blé tendre (*Triticum aestivum* L.). Les informations obtenues sont utiles pour le choix des lignées parentales appropriées et des meilleures combinaisons hybrides. Elles sont utiles pour déterminer la méthode efficace de sélection pour développer des génotypes plus productifs et plus adaptés à l'environnement de production.

## CHAPITRE 1

### REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

#### 1.1. Origines génétique et géographique du blé tendre (*Triticum aestivum* L.)

Dès les années 1920, SAKAMURA [4] démontre que les espèces de céréales appartenant au genre *Triticum* diffèrent pour le nombre chromosomique qui est de 14, 28 et 42 chromosomes respectivement pour *Triticum monococcum*, *Triticum durum* et *Triticum aestivum*. Le génome de ces espèces est organisé en une série basique de 7 chromosomes ( $X = 7$  chromosomes), qui au cours de l'évolution a gardé une certaine homologie (synténie), malgré la spéciation chez la famille des *Poaceae* [5].

Les espèces de blé tirent leur origine génétique de croisements naturels entre *Triticum monococcum*, *Triticum urartu* et des espèces sauvages apparentées appartenant à *Aegilops* (*Aegilops speltaoides*) (Figure 1.1). *Triticum monococcum* et *Triticum urartu* sont les premières formes de céréales cultivées, elles sont de constitution génomique  $2n = 14$ .

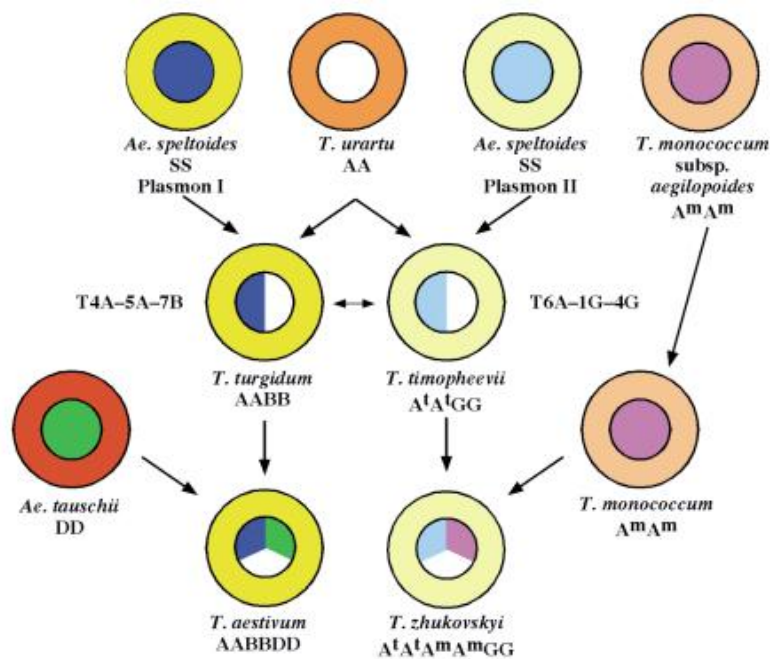


Figure 1.1 : Origines génétiques des différentes espèces de blés [6].

Ainsi le génome A vient de *Triticum urartu*, alors que le génome B vient de l'*Aegilops speltaoides*. Ces deux génomes, ensemble, forment la constitution génomique du blé dur (*Triticum durum* Desf.). Le croisement entre l'espèce *Triticum durum* de constitution génomique AABB et l'*Aegilops tauschii* de constitution génomique DD, donna naissance à l'espèce *Triticum aestivum* de constitution génomique AABBDD (Figure 1.1) [6]. KIHARA [7] a été le premier à montrer que c'est *Aegilops tauschii* qui est le donneur du génome D du blé tendre. Le croisement entre *Triticum durum* et *Aegilops tauschii ssp. strangulata*, a eu lieu il y a plus de 7000 ans [8].

La domestication de ces espèces a eu lieu dans le croissant fertile qui est l'origine géographique, il ya 8000 à 10000 ans (Figure 1.2). Des restes archéologiques appartenant à l'espèce *Triticum monococcum* ont été découvert datant de 7500 ans AJC, en Turquie [9]. Des restes de l'espèce cultivée *Triticum turgidum ssp. dicoccum* datant de 7500 ans AJC ont été découvert en Syrie [10].



Figure 1.2 : La région du croissant fertile centre d'origine de la domestication du blé en grain ([www.museum.agropolis.fr](http://www.museum.agropolis.fr)).

Le blé tendre est apparu un peu plus vers le nord-ouest du croissant fertile, dans le couloir s'étendant de l'Arménie au sud-ouest des côtes de la mer Caspienne, près de l'Iran [8]. Dans cette région prédomine l'espèce sauvage d'*Aegilops tauschii ssp. strangulata*, ce qui favorisa selon TALBERT *et al.* [11], le croisement naturel entre cette espèce et *Triticum durum*. Selon MCFADDEN et SEARS [12], le premier blé tendre apparu est de la forme *splelta*, à partir duquel les formes à enveloppes non adhérentes (free-threshing) dérivèrent par mutation.

Le génome de *Triticum aestivum* a une taille de 16 milliards de paires de bases d'acide désoxyribonucléotide, organisé en trois séries de 7 chromosomes appartenant aux génomes A, B et D. SEARS et SEARS [13] identifient et décrivent les différents chromosomes du blé tendre par monosomie, produisant un stock d'aneuploïdes de la variété Chinese Spring, très utilisée actuellement pour la cartographie génique [14].

Selon PEDERSON et LANGRIDGE [15], la caractérisation des 21 chromosomes du blé tendre par la technique du C-banding est unique (Figure 1.3). Cette technique révèle, tout le long de l'axe des différents chromosomes, la présence de deux types de chromatines : l'euchromatine et l'hétérochromatine [16]. Quoique de manière générale, l'homologie des chromosomes est relativement conservée, au cours de l'évolution, on note cependant certains changements de structure chromosomique, tel est le cas des chromosomes 4A, 5A et 7B chez les blés tétraploïdes et hexaploïdes [17]. Ainsi selon MICKELSON-YOUNG *et al.* [18], le chromosome 4A a subi un réarrangement structural complexe qui le rend incapable de reconnaître et de s'apparier avec son ancêtre 4A du blé diploïde ou du blé tétraploïde *Triticum timopheevii*. Cette restructuration est dépendante de l'espèce et fait suite à des translocations.

Quoique c'est un polyploïde, le blé tendre a une hérédité disomique, suite à un appariement de type diploïde. Cet appariement est sous contrôle des gènes homoeologues *Ph1* et *Ph2* [19]. Les nombreuses études cytogénétiques réalisées sur cette espèce, ont permis l'établissement des cartes physiques des gènes portées par les différents groupes de liaison ou les différents chromosomes (Figure 1.4).



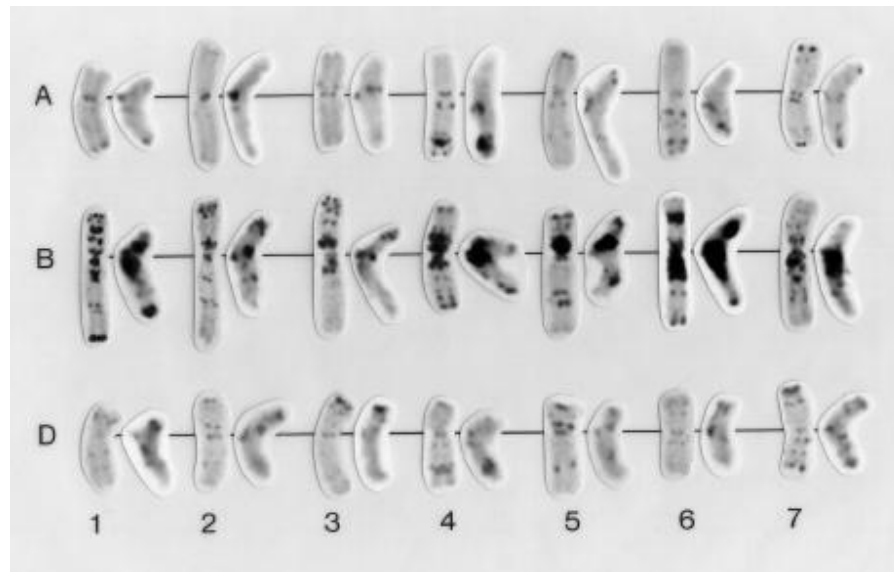


Figure 1.3 : Caractérisation des 21 chromosomes du blé tendre par la technique du C- banding [15].

#### Encadré 1.1 : Principe de réalisation d'une carte physique

L'établissement d'une carte physique consiste à reconstruire un génome en un ensemble ordonné de fragments d'ADN comme ils se trouvent sur les chromosomes. En pratique, la construction d'une carte physique repose sur le rangement ordonné de fragments d'ADN clones dans une *banque d'ADN génomique*. Ce rangement s'effectue par criblages répétés de la banque, mettant en évidence des recouvrements entre les fragments d'ADN.

L'étape utilisée pour la réalisation d'une carte physique consiste à créer une banque d'ADN permettant de couvrir l'ensemble du génome avec un minimum de clones. Différents types de banques génomiques peuvent être réalisés selon le type de vecteur utilisé pour les construire. Le nombre de clones dépend de la taille moyenne des fragments pouvant être clones dans le vecteur et de la taille du génome [20].

Le clonage d'ADN génomique implique sa fragmentation préalable par digestion spécifique avec une enzyme de restriction, puis l'insertion d'un fragment dans le

vecteur choisi et enfin, l'introduction du vecteur recombinant chez *E. coli* ou *S. cerevisiae*.

Chaque clone assure le maintien et l'amplification *in vivo* d'un fragment d'ADN de la banque. Les vecteurs de clonage utilisés sont de type cosmide, BAC (*Bacterial Artificial Chromosome*) ou YAC (*Yeast Artificial Chromosome*) puisqu'ils permettent l'intégration de grands fragments d'ADN. Pour qu'une banque soit réellement représentative d'un génome et utile pour l'établissement d'une carte physique fiable, elle doit contenir au minimum un nombre de clones tel que la somme des tailles des inserts de ces clones soit supérieure à un multiple de la taille du génome étudié.

La difficulté réside ensuite à ordonner les clones entre eux afin de retrouver leur agencement initial sur le chromosome. Le principe consiste à rechercher des recouvrements entre les fragments d'ADN des différents clones pour former une suite de clones ordonnée (ou contigs).

La méthode, applicable à une banque de cosmides, repose sur le criblage répété de la banque par hybridation sur colonies à l'aide de différentes sondes spécifiques, générées et utilisées successivement suivant un principe « de marche sur le chromosome ». La première sonde choisie arbitrairement ou en fonction de critère génétique (liaison d'un marqueur et d'un gène) peut correspondre à un marqueur moléculaire particulier ; les suivantes sont élaborées à partir des extrémités séquencées des inserts des clones précédemment identifiés, en vue de l'identification des clones adjacents par l'existence de chevauchements entre les inserts. L'ensemble des « contig » permet alors de reconstruire l'enchaînement des fragments d'ADN constituant les chromosomes [21].

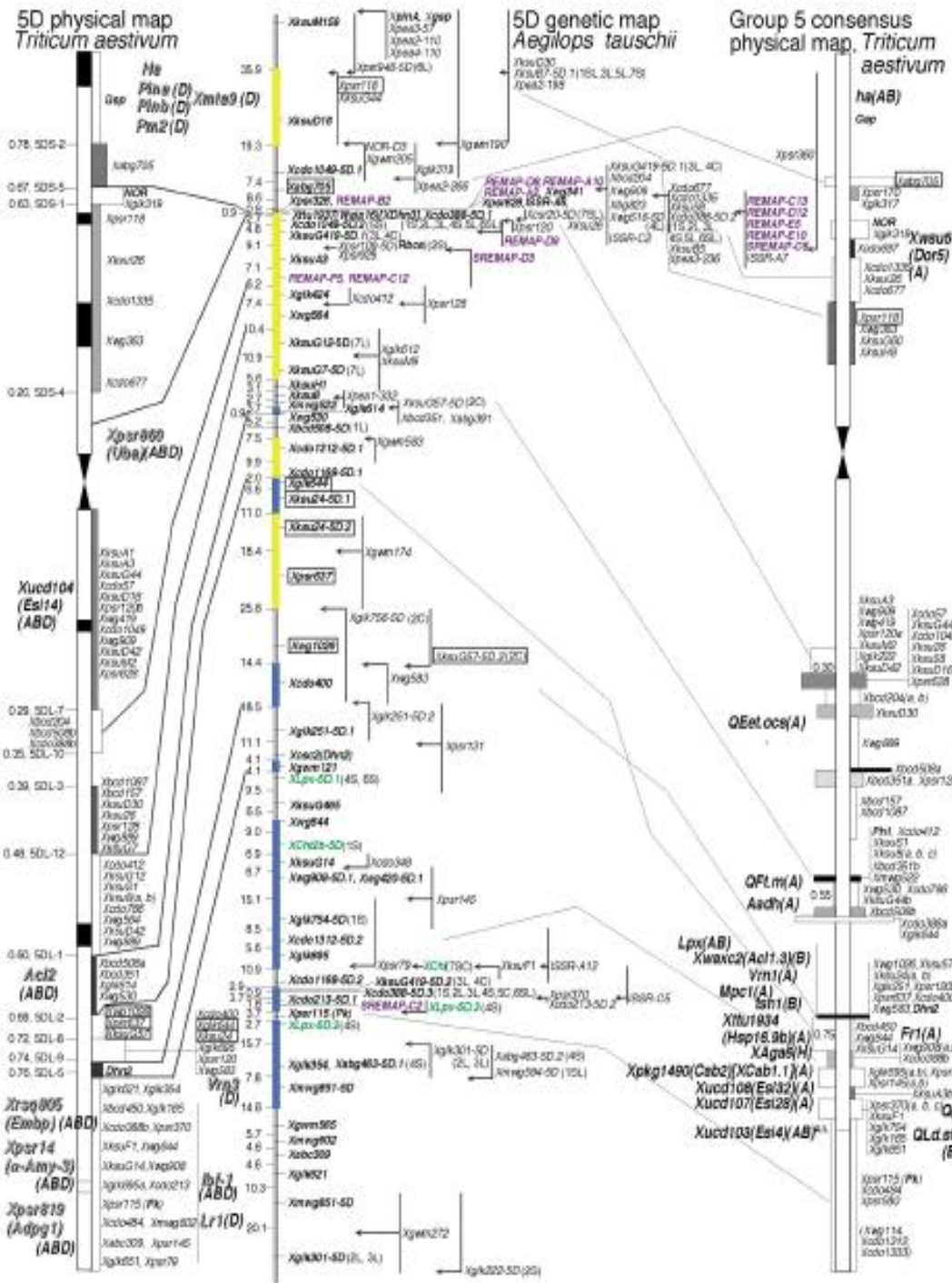


Figure 1.4 : Carte physique du groupe de liaison 5D de *Triticum aestivum* et de son parent d'*Aegilops tauschii* [22].

## 1.2. Superficies et productions de blé tendre dans le monde et en Algérie

La production mondiale de blé tendre a évolué, selon le Conseil International du Grain [23], de 563 à 695 millions de tonnes, au cours de la période allant de 2002/03 à 2011/12. Ce niveau de production couvre largement les besoins de la population mondiale avec des stocks en hausses (Tableau 1.1, Figure 1.5).

Tableau 1.1 : Evolution de la production et la consommation mondiales du blé tendre en millions de tonnes [23].

Campagnes	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12
Production	611	685	679	653	695
Consommation	602	645	658	658	689

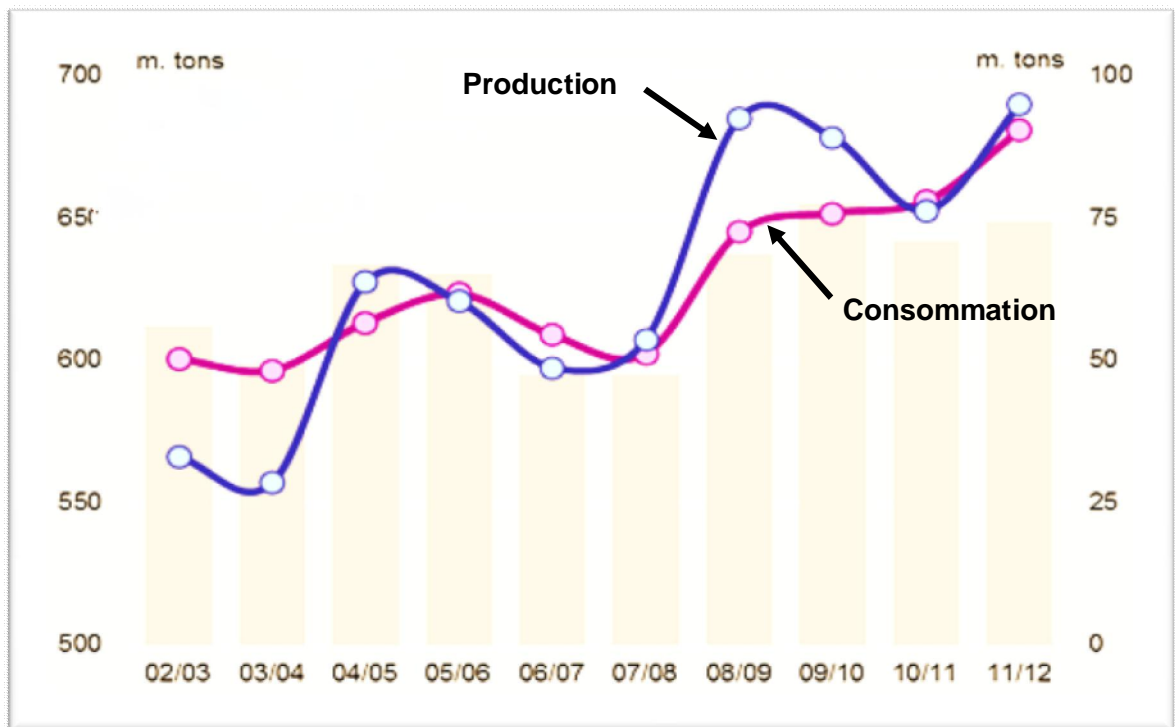


Figure 1.5 : Evolution de la production et de la consommation du blé tendre dans le monde (échelle à droite stock de report, échelle à gauche production et consommation en millions de tonnes) [23].

La Chine, l'Union Européenne, l'Inde, la Russie et les USA sont les plus grands producteurs de blé tendre (Tableau 1.2). Les pays exportateurs sont les USA, le Canada et l'Union Européenne ainsi que la Russie. Les grands importateurs sont la Chine et l'Egypte [23]. Le prix à la fin de l'année 2011 variait

de 240 à 260 \$US la tonne. Selon la FAO [24], l'Afrique participe pour 22% à la production mondiale du blé tendre. Dans ce contexte-là, la production Algérienne en blé tendre reste très marginale, quoiqu'elle ait connu des augmentations significatives depuis les années 1960, affleurant les 9 millions de quintaux en 2010 (Figure 1.6) [25]. Les importations connaissent, elles aussi, des augmentations importantes, atteignant les 80 millions de quintaux, suite aux besoins qui dépassent largement les 100 millions de quintaux (Tableau 1.3).

Tableau 1.2 : Production mondiale de blé tendre, en millions de tonnes (<http://www.marketskeptics.com/2009/10-world-wheat-production.html>).

Pays	2007/08	2008/09	2009/10
Algérie	0.39	1.1	0.9
Afghanistan	3.4	1.5	4.1
Argentine	18	8.4	8
Australie	13.8	21.5	23
Canada	20.1	28.6	22.5
Chine	109.3	112.5	114.5
Danemark	4.5	5	5.6
Egypte	8.3	7.9	7.9
France	32.8	39	39.4
Allemagne	20.8	26	25.1
Inde	75.8	78.6	80.6
Iran	15	10	12
Italie	7.2	9.7	6.6
Kazakhstan	16.5	12.6	14.5
Maroc	1.6	3.7	6.5
Pakistan	23.3	21.5	24
Pologne	8.3	9.3	9.2
Roumanie	3	7.6	5.5
Russie	49.4	63.7	56.5
Espagne	6.4	6.7	5
Syrie	4	2.1	3.2
Turquie	15.5	16.8	17.8
Ukraine	13.9	25.9	20
Royaume unie	13.2	17.2	14.6
USA	55.8	68	59.4
Ouzbékistan	6.2	6	6.2
Autres	58.6	62.2	64.3
Total	611	682.3	663.8

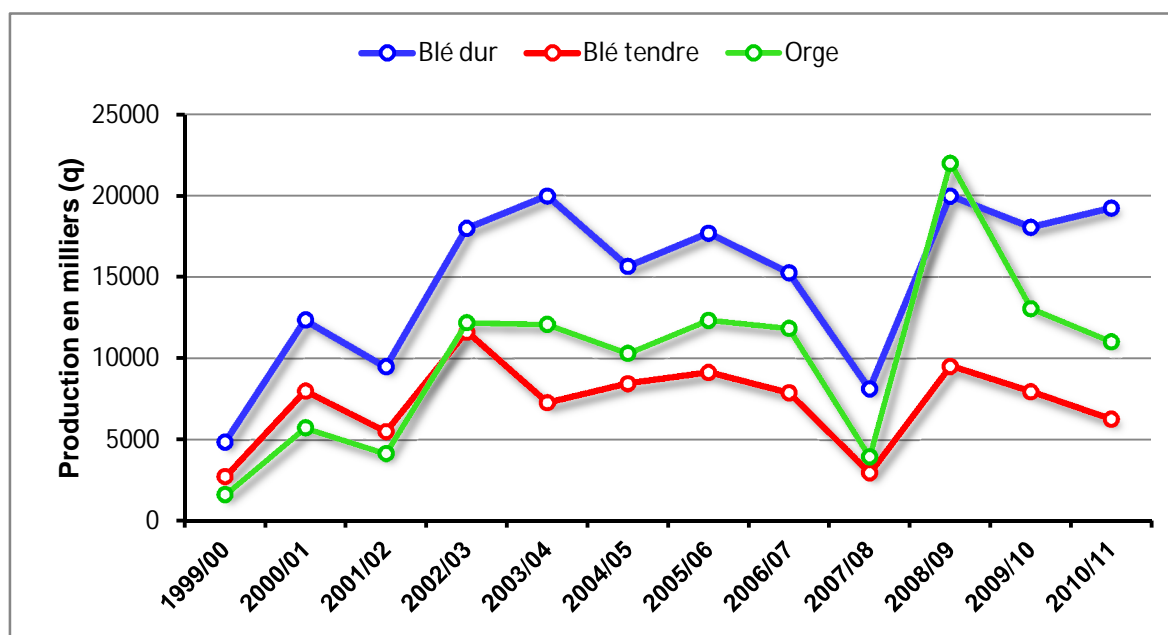


Figure 1.6 : Evolution de la production algérienne de céréales de la période 2000 - 2011 [25].

Tableau 1.3 : Production de blé tendre, importations et consommations (en millions de tonnes) des pays africains (<http://www.fao.org/docrep/011/ai482e/ai482e13.html>).

	Production		Imports		Exports		Total utilisé		Stocks	
	08/09	09/10	08/09	09/10	08/09	09/10	08/09	09/10	09	10
Afrique	149	155.4	57.3	54.2	6.9	6.4	200.1	204.1	27	26.2
Algérie	1.1	0.9	8.2	7.3	-	-	9.3	8.2	4.6	4.5
Egypte	20.6	20.9	11.8	12.2	0.7	0.8	32.1	32.5	3.9	3.8
Ethiopie	16.1	16.1	0.7	0.6	0.2	0.1	17	17	0.7	0.4
Maroc	5.2	8.1	5.5	4	0.2	0.2	10.9	11.6	1.7	2
Nigeria	28.5	28.6	5.1	5.3	0.5	0.4	32.9	33.5	1.3	1.3
A. Sud	15.8	14.1	2.4	2.4	2.6	2.2	13.9	14.3	3.5	3.7
Soudan	5.6	6	1.4	1.4	0.3	0.3	7.2	7.3	1.5	1.4

L'Algérie a importé plus de 2.1 millions de tonnes de blé tendre de la France en 2011, suite à la baisse de la production nationale. En 2009, la production de blé tendre a atteint 0.95 millions de tonnes contre 2 millions de tonnes de blé dur, 2.20 millions de tonnes d'orge et 0.09 millions de tonnes d'avoine soit un total pour les céréales de 5.25 millions de tonnes [25]. La consommation moyenne varie de

180 à 200 kg/hab/an. Les importations de 2010 ont atteint les 3.98 millions de tonnes de blé tendre pour une valeur de 913 millions de \$US. L'Union Européenne reste le principal fournisseur de blé de l'Algérie avec plus de 75% du volume des importations venant de cette région (Tableau 1.4).

Tableau 1.4 : Origine des importations ( $10^3$  tonnes) algériennes de blé dur et de blé tendre au cours des campagnes 2008/09 et 2009/10 [23].

Années	2008/09			2009/10		
	BD	BT	Total	BD	BT	Total
USA	154		154	207		207
France	477	3247	3724	406	3852	4258
Allemagne		210	210		67	67
Brésil		23	23			
Angleterre		81	81		24	24
Canada	470		470	501		501
Espagne	131		131	4		4
Grèce	84		84	33		33
Italie	23	5	28	4		4
Mexique	499	26	525	50		50
Lituanie		77	77			
Pologne		47	47			
Ukraine		79	79		9	9
Suède		33	33		7	7
Russie		12	12	3		
Reste		8	8	38	27	27
Total	1848	3848	5696	1246	3986	5232
% EU			75%			84%

Le prix des céréales est soutenu, le blé tendre local ou importé est revendu aux meuniers à 1285DA le quintal soit l'équivalent de 18 \$US (un taux d'échange officiel de 1\$US = 72.574DA). La différence est supportée par l'état.

### 1.3. Le cycle végétatif du blé tendre

Le blé tendre est une plante annuelle, monocotylédone, composé d'un appareil végétatif herbacé, qui comporte un système racinaire fasciculé, une tige cylindrique plus ou moins creuse et des feuilles engainantes [26]. Les feuilles apparaissent les premières, elles sont suivies par les tiges portant des épis terminaux, comportant de 15 à 25 épillets composés de 2 à 3 fleurs fertiles autogames. Le fruit ou le grain de blé (caryopse) est issu de fécondation de la fleur qui a lieu à l'intérieur des glumelles, avant que les étamines n'apparaissent à l'extérieur [26]. Le cycle végétatif du blé tendre se subdivise selon ACEVEDO [27] en trois périodes: végétative, reproductrice et maturation (Figure 1.7).

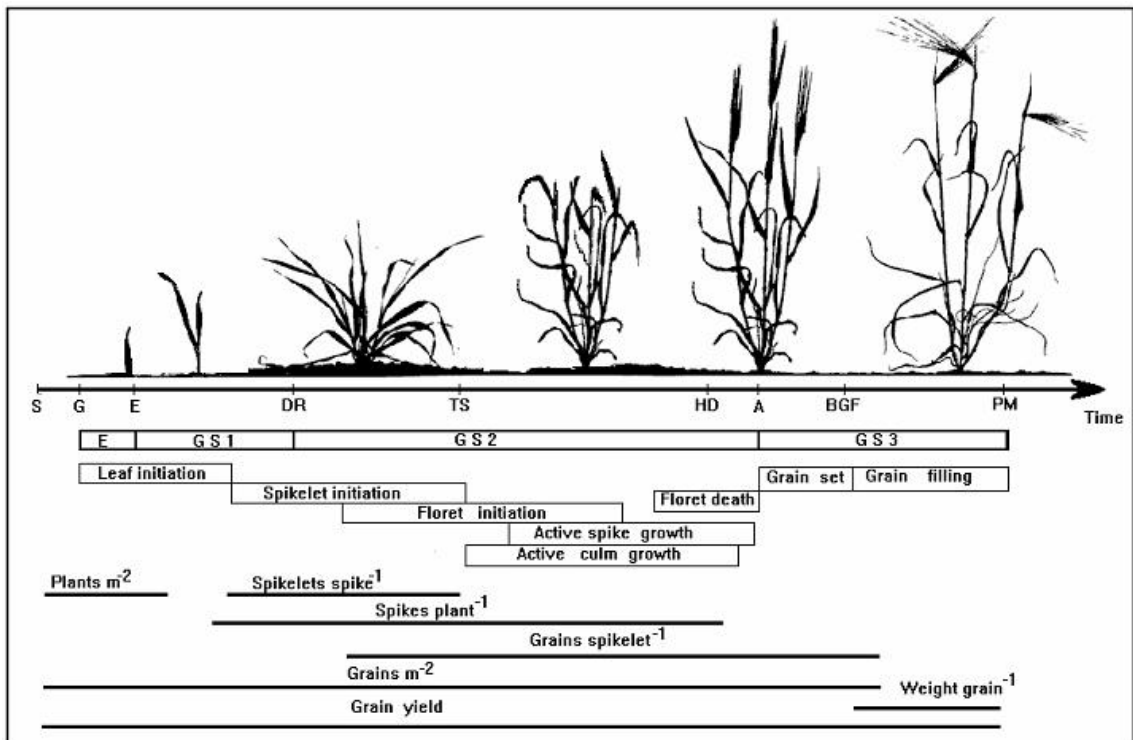


Figure 1.7 : Le cycle de développement de la culture de blé tendre [27].

La période végétative correspond à l'installation de la culture, qui débute par la levée et se termine au stade épi-1cm et au cours de laquelle la plante développe le système racinaire et le tallage. La période de reproduction va du stade épi-1cm à l'anthèse et au cours de laquelle prédomine la croissance de l'épi. La période de maturation débute de l'anthèse jusqu'à la maturité physiologique du grain [28].



#### 1.4. Les contraintes de la production du blé tendre

##### 1.4.1. Le stress hydrique

Le déficit hydrique est une contrainte permanente de la production agricole dans de nombreux pays au climat de type méditerranéen. Elle est à l'origine des pertes de production agricole dans de nombreuses régions [29]. 35 % des terres arables, de par le monde, sont classées dans la catégorie aride ou semi-aride. Les risques de manque d'eau menacent de devenir de plus en plus fréquents et persistants, à l'avenir, suite aux changements climatiques causés par l'effet de serre [30].

PASSIOURA [31] définit le déficit hydrique comme étant les circonstances dans lesquelles les plantes accusent une réduction de croissance et de production à cause d'une alimentation hydrique insuffisante. TARDIEU [32] mentionne que le statut hydrique de la plante passe progressivement par trois principales phases, selon le développement du stress hydrique. Au cours de la phase initiale, la transpiration et l'assimilation se déroulent comme si la plante dispose de l'eau à volonté. Cette phase se poursuit jusqu'au moment où le niveau d'absorption racinaire ne peut plus satisfaire la demande climatique que subit le feuillage. La réserve utile du sol est alors épuisée à 50%. Après ce seuil, la plante entre dans la seconde phase, au cours de laquelle la transpiration et l'assimilation sont réduites relativement à leur potentiel. La plante réagit de façon dynamique au cours de cette phase, pour rétablir l'équilibre entre la demande climatique et l'offre du sol, en faisant intervenir des mécanismes qui lui sont propres (développement du système racinaire, régulation stomatique, ajustement osmotique) [33].

Quand le déficit hydrique devient plus intense, alors la plante entre dans la troisième et dernière phase au cours de laquelle les stomates se ferment complètement, annulant toutes activités photosynthétiques. Toutes les pertes hydriques de la plante se font alors à travers les voies non stomatiques (cuticule). Il n'y a plus de gain de matière sèche, la respiration consomme les hydrates de carbone stockés et la plante passe au stade de survie. La période de survie dépend du rythme de la transpiration résiduelle et de la tolérance à la dessiccation

des tissus vivants restants. Selon CHAVES *et al.* [34], la croissance s'arrête avant qu'aucun abaissement notable ne soit perceptible dans le contenu relatif en eau.

Le premier effet du déficit hydrique est de réduire la vitesse de croissance des cellules de la tige, en partie, à cause de l'accumulation de l'acide abscissique (ABA) [35, 36]. Le déficit hydrique provoque la réduction du nombre de grains par épi [37, 38], du nombre d'épis par plante [37], du poids moyen du grain, de l'indice de récolte et du rendement [39, 40]. KAMELI et LÖSEL [41] notent que la matière sèche augmente progressivement sous stress hydrique, mais elle reste sous le seuil de 50%, comparativement à l'évolution de la matière du témoin non stressé. Cette réduction est assez conséquente pour affecter significativement le rendement [42].

L'intensité du stress hydrique induit une baisse de la teneur relative en eau, ainsi que la réduction des potentiels hydriques et osmotiques foliaires. Alors que la croissance foliaire est fortement inhibée, dès l'avènement du stress hydrique, l'assimilation du carbone, réagissant moins vite, produit des assimilats qui sont déroutés en priorité vers la croissance racinaire et utilisés pour l'ajustement osmotique [40]. Parmi les solutés, accumulés sous stress hydrique, on note une augmentation des sucres solubles, des acides aminés comme la proline et à un degré moindre la glycine bêtaïne [41, 43, 44].

#### 1.4.2. Le stress thermique

Le seuil mis en cause dans le cas du stress des hautes températures est variable en fonction du stage végétatif de la plante et de l'interaction avec le stress hydrique. IBRAHIM et QUICK [45] montrent que l'effet pénalisant de l'élévation de la température est surtout dû au fait que la plante n'arrive pas à absorber les éléments nutritifs et l'eau, et à les utiliser, au rythme imposé par le stress thermique. ARAUS *et al.* [46] observent une forte réduction du nombre de plantes levées par unité de surface, suite aux effets des hautes températures lors de la période du semis. L'effet des hautes températures au semis se matérialise par une réduction de la longueur de la coléoptile, la plante ne peut pas s'ancrer en profondeur et devient très sensible aux effets du stress thermique. REBEZTKE *et al.* [44] notent une réduction de la longueur du coléoptile de 100 mm à une

température de 15°C, mesurée à 5 cm de la profondeur du sol, à moins de 30 mm lorsque la température maximale du sol atteint le seuil de 35°C.

HAUCHINAL *et al.* [46] observent une réduction du rendement des semis tardifs, liée à une diminution du nombre d'épis et du poids moyen du grain, causée par les effets des hautes températures en fin de cycle. Ils notent aussi que l'effet pénalisant du stress thermique se matérialise par une accélération du développement et une réduction des dimensions des organes constitutifs de la plante. La résultante est un effet négatif sur la productivité globale de la plante. WARDLAW et MONCOR [48] montrent que la baisse du rendement due au stress thermique terminal, est corrélée positivement à la réduction du poids de 1000-grains et à la variation du nombre de grains/m<sup>2</sup>. L'élévation de la température, tard au cours du cycle de développement de la plante et particulièrement après anthèse, est une contrainte à l'augmentation des rendements en zone semi-aride. L'effet se manifeste par une accélération de la sénescence foliaire [49] et l'arrêt de la croissance du grain [38, 40].

L'abaissement brutal de la température, en dessous de 0°C, provoque de nombreuses perturbations au sein du végétal. Lorsque la température chute fortement, des cristaux de glace se forment dans les espaces intercellulaires déshydratant les cellules dont l'eau est appelée vers ces espaces. La membrane plasmique perd sa spécificité et il y a arrêt du fonctionnement cellulaire. La réversibilité du phénomène n'a lieu que si la structure cellulaire n'est pas fortement endommagée. Lors du dégel, les cellules intactes se réhydratent et redeviennent fonctionnelles [50, 51].

Les effets indirects des basses températures peuvent se manifester par la disparition progressive des plantes, plusieurs semaines après le dégel. Un autre effet indirect du gel est consécutif aux lésions des gaines foliaires (à 1 ou 2cm au-dessus du sol) provoquant l'aplatissement des plantes sur le sol et favorisant leur attaque par les agents pathogènes. En outre, la transformation de l'eau de surface en glace, et l'alternance des périodes de gel et dégel, provoque des ruptures au niveau du collet. Il y a aussi déchaussement de plantules dues au soulèvement du sol [52].

Tant que l'ébauche d'épi n'est pas atteinte parce qu'elle est protégée par l'empilement des feuilles, les dégâts foliaires ont peu de conséquences sur le devenir de la culture. Lorsque la vague des basses températures fait son apparition de manière progressive, la plante s'accoutume et s'endurcit. Les effets sont relativement moins importants. L'endurcissement est plus intense lors de la période vernale. Il est activé par des jours courts et des températures faibles. Les variétés de type hiver s'endurcissent mieux que les variétés de printemps dont les besoins vernaux sont nuls et de ce fait se montrent plus sensibles au froid. Plus que la valeur absolue de la température minimale enregistrée, c'est l'écart des températures qui règle l'intensité des dégâts observés sur les plantes. Ces derniers seront plus importants si une baisse brutale de la température est précédée par un temps relativement clément [52].

#### 1.5. L'amélioration du blé tendre en Algérie

L'activité d'amélioration des céréales est dévolue par le Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural (MADR) à diverses institutions dont les principales sont l'Institut National de la Recherche Agronomique (INRAA) et l'Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC). D'autres structures relevant du Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique telles que l'ENSA, les Départements d'Agonomie de certaines universités et les centres de recherches (CRSTRA) contribuent également par des projets de recherche de type CNEPRU et/ou PNR. Des institutions internationales sont également sollicitées dans ce domaine, par le biais de l'ITGC et de l'INRAA, notamment l'Acsad, l'Icarda, le Cimmyt, la FAO et les instituts de la recherche agronomique tunisien, marocain, français, espagnol et italien. Le travail de sélection, entrepris depuis le début des années 1970, a abouti, pour le blé tendre à la sélection d'une trentaine de variétés (Tableau 1.5).

##### 1.5.1. Objectifs de l'amélioration du blé tendre

L'amélioration du blé tendre a pour objectif principal la sélection de variétés plus performantes du point de vue production de grain. Ceci découle du fait que la production nationale de blé tendre ne couvre pas les besoins d'une population croissante. Il ressort des efforts déployés que cet objectif doit passer

nécessairement par la recherche de la tolérance aux divers stress abiotiques et biotiques qui caractérisent le milieu de production [53, 54, 55, 56]. L'aspect de l'amélioration de la qualité technologique s'imposa aussi de plus en plus comme un facteur nécessaire au développement de cette culture [57].

Tableau 1.5 : Variétés de blé tendre issues du programme national de sélection.

Variété	Pedigree	Origine	Année*	Institution**
M-Démias	Population locale	Iles Baléares	1930	SCMC
FA <sub>8193</sub>	Florence x Aurore <sub>588</sub>	Locale	1930	SCMC
Baroota <sub>8791</sub>	Sélection du Baroota Australien	Australie	1930	SCMC
Pumaflore	Pusa x Mentana <sub>9290</sub> /FA <sub>8193</sub>	Locale	1930	SCMC
7Cerros	Front./Ken <sub>58</sub> /NThatcher/3/N <sub>10</sub> /Br/2/G <sub>55</sub>	Cimmyt	1973	ITGC
Inia <sub>66</sub>	LR <sub>64</sub> /Sonora <sub>64</sub>	Cimmyt	1972	ITGC
Syrimex	Yaktana <sub>54</sub> /2/Norin <sub>10</sub> /Brevor/3/*LR <sub>64</sub>	Icarda	1982	ITGC
Anza	LR/N <sub>10</sub> B x ANE <sub>3</sub>	Cimmyt	1974	ITGC
Arz	Mayo <sub>54</sub> e/LR <sub>64</sub> //H <sub>490</sub> /3/LR <sub>64</sub> //TPP/Yaktana <sub>54</sub>	Cimmyt	1978	ITGC
HD <sub>1220</sub>	HD <sub>1220</sub> /3*Kal/Nac	Cimmyt	1985	ITGC
Ain Abid	AS <sub>8189</sub> ' A'	Espagne	1985	ITGC
Ziad	Alondra'S /Era//Son <sub>64</sub> /Alondra's	Cimmyt	1982	ITGC
Tesselah	N <sub>10</sub> /Brevor//LR <sub>64</sub>	Cimmyt	1979	ITGC
Buffalo	Buffalo	Serasem-Fr	1989	ITGC
Orion	Arche/Genial	Serasem-Fr	1989	ITGC
Almirante	H <sub>77215</sub> C/Recital	Serasem-Fr	1989	ITGC
Mimouni	Inia/Napo//Tob/Hprew	Cimmyt	1989	ITGC
Zidane	Gv/ Alondra's	Cimmyt	1989	ITGC
Nesser	W <sub>.3918</sub> .A/Jup	Icarda	1989	ITGC
Hodna	Hodna	Acsad	1989	ITGC
Soummam	Dgo/Bty's	Cimmyt	1989	ITGC
Chellif	Vmc/Cno'S//7C/3/Kal/Bb	Cimmyt	1978	ITGC
Strampelli	Strampelli	Italie	1974	ITGC
Tobari	TPP/Son <sub>64</sub>	Italie	1974	ITGC
Isser	Cc/Inia//Tob/3/Cfn/Bb	Icarda	1974	ITGC
Sidi Okba	Flk's/Hork's	Cimmyt	1974	ITGC
Wifak	K <sub>134</sub> /4/Tob/Bman/Bb/3/Cal/5/Bucc	Cimmyt	2011	ITGC
Rmada	Vee's/Bow's//Alondra's/Pavon's	Acsad	2011	ITGC

SCMC = Station Centrale de Maison Carrée, ITGC = Institut Technique des Grandes Cultures, \* : Année d'inscription au catalogue officiel, \*\* : Demandeur.

#### 1.5.1.1. La sélection pour le rendement

La productivité est définie comme la capacité de produire plus. C'est une notion relative. En sélection, elle désigne souvent le rendement grain. Une variété productive ne l'est, en fait que par rapport à une autre variété qu'elle remplace et à laquelle elle est comparée. Cette dernière est alors utilisée comme témoin de référence. L'amélioration du rendement grain est généralement abordée de manière directe ou indirecte. La sélection directe utilise le rendement lui-même qui est mesuré après la maturité de la plante. La sélection indirecte utilise les composantes du rendement et les caractères morpho-physiologiques [58, 59].

La sélection du rendement grain n'est efficace que si les conditions de milieu qui ont permis la réalisation d'un rendement grain donné, se répètent de façon régulière. En milieux relativement plus stables, les progrès de la sélection directe sont, donc plus évidents, qu'ils ne le sont en milieux variables où les interactions génotype x environnements amenuisent le gain génétique réalisé [60, 61]. L'inefficacité de la sélection directe est expliquée par des interactions génotypes x lieux qui réduisent la variance génotypique et le coefficient de l'héritabilité [29, 62].

#### 1.5.1.2. La sélection pour la tolérance des stress abiotiques

L'objectif de la sélection est l'identification de nouvelles lignées qui portent un ensemble de caractéristiques désirables leur permettant d'être adoptées comme variétés agricoles, sans de grands risques pour les producteurs. Elles doivent produire plus pour réduire les coûts de production au niveau de l'exploitation et surtout doivent se distinguer par une meilleure régularité des rendements et une nette amélioration de la qualité du produit récolté [63]. La diminution des coûts de production, en zones sèches, passe par l'adoption de variétés relativement plus plastiques et plus adaptées qui valorisent des itinéraires techniques moins intensifs et tolèrent un climat de nature variable [64].

#### 1.5.1.3. La sélection pour l'adaptation

L'adaptation fait suite à l'action modificatrice des facteurs extérieurs qui influencent le comportement et la structure de la plante. L'adaptation est définie aussi comme la capacité d'une plante à croître et à donner des rendements

satisfaisants dans des zones sujettes à des stress de périodicités connues [65]. La notion d'adaptation se confond parfois avec celles de résistance et de tolérance au stress. En fait l'adaptation n'est que la résultante de la tolérance des contraintes. Une plante adaptée est donc celle qui tolère ou résiste à un stress donné et réussit à produire à un niveau satisfaisant par rapport à une autre plante qui sera dite non adaptée [32].

#### 1.5.1.3.1. Les critères phénologiques

Les stades repères qui découpent le cycle de la plante en phases de développement, plus ou moins distinctes, sont l'épi-1cm, l'épiaison et la maturité physiologique. Parmi les changements qualitatifs que subit la plante pendant sa vie, le plus important de tous est certainement l'épiaison. La durée semis-épiaison dépend presque exclusivement de la température et de la luminosité [66]. Les différences d'épiaison relative, d'année en année, sont plus courtes lorsque l'hiver est rigoureux et deviennent plus importantes lorsque l'hiver est doux [67]. Elles sont plus grandes chez les variétés insensibles à la photopériode et à la vernalisation et plus faibles pour les variétés sensibles à la photopériode qui tendent à épier à plus ou moins une date fixe [68, 69, 70, 71]. En conditions méditerranéennes, la sélection vers une plus grande précocité aux stades épiaison et à maturité, a été la stratégie la plus utilisée pour minimiser les effets du stress sur le déroulement de la phase de remplissage du grain. Cette stratégie s'est révélée peu payante dans les zones où le gel tardif limite l'utilisation de génotypes précoces [69].

#### 1.5.1.3.2. Les critères morphologiques

Le développement de la plante comporte une suite de changements de dimensions et de formes. Ces changements ont pour origine la croissance et le développement. Le développement quantitatif ou croissance est un changement de dimensions, alors que le développement qualitatif, ou développement proprement dit, est essentiellement un changement de formes [73]. La hauteur de paille est souvent rapportée comme étant une caractéristique bénéfique en cas de stress [74]. EHDAIE *et al.* [75] expliquent cette liaison entre la hauteur de paille et l'adaptation par le transfert des assimilés stockés dans la tige vers le grain et la

réalisation de ce fait d'un niveau de rendement acceptable sous stress. Pour REBETZKE *et al.* [44], l'importance de la hauteur sous stress est liée à la capacité de croissance du système racinaire en profondeur.

Un taux de croissance élevé, dès la levée, nécessite une insensibilité aux températures froides. Il améliore l'utilisation des pluies hivernales et permet l'obtention d'une biomasse acceptable à maturité. Cependant ce type de croissance entraîne souvent une précocité excessive au stade épiaison. Il fait donc courir les risques de destruction des organes floraux par le gel tardif en zones d'altitudes. Il contribue, cependant, à l'évitement de la sécheresse et des hautes températures de fin de cycle. La sensibilité plus ou moins élevée aux températures basses induit une vitesse de croissance relativement plus lente en début du cycle. Les géotypes qui possèdent cette caractéristique ont tendance à végéter en hiver. Ils couvrent complètement le sol, limitent l'évaporation et leur croissance ne devient active et rapide, qu'une fois leurs besoins en froid ou en photopériode sont satisfaits [44].

#### 1.5.1.3.3. Les critères physiologiques

La recherche sur la tolérance physiologique aux stress a pour objectif d'améliorer les capacités génétiques de production des plantes sous des conditions qui sont, en générale, moins favorables à l'expression du potentiel. Cette approche se justifie par le fait que certaines variétés sont plus tolérantes aux stress que d'autres. Le comportement caractéristique des variétés populations locales, comparativement aux variétés améliorées, illustre bien cette situation et il est souvent avancé comme exemple [32].

Cette approche reste cependant tributaire de l'identification des mécanismes qui permettent à la plante de surmonter le stress pour produire de manière satisfaisante et du transfert de ces mécanismes à d'autres fonds génétiques plus intéressants pour d'autres caractéristiques. L'identification de ces mécanismes repose essentiellement sur les méthodes de criblage qui doivent être simples et reproductibles, pour pouvoir les appliquer au tri d'un nombre important de lignées en ségrégations [76]. FELLAH *et al.* [55] observent des différences génotypiques dans le temps mis par les stomates pour fermer sous stress. Ils notent aussi des



différences assez conséquentes dans la teneur relative à laquelle les stomates se ferment. L'élévation de la température, tard dans le cycle et particulièrement après l'anthèse, est considérée comme une contrainte à l'augmentation des rendements en zones arides et semi-arides [77].

La capacité de rétention de l'eau par le feuillage est utilisée pour déterminer la résistance des plantes vis-à-vis du stress hydrique. CLARKE et MC CRAIG [78] rapportent que la mesure du contenu relatif en eau du feuillage est un bon indicateur de la résistance d'un génotype au déficit hydrique. Ces auteurs recommandent cette technique pour cribler tout germoplasme destiné aux zones sèches. La capacité de rétention de l'eau au niveau du feuillage conduit au maintien de la turgescence qui est nécessaire à la poursuite des activités métaboliques de la plante. Ce mécanisme est dû à l'accumulation de divers osmolytes. Les substances accumulées à cette fin sont des acides aminés, des acides organiques, des ions inorganiques comme les ions  $\text{Na}^+$ ,  $\text{K}^+$  et  $\text{Cl}^-$  et des sucres solubles [43].

FARSHADFAR *et al.* [79] notent que l'osmo-régulation est une importante et effective composante de la tolérance au déficit hydrique dont les conséquences sont une tendance à avoir une turgescence plus élevée et une vitesse de déperdition d'eau assez faible. Utilisant les lignées de substitutions, ils montrent que les gènes qui contrôlent la turgescence foliaire et la vitesse de déperdition de l'eau par le feuillage sont essentiellement localisés sur les chromosomes 1A, 5A, 7A, 1B, 4B, 5B 3D et 5D du blé tendre (*Triticum aestivum* L.). La durée de la surface verte ou la stabilité de la chlorophylle est une autre caractéristique qui est utilisée en sélection pour la tolérance et l'adaptation au stress thermique [71, 80].

La concentration en chlorophylle de la feuille étendard, mesurée deux semaines après l'anthèse montre une corrélation significative avec le rendement en grains sous stress thermique [58, 81, 82]. Dans de tels environnements, la réduction de l'activité photosynthétique des génotypes peu productifs est corrélée à la réduction de la concentration chlorophyllienne de la dernière feuille. REYNOLDS *et al.* [58] montrent l'existence d'une différence de 5°C entre la température de l'air et celle de la canopée de certains génotypes de blé tendre conduits sous stress thermique. Ils observent des écarts de température allant

jusqu'à 10°C au-dessous de la température de l'air pour certaines lignées. Ils suggèrent que la température du couvert végétal peut être un excellent outil de sélection pour la résistance et à l'adaptation au stress thermique.

#### 1.5.1.3.4. Les marqueurs moléculaires

L'utilisation des marqueurs moléculaires renforce la sélection classique. Elle identifie et étiquette les gènes d'intérêts. Elle améliore la gestion et la manipulation de la variabilité génétique pour construire des génotypes cumulant des gènes favorables. Grâce aux marqueurs nucléaires, il devient, en effet possible, d'une part, de mieux lire le génotype à travers le phénotype et, d'autre part, de contrôler les recombinaisons entre loci ciblés [83, 84]. Ceci est d'autant plus intéressant que les marqueurs moléculaires sont relativement peu influencés par la fluctuation environnementale. Ils sont aussi indépendants de l'organe mesuré ou analysé et du stade de développement du sujet concerné [85, 86].

La sélection assistée par des marqueurs (SAM) devient de plus en plus un complément nécessaire aux schémas de sélection classique d'amélioration des céréales (Figure 1.8) [87]. Cette technique a été utilisée de manière avantageuse dans l'amélioration de la résistance aux maladies et aux insectes [88]. Les marqueurs sont, en effet, considérés comme des caractères liés au caractère principal à sélectionner. PATERSON *et al.* [89] montrent l'existence de QTL (Quantitative Traits Loci) spécifiques pour l'adaptation à certains milieux. Pour obtenir des variétés stables, il faut accumuler dans un même fond génétique, le maximum de QTL d'adaptation. La SAM devrait permettre de construire plus rapidement et avec plus de sécurité de tels génotypes.

L'introduction directe d'un petit nombre de gènes par génie génétique offre une alternative attrayante et une approche rapide pour l'amélioration de la tolérance aux stress abiotiques. La stratégie basée sur le génie génétique repose sur le transfert d'un ou plusieurs gènes qui codent soit pour un processus biochimique soit comme terminateurs de la voie des signaux de transcriptions [90]. Les produits résultants de l'action des gènes introduits apportent une certaine protection, directe ou indirecte, vis-à-vis des stress abiotiques [91]. Dans ce contexte les gènes codant pour les Late Embryogenesis Protein (LEA), qui

s'accumulent au cours de la dessiccation du grain et dans les tissus végétaux, lorsque la plante est mise en expérience sous déficit hydrique, ont émergé récemment comme des candidats attractifs pour le génie génétique de la tolérance aux stress [92].

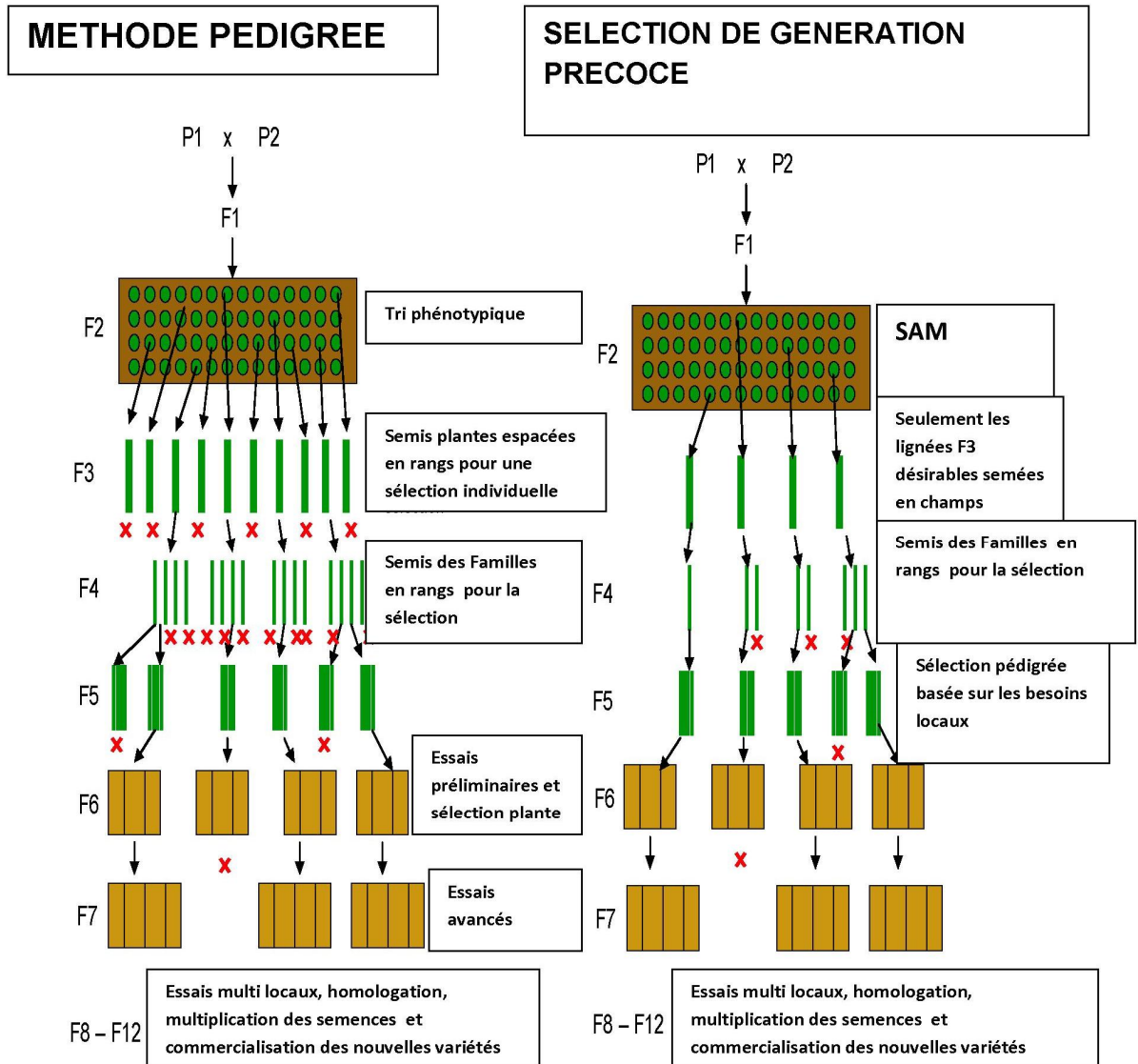


Figure 1.8 : La sélection pedigree classique et assistée par les marqueurs moléculaires [93].

Plusieurs types de marqueurs ont été utilisés en amélioration des plantes dont entre autres le polymorphisme de longueur de fragments de restriction (*Restriction Fragment Length Polymorphism*, RFLP) [94, 95, 96, 97], le polymorphisme de l'ADN amplifié au hasard (*Random Amplified Polymorphic DNA*, RAPD) [98], les microsatellites (*Simple Sequence Repeats*, SSR) [99, 100, 101], le polymorphisme de longueur de fragments d'amplification (*Amplification*

*Fragment Length Polymorphism*, AFLP) [100, 102, 103], les séquences ciblées (*Sequence Tagged Sites*, STS) [104] et les marqueurs de séquence exprimée (*Expressed Sequence Tags*, EST) [105].

➤ Les RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*)

Les RFLP sont les premiers marqueurs moléculaires utilisés en amélioration des plantes. Ils furent utilisés dans la réalisation de plusieurs cartes génétiques du blé tendre (*Triticum aestivum* L.) [95, 96, 106]. L'analyse des RFLP débute par l'extraction de l'ADN à partir des plantes ciblées. L'ADN extrait est digéré par des enzymes de restrictions selon des séquences spécifiques. Les fragments d'ADN issus de cette digestion enzymatique sont séparés, selon leur taille (poids moléculaire), par électrophorèse sur gel d'agarose. Ils sont ensuite transférés sur une membrane de nylon, selon la méthode de Southern, puis hybridés avec des sondes radioactives et visualisés par radiographie.

HARTL *et al.* [107] utilisèrent les marqueurs RFLP pour cartographier les gènes de résistance au mildiou du blé tendre (*Pm1*, *Pm2*, *Pm3* et *Pm4*, Pm = Powdery mildiou). L'analyse des RFLP demande du temps, difficile à automatiser, nécessite de grandes quantités d'ADN et elle est peu économique pour l'évaluation des populations en ségrégation de grandes tailles comme celles rencontrées souvent dans les programmes de sélection [108]. De plus le niveau de polymorphisme est plus faible, ce qui fait que cette technologie est utilisée uniquement pour transférer des gènes à partir des espèces apparentées [108, 109].

➤ Les marqueurs PCR

La réaction en chaîne de la polymérase (PCR), *in vitro*, s'est établie comme une méthode révolutionnaire dans le domaine de la biologie moléculaire, depuis son invention en 1985. Cette technique est rapide et économique, ce qui a permis à de nombreux laboratoires de s'équiper pour l'adopter [110]. La PCR utilise des amorces d'oligonucléotides et une polymérase thermo stable, la *Taq* polymérase. Un cycle de la PCR est constitué de trois étapes, qui sont la dénaturation du fragment d'ADN bicaténaire, suivi de l'hybridation des brins d'ADN

monocaténaire avec les amorces (annealing) et enfin l'amplification ou réplication proprement dite du brin d'ADN ciblé [111]. Chaque cycle multiplie le brin bicaténnaire une fois donnant 4 brins monocaténaire à partir d'un brin bicaténnaire. Après 25 cycles de la PCR, le produit est théoriquement de  $2^{25}$  fragments soit 33554432 fragments. Les marqueurs moléculaires basés sur la technique de la PCR sont de deux types : ceux qui utilisent des séquences d'ADN arbitraires à amplifier telles que la RAPD et l'AFLP, et ceux qui utilisent des séquences connues telles que les SSR, STS, et les EST [112].

- Les RAPD (*Random Ampified Polymorphic DNA*)

La technologie des RAPD a été développée par WILLIAMS *et al.* [98], pour dépasser les difficultés rencontrées avec la technologie des RFLP. Les RAPDs sont le résultat de l'amplification d'une courte séquence prise au hasard. L'amplification est réalisée sous une basse température d'hybridation (35 à 37°C). Les amorces spécifiques choisies pour initier l'amplification sont courtes (10 bases), utilisables chez diverses espèces [109]. La visualisation de ces marqueurs est faite avec le bromure d'éthidium [113]. Les marqueurs RAPD peuvent être transformés en SCAR (*Sequence Characterized Amplified Regions*) marqueurs ou en STS (*Sequence Tagged Site*) marqueurs [114].

- Les AFLP (*Amplification Fragment Length Polymorphism*)

Les marqueurs AFLP sont produits par amplification des séquences arbitraires, issues de la digestion de l'ADN ciblé par une ou plusieurs enzymes de restriction [115]. Dans cette technique l'ADN ciblé est tout d'abord digéré par des enzymes de restriction. Ensuite un adaptateur de séquence nucléotidique connue est attaché aux fragments de l'ADN génomique, qui sont amplifiés en utilisant des amorces dont la séquence est spécifique à l'adaptateur, avec deux à trois bases, pour s'apparier sur le brin matrice. Les fragments sont visualisés sur le gel d'acrylamide grâce au marquage radioactif des amorces. Les marqueurs AFLP sont dominants [116]. La technique des AFLP présente un niveau élevé de polymorphisme associé à une haute reproductibilité, ce qui en fait une technique préférée des sélectionneurs. MAUGHAN *et al.* [117] mentionnent que l'hérédité

des marqueurs AFLP identifiés chez le soja (*Glycine max* L.) est conforme aux principes des lois de Mendel.

- Sequence Tagged Sites (STS)

Un marqueur RFLP, lié à un caractère désiré, peut être amplifié par PCR, le marqueur STS établi sur une séquence nucléotidique de la sonde donnant un modèle de bandes polymorphes [104]. Le marqueur STS est basé sur une paire d'amorces qui est conçue en séquençant un RFLP cartographié avec un nombre faible de copies de séquences. Ces marqueurs produisent d'une manière prédominante un modèle de bandes dominant qui peut être facilement analysé dans la sélection assistée par marqueurs à utiliser pour un caractère d'intérêt [118].

- Simple Sequence Repeats (SSRs)

Les séquences simples répétées ou SSRs (*Simple Sequence Repeats*), sont des séquences dépendantes constituées de courts motifs, répétées de manière tandem, à travers le génome de l'individu [119, 120]. Chaque SSR doit être cloné et séquencé pour en faire un marqueur utile. Les banques des petits fragments de gènes sont criblées pour les clones contenant des séquences SSR en utilisant une sonde oligo-nucléotidique complémentaire au fragment répété. Chaque clone positif de la banque est alors séquencé. Des amorces d'oligo-nucléotides complémentaires à la séquence d'ADN, flanquant les deux côtés du fragment répété, sont synthétisées et utilisées pour son amplification par PCR. Le marquage radioactif ou fluorescent d'un désoxyribonucléotide, suivi de la séparation sur un gel de polyacrylamide ou d'agarose, permet aux fragments amplifiés d'être visualisés.

Les SSRs sont devenus un système de marquage de choix pour le blé en raison de leur polymorphisme élevé, de leur transmission héréditaire co-dominante des caractères qui leur sont liés, et leur spécificité selon les chromosomes [121]. SOMERS *et al.* [122], utilisant les marqueurs disponibles, ont créé une carte à haute densité de consensus de microsatellite pour le blé tendre avec 1235 loci, couvrant 2569 cM. Les SSRs ont été appliqués pour marquer les

gènes de résistance chez le blé. BOUGOT *et al.* [123] ont employé la paire de l'amorce *PSP2999* pour différencier les allèles du locus *Pm3* (powdery mildiou) contrôlant la résistance au mildiou.

- EST (*Expressed Sequence Tag*)

Expressed Sequence Tags ou ESTs sont de petites séquences d'ADN, de 300 à 500 nucléotides de longueur, qui sont générées par séquençage de l'une et l'autre des extrémités d'un gène exprimé (ADNc). Les bases de données publiques contiennent actuellement, 1073877 ESTs pour le blé tendre, ce qui en fait l'une des espèces végétales les plus riches en EST ([http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST/dbEST\\_summary.html](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST/dbEST_summary.html)). Les EST constituent une source remarquable de données pour l'identification de gènes, le développement de marqueurs moléculaires, l'établissement de cartes génétiques fonctionnelles utiles pour l'identification de régions génomiques contrôlant des caractères d'intérêts. Les ESTs sont constituées de séquences codantes, et sont relativement bien conservées entre les différentes espèces apparentant à la même famille. Elles sont largement utilisées dans les analyses de génomiques comparées. Chez le blé tendre, cependant leur cartographie est longue et laborieuse car elle nécessite la mise en place de techniques permettant de distinguer les copies homéologues issues des génomes A, B et D.

#### 1.6. Contexte général de l'analyse Lignée x Testeur

L'analyse Lignée x Testeur (L x T) est essentiellement une extension de l'analyse top-cross où plusieurs testeurs sont utilisés [124]. Suite à l'utilisation de plusieurs testeurs, cette analyse est un dispositif simple qui fournit simultanément des familles de pleins-frères ou Full-sib (FS) et de demi-frères ou Half-sib (HS), alors que les tests top-cross et poly-cross ne fournissent que des familles de demi-frères. L'analyse L x T est connue également sous le nom de l'analyse FS/HS. Les descendances AB des deux parents communs (A et B) sont des familles de pleins frères (FS), alors que les deux ensembles de progénitures (AB et AC), où seulement l'un des deux parents est commun (A dans les deux A x B et A x C) constituent des familles de demi frères. En utilisant cette méthode, la valeur de l'AGC est estimée pour les lignées et les testeurs. Toutes les lignées (L) sont

croisées à chacun des testeurs (T) pour produire L x T hybrides. Les lignées sont utilisées comme femelles et les testeurs comme donneurs de pollen ou parents mâles.

### 1.7. L'analyse génétique des aptitudes à la combinaison et de l'action des gènes

L'action des gènes a été largement étudiée chez de nombreuses espèces cultivées. Elle est déterminante dans le choix de la méthodologie de sélection à employer pour développer de nouveaux génotypes. L'étude de l'action des gènes fournit des informations sur la nature de la variance génétique des populations en ségrégations [125]. Le concept des aptitudes à la combinaison a été formulé par SPRAGUE et TATUM [126]. Elles apportent des éléments plus précis quant à la qualité de la transmission des caractères d'un parent à sa descendance. L'aptitude générale à la combinaison (AGC) est la performance moyenne d'un génotype dans une série de croisements, estimée à partir des performances des  $F_1$  (C'est un effet principal), tandis que l'aptitude spécifique à la combinaison (ASC) est utilisée comme moyen pour désigner la déviation de la performance prévue sur la base de l'AGC (C'est une interaction) [127].

GRIFFING [128] a montré la relation entre les composantes des variances de l'AGC et de l'ASC. Ainsi, la variance de l'AGC est due à la variance additive et la variance de l'interaction additive x additive. La variance de l'ASC est due, par contre, à la variance de dominance, les variances des interactions additive x dominance et dominance x dominance. L'estimation des variances dues à l'AGC et à l'ASC fournit un diagnostic approprié du rôle prédominant des variances additives ou non-additives dans l'action des gènes. Le rapport de l'effet additif à l'effet non-additif des gènes est à prendre en considération afin de décider de la prédominance du type de la variabilité génétique pour un caractère donné. Si le rapport est supérieur à l'unité, ceci indique le rôle majeur de la variance additive dans le contrôle de l'expression d'un caractère, alors que s'il est inférieur, il indique l'importance de la variance non-additive [129].

Le dispositif Lignée x Testeur est largement employé, dans les programmes de sélection, pour fournir des informations sur les effets géniques, l'estimation des variances des aptitudes à la combinaison ainsi que l'héritabilité des caractères analysés chez les populations étudiées. L'étude des aptitudes à la combinaison



est nécessaire pour développer des génotypes sur la base des performances des lignées parentales et pour connaître le type d'action des gènes impliqués dans le contrôle génétique des caractères analysés.

Le choix des parents à croiser est un facteur important pour augmenter le potentiel de rendement en grain des lignées descendantes et notamment celui de l'hybride. L'exploitation commerciale de l'hétérosis à grande échelle n'a pas réussi à cause de l'autofécondation naturelle du blé. Le rendement en grain est le critère de sélection le plus utilisé pour l'identification et le développement de variétés à haut potentiel productif. Des résultats contradictoires sont rapportés dans la littérature en ce qui concerne la nature des effets géniques du rendement et des composantes. JOSHI *et al.* [130] mentionnent la présence d'effets géniques de nature additive pour le rendement en grain chez le blé. Par contre, HUSSAIN [131] note la présence des effets de dominance. DEY-SARKAR et ROY [132] mentionnent l'importance de l'épistasie dans le contrôle du rendement en grain du blé. Le rendement par plante est un caractère complexe et son mode de transmission a été largement étudié. La variance de l'AGC de ce caractère est généralement plus importante que la variance de l'ASC [133, 134]. Ceci suggère que l'effet additif de l'action des gènes est plus important dans le contrôle de l'hérédité de ce caractère. Des effets non-additifs, induits par des effets d'ASC élevés, sont aussi souvent mentionnés, au même titre que des effets épistatiques [135, 136, 137].

L'action des gènes impliqués dans l'hérédité de la hauteur des plantes et d'autres caractères liés à la sécheresse ont été étudiés par de nombreux chercheurs. La hauteur est contrôlée par plusieurs gènes y compris les gènes *Rht1* et *Rht2* (*Reduced height genes*). Ces gènes jouent un rôle important dans la réduction de la hauteur des plantes. La réduction de la hauteur induit une augmentation non seulement du rendement en grain mais également la résistance à la verse ce qui permet de valoriser des niveaux élevés de fertilisation azotée. Au sujet de l'effet des gènes, CHOWDHRY *et al.* [138] et KHAN et ALI [139] mentionnent que la hauteur des plantes est contrôlée par des gènes à effets additifs. Par contre IQBAL [140] et ULLAH *et al.* [141] rapportent l'implication de la dominance partielle dans le contrôle génétique de ce caractère. La hauteur de la plante est une caractéristique importante qui contribue dans le rendement, car les

variétés de blé courtes sont plus sensibles à l'azote et résistantes à la verse. L'action additive des gènes est impliquée dans le contrôle de la hauteur [142, 143] avec des valeurs significatives de l'aptitude générale à la combinaison, alors que la présence de l'effet non-additif de l'action des gènes étudiée par KHASIF et KHALIQ [144], qui ont remarqué la grande importance de l'ASC par rapport à l'AGC. Ainsi, les effets géniques additifs et non-additifs ont été observés par KHAN et HABIB [145] et NAZEER *et al.* [146].

La longueur du pédoncule et la longueur de l'extrusion sont également des caractères morphologiques importants liés à la précocité. Des effets additifs associés à la dominance partielle sont impliqués dans le contrôle génétique de la longueur du pédoncule et celui de la longueur de l'extrusion [146, 147, 148]. RAHIM *et al.* [149] signalent que la longueur du pédoncule est contrôlée par l'effet additif des gènes, et les effets géniques non-additifs sont également importants dans le contrôle de ce caractère [147, 148]. CHOWDHRY *et al.* [150] mentionnent que la longueur de l'extrusion est sous contrôle des gènes à action de type additive.

Des effets géniques additifs contrôlent la transmission du nombre de talles par plante chez le blé sont rapportés par MAHMOOD et CHOWDHRY [151] et CHOWDHRY *et al.* [148]. L'interaction de type additif x dominance est rapportée par CHOWDHRY *et al.* [152]. Ces résultats suggèrent que la sélection sur générations précoces serait relativement efficace, pour améliorer ce caractère malgré le fait que les effets géniques de la dominance sont plus importants que les effets additifs [153].

La longueur de l'épi, le nombre d'épillets par épi, le nombre de grains par épi, la compacité de l'épi et le poids de 1000-grains sont des caractères qui déterminent le rendement en grain des céréales. La longueur de l'épi est contrôlée par des effets géniques additifs [148, 154] et des effets géniques non-additifs [149], tandis que la dominance est impliquée dans le contrôle de la longueur de l'épi et des épillets par épi [155, 156].

L'action additive des gènes est importante dans le contrôle génétique du nombre d'épillets par épi [154, 157]. La dominance partielle joue aussi un rôle important [156]. Le nombre de grains par épi est contrôlé par des effets géniques

dominants [158]. Les effets géniques additifs ont été trouvés pour le poids de 1000-grains [151]. L'indice de récolte est une caractéristique importante pour améliorer le rendement grain. Il est contrôlé par des effets géniques additifs [136, 159].

La surface de la feuille étendard a été étudiée par plusieurs chercheurs. Des effets significatifs de l'aptitude générale à la combinaison ont été trouvés pour ce caractère indiquant la prédominance des effets génétiques additifs [136, 144, 151]. Ainsi la surface de la feuille étendard peut être choisie comme un paramètre souhaitable parce qu'elle est liée au rendement en grains chez le blé et elle participe directement à son amélioration. Des effets géniques non-additifs sont également rapportés [133, 149, 154]. Les deux aptitudes à la combinaison (AGC et ASC) sont donc à la fois importantes [160], ce qui indique l'action des effets géniques additifs et non-additifs impliqués dans le contrôle de ce caractère.

## CHAPITRE 2

### MATERIEL ET METHODES

#### 2.1. Site expérimental

L'expérimentation a été conduite sur le site expérimental de la station de l'Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) de Sétif au cours des campagnes 2010/11 et 2011/12. Le site expérimental est situé aux coordonnées géographiques 36° 09' N et 5° 22' E, à une altitude de 1081m. Le climat de la région du site expérimental est de type méditerranéen, continental, semi-aride, caractérisé par un été chaud et sec, et un hiver froid et humide [161]. Le sol, de texture limono-argileuse et de faible profondeur, appartient à la catégorie des sols steppiques, généralement pauvres en matière organique, qui varie de 1.3%, en surface, à 2.4% en profondeur [162]. Le taux de calcaire total est de 31.3 %, la densité apparente est de 1.35 g cm<sup>-3</sup>. La capacité au champ est de 25% et le point de flétrissement se situe à 12% [161].

#### 2.2. Matériel végétal

L'expérimentation de l'année 2010/11 a porté sur la réalisation des différents croisements; alors que celle de la campagne 2011/12 a porté sur le suivi des lignées parentales et des hybrides F<sub>1</sub>. Cinq lignées et quatre testeurs ont été croisés selon le dispositif Lignées x Testeurs [124] pour produire 20 hybrides F<sub>1</sub> (Tableau 2.1). Chaque testeur est utilisé comme polinisateur de chaque lignée. Les lignées ne sont pas croisées entre elles et les testeurs ne le sont pas entre eux. Au mois d'avril 2011, au stade début épiaison, les épis des différentes lignées sont castrés, à raison de trois épis par lignée, selon la méthode adoptée par l'ITGC. Les épis castrés sont protégés du pollen extérieur par des sachets de cellophanes. Trois jours après castration, la pollinisation des épis castrés est réalisée avec du pollen des testeurs (parents mâles).

Deux épis de chaque testeur, dont le stade végétatif a atteint la floraison, sont pris de la pépinière de croisement. Les épillets de ces épis sont coupés à 1/3 à partir du sommet de l'épi, pour avoir accès aux grains de pollen. Les épis ainsi

traités sont mis dans un tube à essai contenant de l'eau tiède pour accélérer la sortie du pollen. Une fois que les étamines sortent des épillets, l'enveloppe de cellophane couvrant l'épi castré de la lignée est coupée à son extrémité du haut, et l'épi mâle est introduit. L'épi est secoué plusieurs fois pour forcer la sortie du pollen, puis il est retiré. Une étiquette portant les informations des parents et des dates d'émascation et de pollinisation est attachée au sachet couvrant l'épi castré qui est de nouveau agrafé. Les graines des hybrides sont récoltées au stade maturité de la culture.

Les parents femelles sont les lignées venant du programme de coopération ITGC-Acsad (*Arab Center for the Studies of Arid Zones and Dry lands*). Ces lignées sont Acsad<sub>901</sub> dont le pedigree est ACSAD529/4/C182.24/C168.3/3/CNO\*2/7C//CC/TOB-1S, Acsad<sub>899</sub> dont le pedigree est ACSAD529/4/C182.24/C168.3/3/CNO\*2/7C//CC/TOB-0S, Acsad<sub>1135</sub> dont le pedigree est PRL/VEE#6//MYNA/VUL/3/PREW, Acsad<sub>1069</sub> dont le pedigree est ZAHRAI-14//HD2169/BOW'S', et la variété Ain Abid. Les testeurs sont les cultivars Mahon-Démias, Hidhab (HD<sub>1220</sub>), Rmada et Wifak. Mahon-Démias (MD) est issue d'une sélection généalogique d'une population introduite à partir des Iles Baléares [163]. Les souches sélectionnées de cette population ont servi de matériel de départ pour la multiplication de cette variété par la station expérimentale agricole de Sidi Bel Abbés [163].

Mahon-Démias est une variété rustique, à cycle de développement relativement long permettant d'esquiver les gels tardifs qui caractérisent la zone de production des hauts plateaux, notamment les régions de Sétif et Tiaret. Sa paille fine, haute et demi pleine, la fait apprécier des éleveurs qui l'utilisent comme aliment du bétail. Elle est caractérisée par une large adaptation aux zones arides et semi-arides des hauts plateaux. Tolérante aux rouilles jaune et noire, cette variété possède une qualité technologique moyenne, nécessitant des coupages avec des blés de force. Son potentiel de rendement est faible mais régulier.

La variété HD<sub>1220</sub>, dénommée Hidhab, est une sélection de l'ITGC de Sétif datant de 1985, sélection faite à l'intérieur d'une population en ségrégation provenant de CIMMYT. C'est une variété à cycle court, précoce à l'épiaison, ce qui lui permet de tolérer les stress hydrique et thermique de fin de cycle. Elle se

distingue par une capacité de talle élevée, aux épis blancs, demi-compact, aux barbes divergentes et à paille creuse et courte.

Hidhab présente une adaptation très large, embrassant toutes les régions du pays. Cette variété est très appréciée par les agriculteurs, elle est la plus cultivée à cause de son potentiel de rendement élevé. Elle remplaça la variété Mahon-Démias dans plusieurs zones agro-climatiques. Elle présente une sensibilité élevée à la rouille jaune, et sans une couverture phytosanitaire adéquate, son rendement chute fortement sous forte attaque de ce pathogène. Elle possède de bonnes caractéristiques technologiques pour la panification, c'est un blé de force.

AS<sub>8189</sub> (Ain Abid) est une variété introduite par l'ITGC dans le cadre du programme MAP en 1986. Elle fut retenue par l'ITGC du Khroub, en 1989. C'est une variété de taille moyenne, semi-précoce, productive et cultivée surtout sur les plaines intérieures du constantinois. Ain Abid est tolérante au froid, résiste à la verse physiologique et à l'égrenage. Elle est appréciée pour sa résistance aux rouilles noire et jaune ainsi que pour sa qualité boulangère.

Rmada ou Acsad<sub>885</sub> est une sélection de l'ITGC de Sétif de 2011. C'est une variété à cycle végétatif court. L'épi blanc est de type lâche, à faible glaucescence et présente une forme pyramidale. C'est une variété qui connaît un début d'adoption dans la région de Sétif, où elle est censée remplacer HD<sub>1220</sub>, grâce à sa tolérance de la rouille jaune.

Wifak est aussi une sélection de l'ITGC de Sétif, de 2011. Elle se caractérise par sa précocité, ce qui lui permet d'éviter le gel tardif. Le grain est de couleur roux et l'épi de forme pyramidale et blanc. C'est une variété productive, possédant de bonnes caractéristiques technologiques.

### 2.3. Dispositif expérimental

Le matériel végétal ainsi obtenu (les lignées, les testeurs et les hybrides F<sub>1</sub>) est mis en place dans un dispositif en blocs complètement randomisés avec 3 répétitions (Tableau 2.1). L'expérimentation est mise en place sur une parcelle dont les techniques culturales adoptées sont celles préconisées par la station ITGC de Sétif. Le précédent cultural est une jachère travaillée. Le premier labour

est réalisé au mois de mars, avec une charrue à soc réversible. Le labour profond est repris par deux fois avec un cover-crop 8/16, les deux passages sont espacés dans le temps.

Tableau 2.1 : Randomisation en plein champs des lignées, des testeurs de blé tendre et leurs hybrides F<sub>1</sub>.

	Parent/Croisement	Rep I	Rep II	Rep III
Lignée (L)	Acsad <sub>901</sub>	1	34	62
Lignée (L)	Acsad <sub>899</sub>	2	48	67
Lignée (L)	Acsad <sub>1135</sub>	3	42	73
Lignée (L)	Acsad <sub>1069</sub>	4	53	81
Lignée (L)	Ain Abid	5	57	68
Testeur (T)	Mahon-Démias	6	49	77
Testeur (T)	Rmada	7	35	74
Testeur (T)	HD <sub>1220</sub>	8	30	63
Testeur (T)	Wifak	9	54	86
L x T	Acsad <sub>901</sub> x Mahon-Démias	10	43	82
L x T	Acsad <sub>901</sub> x Rmada	11	36	69
L x T	Acsad <sub>901</sub> x HD <sub>1220</sub>	12	58	76
L x T	Acsad <sub>901</sub> x Wifak	13	50	64
L x T	Acsad <sub>899</sub> x Mahon Démias	14	44	80
L x T	Acsad <sub>899</sub> x Rmada	15	37	87
L x T	Acsad <sub>899</sub> x HD <sub>1220</sub>	16	55	70
L x T	Acsad <sub>899</sub> x Wifak	17	45	59
L x T	Acsad <sub>1135</sub> x Mahon-Démias	18	31	85
L x T	Acsad <sub>1135</sub> x Rmada	19	38	78
L x T	Acsad <sub>1135</sub> x HD <sub>1220</sub>	20	56	65
L x T	Acsad <sub>1135</sub> x Wifak	21	46	83
L x T	Acsad <sub>1069</sub> x Mahon-Démias	22	51	60
L x T	Acsad <sub>1069</sub> x Rmada	23	39	71
L x T	Acsad <sub>1069</sub> x HD <sub>1220</sub>	24	32	75
L x T	Acsad <sub>1069</sub> x Wifak	25	47	79
L x T	Ain Abid x Mahon-Démias	26	40	66
L x T	Ain Abid x Rmada	27	52	84
L x T	Ain Abid x HD <sub>1220</sub>	28	33	72
L x T	Ain Abid x Wifak	29	41	61

Au mois de novembre, l'engrais phosphaté Mono-ammonium phosphate (52%  $P_2O_5$  + 12% N) est épandu à raison de 80 kg ha<sup>-1</sup>. Cette opération est suivie par un cultivateur pour niveler le sol. Le semis est réalisé après traçage des différents blocs de l'essai. L'expérimentation a été fertilisée avec 75 kg ha<sup>-1</sup> de Sulfazote (26% N + 35%  $SO_3$ ) au stade tallage. Le contrôle des adventices est effectué avec du Granstar [*Méthyle tribénuron*] à 15 g dans 250 l d'eau ha<sup>-1</sup>.

## 2.4. Caractères mesurés

### 2.4.1. La durée de la phase végétative

La durée de la phase végétative est déterminée en nombre de jours calendaires comptés à partir du 1<sup>ier</sup> janvier à la date de réalisation de 50% de l'épiaison. La date d'épiaison est indiquée par la sortie des barbes de la gaine de la dernière feuille complètement développée. La durée de cette phase végétative est un indicateur du degré de précocité. Du point de vue adaptation à l'environnement de production, les génotypes trop précoces, comparativement à la variété Hidhab ou HD<sub>1220</sub> courent le risque d'être touchés par le gel tardif de printemps. Ceux qui sont trop tardifs, comme Mahon-Démias, courent le risque d'être pénalisés par l'élévation de la température et le déficit hydrique de fin de cycle de la culture. Un juste milieu entre ces deux types est recherché [53].

### 2.4.2. La hauteur de la plante, la longueur de l'épi, du col de l'épi et l'extrusion

La hauteur de la plante est mesurée juste avant la récolte de la culture. Elle est prise en cm du sol à la strate moyenne des épis par plante et/ou par parcelle élémentaire. La longueur de l'épi est mesurée à partir de la base de l'épi jusqu'à son extrémité hormis les barbes. La longueur du col est mesurée aussi au même stade, elle représente la longueur prise du dernier nœud jusqu'au premier article de l'épi (Figure 2.1). L'extrusion est mesurée à partir de l'emplacement de la ligule de la dernière feuille jusqu'à la base de l'épi, elle représente la partie de la paille qui est hors de la gaine de la dernière feuille.



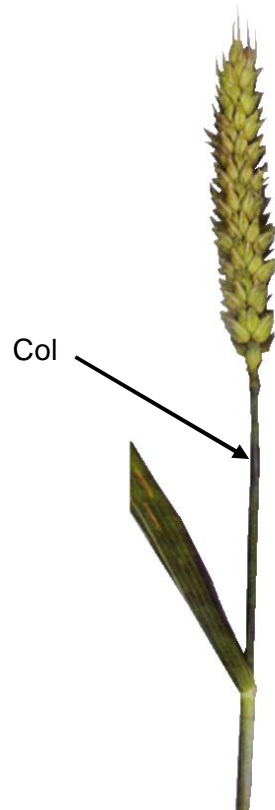


Figure 2.1 : Col de l'épi ou pédoncule.

#### 2.4.3. La teneur relative en eau, la surface et le poids spécifique de la feuille étendard

La teneur relative en eau (TRE) a été mesurée sur un échantillon de cinq feuilles échantillonnées pour déterminer l'état hydrique des plantes selon la méthode de BARRS et WEATHERLY [164]. Les feuilles échantillonnées par traitement sont coupées au niveau de la base du limbe et directement pesées pour avoir le poids de la matière fraîche (PF). Elles sont ensuite placées dans un tube à essai contenant de l'eau distillée, à l'abri de la lumière et à la température ambiante du laboratoire pendant 4 heures, pour atteindre l'état turgide. Les feuilles sont à nouveau pesées, après avoir pris soin de les essuyer de l'excès d'eau avec du papier buvard, pour obtenir le poids turgide (PT). L'échantillon est enfin mis à sécher dans une étuve, à 65°C pendant 16 heures afin de déterminer le poids sec (PS). Les valeurs de la teneur relative en eau sont calculées à partir de la formule :

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

Où :

TRE = teneur relative en eau foliaire (%)

PF = poids de la matière fraîche foliaire (mg)

PS = poids de la matière sèche foliaire (mg)

PT = poids de la matière turgide foliaire (mg)

La longueur et la plus grande largeur de la feuille étendard ont été mesurées sur un échantillon de 5 feuilles prises au hasard au stade épiaison. La surface moyenne de la dernière feuille entièrement développée a été estimée selon SPAGNOLETTI-ZEULI et QUALSET [165] :

$$SF(\text{cm}^2) = 0,607(L \times l)$$

Où :

SF = surface moyenne de la feuille étendard (cm<sup>2</sup>)

L = longueur moyenne de la feuille étendard (cm<sup>2</sup>)

l = largeur moyenne de la feuille étendard (cm<sup>2</sup>)

0,607 = coefficient de régression de la surface estimée à partir du papier grammage sur celle déduite par le produit (L x l)

Le poids spécifique foliaire a été calculé par le rapport du poids de la matière sèche sur la surface de la feuille étendard [166] :

$$PSF(\text{mgcm}^{-2}) = PS/SF$$

Où :

PSF = poids spécifique foliaire (mg cm<sup>-2</sup>)

PS = poids de la matière sèche foliaire (mg)

SF = surface moyenne de la feuille étendard (cm<sup>2</sup>)

#### 2.4.4. Teneur en chlorophylle totale

La mesure *in situ* du taux de chlorophylle présente dans les feuilles a été effectuée, à l'épiaison à l'aide de deux chlorophylle-mètres portables, le SPAD-502 (Minolta Camera Co., Osaka, Japan) et le CCM-200 (Opti-Sciences, Tyngsboro, Massachusetts, USA). Le SPAD-502 a une surface de mesure de 0.06 cm<sup>2</sup> et donne des mesures en unités SPAD basées sur l'absorbance à 650 et 940 nm. Le CCM-200 a par contre une surface de mesure plus importante (0.71cm<sup>2</sup>) et

permet de calculer un indice de teneur en chlorophylle (CCI) à 660 et 940 nm d'absorbance.

Trois prises de lecture sont effectuées sur le milieu de la feuille étandard à raison de cinq plants par génotype. La moyenne des trois valeurs s'affiche sur l'écran à la fin de la lecture. Ainsi, la teneur en chlorophylle représente la moyenne des cinq mesures pour chaque génotype.

#### 2.4.5. Dosage de la proline

La méthode de dosage utilisée est celle de TROLL et LINDSLEY [167] simplifiée et mise au point par DREIR et GORRING [168] citée par MONNEVEUX et NEMMAR [169]. 100 mg de matière fraîche (pour chaque génotype), prélevée à l'épiaison sur le tiers médian de la dernière feuille, sont immédiatement pesés puis placés dans un tube à essai. Un volume de 2 ml de méthanol à 40% est ajouté à l'échantillon et l'ensemble est porté à 85 C° dans un bain-marie pendant 1 heure. Après refroidissement, 1 ml de la solution d'extraction est prélevé auquel est ajouté 1 ml d'acide acétique (CH<sub>3</sub>COOH), 25 ml de ninhydrine (H<sub>9</sub>H<sub>6</sub>O<sub>4</sub>) et 1 ml de mélange : eau distillée-acide acétique-acide orthophosphorique de densité 1.7) (120, 300, 80 : v / v / v). L'ensemble est porté à ébullition pendant 30 mn au bain-marie, puis refroidi et additionné de 5 ml de toluène lui sont ajoutés pour séparer les deux phases. Après agitation, une pincée de Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> anhydre est ajoutée dans chaque tube. La mesure de la coloration est effectuée à l'aide d'un spectrophotomètre à 528 nm. La concentration en proline est déduite par :

$$\text{Concentration en proline } (\mu\text{g/gMF}) = X \times 2 \times 1000(\text{MF} \times 115.13)$$

Avec :

*MF* = masse de la matière fraîche (g)

*X* = quantité de proline de chaque échantillon (μg)

115.13 = masse molaire de proline pure

#### 2.4.6. Le poids de la plante, des épis et de la paille

La récolte de chaque génotype est faite par plante, pour les lignées parentales et les hybrides. On détermine le poids total de la biomasse (BIO, g), celui des épis (PNE, g) et on déduit le poids de la paille (PLL, g).

#### 2.4.7. Le nombre d'épis, de grain par épi, le poids moyen d'un grain, le rendement grain et l'indice de récolte

Les épis par plante sont comptés (NE), ils sont décortiqués, pour déterminer le rendement par plante (RDT, g). Le nombre de grains produit par plante est compté et utilisé pour estimer le poids de 1000-grains (PMG, g). Le nombre de grains par épi (NGE) est estimé par le rapport entre le nombre de grains sur le nombre d'épis produit par plante. Le rendement grain et la biomasse aérienne par plant ont servi à déterminer l'indice de récolte (HI) :

$$HI (\%) = \left( \frac{\text{Rendement en grain}}{\text{Biomasse aérienne}} \right) \times 100$$

#### 2.5. Analyses des données

Le modèle additif de l'analyse de la variance impliquant les effets des aptitudes à la combinaison est le suivant:

$$Y_{ijk} = \mu + l_i + t_j + (lt)_{ij} + r_k + e_{ijk}$$

Où :

$Y_{ijk}$  = valeur du croisement obtenu à partir de la  $i^{\text{ème}}$  lignée et le  $j^{\text{ème}}$  testeur dans la  $k^{\text{ème}}$  répétition

$\mu$  = paramètre général commun à toutes les parcelles de terrain, représenté par la moyenne générale de l'expérimentation

$l_i$  = effet de l'AGC de la  $i^{\text{ème}}$  lignée

$t_j$  = effet de l'AGC du  $j^{\text{ème}}$  testeur

$(lt)_{ij}$  = effet de l'ASC de l' $ij^{\text{ème}}$  croisement (interaction)

$r_k$  = effet de la  $k^{\text{ème}}$  répétition

$e_{ijk}$  = déviation du  $Y_{ijk}$  de son espérance

Les données collectées sont soumises à une analyse de la variance selon la méthode décrite par SINGH et CHAUDHARY [3] pour tester les différents effets génétiques et l'analyse des aptitudes à la combinaison (Tableau 2.2). L'analyse de la variance des différents génotypes intègre la comparaison des parents et des hybrides : effet lignées (femelles), effet testeurs (mâles), et l'interaction femelles vs. mâles. Un effet génotype significatif est nécessaire pour la poursuite de l'analyse des effets d'aptitude à la combinaison. L'analyse de l'aptitude à la

combinaison comprend trois composantes : femelle par hybride, mâle par hybride et l'interaction femelle x mâle par hybride (Tableau 2.2).

Tableau 2.2 : Squelette de l'analyse de la variance du dispositif lignées x testeurs [170].

Source de variation	ddl	SCE <sup>(a)</sup>	CM <sup>(a)</sup>	Espérances
Répétition ( <i>r</i> )	<i>r</i> - 1	<i>r</i> SS	<i>r</i> MS	...
Génotypes ( <i>e</i> )	<i>e</i> - 1	<i>e</i> nSS	<i>e</i> nMS	...
Parents ( <i>p</i> )	<i>p</i> - 1	<i>p</i> SS	<i>p</i> MS	...
Femelle ( <i>f</i> )	<i>f</i> - 1	<i>f</i> SS	<i>f</i> MS	...
Mâle ( <i>m</i> )	<i>m</i> - 1	<i>m</i> SS	<i>m</i> MS	...
<i>f</i> vs. <i>m</i>	1	<i>f</i> <i>m</i> SS	<i>f</i> <i>m</i> MS	...
Hybride ( <i>c</i> )	<i>c</i> - 1	<i>c</i> SS	<i>c</i> MS	...
Femelle/hybrides ( <i>fh</i> )	<i>f</i> - 1	<i>fh</i> SS	<i>fh</i> MS	$\sigma_r^2 + rCov (FS) - 2Cov (HS) + frCov (HS)$
Mâle/hybrides ( <i>mh</i> )	<i>m</i> - 1	<i>mh</i> SS	<i>mh</i> MS	$\sigma_r^2 + rCov (FS) - 2Cov (HS) + frCov (HS)$
Femelle x Mâle ( <i>fh</i> x <i>mh</i> )	$(f - 1)(m - 1)$	<i>fmh</i> SS	<i>fmh</i> MS	$\sigma_r^2 + rCov (FS) - 2Cov (HS)$
<i>P</i> vs. <i>C</i>	1	<i>pc</i> SS	<i>pc</i> MS	...
Erreur ( <i>e</i> )	$(e - 1)(r - 1)$	<i>e</i> SS	<i>e</i> MS	$\sigma_r^2$
Total	$(er - 1)$	<i>T</i> SS		

ddl = Degré de liberté, SCE = Somme des carrés des écarts, CM = Carré moyen, <sup>(a)</sup> : Le mode de calcul est porté en annexe.

Avec :

*r* = nombre de répétitions

*e* = nombre de génotypes

*p* = nombre de parents

*f* = nombre de lignées (femelles)

*m* = nombre de testeurs (mâles)

*c* = nombre des hybrides

*Cov* (*FS*) = covariance des familles de pleins-frères (Full-sib)

*Cov* (*HS*) = covariance des familles de demi-frères (Half-sib)

*e* = erreur

En utilisant les espérances mathématiques du tableau 2.2, pour calculer les paramètres suivants :

$$Cov(HS)(femelle/lignée) = \hat{\sigma}_f^2 = (fhMS - fmhMS)/mr$$

$$Cov(FS)(mâle/testeur) = \hat{\sigma}_m^2 = (mhMS - fhMS)/fr$$

Comme dans l'analyse Lignée x Testeur,  $\hat{\sigma}_m^2 = \hat{\sigma}_f^2$  donc la moyenne de la covariance  $Cov(HS)$  et  $Cov(FS)$  s'obtient avec les formules suivantes :

Covariance des familles de demi-frères (Half-sib) :

$$\overline{Cov}(HS) = \hat{\sigma}_m^2 + \hat{\sigma}_f^2 = (mhMS + fhMS - 2fmhMS)/r(m + f)$$

Covariance des familles de pleins-frères (Full-sib) :

$$\overline{Cov}(FS) = \frac{1}{3r}(mhMS + fhMS - 3eMS + 6Cov(HS) - r(m + f)Cov(HS))$$

Les valeurs des covariances des familles de demi-frères et des familles de pleins-frères seront ensuite utilisées, pour calculer les variances approximatives des aptitudes à la combinaison comme suit :

$$\hat{\sigma}_{AGC}^2 = \overline{Cov}(HS)$$

$$\hat{\sigma}_{ASC}^2 = \overline{Cov}(FS) - 2\overline{Cov}(HS)$$

On peut calculer également la variance additive ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) et la variance de dominance ( $\hat{\sigma}_D^2$ ) par les équations suivantes :

$$\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_{AGC}^2 / [(1 + F)/4]$$

$$\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_{ASC}^2 / [(1 + F)/2]^2$$

Avec :

$F$  = Coefficient de dépression de la consanguinité ( $F = 0$  chez les parents à allogames et  $F = 1$  chez les parents à autogames)

Pour calculer ces effets, nous utilisons les données enregistrées sur les hybrides  $F_1$  mentionnées en annexe.

### 2.5.1. Analyse des effets de l'aptitude à la combinaison:

L'analyse de l'aptitude à la combinaison permet de classer les géniteurs en termes de valeur génétique et d'identifier les meilleures combinaisons hybrides. Cette analyse comprend trois composantes, femelle par hybride, mâle par hybride et l'interaction femelle x mâle par hybride [171]. La structure de l'analyse pour la méthode de Lignée x Testeur est donnée dans le tableau 2.2.

#### 2.5.1.1. Estimation des effets de l'aptitude générale à la combinaison

Les effets de l'AGC de la  $i^{\text{ème}}$  lignée ( $g_i$ ) sont calculés par :

$$g_i = FH_i - MC \quad \left( \sum_i^f g_i = 0 \right)$$

Les effets de l'AGC de l' $j^{\text{ème}}$  testeur ( $g_j$ ) sont déterminés par:

$$g_j = MM_j - MC \quad \left( \sum_i^m g_j = 0 \right)$$

#### 2.5.1.2. Estimation des effets de l'aptitude spécifique à la combinaison

Les effets de l'ASC du  $ij^{\text{ème}}$  croisement sont estimés par :

$$s_{ij} = MH_{ij} - MC - g_i - g_j \quad (i \neq j)$$

Le test de signification des effets de l'aptitude à la combinaison est porté en annexe.

### 2.5.2. Mode d'action des gènes :

Après l'estimation des variances de l'AGC ( $\sigma^2_{AGC}$ ) et de l'ASC ( $\sigma^2_{ASC}$ ), le rapport  $\sigma^2_{AGC}/\sigma^2_{ASC}$  est calculé pour prédire le mode d'action des gènes impliqués dans le contrôle des caractères quantitatifs. L'action est de type non-additive si le rapport est inférieur à 1 et additive lorsqu'il est supérieur à 1, par contre les deux effets sont égaux si ce rapport est égal à 1. De même, Le rapport ( $\sigma^2_A/\sigma^2_D$ ) estime le type d'action des gènes, qui contrôlent une caractéristique particulière. Lorsque le ratio est élevé, il signifie que l'effet des gènes additifs est plus important. Si le ratio est faible, il signifie la prépondérance des effets géniques non-additifs dans la détermination du caractère étudié [3].

### 2.5.3. Contribution proportionnelle des lignées, des testeurs et de l'interaction lignée x testeur

La contribution des lignées, des testeurs et de l'interaction lignée x testeur dans la variance totale est calculée selon la procédure décrite par SINGH et CHAUDHARY [3] comme suit :

$$\text{Contribution des lignées (\%)} = (mhSS/cSS) \times 100$$

$$\text{Contribution des testeurs (\%)} = (fhSS/cSS) \times 100$$

$$\text{Contribution de l'interaction lignée x testeur (\%)} = (fmhSS/cSS) \times 100$$

### 2.5.4. Estimation des composantes de la variance génétique et de l'héritabilité

Les variances génétique ( $\sigma^2_g$ ), phénotypique ( $\sigma^2_p$ ) et environnementale ( $\sigma^2_e$ ) ont été estimées par :

$$\sigma^2_g = (MS_{Genotype} - MS_{erreur})/r$$

$$\sigma^2_p = \sigma^2_g + \sigma^2_e$$

$$\sigma^2_e = MS_{erreur}$$

Où :

$MS_{Genotype}$  = carré moyen génotype

$MS_{erreur}$  = carré moyen erreur

$r$  = nombre de répétitions

Les coefficients de la variabilité phénotypique ( $CV_P$ ) et génotypique ( $CV_G$ ) sont calculés par caractère par :

$$CV_P = 100 \times \left( \sqrt{\sigma^2_p / GM} \right)$$

$$CV_G = 100 \times \left( \sqrt{\sigma^2_g / GM} \right)$$

Où :

$\sigma^2_p$  = variance phénotypique



$\sigma^2_g$  = variance génétique

$GM$  = la moyenne générale des parents et des hybrides

L'héritabilité au sens large ( $h^2_{(b.s)}$ ) est déterminée par le rapport de la variance génétique ( $\sigma^2_g$ ) à la variance phénotypique ( $\sigma^2_p$ ) [172] :

$$h^2_{(b.s)} = \sigma^2_g / \sigma^2_p$$

L'héritabilité au sens étroit ( $h^2_{(n.s)}$ ) représente le rapport de la variance génétique additive ( $\sigma^2_A$ ) à la variance phénotypique ( $\sigma^2_p$ ) [172] :

$$h^2_{(n.s)} = \sigma^2_A / \sigma^2_p$$

Le mode de calcul de l'erreur standard de l'héritabilité au sens large est porté en annexe.

FALCONER et MACKAY [172] ont classé l'héritabilité en trois catégories : faible (< 0.30), modérée (0.30 – 0.60) et élevée (> 0.60).

#### 2.5.5. Le gain génétique

Le gain génétique (GA) dans la prochaine génération en réponse à la sélection est déterminé selon FALCONER et MACKAY [172] par :

$$GA = K \times \sigma_p \times h^2_{(b.s)}$$

Où:

$K$  = intensité de sélection à 0.05 = 2.06

$\sigma_p$  = écart type de la variance phénotypique sous sélection

$h^2_{(b.s)}$  = l'héritabilité au sens large

Le gain génétique en termes de pourcentage de moyenne =  $\left(\frac{GA}{GM}\right) \times 100$

Avec :

$GM$  = moyenne générale des parents et des hybrides

Le gain génétique en termes de pourcentage de moyenne a été classé selon FALCONER et MACKAY [172] en trois catégories : faible (< 10%), modéré (10 – 20%) et élevé (> 20%).

### 2.5.6. Estimation de l'hétérosis

La supériorité de l'hybride par rapport au parent moyen (HM) est calculée selon la procédure décrite par NADARAJAN et GUNASEKARAN [173] par :

$$HM(\%) = \left( \frac{F_1 - MP}{MP} \right) \times 100$$

Avec :

$F_1$  = valeur moyenne de l'hybride  $F_1$

$MP$  = valeur moyenne des deux parents impliqués dans le croisement

Le test de signification de l'hétérosis est porté en annexe.

## CHAPITRE 3

### RESULTATS ET DISCUSSION

#### 3.1 Climat des campagnes d'étude

Le cumul des pluies, enregistré entre septembre et juin, des deux dernières campagnes (2010/2011 et 2011/2012) ainsi que la campagne moyenne des 20 années (1992/2012) était de 352.8, 408.7 et 329.0 mm respectivement (Figure 3.1).

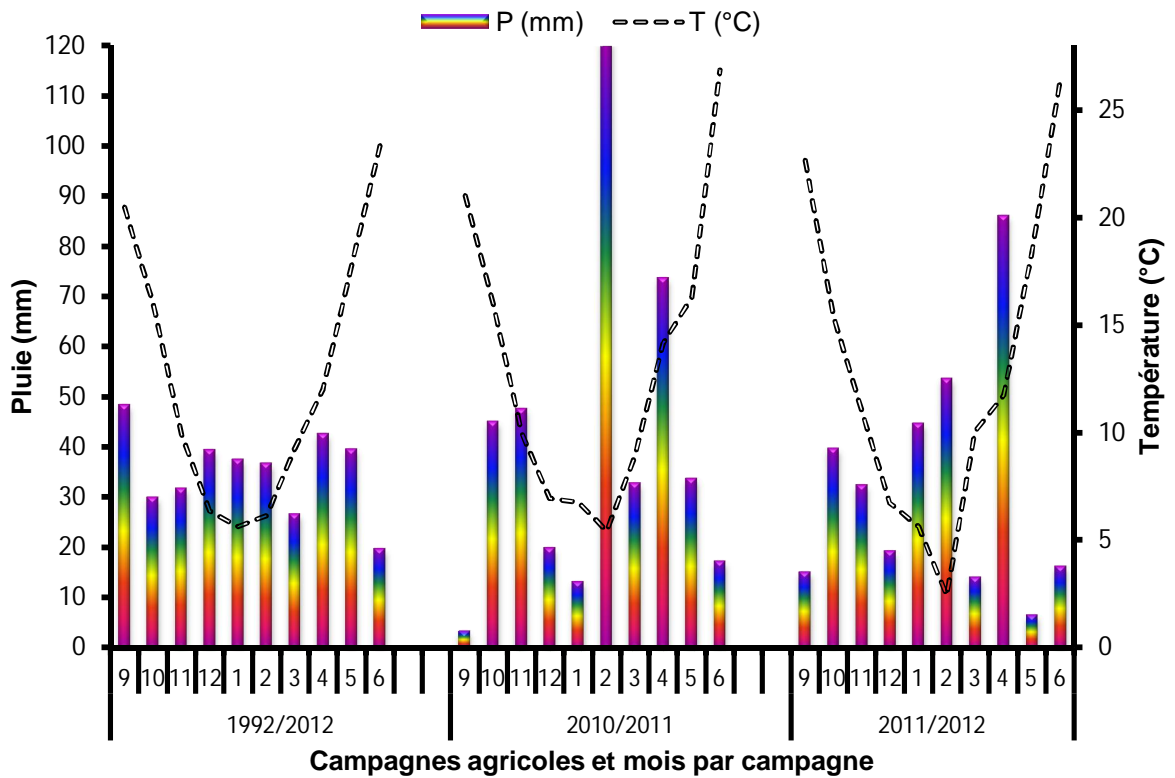


Figure 3.1 : Pluviométrie et températures moyennes des 20 dernières années et des deux dernières campagnes enregistrées sur le site ITGC de Sétif.

Du point de vue distribution, la campagne moyenne des 20 années se caractérise par une répartition homogène des pluies de septembre à mai, avec une moyenne variant entre 30 et 40 mm pour la plupart des mois, hormis les mois de mars et juin. En effet, le mois de septembre présente le cumul moyen le plus élevé avec 48.4 mm alors que c'est l'inverse pour le mois de juin avec 19.8 mm

seulement. La campagne 2010/11 se distingue par une fin d'hiver-début printemps très pluvieuse, un automne et une fin de cycle humide. En 2011/12 c'est plutôt la fin du cycle de la culture qui est sèche notamment au cours du mois de mai, période de remplissage du grain, avec 6.6 mm de pluie seulement. Pendant cette phase le cumul mensuel le plus élevé a été noté pour le mois d'avril avec 53.8 mm (Figure 3.1). La répartition de la température est bimodale, élevée au cours de l'été et basse au cours de l'hiver atteignant les plus faibles valeurs au cours des mois de janvier et février (5.6 et 2.4 pour la campagne 2011/2012). De novembre au mois de mars, la température moyenne mensuelle reste inférieure à 10°C, ce qui empêche le développement de la végétation. La température moyenne s'élève rapidement à partir du mois d'avril, passant du dessous de 10°C à plus de 25°C (Figure 3.1).

### 3.2 Analyse du comportement des géniteurs et des hybrides

#### 3.2.1 Les caractères morphologiques

L'analyse de la variance met en évidence un effet génotype significatif pour l'ensemble des caractères morphologiques mesurés, hormis le poids spécifique foliaire qui ne présente pas d'effet génotype significatif et qui de ce fait ne fera pas l'objet d'analyse génétique vu que la variabilité existante est uniquement d'origine environnementale (Tableau 3.1). Pour les autres caractères, les résultats révèlent la présence d'une importante variabilité d'origine génétique au sein du matériel végétal étudié. La variabilité observée s'explique par la diversité des géniteurs utilisés en croisement et mérite d'être exploitée à des fins de sélection pour améliorer le rendement et l'adaptation du blé tendre à la variation des milieux de production. La décomposition de l'effet génotype entre les géniteurs et les hybrides indique aussi un effet parent significatif pour l'ensemble des caractères, mis à part la longueur du col de l'épi qui ne présente pas de variabilité génétique chez les parents et un effet hybride significatif pour l'ensemble des caractères excepté l'indice de récolte et la surface foliaire (Tableau 3.1).

La décomposition de l'effet parent entre l'effet des lignées et celui des testeurs indique un effet lignée significatif pour le poids de la plante, celui de la paille produite, celui des épis par plante, le nombre d'épis, le nombre de grains par épi, le rendement grain, le poids de 1000-grains, la précocité à l'épiaison,

l'extrusion et la longueur de l'épi. Par contre l'effet testeur est significatif pour la paille produite par plante, le poids de la plante, celui des épis, le nombre d'épis, le nombre de grains par épi, le poids de 1000-grains, l'indice de récolte, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, l'extrusion de la paille et la longueur de l'épi, mais pas la longueur du col de l'épi (Tableau 3.1). Un effet significatif suggère que des différences d'ordre génétique existent pour le caractère d'intérêt entre les individus pris comme source de variation. Le contraste entre les lignées et les testeurs (L vs. T ou F vs. M) indique des différences significatives entre ces deux sources de variation pour le nombre d'épis par plante, celui des grains par épi, le poids de 1000-grains, la hauteur de la plante et la surface de la feuille étendard (Tableau 3.1).

L'étude des valeurs moyennes des caractères analysés par source de variation indique que chez les lignées c'est A<sub>1135</sub>, (Acsad<sub>1135</sub>), qui se distingue par les meilleures valeurs moyennes pour le poids par plante, le poids des épis, celui de la paille, le nombre d'épis, le rendement grain, le poids de 1000 grains, la hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi. La meilleure lignée pour le nombre de grains par épi est Ain Abid (AA) (Tableau 3.2). A<sub>901</sub> est la lignée qui présente les plus faibles valeurs moyennes pour le poids de la plante, celui de la paille, celui des épis, le nombre d'épis, le rendement grain, le poids de 1000-grains et la hauteur de la plante. Par contre A<sub>1069</sub> se distingue par les plus faibles valeurs moyennes pour la précocité à l'épiaison, la surface de la feuille étendard et la longueur de l'extrusion du col de l'épi (Tableau 3.2). Aucune lignée ne présente les meilleures valeurs pour l'ensemble des caractères mesurées.

Chez les testeurs, les meilleures valeurs moyennes sont notées chez MD pour le poids de la plante, celui de la paille et des épis, le nombre d'épis par plante, le poids de 1000-grains, la précocité au stade épiaison (plus tardive), la hauteur de la plante, la longueur du col et de l'extrusion et la surface de la feuille étendard (Tableau 3.2). Par contre les plus faibles valeurs sont notées chez Wifak notamment pour le poids de la plante, celui de la paille et des épis, le nombre d'épis, le rendement grain, la précocité au stade épiaison (plus précoce) et la longueur de l'extrusion du col de l'épi (Tableau 3.2). Aucun testeur ne se distingue par des valeurs élevées pour l'ensemble des variables mesurées. Les

performances de rendement grain des lignées et des testeurs sont indiquées en figure 3.2.

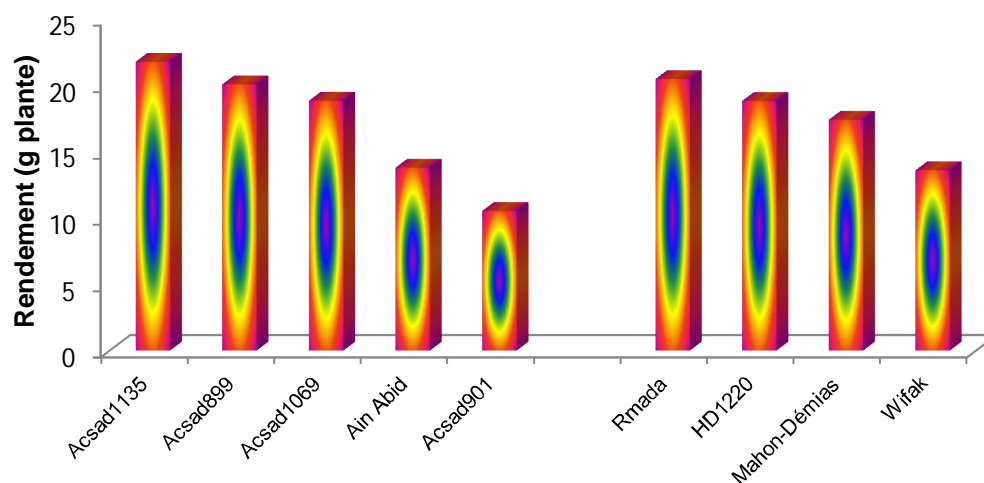


Figure 3.2 : Performances du rendement grain des lignées et des testeurs.

L'étude des valeurs des variables mesurées chez les hybrides montre que les meilleures valeurs moyennes sont variables, selon le caractère, d'un hybride à un autre et peu d'hybrides présentent les meilleures performances pour un grand ensemble de caractères (Tableau 3.3). Ainsi pour le poids de la plante, le nombre d'épis par plante et le rendement grain, c'est l'hybride  $A_{899}/Wifak$  qui est le meilleur ; pour le poids des épis, c'est  $AA/MD$  ; pour le poids de la paille, c'est  $A_{1069}/MD$ . Pour le poids de 1000-grains, c'est  $A_{1069}/MD$  et pour la précocité au stade épiaison, c'est  $A_{1135}/MD$  qui est le plus tardif. Pour la hauteur de la plante, c'est  $A_{1069}/MD$  qui est le plus haut, et pour le col de l'épi, c'est  $A_{1069}/HD$  qui présente le col le plus long (Tableau 3.3).

Il en est de même pour les valeurs moyennes les plus faibles, prises par les hybrides, qui sont variables selon le caractère et l'hybride (Tableau 3.3). Ainsi la plus faible valeur moyenne du poids de la plante est notée chez l'hybride  $A_{901}/Wifak$ , qui présente aussi les plus faibles valeurs moyennes pour le nombre d'épis par plante, la hauteur de la plante, la surface de la feuille étendard et la longueur du col (Tableau 3.3). Le plus faible poids des épis est mesuré chez l'hybride  $A_{1069}/Wifak$  qui se distingue aussi par la plus faible valeur moyenne de l'extrusion.

Tableau 3.1 : Carrés moyens de l'analyse de la variance des caractères morphologiques.

Source	ddl	BIO	PNE	PLL	NE	NGE	RDT	PMG	HI	Prec	HT	SF	PSF	Col	Ext	LE
Rép	2	212.8	175.7	9.7	13	152.2	62	12	25.6	5.7	54.1	57.6	0.6	1.3	1.3	0.3
Géno	28	238.7*	82*	58.2*	23.4*	152.8*	39.7*	33.2*	26.9*	15.6*	226.8*	39.6*	0.9 <sup>ns</sup>	31.6*	8.4*	2.9*
Par	8	317.1*	90.7*	98.9*	29.9*	279.1*	42.7*	63.1*	36.7*	26.4*	348.0*	43.4*	0.4 <sup>ns</sup>	12.4 <sup>ns</sup>	11.3*	2.6*
L	4	400.5*	132.2*	78.0*	28.1*	135.0*	65.5*	53.9*	19.9 <sup>ns</sup>	21.2*	89.0 <sup>ns</sup>	36.3 <sup>ns</sup>	0.2 <sup>ns</sup>	6.4 <sup>ns</sup>	7.8*	3.3*
T	3	300*	64.8*	152.9*	37.2*	475.0*	25.8*	81.3*	71.5*	39.5*	751.2*	0.9 <sup>ns</sup>	0.5 <sup>ns</sup>	24.3 <sup>ns</sup>	19.3*	2.5*
L vs. T	1	34.4 <sup>ns</sup>	2.1 <sup>ns</sup>	19.6 <sup>ns</sup>	15.1*	267.6*	2.2 <sup>ns</sup>	45.3*	0.0 <sup>ns</sup>	7.6 <sup>ns</sup>	174.7*	199.0*	0.5 <sup>ns</sup>	0.5 <sup>ns</sup>	1.0 <sup>ns</sup>	0.3 <sup>ns</sup>
H	19	179.3*	62.9*	39.9*	19.6*	107.6*	33.8*	22.3*	23.9 <sup>ns</sup>	10.7*	171.8*	28.3 <sup>ns</sup>	1.1 <sup>ns</sup>	36.6*	7.4*	2.5*
P vs. H	1	743.3*	376.2*	81.5*	44.5*	2.3 <sup>ns</sup>	129.0*	0.9 <sup>ns</sup>	4.6 <sup>ns</sup>	21.4*	301.4*	225.9*	0.6 <sup>ns</sup>	88.2*	5.8*	11.9*
Erreur	56	90.6	14.8	15.6	3.4	31.4	6.5	6.0	15.1	2.5	34	19.6	0.6	11.4	1.4	0.7

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, HI = Indice de récolte, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étandard, PSF = Poids spécifique foliaire, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi. ns, \* = effet non significatif et significatif au seuil de 5%, respectivement.

Tableau 3.2 : Valeurs moyennes des caractères morphologiques mesurés chez les parents.

	BIO	PNE	PLL	NE	NGE	RDT	PMG	HI	Prec	HT	SF	PSF	Col	Ext	LE
<b>L</b>															
A <sub>901</sub>	28.6	16.6	12.0	7.8	55.1	10.5	23.9	36.4	133.0	66.2	32.0	7.1	25.9	19.1	11.8
A <sub>899</sub>	52.4	29.5	22.9	13.7	44.9	20.0	32.7	38.1	137.3	69.6	27.9	7.3	23.9	20.6	11.5
A <sub>1135</sub>	58.1	33.3	24.8	15.0	44.4	21.7	32.8	37.3	132.7	80.9	28.0	6.8	27.7	19.6	13.5
A <sub>1069</sub>	44.4	27.3	17.1	11.8	49.9	18.8	32.4	42.2	132.3	73.1	26.1	6.7	27.1	18.4	12.7
A A	38.6	21.2	17.3	8.8	60.0	13.7	26.1	35.6	137.7	71.6	34.6	6.6	25.7	22.6	14.0
<b>T</b>															
MD	56.2	26.1	30.1	16.8	26.3	17.3	39.2	30.9	140.0	99.8	24.7	6.6	29.9	23.4	11.4
Rmada	49.6	30.7	18.8	14.1	47.6	20.4	29.5	41.2	132.7	76.0	23.5	7.4	26.9	19.1	13.6
HD <sub>1220</sub>	48.4	28.0	20.4	12.4	55.0	18.8	27.3	38.3	137.3	63.2	24.5	7.2	23.1	18.1	12.2
Wifak	32.6	19.7	12.8	8.4	49.3	13.5	32.8	41.3	132.7	70.6	24.4	7.5	25.5	18.0	12.8
<b>Moy T.</b>	<b>46.7</b>	<b>26.3</b>	<b>20.5</b>	<b>13.0</b>	<b>44.2</b>	<b>17.6</b>	<b>32.3</b>	<b>38.1</b>	<b>135.7</b>	<b>77.4</b>	<b>24.3</b>	<b>7.2</b>	<b>26.3</b>	<b>19.7</b>	<b>12.8</b>
<b>Moy L.</b>	<b>44.4</b>	<b>25.6</b>	<b>18.8</b>	<b>11.4</b>	<b>50.9</b>	<b>16.9</b>	<b>29.6</b>	<b>37.9</b>	<b>134.6</b>	<b>72.3</b>	<b>29.7</b>	<b>6.9</b>	<b>26.0</b>	<b>20.1</b>	<b>12.7</b>
<b>Moy P.</b>	<b>45.6</b>	<b>26.0</b>	<b>19.7</b>	<b>12.2</b>	<b>47.6</b>	<b>17.3</b>	<b>31.0</b>	<b>38.0</b>	<b>135.2</b>	<b>74.9</b>	<b>27.0</b>	<b>7.1</b>	<b>26.2</b>	<b>19.9</b>	<b>12.8</b>
<b>Moy H.</b>	<b>51.8</b>	<b>30.1</b>	<b>21.7</b>	<b>13.6</b>	<b>48.5</b>	<b>19.9</b>	<b>30.7</b>	<b>38.5</b>	<b>134.0</b>	<b>78.6</b>	<b>30.8</b>	<b>7.2</b>	<b>28.3</b>	<b>20.4</b>	<b>13.4</b>
<b>μ = GM</b>	<b>49.8</b>	<b>28.8</b>	<b>21.1</b>	<b>13.2</b>	<b>48.4</b>	<b>19.1</b>	<b>30.7</b>	<b>38.3</b>	<b>134.4</b>	<b>77.4</b>	<b>29.7</b>	<b>7.2</b>	<b>27.7</b>	<b>20.3</b>	<b>13.2</b>
Ppds <sub>5%</sub>	11.2	4.5	4.7	2.2	6.6	3.0	2.9	4.6	1.9	6.9	5.2	0.9	4.0	1.4	1.0

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, HI = Indice de récolte, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étendard, PSF = Poids spécifique foliaire, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi.



Tableau 3.3 : Valeurs moyennes des caractères morphologiques mesurés chez les hybrides.

	BIO	PNE	PLL	NE	NGE	RDT	PMG	HI	Prec	HT	SF	PSF	Col	Ext	LE
A <sub>901</sub> x MD	57.5	30.4	27.1	14.7	42.6	20.2	32.1	35.1	134.3	87.6	37.0	6.7	29.8	22.8	13.2
A <sub>901</sub> x Rmada	55.7	30.3	23.4	14.9	51.8	20.6	27.0	36.9	132.7	75.2	33.2	7.3	28.5	20.9	13.5
A <sub>901</sub> x HD <sub>1220</sub>	41.2	26.9	18.1	10.9	50.6	14.6	25.0	34.0	134.7	69.8	33.0	7.1	30.7	19.5	11.9
A <sub>901</sub> x Wifak	36.3	34.1	13.6	8.3	60.0	15.4	29.3	41.5	133.7	67.1	26.2	6.6	24.9	18.1	11.9
A <sub>899</sub> x MD	56.9	25.5	26.6	17.7	34.9	20.4	33.1	35.9	137.0	89.6	29.6	7.6	29.0	21.9	13.1
A <sub>899</sub> x Rmada	59.4	32.3	22.8	16.5	49.3	24.2	29.7	40.7	132.0	75.8	26.7	9.2	27.1	19.3	14.1
A <sub>899</sub> x HD <sub>1220</sub>	51.7	36.6	21.1	13.9	50.2	20.2	29.4	39.1	135.7	70.6	32.9	6.8	25.1	20.0	11.8
A <sub>899</sub> x Wifak	66.7	30.3	26.4	18.2	50.5	26.6	29.5	40.3	132.3	78.0	29.5	8.3	27.7	19.4	14.0
A <sub>1135</sub> x MD	49.9	33.2	23.0	14.0	34.7	17.3	35.2	35.1	138.0	82.2	28.4	7.4	26.4	20.8	11.6
A <sub>1135</sub> x Rmada	52.3	26.1	22.1	13.3	47.5	19.4	30.7	37.3	132.0	80.3	28.6	7.1	28.0	20.5	14.1
A <sub>1135</sub> x HD <sub>1220</sub>	59.5	23.2	24.1	15.1	47.8	22.7	32.0	38.5	133.7	74.5	29.4	6.7	25.1	19.9	14.0
A <sub>1135</sub> x Wifak	56.9	30.6	20.1	16.1	48.0	24.3	31.4	43.2	131.3	80.0	31.3	7.2	27.8	19.8	14.5
A <sub>1069</sub> x MD	61.9	35.4	27.9	15.1	42.4	23.6	36.8	38.1	134.3	99.2	28.3	7.4	32.2	22.7	13.3
A <sub>1069</sub> x Rmada	54.7	26.3	21.6	13.9	53.7	22.2	29.9	40.5	132.0	77.7	27.3	7.3	27.3	19.6	13.7
A <sub>1069</sub> x HD <sub>1220</sub>	44.8	26.1	18.5	12.1	50.2	17.4	29.0	38.8	133.7	74.0	32.4	6.9	40.9	19.5	13.4
A <sub>1069</sub> x Wifak	48.4	22.7	19.4	13.7	48.1	19.7	30.3	40.9	132.0	78.4	29.7	6.9	27.8	16.8	14.0
AA x MD	47.7	40.3	22.2	12.1	51.5	20.0	33.6	43.5	135.7	86.1	31.8	6.7	28.7	22.9	13.8
AA x Rmada	45.4	36.8	19.3	10.5	52.2	16.2	29.7	36.0	134.0	77.5	35.2	6.6	27.9	22.3	14.8
AA x HD <sub>1220</sub>	46.6	29.0	20.5	11.1	52.1	15.7	27.8	34.6	137.0	71.7	35.9	7.2	25.2	21.1	13.9
AA x Wifak	42.6	25.7	16.9	10.8	51.6	16.6	30.1	39.4	134.0	76.5	29.2	6.9	27.0	21.0	13.6
<b>Moy H.</b>	<b>51.8</b>	<b>30.1</b>	<b>21.7</b>	<b>13.6</b>	<b>48.5</b>	<b>19.9</b>	<b>30.7</b>	<b>38.5</b>	<b>134.0</b>	<b>78.6</b>	<b>30.8</b>	<b>7.2</b>	<b>28.3</b>	<b>20.4</b>	<b>13.4</b>
Ppds <sub>5%</sub>	11.2	4.5	4.7	2.2	6.6	3.0	2.9	4.6	1.9	6.9	5.2	0.9	4.0	1.4	1.0

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, HI = Indice de récolte, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étandard, PSF = Poids spécifique foliaire, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi. \*, \*\* = effet significatif au seuil de 5 et 1%, respectivement.

Les plus faibles valeurs moyennes du nombre de grains par épi et de la longueur de l'épi sont notées chez l'hybride A<sub>1135</sub>/MD. Par contre les plus faibles valeurs moyennes du rendement grain, du poids de 1000-grains et de l'indice de récolte sont notées chez A<sub>901</sub>/HD<sub>1220</sub> (Tableau 3.3). Ces résultats indiquent les difficultés de trouver un hybride qui présente de bonnes valeurs pour un ensemble de caractères désirables, d'où l'utilité de conduire l'analyse des liaisons entre les variables mesurées chez les parents, mais surtout chez les hybrides qui sont une source de sélection.

Le contraste comparant les performances moyennes des parents à celles des hybrides indique des différences significatives pour le poids de la plante, le poids des épis, celui de la paille, le nombre d'épis par plante, le rendement en grain, la hauteur de la plante, la précocité au stade épiaison, la longueur du col et celle de l'extrusion, le nombre d'épis par plant et la surface foliaire. Les différences du nombre de grains par épi, du poids de 1000-grains, et de l'indice de récolte ne sont pas significatives (Tableaux 3.1, 3.2). Les différences sont de manière générale en faveur de l'hybride, ce qui suggère un effet d'hétérosis positif généré par l'hybride.

L'étude des relations entre les différentes variables mesurées indique que la biomasse est corrélée positivement avec le rendement en grain, le poids des épis, le rendement paille et le nombre d'épis par plant alors que le rendement en grain, objectif principal de la sélection chez l'espèce étudiée est lié à la biomasse produite et au poids et au nombre d'épis produits par plant (Tableau 3.4). La liaison significative qui existe entre la biomasse aérienne et le poids des épis par plant confirme que ce dernier représente une composante déterminante de la biomasse (Figure 3.3).

Ces résultats indiquent que l'utilisation de la biomasse aérienne et du poids des épis comme critères de sélection, pourrait engendrer des améliorations significatives du rendement grain. Ces liaisons indiquent qu'un haut rendement est la résultante d'une répartition équilibrée de la matière sèche accumulée entre les parties grain et paille, débouchant sur la production d'un nombre élevé de grains par plante qui se manifeste surtout chez les génotypes réussissant un nombre élevé d'épis et une bonne fertilité épi (Figure 3.4). Le rendement en paille est

corrélé au nombre d'épis par plant ; par contre, le poids de mille grains et la hauteur du chaume sont négativement et significativement liés au nombre de grains par épi (Figure 3.5, Tableau 3.4).

Tableau 3.4 : Corrélations phénotypiques entre les variables mesurées chez les géniteurs.

	BIO	PNE	PLL	NE	NGE	RDT	PMG	HI
BIO	1.000							
PNE	<b>0,910**</b>	1.000			$r_{5\%} =$	0.67	$r_{1\%} =$	0.80
PLL	<b>0,918**</b>	<b>0,672*</b>	1.000					
NE	<b>0,959**</b>	<b>0,830**</b>	<b>0,921**</b>	1.000				
NGE	-0,632 <sup>ns</sup>	-0,369 <sup>ns</sup>	<b>-0,779*</b>	<b>-0,784*</b>	1.000			
RDT	<b>0,895**</b>	<b>0,994**</b>	0,651 <sup>ns</sup>	<b>0,819**</b>	-0,375 <sup>ns</sup>	1.000		
PMG	0,616 <sup>ns</sup>	0,420 <sup>ns</sup>	<b>0,701*</b>	<b>0,699*</b>	<b>-0,902**</b>	0,455 <sup>ns</sup>	1.000	
HI	-0,257 <sup>ns</sup>	0,137 <sup>ns</sup>	-0,591 <sup>ns</sup>	-0,310 <sup>ns</sup>	0,477 <sup>ns</sup>	0,194 <sup>ns</sup>	-0,236 <sup>ns</sup>	1.000
HT	0,566 <sup>ns</sup>	0,275 <sup>ns</sup>	<b>0,749*</b>	<b>0,692*</b>	<b>-0,888**</b>	0,255 <sup>ns</sup>	<b>0,795*</b>	-0,602 <sup>ns</sup>

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, HI = Indice de récolte, H = Hauteur de la végétation. \*, \*\* = coefficients significatifs au seuil de 5 et 1%, respectivement.

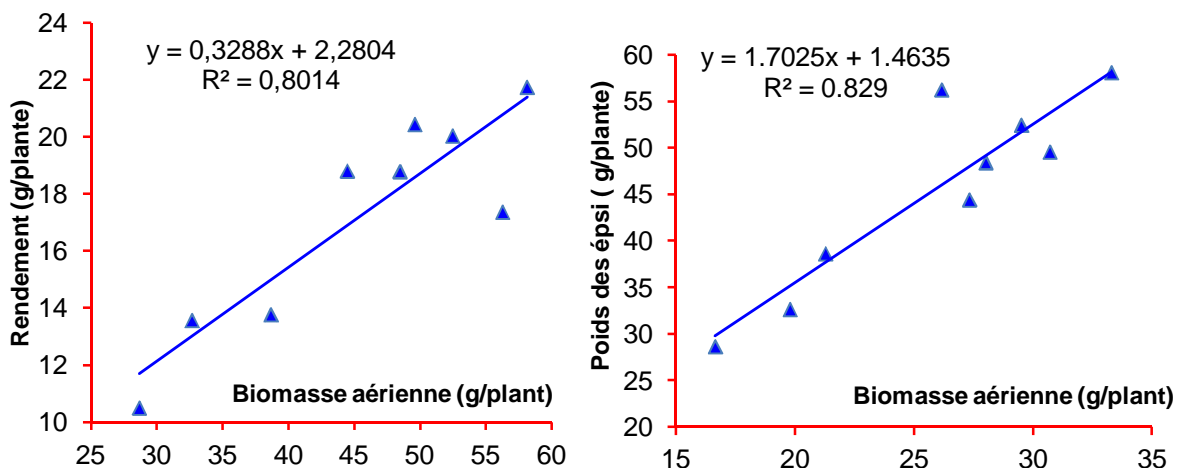


Figure 3.3 : Liaisons entre la biomasse et le rendement grain d'une part et entre la biomasse et le poids des épis des 9 géniteurs, d'autre part.

Ceci suggère que pour avoir une bonne fertilité épi, il faut consentir une importante réduction de la hauteur du chaume (Tableau 3.4). La réalisation, par un génotype donné, d'un nombre de grains par plante élevé, concomitant à un poids de 1000 grains élevé, n'est possible que si la valeur prise par le nombre de grains par épi est relativement faible comparativement au potentiel. Ceci suite à l'effet de

compensation qui lie ces deux composantes et qui est le plus souvent de type négatif (Tableau 3.4, Figure 3.5). Chez les hybrides, le rendement grain est significativement lié au poids de la plante ou biomasse aérienne ( $r = 0.917^{**}$ ), au poids de la paille produite par plante ( $r = 0.663^{**}$ ), au nombre d'épis par plante ( $r = 0.860^{**}$ ), à l'indice de récolte ( $r = 0.462^*$ ), à la précocité au stade épisaison ( $r = -0.474^*$ ) et au poids spécifique foliaire ( $r = 0.554^*$ ) (Tableau 3.5).

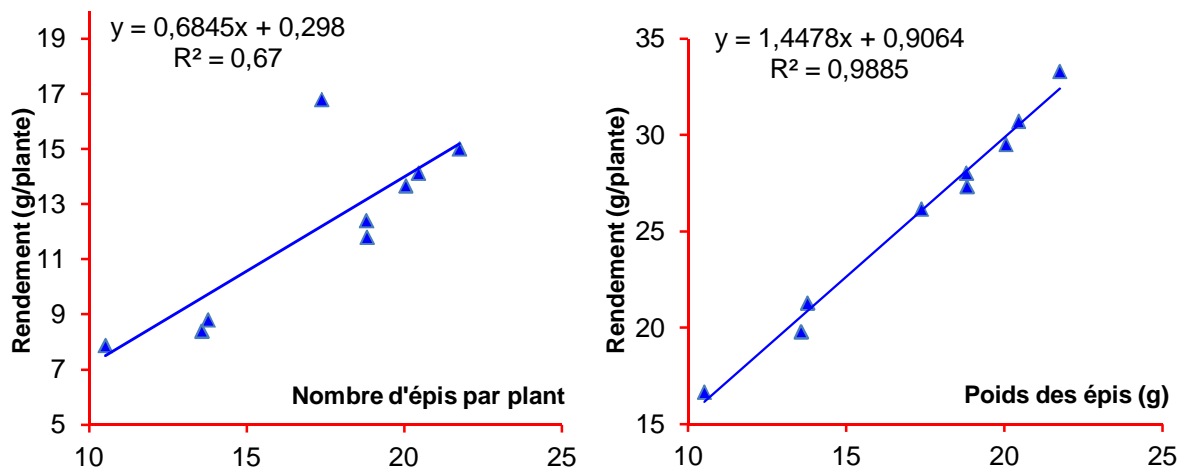


Figure 3.4 : Liaisons entre le rendement, le poids des épis et le nombre d'épis par plant des 9 géniteurs.

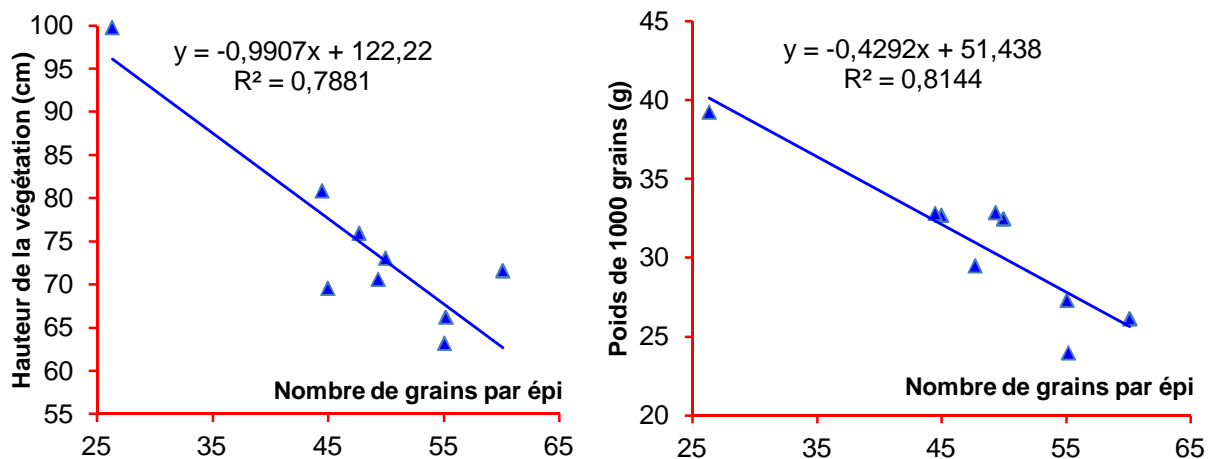


Figure 3.5 : Liaisons entre la hauteur, le poids de 1000 grains et le nombre de grains par épi des 9 géniteurs.

Le poids de la plante qui présente la corrélation la plus élevée, en valeur, avec le rendement grain, est significativement lié à la quantité de paille produite par plante ( $r = 0.875^{**}$ ), au nombre d'épis par plante ( $r = 0.927^{**}$ ), à la hauteur de la plante ( $r = 0.520^*$ ) et au poids spécifique foliaire ( $r = 0.563^{**}$ ) (Tableau 3.5). Le nombre d'épis par plante présente une liaison négative avec le nombre de grains par épi ( $r = - 0.658^{**}$ ), en plus de ces liaisons positives avec les caractères ci-dessus cités (Tableau 3.5).

Le poids de 1000-grains est lié négativement avec le nombre de grains par épi ( $r = - 0.651^{**}$ ) et positivement avec la hauteur des plantes ( $r = 0.822^{**}$ ). Ceci suggère que sous les conditions agro climatiques d'évaluation de la présente étude, les hybrides, hauts de paille, produisent de gros grains et des épis peu fertiles. La hauteur est aussi positivement liée à l'extrusion du col de l'épi ( $r = 0.630^{**}$ ), mais pas avec la longueur du col de l'épi ( $r = 0.246^{ns}$ ). Paradoxalement et malgré son rôle, souvent cité, dans l'accumulation et le transfert des sucres solubles vers le grain, le col de l'épi ne présente aucune liaison significative avec les caractères mesurés (Tableau 3.5).

L'analyse de la régression progressive des données des hybrides montre l'importance de poids de la plante ou biomasse aérienne dans la matérialisation du rendement grain. En effet le poids de la plante, à lui seul, explique plus 83.0% de la variation observée du rendement grain des hybrides (Figure 3.6):

$$\text{RDT (g/plante)} = 0.398 \text{ BIO} - 0.742 \text{ (R}^2 = 0.830\text{)}$$

Les autres caractères qui complètent ce dernier sont le poids de la paille produite et l'indice de récolte, donnant le modèle suivant (Tableau 3.6) :

$$\text{RDT (g/plante)} = 0.445 \text{ BIO} + 0.410 \text{ HI} - 0.158 \text{ PLL} - 15.83 \text{ (R}^2 = 0.994\text{)}$$

Tableau 3.5 : Corrélations phénotypiques entre les variables mesurées chez les hybrides.

	BIO	PNE	PLL	NE	NGE	RDT	PMG	HI	Prec	HT	SF	PSF	Col	Ext
PNE	-0.045 <sup>ns</sup>	1.000												
PLL	<b>0.875**</b>	0.053 <sup>ns</sup>	1.000					r <sub>5%</sub> =	0.444	n-2 = 18				
NE	<b>0.927**</b>	-0.158 <sup>ns</sup>	<b>0.806**</b>	1.000										
NGE	-0.430 <sup>ns</sup>	0.114 <sup>ns</sup>	<b>-0.659**</b>	<b>-0.568**</b>	1.000			r <sub>1%</sub> =	0.561					
RDT	<b>0.917**</b>	0.012 <sup>ns</sup>	<b>0.663**</b>	<b>0.860**</b>	-0.193 <sup>ns</sup>	1.000								
PMG	0.387 <sup>ns</sup>	0.273 <sup>ns</sup>	<b>0.537*</b>	0.345 <sup>ns</sup>	<b>-0.651**</b>	0.347 <sup>ns</sup>	1.000							
HI	0.083 <sup>ns</sup>	0.190 <sup>ns</sup>	-0.226 <sup>ns</sup>	0.091 <sup>ns</sup>	0.420 <sup>ns</sup>	<b>0.462*</b>	0.143 <sup>ns</sup>	1.000						
Prec	-0.255 <sup>ns</sup>	0.280 <sup>ns</sup>	0.126 <sup>ns</sup>	-0.184 <sup>ns</sup>	<b>-0.463*</b>	<b>-0.474*</b>	0.284 <sup>ns</sup>	<b>-0.525*</b>	1.000					
HT	<b>0.520*</b>	0.179 <sup>ns</sup>	<b>0.728**</b>	<b>0.477*</b>	<b>-0.677**</b>	0.408 <sup>ns</sup>	<b>0.822**</b>	-0.039 <sup>ns</sup>	0.154 <sup>ns</sup>	1.000				
SF	-0.121 <sup>ns</sup>	0.149 <sup>ns</sup>	0.074 <sup>ns</sup>	-0.174 <sup>ns</sup>	0.020 <sup>ns</sup>	-0.307 <sup>ns</sup>	-0.302 <sup>ns</sup>	<b>-0.470*</b>	0.279 <sup>ns</sup>	-0.061 <sup>ns</sup>	1.000			
PSF	<b>0.563**</b>	-0.022 <sup>ns</sup>	0.397 <sup>ns</sup>	<b>0.629**</b>	-0.207 <sup>ns</sup>	<b>0.554*</b>	-0.002 <sup>ns</sup>	0.073 <sup>ns</sup>	-0.200 <sup>ns</sup>	0.116 <sup>ns</sup>	-0.401 <sup>ns</sup>	1.000		
Col	-0.044 <sup>ns</sup>	-0.132 <sup>ns</sup>	0.060 <sup>ns</sup>	0.005 <sup>ns</sup>	-0.134 <sup>ns</sup>	-0.060 <sup>ns</sup>	0.010 <sup>ns</sup>	-0.086 <sup>ns</sup>	-0.079 <sup>ns</sup>	0.246 <sup>ns</sup>	0.181 <sup>ns</sup>	-0.052 <sup>ns</sup>	1.000	
Ext	0.190 <sup>ns</sup>	<b>0.460*</b>	<b>0.506*</b>	0.062 <sup>ns</sup>	-0.379 <sup>ns</sup>	-0.019 <sup>ns</sup>	<b>0.465*</b>	-0.350 <sup>ns</sup>	<b>0.475*</b>	<b>0.630**</b>	0.434 <sup>ns</sup>	-0.139 <sup>ns</sup>	0.116 <sup>ns</sup>	1.000
LE	0.348 <sup>ns</sup>	-0.163 <sup>ns</sup>	0.161 <sup>ns</sup>	0.236 <sup>ns</sup>	0.174 <sup>ns</sup>	0.405 <sup>ns</sup>	0.019 <sup>ns</sup>	0.288 <sup>ns</sup>	<b>-0.539*</b>	0.188 <sup>ns</sup>	0.102 <sup>ns</sup>	0.156 <sup>ns</sup>	0.030 <sup>ns</sup>	0.120 <sup>ns</sup>

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, HI = Indice de récolte, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étandard, PSF = Poids spécifique foliaire, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion. \*, \*\* = coefficients significatifs au seuil de 5 et 1%, respectivement.

Tableau 3.6 : Analyse de la régression progressive du rendement sur les variables mesurées chez les hybrides.

Source	ddl	SCE	CME	F
Régression	3	213.17	71.04	1047**
Résiduelle	17	1.15	0.068	----
Total	20	214.32	----	----

ddl = Degré de liberté, SCE = Somme des carrés des écarts, CME = Carré moyen des écarts.

Les résultats de l'étude de l'analyse des corrélations et la régression progressive mettent en évidence le rôle joué par la biomasse aérienne dans la détermination du rendement grain de l'hybride. Cependant ce caractère est aussi complexe que le rendement lui-même et de ce fait il est peu intéressant comme critère de sélection dont la mesure où sa détermination se fait au même moment que le rendement grain, et dans ce cas le rendement grain serait plus intéressant [64]. Il est donc important de chercher à connaître quels sont les déterminants du poids de la plante ou biomasse aérienne. Dans ce contexte, la régression progressive retient le nombre d'épis comme première variable explicative du poids de la plante, entrant le modèle et expliquant 85.2% de la variation de la biomasse observée chez les hybrides. Le modèle est le suivant :

$$\text{Poids du plant (g)} = 2.805 \text{ NE} + 13.53 \text{ (R}^2 = 0.852\text{)}$$

Les deux autres variables retenus par le modèle sont la paille produite et le nombre de grains par épi (Tableau 3.7) :

$$\text{Poids du plant (g)} = 2.001 \text{ NE} + 1.143 \text{ PLL} + 0.387 \text{ NGE} - 19.13 \text{ (R}^2 = 0.949\text{)}$$

Tableau 3.7 : Analyse de la régression progressive du poids de la plante sur les variables mesurées chez les hybrides.

Source	ddl	SCE	CME	F
Régression	3	1086.9	362.29	126.2**
Résiduelle	17	48.8	2.87	----
Total	20	1135.6	----	----

ddl = Degré de liberté, SCE = Somme des carrés des écarts, CME = Carré moyen des écarts.

Ces résultats indiquent que l'appréciation du nombre d'épis, de la paille produite et des grains par épi sont des indicateurs de la biomasse aérienne accumulée chez un génotype donné. Les épis produits par unité de surface peuvent faire l'objet d'une appréciation visuelle, plus rapide et plus simple, au stade épiaison, comparativement à la détermination du rendement grain ou de la biomasse aérienne, au stade maturité. La sélection sur la base de ce caractère mérite d'être conduite, dans le cadre de la poursuite de ce travail, pour en déterminer l'efficacité (Figure 3.7).

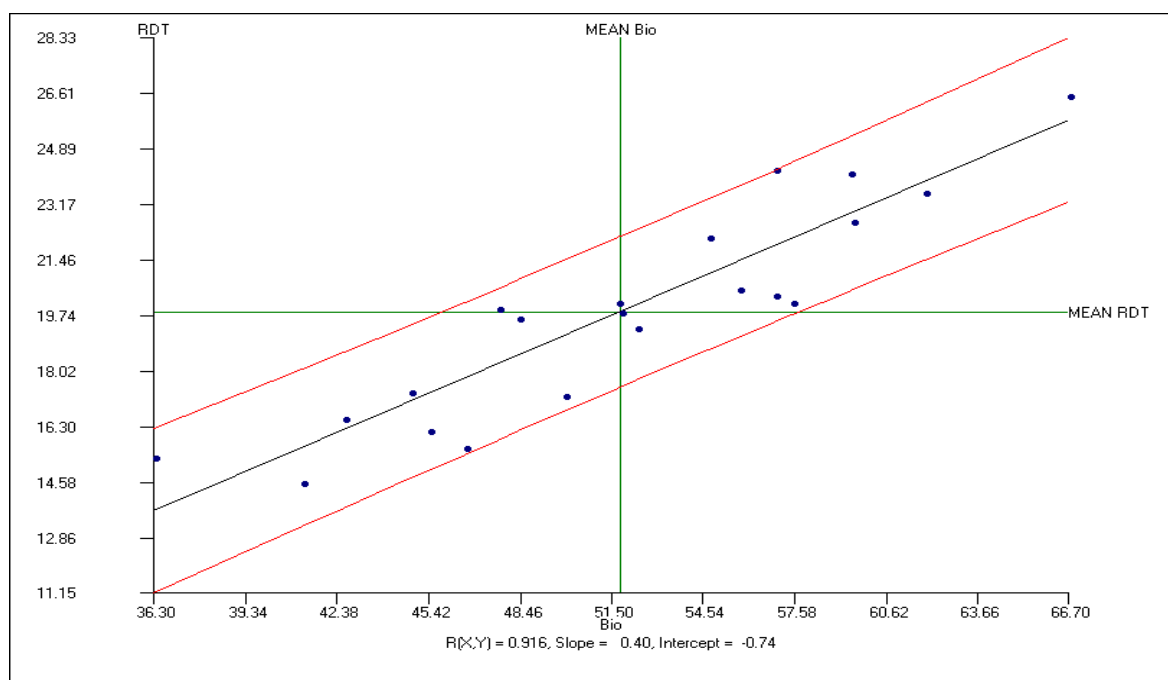


Figure 3.6 : Liaison entre le poids de la plante (BIO) et le rendement grain (RDT) par plante chez les hybrides.



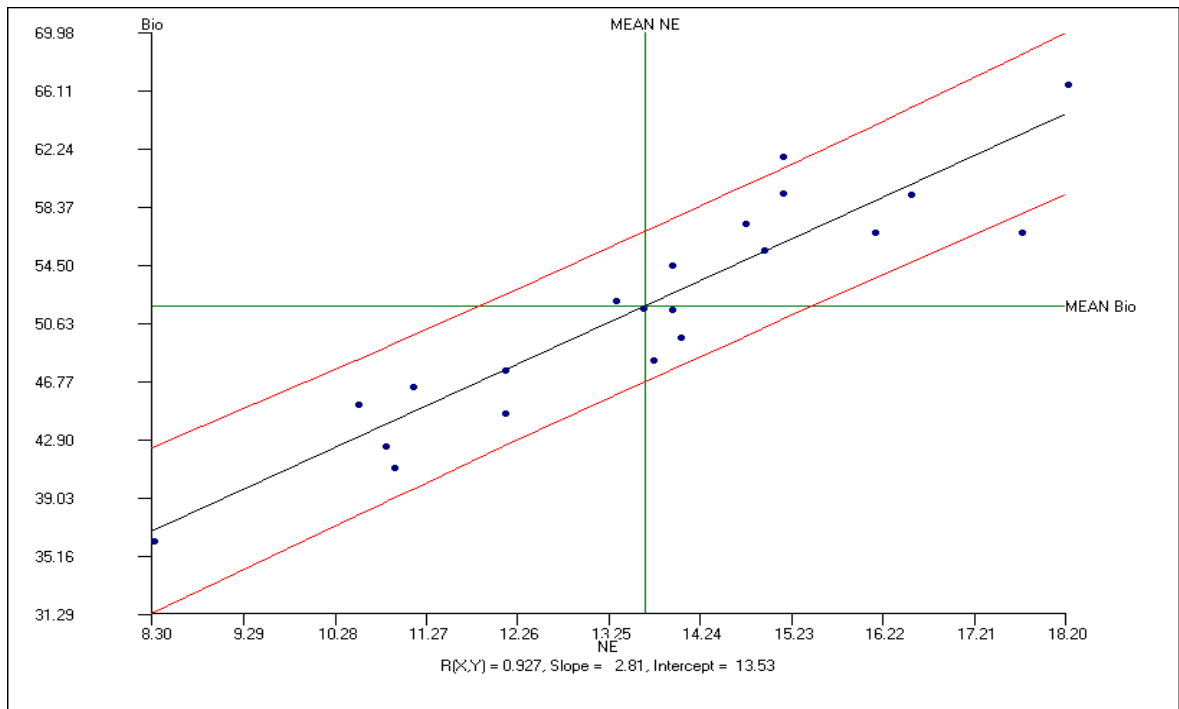


Figure 3.7 : Liaison entre le nombre d'épis par plante (NE) et le poids de la plante (BIO) chez les hybrides.

### 3.2.2 Les caractères physiologiques

L'analyse de la variance effectuée sur l'ensemble des génotypes montre un effet génotype significatif pour la teneur relative en eau, la chlorophylle SPAD, CCI et la proline (Tableau 3.8). La décomposition de l'effet génotype montre un effet parent significatif pour la chlorophylle SPAD, CCI et la proline et non significatif pour la teneur relative en eau (Tableau 3.8). L'effet lignées est significatif pour la chlorophylle SPAD et CCI, alors que l'effet testeur l'est pour la chlorophylle SPAD uniquement (Tableau 3.8).

Ces résultats suggèrent que les lignées diffèrent significativement pour le contenu en chlorophylle SPAD et CCI, alors que les testeurs diffèrent significativement pour la chlorophylle SPAD uniquement. Le contraste entre lignées et testeurs indique des différences significatives entre ces deux sources de variation pour le contenu en proline (Tableau 3.8). L'effet hybride est significatif pour la chlorophylle SPAD et CCI et pour la proline et non significatif pour la teneur relative en eau. Le contraste parents vs. hybrides indique des différences pour la teneur relative en eau et le contenu en proline (Tableau 3.8).

L'étude des valeurs moyennes indique que chez les parents, le génotype qui présente une bonne valeur propre pour la teneur relative en eau est la lignée Acsad<sub>1069</sub> avec une valeur moyenne de 93.2% (Acsad<sub>1069</sub>), alors que la valeur minimale est mesurée chez le testeur Rmada (RD) dont la moyenne est de 90.1% (Tableau 3.9). L'hybride Ain Abid x Mahon-Démias (AA x MD) affiche la valeur maximale 93.4% pour la teneur relative en eau dont la valeur moyenne minimale de 87.0% est mesurée chez l'hybride Acsad<sub>1069</sub>/Rmada (Tableau 3.9).

Tableau 3.8 : Carrés moyens de l'analyse de la variance des caractères physiologiques mesurés.

Source	ddl	TRE	SPAD	CCI	Pro
Répétition	2	126.1	32.1	246.2	156.3
Génotype	28	8.5*	18.7*	114.6**	109.1**
Parents (P)	8	3.0 <sup>ns</sup>	24.6*	119.7**	45.0*
Lignées (L)	4	1.9 <sup>ns</sup>	28.7*	188.9**	31.4 <sup>ns</sup>
Testeurs (T)	3	1.0 <sup>ns</sup>	25.2*	52.6 <sup>ns</sup>	39.1 <sup>ns</sup>
L vs. T	1	13.6 <sup>ns</sup>	6.7 <sup>ns</sup>	44.2 <sup>ns</sup>	116.6**
Hybrides (H)	19	7.8 <sup>ns</sup>	15.5*	117.8**	132.8**
P vs. H	1	65.5*	30.4 <sup>ns</sup>	13.4 <sup>ns</sup>	171.6**
Erreur	56	5.4	7.5	20.0	15.0

TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline. ns, \*, \*\* = effets non significatif et significatifs au seuil de 5 et 1%, respectivement.

La teneur moyenne en chlorophylle SPAD mesurée chez les femelles varie de 45.3 pour Ain Abid à 53.9 pour Acsad<sub>1069</sub>. Les moyennes des testeurs varient de 44.5 chez Mahon-Démias à 51.5 chez HD<sub>1220</sub> (Tableau 3.9). Les moyennes varient chez les hybrides de 46.9 pour Acsad<sub>899</sub> x Mahon-Démias à 55.3 pour Acsad<sub>1069</sub> x Wifak. Les hybrides Acsad<sub>899</sub> x Wifak et Acsad<sub>1069</sub> x Wifak présentent des valeurs moyennes supérieures à celles des lignées et les hybrides Acsad<sub>901</sub> x Rmada, Acsad<sub>1135</sub> x Rmada, Acsad<sub>1135</sub> x Wifak, Acsad<sub>899</sub> x Wifak et Acsad<sub>1069</sub> x Wifak présentent des valeurs moyennes supérieures à la valeur propre du meilleur testeur pour cette caractéristique (Tableau 3.9).

La teneur en chlorophylle CCI varie de 25.1 à 45.3 chez les parents femelles, de 28.0 à 38.0 chez les parents mâles. Elle varie de 27.8 à 50.1 chez les hybrides (Tableau 3.9). La lignée Acsad<sub>1135</sub> possède la plus grande valeur propre. Les deux hybrides Acsad<sub>901</sub> x Rmada et Acsad<sub>1135</sub> x Wifak affichent des valeurs moyennes supérieures à celle de la meilleure lignée. Par contre les hybrides Acsad<sub>901</sub> x

Rmada, Acsad<sub>1135</sub> x Wifak, Acsad<sub>1069</sub> x Rmada et Acsad<sub>1069</sub> x HD<sub>1220</sub> présentent des valeurs supérieures à la valeur propre du meilleur testeur Wifak (Tableau 3.9).

Tableau 3.9 : Performances moyennes des caractères physiologiques mesurés chez les parents et les hybrides.

Source	Génotype	TRE	SPAD	CCI	Pro
L	A <sub>901</sub>	91.3	50.7	31.3	26.7
	A <sub>899</sub>	92.1	49.3	36.5	30.2
	A <sub>1135</sub>	91.9	49.2	45.3	27.7
	A <sub>1069</sub>	93.2	53.9	40.9	24.4
	AA	92.9	45.3	25.1	32.8
T	MD	91.3	44.5	28.0	20.2
	RD	90.1	49.5	32.5	26.7
	HD	90.7	51.5	34.4	27.8
	WK	91.3	51.1	38.0	22.0
H	A <sub>901</sub> x MD	88.8	48.4	28.8	35.0
	A <sub>901</sub> x RD	88.9	51.8	50.1	28.3
	A <sub>901</sub> x HD	90.1	49.7	37.0	30.3
	A <sub>901</sub> x WK	91.8	49.6	30.6	16.4
	A <sub>899</sub> x MD	90.7	46.9	31.1	20.8
	A <sub>899</sub> x RD	89.2	49.8	37.8	27.7
	A <sub>899</sub> x HD	89.3	50.0	35.9	25.0
	A <sub>899</sub> x WK	87.2	54.7	35.3	28.2
	A <sub>1135</sub> x MD	91.4	48.2	27.8	37.1
	A <sub>1135</sub> x RD	89.6	52.1	33.4	36.0
	A <sub>1135</sub> x HD	88.9	50.7	36.8	24.3
	A <sub>1135</sub> x WK	87.8	53.4	48.2	26.7
	A <sub>1069</sub> x MD	89.4	49.3	30.2	34.4
	A <sub>1069</sub> x RD	87.0	52.9	41.1	33.3
	A <sub>1069</sub> x HD	90.0	50.7	41.2	40.2
	A <sub>1069</sub> x WK	90.9	55.3	37.6	35.0
	AA x MD	93.4	48.8	25.5	29.5
	AA x RD	88.8	49.6	33.0	22.4
	AA x HD	90.5	47.4	35.9	39.2
	AA x WK	92.0	50.5	32.8	21.0
	<b><math>\mu = GM</math></b>	<b>90.4</b>	<b>50.2</b>	<b>35.2</b>	<b>28.6</b>
	<b>Moy L.</b>	<b>92.3</b>	<b>49.7</b>	<b>35.8</b>	<b>28.4</b>
	<b>Moy T.</b>	<b>90.9</b>	<b>49.2</b>	<b>33.2</b>	<b>24.2</b>
	<b>Moy P.</b>	<b>91.7</b>	<b>49.4</b>	<b>34.7</b>	<b>26.5</b>
	<b>Moy H.</b>	<b>89.8</b>	<b>50.5</b>	<b>35.5</b>	<b>29.5</b>
	Ppds <sub>5%</sub>	2.0	3.2	5.3	4.0

TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline.

Les valeurs moyennes de la teneur en proline varient de 24.4 à 32.8 µg, de 20.2 à 27.8 µg et de 16.4 à 40.2 µg, respectivement pour les lignées, les testeurs et les hybrides. Huit croisements Acsad<sub>901</sub> x Mahon-Démias, Acsad<sub>1135</sub> x Mahon-

Démias, Acsad<sub>1135</sub> x Rmada, Acsad<sub>1069</sub> x Mahon-Démias, Acsad<sub>1069</sub> x Rmada, Acsad<sub>1069</sub> x HD<sub>1220</sub>, Acsad<sub>1069</sub> x Wifak et Ain Abid x HD<sub>1220</sub> ont des valeurs moyennes supérieures à la valeur propre du meilleur parent femelle Ain Abid (Tableau 3.9).

### 3.3 Analyse génétique

#### 3.3.1 Les effets d'aptitude à la combinaison et les performances moyennes

La performance moyenne est l'un des critères les plus importants pour l'évaluation des géotypes. Toutefois, seuls les parents qui se distinguent par une bonne aptitude à la combinaison sont aptes à transmettre à leur descendance leurs caractéristiques désirables [172, 174]. Les aptitudes parentales à transmettre les caractéristiques à la descendance sont estimées en termes d'effets d'aptitude générale à la combinaison (AGC) et d'aptitude spécifique à la combinaison (ASC). Dans le processus de sélection pour améliorer un caractère donné, le choix des parents à croiser est basé sur les effets de l'aptitude à la combinaison et les valeurs propres parentales [175, 176].

##### 3.3.1.1 Estimation des effets d'aptitude générale à la combinaison (AGC)

L'analyse de la variance de l'aptitude à la combinaison comporte trois sources générées par les femelles (L), les mâles (T) et à leur interaction (L x T) (Tableau 3.10). L'effet des femelles (L) est significatif pour le poids de la plante, le poids de la paille produite, celui du poids des épis par plante, le nombre d'épis, celui des grains par épi, le poids de 1000-grains, le rendement grain, la surface de la feuille étendard, la longueur du col, la longueur de l'extrusion, la teneur en chlorophylle CCI et en proline (Tableau 3.10). L'effet des mâles (T) est significatif pour l'ensemble des caractères analysés hormis l'indice de récolte, la teneur relative en eau, la longueur du col, celles de l'épi et de l'extrusion (Tableau 3.10).

Tableau 3.10 : Carrés moyens de l'analyse de la variance de l'aptitude à la combinaison des caractères mesurés.

Source	Rep	L	T	L x T	Erreur
ddl	2	4	3	12	38
BIO	47.5	335.9**	117.8*	142.4*	31.6
PNE	71.9	134.2**	47.2*	43.1*	13.5
PLL	0.7	36.1*	103.9**	25.1*	5.3
NE	8.4	54.5**	11.8*	10.0*	2.6
NGE	51.3	120.5**	357.8**	40.8 <sup>ns</sup>	33.3
RDT	17.5	68.9*	20.0*	25.6*	5.7
PMG	21.1	26.9*	91.1*	3.6 <sup>ns</sup>	5.6
HI	11.7	48.5 <sup>ns</sup>	12.0 <sup>ns</sup>	21.8 <sup>ns</sup>	21.1
Prec	3.8	7.5 <sup>ns</sup>	41.4*	4.2 <sup>ns</sup>	3.0
HT	70.9	85.8 <sup>ns</sup>	787.3*	46.8 <sup>ns</sup>	40.3
SF	57.0	37.7*	33.2*	23.9*	9.6
COL	10.5	55.3*	19.5 <sup>ns</sup>	34.7*	10.4
EXT	1.1	8.1*	26.3 <sup>ns</sup>	2.5 <sup>ns</sup>	1.7
LE	0.1	3.3 <sup>ns</sup>	3.9 <sup>ns</sup>	1.9 <sup>ns</sup>	3.8
TRE	98.5	8.2 <sup>ns</sup>	10.4 <sup>ns</sup>	7.0 <sup>ns</sup>	6.7
SPAD	20.0	15.3 <sup>ns</sup>	54.1*	6.0 <sup>ns</sup>	6.4
CCI	147.8	61.1*	323.4**	85.4*	20.1
Pro	94.2	191.8**	125.1**	115.1**	11.9

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, HI = Indice de récolte, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étendard, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi, TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline. \*, \*\* = effet significatif au seuil de 5 et 1%, respectivement.

Ces effets significatifs suggèrent que les lignées aussi bien que les testeurs se distinguent par des AGC significatifs (Tableau 3.11). L'interaction L x T est significative pour le poids de la plante, le poids de la paille produite, celui du poids des épis par plante, le nombre d'épis, le rendement grain, la surface de la feuille étendard, la longueur du col, la longueur de l'extrusion, la teneur en chlorophylle CCI et en proline (Tableau 3.10). Ces effets significatifs suggèrent que les hybrides se distinguent par des ASC significatifs (Tableau 3.11).

Les lignées Acsad<sub>899</sub> et Ain Abid présentent des effets d'AGC significatifs pour la biomasse aérienne, le poids des épis, le nombre d'épis par plante et le rendement grain. Acsad<sub>899</sub> présente des effets positifs ce qui suggèrent que cette variété porte des gènes qui augmentent l'expression de ce caractère alors qu'Ain Abid présente des effets AGC négatifs, ce qui suggère qu'elle porte des gènes qui réduisent l'expression de ce caractère (Tableau 3.11). Le testeur Mahon-Démias se caractérise par un effet d'AGC significatif et positif pour le poids de la paille.

Pour le nombre de grains par épi, chez les lignées Acsad<sub>1135</sub> et Ain Abid et chez les testeurs Mahon-Démias et Wifak présentent des effets d'AGC significatifs. Ces effets sont positifs chez Ain Abid et Wifak et négatifs chez Mahon-Démias et Acsad<sub>1135</sub> (Tableau 3.11).

Tableau 3.11 : Les effets de l'aptitude générale à la combinaison (AGC) des caractères mesurés chez les parents.

	A <sub>901</sub>	A <sub>899</sub>	A <sub>1135</sub>	A <sub>1069</sub>	AA	se	sed	MD	RD	HD	WK	se	sed
BIO	-4.1	6.8*	2.8	0.6	-6.2*	2.5	3.0	2.9	1.7	-3.0	-1.6	2.0	3.6
PNE	-2.9	4.3*	2.2	0.5	-4.2*	1.9	2.7	-0.6	1.6	-1.7	0.8	1.7	3.1
PLL	-1.1	2.5	0.6	0.1	-2.0	1.7	2.4	3.6*	0.1	-1.2	-2.4	1.4	2.7
NE	-1.4	2.9*	0.9	0.1	-2.5*	0.9	1.2	1.0	0.1	-1.0	-0.2	0.7	1.4
NGE	2.7	-2.2	-3.9*	0.1	3.3*	1.4	2.1	-7.2*	2.4	1.7	3.1*	1.2	2.3
RDT	-2.1	2.9*	1.0	0.8	-2.7*	1.3	1.9	0.4	0.6	-1.7	0.6	1.1	2.1
PMG	-2.2*	-0.1	1.7*	0.8	-0.2	0.6	0.8	3.5*	-1.1*	-1.9*	-0.4	0.5	0.9
HI	-1.5	0.5	0.1	1.0	-0.1	1.0	1.4	-0.9	-0.1	-1.4	2.5*	0.8	1.5
Prec	-0.1	0.2	-0.2	-1.0*	1.1*	0.4	0.6	1.8*	-1.4*	0.9*	-1.3*	0.3	0.7
HT	-3.6*	-0.1	0.6	3.7*	-0.6	1.6	2.3	10.3*	-1.2	-6.4*	-2.5	1.4	2.5
SF	1.5	-1.1	-1.3	-1.3	2.2	1.4	1.9	0.2	-0.5	1.9	-1.6	1.2	2.2
Col	0.1	-1	-1.5	3.6*	-1.1	1.7	2.4	0.8	-0.6	1.0	-1.3	1.4	2.7
Ext	-0.1	-0.2	-0.1	-0.7*	1.3*	0.3	0.4	1.7*	0.1	-0.4	-1.3*	0.2	0.5
LE	-0.8*	-0.1	0.1	0.1	0.6*	0.2	0.3	-0.4*	0.6*	-0.4	0.1	0.2	0.3
TRE	0.1	-0.6	-0.3	-0.4	1.3*	0.6	0.9	0.9	-1.0	-0.0	0.1	0.5	1.0
SPAD	-0.6	-0.1	0.6	1.5*	-1.4*	0.5	0.9	-2.1*	0.7	-0.8	2.2*	0.6	1.0
CCI	1.1	-0.4	1.0	2.0	-3.7*	1.6	2.3	-6.8*	3.5*	1.8	1.4	1.4	2.5
Pro	-2.0	-4.1	1.4	6.1*	-1.5	2.5	3.6	1.8	-0.0	2.2	-4.0	2.2	4.1

Se = erreur standard pour gi, sed = erreur standard de la différence entre gi et gj. \* = effet AGC significatif au seuil de 5%.

Pour le poids de 1000-grains, les effets d'AGC positifs sont dus au testeur Mahon-Démias et la lignée Acsad<sub>1135</sub>, alors que les effets négatifs sont issus des testeurs Rmada, HD<sub>1220</sub> et la lignée Acsad<sub>901</sub> (Tableau 3.11). Pour l'indice de récolte, seul le testeur Wifak présente un effet d'AGC positif estimé à une valeur de 2.5%. Pour la précocité au stade épiaison, la lignée Ain Abid et les testeurs HD<sub>1220</sub> et Mahon Démias allongent cette durée grâce à leurs effets d'AGC positive, par contre la lignée Acsad<sub>1069</sub> et les testeurs Rmada et Wifak, la réduisent suite à leurs effets d'AGC positifs et significatifs (Tableau 3.11). Pour la hauteur de la plante, Acsad<sub>901</sub> et HD<sub>1220</sub> présentent des effets d'AGC négatifs alors qu'Acsad<sub>1069</sub> et Mahon-Démias présentent des effets positifs. Pour ce caractère l'effet de Mahon-Démias est le plus important, estimé à +10.3 cm (Tableau 3.11).

Pour la longueur du col de l'épi, seule la lignée Acsad<sub>1069</sub> présente un effet d'AGC positif estimé à 3.6 cm. Ain Abid présente des effets d'AGC significatif et positif pour la longueur de l'extrusion, la longueur de l'épi et la teneur relative en

eau et négatif pour le contenu en chlorophylle SPAD et CCI. Alors que la lignée Acsad<sub>1069</sub> présentent des effets d'AGC positifs pour la longueur du col, le contenu en chlorophylle SPAD et le contenu en proline et un effet d'AGC significatif et négatif pour la longueur de l'extrusion. Mahon-Démias présente un effet d'AGC positif pour la longueur de l'extrusion et négatif pour la longueur de l'épi et le contenu en chlorophylle SPAD et CCI (Tableau 3.11).

### 3.3.1.2 Estimation des effets d'aptitude spécifique à la combinaison

L'aptitude spécifique à la combinaison (ASC) significative, identifie les meilleures combinaisons d'hybrides dont les meilleures paires alléliques sont complémentaires. Les effets d'ASC des différents caractères varient selon le croisement et le caractère (Tableau 3.12). L'hybride Acsad<sub>901</sub>/Wifak présente des effets d'ASC simultanément pour plusieurs caractères. Les effets d'ASC de la biomasse aérienne, le poids des épis, la longueur de l'épi et le contenu en chlorophylle SPAD et CCI sont significatifs et de signe négatif alors que ceux du nombre d'épis par plante et du nombre de grains par épi sont significatifs et de signe positif (Tableau 3.12).

L'hybride Acsad<sub>1135</sub>/Mahon-Démias présente des effets d'ASC simultanément pour le poids des épis, le rendement grain, la hauteur de la végétation, la longueur de l'extrusion et celle de l'épi dont les valeurs sont de signes négatifs ; l'effet d'ASC de la précocité au stade épiaison est positif (Tableau 3.12). L'évitement de la sécheresse de fin de cycle passe par le raccourcissement du cycle de développement de la céréale. La précocité à l'épiaison est donc un important objectif en sélection. L'hybride Acsad<sub>1135</sub>/HD<sub>1220</sub> présente des effets d'ASC positifs et significatifs pour le poids des épis et la longueur de l'épi et négatif pour le contenu en proline. L'hybride Acsad<sub>1069</sub>/Mahon-Démias présente des effets d'ASC significatifs et positifs pour la longueur de l'extrusion et la hauteur de la végétation (Tableau 3.12).

De plus le col de l'épi représente un site de stockage des sucres non structuraux. Plus la longueur du col et de l'extrusion est importante, plus ce site de stockage est important. Sous stress qui limitent les capacités photosynthétiques de la plante, cette dernière fait appel aux stocks des sucres non structuraux pour aider au remplissage du grain.

Tableau 3.12 : Les effets de l'aptitude spécifique à la combinaison (ASC) des caractères mesurés chez les hybrides.

Hybrides	BIO	PNE	PLL	NE	NGE	RDT	PMG	HI	Prec	HT	SF	Col	Ext	LE	TRE	SPAD	CCI	Pro
A <sub>901</sub> /MD	6.8	3.9	2.9	1.5	-1.4	2.1	0.2	-0.9	-1.4	2.3	4.4	0.4	0.7	0.9*	-2.1	0.7	-1.0	5.7
A <sub>901</sub> /RD	6.3	3.6	2.7	2.5	-1.9	2.3	-0.2	0.2	0.3	1.6	1.5	0.7	0.5	0.2	0.0	1.2	9.9*	0.8
A <sub>901</sub> /HD	-3.4	-2.2	-1.2	-0.3	-2.3	-1.3	-1.4	-1.4	-0.1	1.4	-1.3	1.2	-0.4	-0.3	0.3	0.6	-1.5	0.6
A <sub>901</sub> /WK	-9.8*	-5.3*	-4.5	3.6*	5.5*	-3.0	1.4	2.1	1.2	-5.3	-4.6	-2.2	-0.8	-0.8*	1.8	-2.4*	-7.4*	-7.1
A <sub>899</sub> /MD	-4.7	-3.5	-1.2	0.1	-4.1	-2.9	-0.9	-2.2	0.9	0.8	-0.4	1.0	-0.1	0.2	0.7	-1.2	2.9	-6.5
A <sub>899</sub> /RD	-1.0	0.5	-1.5	-0.2	0.6	0.7	0.5	1.9	-0.8	-1.4	-2.4	0.5	-0.9	0.2	1.1	-1.3	-0.8	2.3
A <sub>899</sub> /HD	-3.9	-2.1	-1.8	-1.7	2.3	-0.9	0.9	1.6	0.5	-1.5	1.3	-3.2	0.3	-1.0*	0.2	0.4	-1.0	-2.7
A <sub>899</sub> /WK	9.6*	5.0*	4.6	1.8	1.1	3.1	-0.5	-1.3	-0.6	2.1	1.5	1.8	0.7	0.5	-2.0	2.1	-1.1	6.9
A <sub>1135</sub> /MD	-7.8	-4.8*	-3.0	-1.7	-2.6	-4.1*	-0.7	-2.5	2.3*	-7.4*	-1.3	-1.3	-1.2*	-1.5*	1.0	-0.8	-1.9	4.3
A <sub>1135</sub> /RD	-4.0	-3.7	-0.3	-1.5	0.6	-2.2	-0.4	-1.1	-0.3	2.4	-0.3	1.8	0.2	-0.1	1.3	0.3	-6.7*	5.0
A <sub>1135</sub> /HD	7.9	4.8*	3.0	1.5	1.6	3.5	1.6	1.5	-1.0	1.7	-2.0	-2.7	0.1	0.8*	-0.5	0.4	-1.6	-9.0*
A <sub>1135</sub> /WK	3.9	3.6	0.3	1.7	0.4	2.7	-0.5	2.1	-1.1	3.3	3.5	2.3	1.0	0.7	-1.8	0.1	10.2*	-0.2
A <sub>1069</sub> /MD	6.5	4.1	2.4	0.3	1.1	2.5	1.7	-0.6	-0.5	6.5*	-1.4	-0.7	1.2*	0.1	-0.9	-0.6	-0.5	-3.1
A <sub>1069</sub> /RD	0.6	0.9	-0.4	0.0	2.7	0.8	-0.4	1.1	0.5	-3.3	-1.5	-4.2	-0.2	-0.5	-1.2	0.1	0.0	-2.5
A <sub>1069</sub> /HD	-4.6	-2.6	-2.1	-0.6	-0.1	-1.6	-0.5	0.7	-0.3	-1.9	1.0	7.7*	0.3	0.1	0.7	-0.5	1.8	2.2
A <sub>1069</sub> /WK	-2.4	-2.4	0.0	0.3	-3.7	-1.7	-0.7	-1.3	0.3	-1.3	1.8	-3.0	-1.4*	0.1	1.4	1.0	-1.4	3.3
AA/MD	-0.9	0.3	-1.2	-0.1	6.9*	2.4	-0.3	6.1*	-1.4	-2.2	-1.4	0.7	-0.7	0.1	1.3	1.9	0.6	-0.4
AA/RD	-1.9	-1.3	-0.5	-0.8	-2.1	-1.5	0.6	-2.2	0.3	0.8	2.7	1.3	0.4	0.1	-1.3	-0.3	-2.4	-5.6
AA/HD	4.1	2.0	2.1	1.0	-1.5	0.3	-0.6	-2.3	0.9	0.2	1.0	-3.1	-0.3	0.3	-0.6	-0.9	2.3	8.9*
AA/WK	-1.3	-1.0	-0.4	-0.1	-3.4	-1.2	0.3	-1.6	0.2	1.2	-2.3	1.1	0.6	-0.5	0.6	-0.8	-0.4	-2.9
se	4.2	2.4	3.0	1.6	2.6	2.0	1.1	2.1	0.8	2.8	2.4	2.0	0.6	0.4	1.2	1.1	2.8	3.5
sed( <i>S<sub>ij</sub>-S<sub>ik</sub></i> )	6.6	4.0	5.0	3.2	3.3	4.8	2.2	4.2	1.6	5.8	3.0	3.1	1.2	0.8	2.4	2.3	3.8	5.2
sed( <i>S<sub>ij</sub>-S<sub>ki</sub></i> )	6.4	4.8	5.9	3.1	3.2	4.7	2.1	4.1	1.6	5.7	3.9	3.6	1.2	0.8	2.3	2.3	3.7	5.3

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, HI = Indice de récolte, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étandard, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi, TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline. \* = effet significatif au seuil de 5%.



Selon BELKHARCHOUCHE *et al.* [177] ce sont les sucres stockés dans le col de l'épi qui contribuent le plus au remplissage du grain. De ce fait les dimensions de ce site de stockage et la nature des actions géniques, qui le caractérisent, sont importantes à connaître pour choisir la méthode de sélection la plus appropriée. Dans ce contexte et selon BENSEMANE *et al.* [178], sous les conditions des hauts plateaux, la croissance du grain débute 4 à 5 jours après l'épiaison. Cette croissance est concomitante à la partie de la paille représentée par l'extrusion. Plus l'extrusion est importante, plus elle entre en compétition, avec le grain dont le développement débute, pour les assimilats produits. La mesure du degré de cette compétition est importante à connaître dans un programme de sélection destiné aux zones sèches.

Sous conditions arides et semi-arides, la hauteur de la végétation est une importante caractéristique. En effet, la hauteur est souvent liée positivement à la capacité de production de la biomasse aérienne et donc de la paille. Or la paille, sous conditions semi-arides, est une importante source d'énergie utilisable dans l'alimentation des cheptels [179]. De plus la hauteur est un caractère de la plante qui se matérialise bien avant le grain. De ce fait, il est souvent plus facile de produire de la paille, parce qu'elle est moins soumise aux contraintes climatiques, que de produire du grain sous les conditions climatiques contraignantes des hauts plateaux. En années sèches, le prix de la paille atteint des seuils qui approchent le prix du grain, ce qui couvre, tant soit peu, les pertes de rendement. L'hybride Ain Abid/Mahon-Démias présente des effets d'ASC significatifs et positifs pour le nombre de grains par épi et l'indice de récolte (Tableau 3.12). Les hybrides restants n'ont pas montré d'effets d'ASC significatifs (Tableau 3.12).

### 3.3.1.3 Analyse des relations entre les valeurs propres des parents (*per se*) et les effets d'AGC et entre les valeurs des hybrides et les effets d'ASC

L'analyse de corrélation révèle que les performances des parents sont significativement liées aux AGC pour l'ensemble des caractères, hormis, le rendement grain, l'indice de récolte, la surface de la feuille étendard, la longueur du col, la teneur relative en eau et la teneur en proline, qui montrent des liaisons non significatives (Tableau 3.13). Des liaisons significatives suggèrent que les valeurs des hybrides sont prévisibles sur la base des AGC des parents qui elles-

mêmes liées aux performances parentales. De ce fait la sélection doit être basée sur l'AGC des parents comme le préconisent GOWDA *et al.* [180]. Ainsi l'amélioration des caractères liés à la biomasse, tel que le poids de la plante ( $r = 0.728^*$ ), celui des épis ( $r = 0.666^*$ ), de la paille produite ( $r = 0.841^*$ ), les composantes du rendement ( $r = 0.693^*$ ), la durée de la phase levée-épiaison ( $r = 0.919^*$ ), la hauteur de la végétation ( $r = 0.902^*$ ) et le contenu en chlorophylle ( $r = 0.736^*$ ), peut se faire sur la base des AGC (Tableau 3.13).

Tableau 3.13 : Corrélations phénotypiques entre les valeurs des parents et les AGC et les valeurs des hybrides et les ASC des différents caractères mesurés.

Caractères	$r_{\text{moy/AGC}}$	$r_{\text{moy/ASC}}$
BIO	0.728	0.708
PNE	0.666	0.012
PLL	0.841	0.631
NE	0.693	0.024
NGE	0.884	0.489
RDT	0.642	0.691
PMG	0.870	0.322
HI	0.584	0.757
Prec	0.919	0.490
HT	0.902	0.414
SF	0.527	0.731
Col	0.171	0.282
Ext	0.929	0.193
LE	0.850	-0.349
TRE	0.311	-0.258
SPAD	0.736	0.117
CCI	0.586	0.058
Pro	-0.257	0.122
$r_{\text{tab (5%)}}$	0.666	0.444

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étendard, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi, TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline.

L'association entre valeurs propres parentales et les AGC est forte dans certains cas, comme pour le contenu en chlorophylle, la précocité à l'épiaison et la hauteur et faible pour certains caractères tels que la teneur relative en eau et le contenu en proline (Figures 3.6, 3.7, 3.8). L'allongement de la durée à l'épiaison et l'augmentation de la hauteur de la végétation sont indésirables sous les conditions des hautes plaines orientales. Par contre l'amélioration des autres

caractères est recherchée. Théoriquement, lorsque l'aptitude générale à la combinaison est plus importante que l'ASC, il est possible de prédire la performance des hybrides à partir de la performance des parents et de leur AGC. On est en présence, dans ce cas, d'actions géniques essentiellement de type additives, donc rapidement fixables, avec peu de dominance. En effet, la performance de l'hybride peut être prédite sur la base des valeurs observées des parents croisés :  $[(P_i + P_j)/2]$  ou sur la base de la grande moyenne plus les effets d'AGC des parents croisés :  $\mu + AGC_i + AGC_j$  [181, 182].

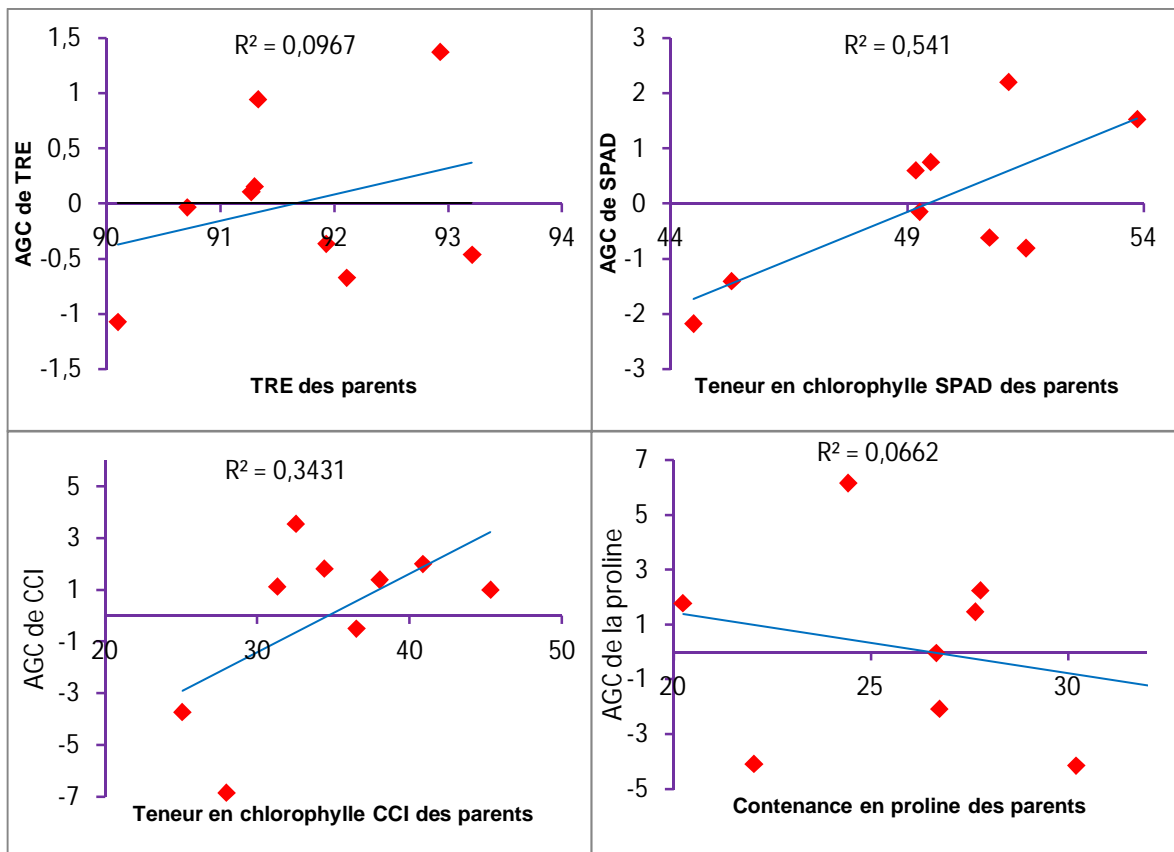


Figure 3.6 : Relation entre la performance moyenne des parents et l'AGC des caractères physiologiques étudiés.

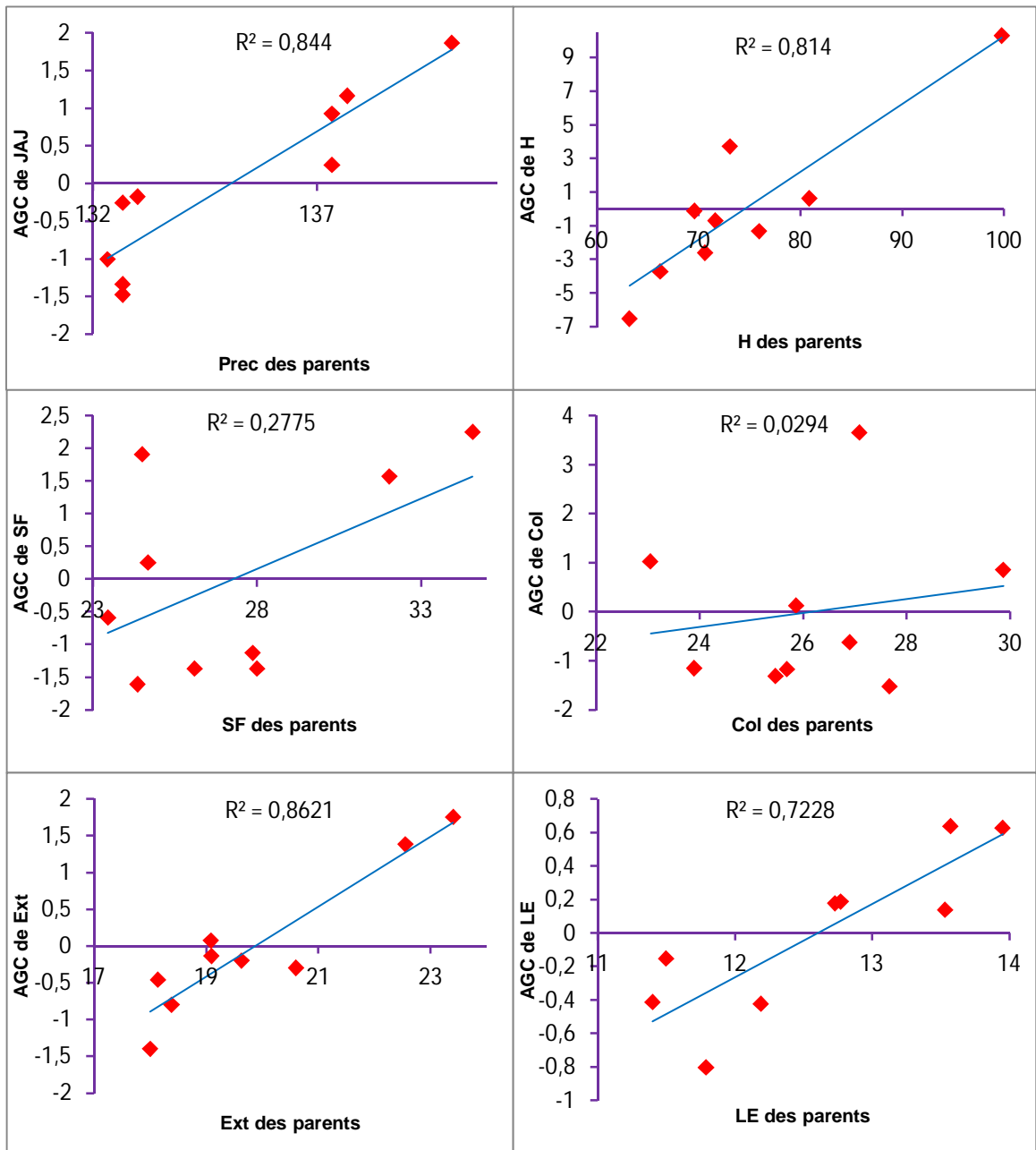


Figure 3.7 : Relation entre la performance moyenne des parents et l'AGC des caractères morphologiques étudiés.

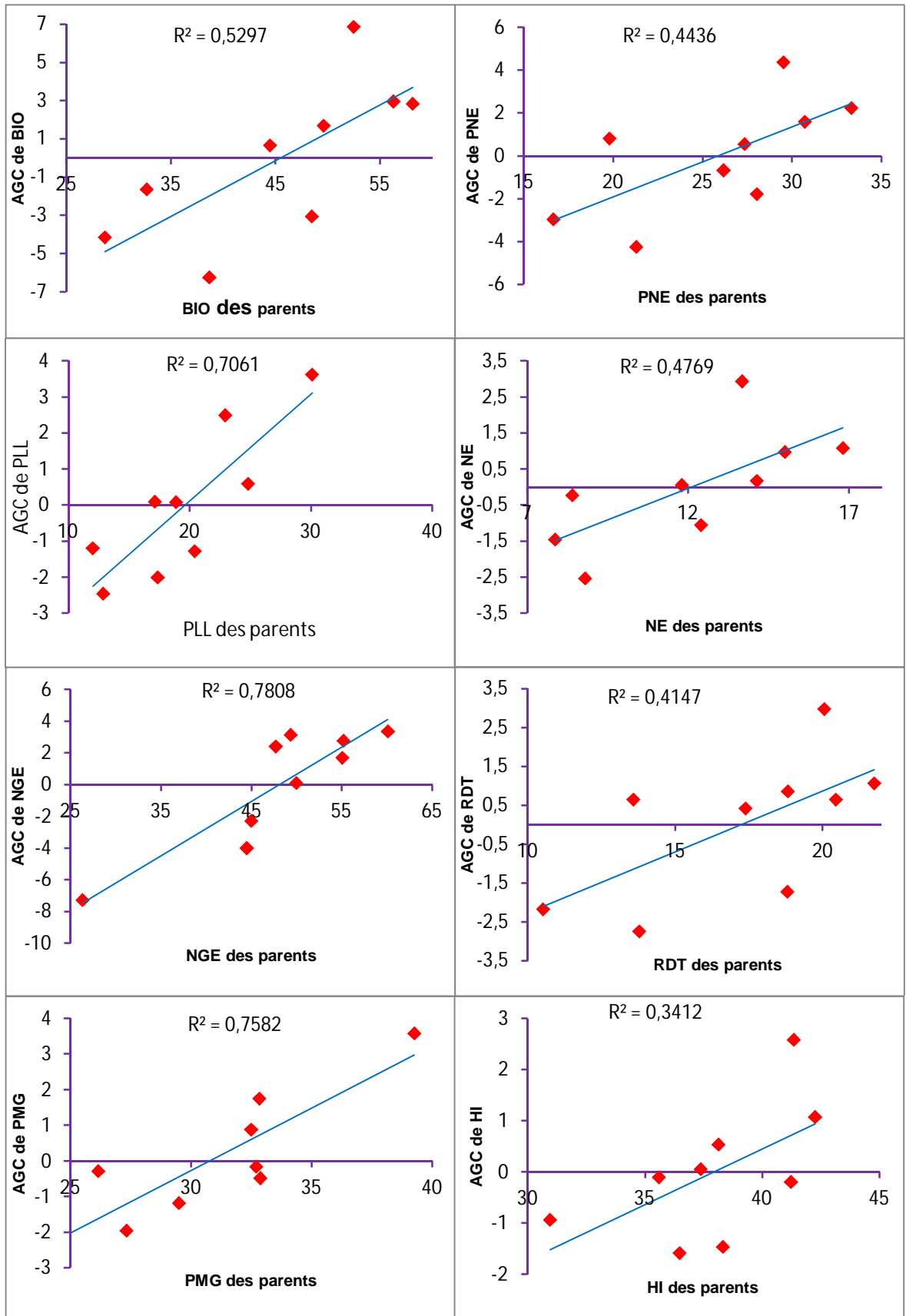


Figure 3.8 : Relation entre la performance moyenne des parents et l'AGC du rendement et ses composantes.

L'étude des corrélations entre les performances des hybrides et les ASC, indique que le plus souvent la liaison est non significative, comme c'est le cas de la longueur du col, de l'extrusion, de l'épi, de la teneur relative en eau, du contenu en chlorophylle et en proline, du poids des épis, du nombre des épis, du poids de 1000-grains et de la hauteur de la végétation (Tableau 3.13). Ces résultats indiquent que l'expression de la performance de l'hybride n'est pas toujours associée à la valeur de l'ASC et que les hybrides performants ne sont pas nécessairement ceux qui présentent une ASC élevée. Ceci est variable selon les caractères.

### 3.3.2 Contribution des lignées, des testeurs et l'interaction lignées x testeurs à la variation totale

Les lignées utilisées comme géniteurs femelles participent pour plus de 50% à la variation totale pour le nombre d'épis par plante et le poids de 1000-grains. Les lignées montrent une faible contribution à la variance totale pour le poids de la paille produite par plante, l'indice de récolte, la hauteur de la végétation, la précocité à l'épiaison, la longueur de l'extrusion, le contenu en chlorophylle SPAD et CCI et la teneur relative en eau (Tableau 3.14).

Par contre les testeurs montrent une plus grande contribution, supérieure à 50%, à la variance totale pour un plus grand nombre de caractères mesurés, dont le nombre de grains par épi, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, la longueur de l'extrusion et le contenu en chlorophylle SPAD. Ils montrent cependant une faible contribution à la variation totale pour le poids de la plante entière, le poids des épis, le nombre d'épis, le rendement grain, le poids de 1000-grains, la surface de la feuille étendard, la longueur du col, la longueur de l'épi et le contenu en proline (Tableau 3.14).

La contribution de l'interaction lignées x testeurs est supérieure à 50% pour la biomasse aérienne, l'indice de récolte, la surface de la feuille étendard, la longueur du col, la teneur relative en eau et la proline. Elle est faible pour le nombre de grains par épi, le poids de 1000-grains, la hauteur de la végétation, la longueur de l'extrusion, la précocité à l'épiaison et le contenu en chlorophylle

SPAD. Elle est intermédiaire, valeurs variant de 25 à 50%, pour le reste des caractères (Tableau 3.14).

Dans la mesure où une contribution élevée à la variance totale est suggestive d'une plus grande variabilité du caractère considéré chez les géniteurs concernés ; alors qu'une faible contribution est indicatrice d'une faible variabilité pour le caractère en question chez les géniteurs considérés. De ce fait ces résultats indiquent que les lignées apportent plus de variabilité génétique pour le nombre d'épis par plante et le poids de 1000-grains.

Par contre les testeurs sont plus variables pour le nombre de grains par épi, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, la longueur de l'extrusion et le contenu en chlorophylle SPAD. L'interaction L x T se caractérise par plus de variabilité génétique pour la biomasse aérienne, l'indice de récolte, la surface de la feuille étandard, la longueur du col, la teneur relative en eau et la proline.

Tableau 3.14 : Contribution (%) des lignées, des testeurs et de leur interaction à la variance totale.

Source	Lignées	Testeurs	L x T
BIO	39.4	10.4	50.2
PNE	45.5	7.5	47.0
PLL	19.1	41.1	39.8
NE	58.1	9.6	32.4
NGE	23.6	52.5	23.9
RDT	42.9	9.3	47.8
PMG	64.4	25.3	10.3
HI	10.5	32.1	57.4
Prec	14.7	60.7	24.5
HT	10.5	72.3	17.2
SF	28.1	18.5	53.4
Col	31.8	8.4	59.8
Ext	22.8	55.7	21.5
LE	27.6	24.5	47.8
TRE	22.0	21.0	57.0
SPAD	20.7	54.9	24.4
CCI	10.9	43.3	45.8
Pro	30.4	14.8	54.7

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étandard, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi, TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline.

La variance totale du rendement grain est largement expliquée par la contribution conjointe des lignées et de l'interaction L x T, alors que celle de la paille et celle de la chlorophylle CCI le sont par la contribution des testeurs et de leur interaction (Tableau 3.14). AKBAR *et al.* [183] mentionnent la majeure contribution de l'interaction lignée x testeur dans la variance totale pour le rendement grain par plante et pour la hauteur de la végétation ; alors que les lignées contribuent plus à la variance totale du nombre d'épis par plant, du poids de 1000-grains, de la longueur de l'épi et de la durée de la phase végétative.

### 3.3.3 Estimation des composantes génétiques de la variance

Lorsque la variance de l'AGC est plus élevée que la variance de l'ASC, les effets additifs des gènes jouent un rôle plus important dans la détermination des caractères étudiés et rend la prédiction des performances des hybrides plus faciles. Par contre lorsque la variance de l'ASC est plus importante que celle de l'AGC, les effets d'interaction entre allèles sont plus importants que les effets principaux, et les caractères concernés sont sous contrôle génétique de type non-additif.

Parmi les caractères étudiés, le poids de la plante, celui de la paille, le poids des épis, la surface de la feuille étendard, la longueur de l'épi et du col de l'épi, le contenu en chlorophylle CCI et en proline présentent un ratio  $\sigma^2_{AGC}/\sigma^2_{ASC}$  inférieur à l'unité. Ceci indique la prédominance des effets non-additifs dans le contrôle génétique de ces caractères. Par contre le nombre d'épis par plante, le nombre de grains par épi, le rendement grain, le poids de 1000-grains, l'indice de récolte, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, l'extrusion, la teneur relative en eau et le contenu en chlorophylle SPAD se caractérisent par un ratio  $\sigma^2_{AGC}/\sigma^2_{ASC}$  supérieur à l'unité (Tableau 3.15). Ces caractères sont donc déterminés par des effets largement de type additifs. DHANDA et SETHI [184] mentionnent que la teneur relative en eau est déterminée par des effets géniques additifs, alors que FARSHADFAR *et al.* [185] rapportent que ce caractère est contrôlé par l'action non-additive des gènes. BOUKECHA [186] mentionnent que la teneur en chlorophylle et la teneur en proline sont contrôlées par des actions géniques non-additives, chez le blé dur.



Tableau 3.15 : Estimation des composantes génétiques de la variance totale des caractères mesurés.

	Cov <sub>(HS)</sub> L	Cov <sub>(HS)</sub> T	Cov <sub>(HS)</sub>	Cov <sub>(FS)</sub>	$\sigma^2_{AGC}$	$\sigma^2_A$	$\sigma^2_{ASC}$	$\sigma^2_D$	$\sigma^2_{AGC}/\sigma^2_{ASC}$	$\sigma^2_A/\sigma^2_D$
BIO	16.1	-1.6	6.3	-3.8	6.3	12.5	16.3	16.3	0.4	0.8
PNE	8.4	-1.3	3.5	2.1	3.5	7.1	5.0	5.0	0.7	1.4
PLL	0.9	5.3	3.3	0.5	3.3	6.6	6.1	6.1	0.5	1.1
NE	3.7	0.1	1.7	2.7	1.7	3.4	0.7	0.7	2.3	4.7
NGE	6.6	21.1	14.7	31.9	14.7	29.4	2.9	2.5	5.9	11.8
RDT	3.6	-0.4	1.4	2.2	1.4	2.8	0.9	0.6	2.4	4.8
PMG	1.9	5.8	4.1	7.6	4.1	8.2	0.7	0.7	6.3	12.6
HI	-0.8	1.8	0.6	1.5	0.6	1.3	0.2	0.2	2.8	5.6
Prec	0.3	2.5	1.5	3.4	1.5	3.0	0.4	0.4	3.8	7.6
HT	3.3	49.4	28.9	59.9	28.9	57.8	2.1	2.1	13.6	27.3
SF	1.2	0.6	0.9	-0.2	0.9	1.7	1.9	1.9	0.5	0.9
Col	1.7	-1.0	0.2	-2.8	0.2	0.4	3.2	3.2	0.1	0.1
Ext	0.5	1.6	1.1	2.5	1.1	2.2	0.3	0.3	3.9	7.8
LE	0.1	0.1	0.1	0.6	0.1	2.2	0.3	0.3	0.3	0.7
TRE	0.1	0.2	0.2	0.4	0.2	0.3	0.1	0.1	1.6	3.1
SPAD	0.8	3.2	2.1	4.1	2.1	4.2	0.1	0.1	17.4	34.8
CCI	-2.0	15.9	7.9	30.9	7.9	15.8	15.1	15.1	0.5	1.1
Pro	6.4	0.7	3.2	11.3	3.2	6.4	4.8	4.8	0.2	0.4

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étandard, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi, TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline.

AKBAR *et al.* [183] ; AHMAD *et al.* [187] ; HANIFI-MEKLICHE *et al.* [188] et CIFCI et YAGDI [189] rapportent que la longueur de l'épi et la hauteur de la végétation sont sous contrôle génétique de type non-additif. ABBASSENE *et al.* [53] ; AKRAM *et al.* [190] et IRSHAD *et al.* [191] notent que la durée de la phase végétative est largement déterminée par des effets géniques additifs. BOUKECHA [186] indique que la surface foliaire et la longueur du col de l'épi du blé dur sont sous l'action génique de type non-additif.

AKBAR *et al.* [183] ; ESMAIL *et al.* [192] et YADAV *et al.* [193] ont remarqué la présence des effets non-additifs dans le contrôle génétique du rendement grain. AKBAR *et al.* [183] et NAZIR *et al.* [194] ont observé la présence des effets de type non-additifs dans le contrôle du poids de 1000-grains et le nombre d'épis par plant. BOUKECHA [186] note que la biomasse est contrôlée par des effets non-additifs des gènes. Des effets additifs intervenant dans l'expression du nombre de grains par épi sont rapportés par AHMAD *et al.* [187] ; AKRAM *et al.* [190] et par CHOWDHARY *et al.* [195]. L'indice de récolte est sous contrôle génique de nature non-additive [187, 193, 196].

### 3.3.4 Estimation de l'héritabilité, le gain génétique, les variances phénotypiques, génétiques et les coefficients de la variabilité phénotypique et génétique

L'efficacité de sélection pour un caractère particulier dans une population dépend en grande partie des facteurs génétiques et non-génétiques affectant l'expression phénotypique. L'héritabilité est un paramètre typique de sélection. La sélection simple par plant au cours des générations précoces est plus efficace pour les caractères à héritabilité élevée. L'héritabilité au sens large est déterminée par le rapport de la variance génétique totale, qui est la somme des variances additive, de dominance et épistatique, à la variance phénotypique. Par contre l'héritabilité au sens étroit est déduite par le ratio de la variance additive sur la variance phénotypique. L'héritabilité au sens étroit est plus utile parce qu'elle mesure l'importance relative de la partie additive de la variance génétique, qui est transmissible à la descendance.

Le coefficient de la variation phénotypique varie selon les caractères, il approche et dépasse même les 30% pour les caractères tels que la biomasse aérienne (27.6%), le poids des épis par plante (28.1%), le poids de la paille produite (31.2%), le nombre d'épis par plante (29.2%) et le rendement grain (28.5%), la teneur en chlorophylle CCI (23.3%) et le contenu en proline (35.3%) (Tableau 3.16). Il est juste moyen, avec des valeurs allant de 10 à 20%, pour le nombre de grains par épi (17.5%), le poids de 1000-grains (12.7%), la surface de la feuille étandard (18.0%), l'indice de récolte (11.4%), la hauteur de la végétation (12.8%). Le coefficient de variation est faible et inférieur à 10% pour la précocité à l'épiaison (2.0%), l'extrusion (9.6%), la longueur de l'épi (9.1%), la teneur relative en eau (2.8% et le contenu en chlorophylle SPAD (6.7%) (Tableau 3.16). Un coefficient de valeur élevée est indicateur d'une plus grande variabilité entre les génotypes pour le caractère considéré et à l'inverse un coefficient de variation de faible valeur est indicateur d'une faible variabilité phénotype pour le caractère considéré entre les différents génotypes.

A l'inverse du coefficient de variation phénotypique, les valeurs prises par le coefficient de variation génotypique sont relativement plus faibles en valeurs, variant de 0.7% pour la longueur du col de l'épi à 15.9% pour le nombre d'épis produit par plante (Tableau 3.16). La biomasse aérienne (10.1%), le poids des

épis (11.1%), celui de la paille (13.1%), le nombre d'épis (15.9%), de grains par épi (13.2%), le rendement grain (12.0%), la hauteur de la végétation (10.4%) et le contenu en chlorophylle CCI (13.8%) présentent des valeurs égales ou supérieures à 10% (Tableau 3.16).

Tableau 3.16 : Estimation de l'héritabilité, du gain génétique, des variances phénotypiques, génétiques et environnementales et des coefficients de variabilité phénotypique et génétique des caractères mesurés.

	$\sigma_p^2$	Cv <sub>p</sub> (%)	$\sigma_g^2$	Cv <sub>g</sub> (%)	$\sigma_e^2$	h <sup>2</sup> (bs)+se	h <sup>2</sup> (ns)	GA	GA (% Moy)
BIO	188.6	27.6	25.1	10.1	163.5	0.13±0.25	0.07	3.8	7.6
PNE	65.5	28.1	10.3	11.1	55.3	0.16±0.09	0.11	2.6	9.1
PLL	43.1	31.2	7.6	13.1	35.6	0.18±0.06	0.15	2.4	11.3
NE	14.8	29.2	4.4	15.9	10.4	0.29±0.02	0.23	2.3	17.7
NGE	71.9	17.5	40.5	13.2	31.4	0.56±0.11	0.41	9.8	20.3
RDT	29.4	28.5	5.2	12.0	24.2	0.18±0.04	0.09	2.0	10.4
PMG	15.0	12.7	9.1	9.8	6.0	0.60±0.02	0.55	4.8	15.8
HI	19.1	11.4	3.9	5.2	15.1	0.21±0.03	0.14	1.9	4.8
Prec	6.9	2.0	4.4	1.6	2.5	0.64±0.01	0.40	3.5	2.6
HT	98.3	12.8	64.2	10.4	34.1	0.65±0.16	0.60	13.4	17.3
SF	29.0	18.1	5.3	7.8	23.6	0.18±0.04	0.10	2.0	6.9
Col	31.5	20.3	0.0	0.7	31.5	0.00±0.04	0.00	0.0	0.0
Ext	3.8	9.6	2.4	7.6	1.4	0.63±0.01	0.60	2.5	12.5
LE	1.4	9.1	0.8	6.6	0.7	0.53±0.00	0.20	1.3	9.8
TRE	6.4	2.8	1.0	1.1	5.4	0.16±0.01	0.10	0.9	0.9
SPAD	11.2	6.7	3.7	3.9	7.5	0.33±0.02	0.20	2.3	4.6
CCI	67.6	23.3	23.5	13.8	44.1	0.35±0.10	0.20	5.9	16.7
Pro	101.6	35.3	3.7	6.7	97.9	0.04±0.13	0.10	0.8	2.7

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étendard, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi, TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline.

Par contre, le poids de 1000-grains (9.8%), l'indice de récolte (5.2%), la précocité à l'épiaison (1.6%), la surface de la feuille étendard (7.8%), le col de l'épi (0.7%), l'extrusion (7.6%), la longueur de l'épi (6.6%), la teneur relative en eau (1.1%), la chlorophylle SPAD (3.9%) et le contenu en proline (6.7%), présentent des coefficients de variation génétiques inférieurs à 10% (Tableau 3.16). Les valeurs prises par le CV<sub>g</sub> sont, de manière générale, assez faibles, suggérant un effet important du milieu sur l'expression de la variabilité phénotypique des caractères mesurés.

L'effet du milieu est aussi manifeste sur les valeurs prises par le degré de détermination génétique au sens large, dont les valeurs varient de faibles, 0.0%

pour la longueur du col, à juste moyennes, 65.0% pour la hauteur de la végétation (Tableau 3.16). Les caractères qui se caractérisent par une héritabilité moyenne sont le nombre de grains par épi (56.0%), le poids de 1000-grains (60.0%), la précocité à l'épiaison (64.0%), la hauteur de la végétation (65.0%), l'extrusion et la longueur de l'épi dont les valeurs respectives du degré d'héritabilité sont de 63.0 et 53.0% (Tableau 3.16).

Les caractères qui présentent une faible héritabilité sont la biomasse aérienne (13.0%), le poids des épis (16.0%), celui de la paille produite (18.0%), le nombre d'épis par plante (29.0%), le rendement grain (18.0%), l'indice de récolte (21.0%), la surface de la feuille étendard (18.0%), la longueur du col de l'épi (0.0%), la teneur relative en eau (16.0%), la teneur en proline (4.0%) (Tableau 3.16). L'héritabilité au sens étroit est juste moyenne pour le nombre de grain par épi (41.0%), le poids de 1000-grains (55.0%), la précocité à l'épiaison (40.0%), la hauteur de la végétation (60.0%) et l'extrusion (60.0%) ; elle est faible à nulle pour les autres caractères dont le rendement grain (9.0%) et la biomasse aérienne (7.0%) (Tableau 3.16).

Le gain génétique attendu pour ces caractères qui présentent une héritabilité au sens étroit moyenne, varie de 2.6%, soit 3.5 jours pour la précocité à l'épiaison, à 20.3% soit 9.8 grains par épi pour le nombre de grains par épi. Le gain du poids de 1000-grains est de 15.8% soit 4.8 g pour 1000-grains, 17.3% pour la hauteur soit 13.4 cm, et 12.5% pour l'extrusion soit 2.5 cm (Tableau 3.16). Ces résultats suggèrent que ces caractères sont peu influencés par l'environnement, et sont facilement fixables dès les premières générations de sélection. Ces résultats corroborent ceux rapportés par plusieurs auteurs dont BOUKECHA [186] ; YADAV *et al.* [193] ; AHMAD [197] ; KHALIQ [198] ; AJMAL *et al.* [199] et ESHGHI *et al.* [200].

### 3.3.5 Estimation de l'hétérosis

L'existence d'une hétérosis, significative, par rapport au parent moyen est variable selon les caractères et les croisements. Certains croisements présentent une hétérosis significative pour un seul caractère, d'autres pour deux caractères. Seuls les croisements  $A_{899}/Wifak$ ,  $A_{1069}/Mahon-Démias$ ,  $A_{1069}/HD_{1220}$  et Ain

Abid/Mahon-Démias présentent une hétérosis significative pour plus de trois caractères à la fois (Tableau 3.17).

L'hybride A<sub>899</sub>/Wifak exprime une hétérosis positive et significative pour le poids de la plante, le poids des épis, le nombre d'épis, le rendement grain, la longueur de l'épi, le contenu en chlorophylle SPAD et une hétérosis significative et négative pour la précocité à l'épiaison et la teneur relative en eau (Tableau 3.17). Cet hybride est intéressant dans la mesure où c'est le seul hybride qui présente une hétérosis pour le rendement associée à la biomasse aérienne et au nombre d'épis, qui sont des caractères déterminants du rendement comme l'indique le modèle de la régression progressive, ci-dessus discuté.

Cet hybride se caractérise aussi par une durée à l'épiaison plus réduite relative aux parents et un contenu en chlorophylle plus élevé et une moindre teneur relative en eau comparativement à celle des parents (Tableau 3.17). Le second hybride qui se caractérise par une hétérosis significative pour une composante du rendement est le croisement Ain Abid/Mahon-Démias. Cet hybride présente une hétérosis positive et significative pour le nombre de grains par épi, l'indice de récolte, le contenu en chlorophylle SPAD et une hétérosis significative, mais de signe négative pour la précocité à l'épiaison (Tableau 3.17).

L'hybride Ain Abid/Mahon-Démias se caractérise par une bonne fertilité de l'épi, un meilleur indice de récolte qui indique une plus grande efficacité de cet hybride à répartir de la biomasse aérienne produite entre le grain et la paille et un meilleur contenu en chlorophylle, comparativement à ses parents. De plus il est plus précoce (Tableau 3.17). Les deux hybrides A<sub>1069</sub>/Mahon-Démias et A<sub>1069</sub>/HD<sub>1220</sub> présentent des hétérosis pour les caractères qui sont, en général, moins liés au rendement grain et donc peu intéressants à moins qu'ils soient liés à l'adaptation au milieu.

Tableau 3.17 : Hétérosis (%) par rapport au parent moyen des caractères mesurés.

	BIO	PNE	PLL	NE	NGE	RDT	PMG	HI	Prec	HT	SF	COL	EXT	LE	TRE	SPAD	CCI	Pro
A <sub>901</sub> / MD	35.3	41.9	28.6	19.5	4.6	44.7	1.7	4.1	-1.6	5.5	30.6*	6.8	7.1	13.4*	-2.8	1.7	-2.7	48.8*
A <sub>901</sub> / RD	42.3	36.4	51.2	35.2	0.7	33.0	0.8	-5.1	-0.1	5.7	19.8	8.1	9.2*	6.4	-2.0	3.4	57.0**	5.9
A <sub>901</sub> / HD	6.9	3.8	11.2	7.2	-8.2	-0.1	-2.7	-9.0	-0.4	7.8	16.5	25.6	4.7	-1.1	-1.0	-0.9	12.6	11.3
A <sub>901</sub> / WK	18.3	24.5	9.3	2.1	14.8	27.4	3.1	6.7	0.6	-2.0	-7.1	-2.8	-2.2	-2.9	0.6	-2.6	-11.6	-32.9
A <sub>899</sub> / MD	4.7	9.0	0.3	16.4	-2.2	9.0	-8.0	3.9	-1.2	5.8	12.5	7.9	-0.6	14.5**	-1.1	0.2	-3.6	-17.8
A <sub>899</sub> / RD	16.4	21.6	8.9	18.9	6.3	19.3	-4.4	2.7	-2.2*	4.2	4.0	6.6	-2.7	12.4*	-2.1	0.9	9.5	-2.5
A <sub>899</sub> / HD	2.5	6.4	-2.7	6.4	0.4	4.1	-2.2	2.3	-1.2	6.3	25.4	6.7	3.2	-0.1	-2.3	1.2	1.3	-13.9
A <sub>899</sub> / WK	56.6*	63.5**	47.1	64.9**	7.0	58.3**	-10.2	1.4	-1.9*	11.3	13.0	12.1	0.6	14.9**	-4.8**	8.99*	-5.2	8.0
A <sub>1135</sub> / MD	-12.8	-9.5	-16.4	-12.0	-2.1	-11.6	-2.4	2.7	1.2	-9.0	7.8	-8.3	-3.4	-7.0	-0.3	2.9	-24.2	55.0*
A <sub>1135</sub> / RD	-2.9	-5.5	1.0	-8.5	3.1	-8.1	-1.4	-5.2	-0.5	2.5	11.0	2.5	6.1	4.4	-1.5	5.6	-14.3	32.6
A <sub>1135</sub> / HD	11.6	15.4	6.4	10.0	-4.0	12.2	6.4	1.7	-1.0	3.4	11.9	-0.9	5.2	8.6	-2.7	2.7	-7.7	-12.3
A <sub>1135</sub> / WK	25.4	38.7	6.8	37.3	2.4	37.8	-4.4	9.8	-1.0	5.6	19.6	4.8	5.3	9.9*	-4.17*	6.5	15.7	7.6
A <sub>1069</sub> / MD	23.0	27.4	18.0	5.8	11.1	30.4	2.5	4.0	-1.4	14.7**	11.5	13.1	8.6*	10.5*	-3.1	0.2	-12.2	54.1
A <sub>1069</sub> / RD	16.4	14.3	19.7	6.9	10.0	13.0	-3.7	-3.1	-0.4	4.3	10.3	1.0	4.5	4.0	-5.0**	2.4	12.1	30.2
A <sub>1069</sub> / HD	-3.6	-4.9	-1.6	-0.3	-4.5	-7.6	-3.1	-3.7	-0.9	8.6	27.8*	62.9**	6.8	7.2	-2.2	-1.9	9.4	54.0*
A <sub>1069</sub> / WK	25.5	23.3	29.0	36.0	-3.2	21.7	-7.4	-2.3	-0.4	9.2	17.5	5.7	-7.5	9.5*	-1.5	5.3	-4.7	50.6
AA / MD	0.4	7.4	-6.6	-5.7	19.2*	28.1	2.7	30.7**	-2.2**	0.4	7.5	3.3	-0.3	8.7	1.3	8.8*	-3.7	11.2
AA / RD	2.8	0.4	6.3	-8.4	-3.1	-5.1	6.8	-6.3	-0.9	5.0	21.2	5.9	7.2	7.6	-2.9	4.7	14.5	-24.6
AA / HD	7.0	5.8	8.5	4.4	-9.6	-3.4	4.0	-6.5	-0.4	6.3	21.6	3.3	3.6	6.5	-1.4	0.0	20.7	29.5
AA / WK	19.4	25.2	11.6	25.6	-5.7	21.2	2.0	2.3	-0.9	7.5	-1.0	5.6	3.7	2.1	-0.2	4.8	4.1	-23.3
se	9.0	5.3	4.2	2.3	4.0	3.5	1.7	2.8	1.1	4.1	3.4	4.0	0.8	0.6	1.6	1.9	4.7	7.0

BIO = Poids de la plante, PNE = Poids des épis, PLL = Poids de la paille, NE = Nombre d'épis par plante, NGE = Nombre de grains par épi, RDT = Rendement grain par plante, PMG = Poids de mille grains, Prec = Durée de la phase végétative, HT = Hauteur de la plante, SF = Surface foliaire de la feuille étendue, Col = Longueur du col de l'épi, Ext = Longueur de l'extrusion, LE = Longueur de l'épi, TRE = Teneur relative en eau, SPAD = Teneur en chlorophylle en unités SPAD, CCI = Teneur en chlorophylle en indice CCI, Pro = Teneur en proline. \*, \*\* = effet significatif au seuil de 5 et 1%, respectivement.

A<sub>1069</sub>/Mahon-Démias présente une hétérosis positive et significative pour la hauteur de la végétation, l'extrusion et la longueur de l'épi. Par contre A<sub>1069</sub>/HD<sub>1220</sub> présente une hétérosis significative et positive pour la surface de la feuille étendard, la longueur du col de l'épi et le contenu en proline (Tableau 3.17). La hauteur de la végétation est une caractéristique désirable en milieu semi-aride, pour peu qu'elle ne soit pas à l'origine d'une réduction significative du nombre d'épis par unité de surface, ce qui engendre un faible rendement grain, qui est la caractéristique des variétés locales trop hautes de statures.

L'extrusion, la surface de la feuille étendard, le contenu en proline sont des traits désirables qui jouent un rôle dans l'adaptation, mais qui n'ont pas un effet appréciable sur le rendement, suite à l'absence de corrélations significatives. Cependant ces hybrides méritent une étude plus approfondie, suite au fait que chez les plantes autogames, comme c'est le cas du blé tendre l'effet hétérosis se dissipe peu à peu à mesure que la ségrégation diminue et que le matériel sous sélection devient plus homozygote et plus homogène.

Ces résultats corroborent ceux de HASSAN [201] qui rapporte des valeurs négatives de l'hétérosis pour la date d'épiaison. AKTHAR [202] a trouvé des valeurs significatives de l'hétérosis pour la longueur du col de l'épi chez le blé tendre ainsi que HASSAN [201]. RAGHUVANSHI *et al.* [203] ont également enregistré une hétérosis positive pour la hauteur de la végétation. YU *et al.* [204] ont fourni l'évidence de l'hétérosis par rapport au parent moyen pour le nombre d'épis produits par plant. ULLAH *et al.* [205] ont rapporté des valeurs positives de l'hétérosis par rapport au parent moyen pour le nombre de grains par plant. Yu *et al.* [204] observent des valeurs positives de l'hétérosis par rapport au parent moyen pour le rendement en grain par plant chez le blé. Des résultats identiques ont été obtenus par MAHPARA [206] pour l'indice de récolte.

## DISCUSSION GENERALE

L'objectif principal en amélioration du blé tendre est l'augmentation du rendement grain. Cet objectif peut être atteint de plusieurs manières, soit directement en sélectionnant pour le rendement grain sur la base du rendement lui-même ou bien sur la base de ses composantes ; soit indirectement en sélection pour la tolérance voire la résistance aux stress biotiques et abiotiques. Comme la sélection est pratiquée en milieu naturel, le degré d'expression des stress n'est pas toujours maîtrisé, de ce fait la sélection est surtout pratiquée sur la base des caractères agronomiques, notamment sur la base du rendement, des composantes du rendement, de la hauteur de la végétation et de la durée du cycle, ciblée par la précocité au stade épiaison, et sur la base des caractères liés au rendement grain [51, 53, 64, 67, 178]. L'amélioration de l'adaptation à la variation des milieux est timidement approchée mais les progrès en la matière sont plus difficiles à réaliser [55, 56, 59, 62, 64, 71, 207, 208].

L'action des gènes à laquelle sont soumis les caractères utilisés en sélection est le plus souvent ignorée sous les conditions semi-arides dans lesquelles la sélection est pratiquée. Ceci peut être une des causes de la faiblesse du progrès génétique réalisé en matière d'amélioration du rendement des céréales par le biais de la sélection artificielle. La nature de l'action des gènes est déterminante dans le choix de la méthodologie de sélection à employer pour développer de nouveaux génotypes. L'analyse génétique Lignée x Testeur permet d'estimer la valeur de l'AGC des lignées et des testeurs et l'ASC des hybrides qui sont à la base du choix de la méthode de sélection à déployer sur les générations en ségrégations.

L'analyse des résultats de la présente indique que l'ensemble des caractères mesurés, à l'exception du poids spécifique foliaire, montrent la présence de la variabilité génotypique, qui justifie l'analyse génétique en vue de l'exploitation de cette variabilité à des fins de sélection pour améliorer le rendement et l'adaptation du blé tendre à la variation des milieux de production. La variabilité génotypique observée diffère selon les lignées et les testeurs pour les différentes variables



mesurées et soumises à l'analyse. Ainsi les lignées présentent de la variabilité pour le poids de la plante, la paille produite, le poids des épis, le nombre d'épis, le nombre de grains par épi, le rendement grain, le poids de 1000-grains, la précocité à l'épiaison, l'extrusion et la longueur de l'épi. Par contre les testeurs présentent de la variabilité génotypique pour la paille produite par plante, le poids de la plante, les poids des épis, le nombre d'épis, le nombre de grains par épi, le poids de 1000-grains, l'indice de récolte, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, l'extrusion et la longueur de l'épi. Les lignées diffèrent significativement des testeurs pour le nombre d'épis, le nombre de grains par épi, le poids de 1000-grains, la hauteur de la plante et la surface de la feuille étendard.

Chez les lignées, Acsad<sub>1135</sub> présente la meilleure valeur pour le poids de la plante, le poids des épis, le poids de la paille, le nombre d'épis, le rendement grain, le poids de 1000-grains, la hauteur de la plante et la longueur du col de l'épi. Ain Abid présente la meilleure fertilité de l'épi, mesurée par le nombre de grains par épi. Acsad<sub>901</sub> présente les plus faibles valeurs du poids de la plante, de la paille, des épis, du nombre d'épis, du rendement grain, du poids de 1000-grains et de la hauteur de la plante. Acsad<sub>1069</sub> présente les plus faibles valeurs de la précocité à l'épiaison, la surface de la feuille étendard et la longueur de l'extrusion. Aucune lignée ne présente les meilleures valeurs pour l'ensemble des caractères mesurés.

Chez les testeurs, Mahon-Démias présente les meilleures valeurs pour le poids de la plante, de la paille et des épis, le nombre d'épis par plante, le poids de 1000-grains, la tardivité, la hauteur de la plante, la longueur du col, l'extrusion et la surface de la feuille étendard. Wifak présente les faibles valeurs pour le poids de la plante, celui de la paille et des épis, le nombre d'épis, le rendement grain, la précocité à l'épiaison, la longueur du col et l'extrusion. Aucun testeur ne se distingue par des valeurs élevées pour l'ensemble des variables mesurées. Les meilleures valeurs sont variables, selon le caractère, d'un hybride à un autre et peu d'hybrides présentent les meilleures performances pour un grand ensemble de caractères désirables. Acsad<sub>899</sub>/Wifak présente le meilleur rendement grain. L'hybride le moins performant résulte du croisement Acsad<sub>901</sub>/HD<sub>1220</sub>. Les hybrides sont plus performants, en moyenne, que les parents pour le poids de la plante, le

poids des épis, celui de la paille, le nombre d'épis par plante, la hauteur de la plante, la précocité au stade épiaison, la longueur du col et celle de l'extrusion et la surface foliaire. Ceci suggère un effet d'hétérosis positif.

L'étude des relations entre les différentes variables, aussi bien chez les parents que chez les hybrides indique l'importance du poids de la plante dans la matérialisation du rendement grain. Ce caractère est renforcé par le poids des épis, ce qui suggère que l'utilisation de la biomasse aérienne et du poids des épis comme critères de sélection, pourrait engendrer des améliorations significatives du rendement grain. Cependant ce caractère est aussi complexe que le rendement lui-même et de ce fait il est peu intéressant comme critère de sélection. La biomasse aérienne est largement déterminée par le nombre d'épis, la paille produite et le nombre de grains par épi. Le nombre d'épis produits par unité de surface peuvent faire l'objet d'une appréciation visuelle, plus rapide et plus simple, au stade épiaison, comparativement à la détermination du rendement grain ou de la biomasse aérienne, au stade maturité.

Dans ce contexte, la lignée Acsad<sub>899</sub> présente des effets d'AGC significatifs et positifs pour la biomasse aérienne, le poids des épis, le nombre d'épis par plante et le rendement grain. Cette lignée se présente donc comme un géniteur de bonnes valeurs propres pour améliorer les caractères liés au rendement grain. JOSHI *et al.* [130] mentionnent la présence d'effets géniques de nature additive pour le rendement. La variance de l'AGC de ce caractère est généralement plus importante que la variance de l'ASC [133, 134]. Par contre, HUSSAIN [131] note la présence des effets de dominance. Des effets non-additifs, induits par des effets d'ASC élevés, sont aussi souvent mentionnés, au même titre que des effets épistatiques [135, 136, 137].

L'hybride Acsad<sub>901</sub>/Wifak présente des effets d'ASC significatifs pour plusieurs caractères dont la biomasse aérienne, le poids des épis et la longueur de l'épi. Les liaisons significatives entre les valeurs propres parentales et les effets d'AGC suggèrent que les valeurs des hybrides sont prévisibles sur la base des AGC des parents et que la sélection doit être basée sur l'AGC des parents. L'étude des corrélations indique aussi que l'expression de la performance de

l'hybride n'est pas toujours associée à la valeur de l'ASC et que les hybrides performants ne sont pas nécessairement ceux qui présentent une ASC élevée.

Du point de vue contribution à la variance totale, les lignées apportent plus de variabilité génétique pour le nombre d'épis par plante et le poids de 1000-grains. Par contre les testeurs sont plus variables pour le nombre de grains par épi, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, la longueur de l'extrusion et le contenu en chlorophylle. L'interaction L x T se caractérise par plus de variabilité génétique pour la biomasse aérienne, l'indice de récolte, la surface de la feuille étandard, la longueur du col, la teneur relative en eau et la proline. La variance totale du rendement grain est largement expliquée par la contribution conjointe des lignées et de l'interaction L x T, alors que celle de la paille l'est par la contribution des testeurs et de leur interaction. Dans ce contexte AKBAR *et al.* [183] mentionnent la majeure contribution de l'interaction lignée x testeur à la variance totale du rendement grain par plante et de la hauteur de la végétation.

La prédominance des effets non-additifs dans le contrôle génétique du poids de la plante, celui de la paille, le poids des épis, la surface de la feuille étandard, la longueur de l'épi et du col de l'épi, le contenu en chlorophylle CCI et la proline est manifesté. Par contre le nombre d'épis par plante, le nombre de grains par épi, le rendement grain, le poids de 1000-grains, l'indice de récolte, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation, l'extrusion, la teneur relative en eau et le contenu en chlorophylle SPAD sont déterminés par des effets largement de type additifs. Ces résultats corroborent ceux de DHANDA et SETHI [184] qui mentionnent que la teneur relative en eau est déterminée par des effets géniques additifs, alors que FARSHADFAR *et al.* [185] rapportent que ce caractère est sous l'action non-additive des gènes. BOUKECHA [186] mentionnent que la chlorophylle et la proline sont contrôlées par des actions géniques non-additives. AKBAR *et al.* [183] ; AHMAD *et al.* [187] ; HANIFI-MEKLICHE *et al.* [188] et ÇIFCI et YAGDI [189] rapportent que la longueur de l'épi et la hauteur de la végétation sont sous contrôle génétique de type non-additif. ABBASSENE *et al.* [53] ; AKRAM *et al.* [190] et IRSHAD *et al.* [191] notent que la durée de la phase végétative est largement déterminée par des effets géniques additifs. BOUKECHA [186] indique que la surface foliaire et la longueur du col de l'épi du blé dur sont

sous l'action génique de type non-additif. ESMAIL *et al.* [192] ; AKBAR *et al.* [183] et YADAV *et al.* [193] ont remarqué la présence des effets non-additifs dans le contrôle génétique du rendement grain. NAZIR *et al.* [194] et AKBAR *et al.* [183] ont observé la présence des effets de type non-additifs dans le contrôle du poids de 1000-grains et le nombre d'épis par plant. BOUKECHA [186] note que la biomasse est contrôlée par des effets non-additifs des gènes. Des effets additifs intervenant dans l'expression du nombre de grains par épi sont rapportés par AHMAD *et al.* [187] ; CHOWDHARY *et al.* [195] et par AKRAM *et al.* [190]. L'indice de récolte est sous contrôle génique de nature non-additive [187, 193, 196].

Les valeurs prises par l'héritabilité au sens large varient de nulle pour la longueur du col, à juste moyennes pour l'extrusion, le nombre de grains par épi, le poids de 1000-grains, la précocité à l'épiaison, la hauteur de la végétation. La biomasse aérienne, le poids des épis, la paille produite, le nombre d'épis, le rendement grain et l'indice de récolte présentent de faibles valeurs de l'héritabilité au sens large. Ces résultats suggèrent un effet milieu très important qui masque l'effet génétique. L'héritabilité au sens étroit est juste moyenne pour le nombre de grain par épi, le poids de 1000-grains, la précocité à l'épiaison, la hauteur. Elle est faible pour le rendement grain et la biomasse aérienne. Le gain génétique attendu varie de 2.6% pour la précocité à l'épiaison à 20.3% pour le nombre de grains par épi. Ces résultats corroborent ceux rapportés par plusieurs auteurs dont BOUKECHA [186] ; YADAV *et al.* [193] ; AHMAD [197] ; KHALIQ [198] ; AJMAL *et al.* [199] et ESHGHI *et al.* [200]. L'hybride A<sub>899</sub>/Wifak exprime une hétérosis positive et significative pour le poids de la plante, le poids des épis, le nombre d'épis, le rendement grain, la longueur de l'épi, le contenu en chlorophylle SPAD et une hétérosis significative et négative pour la précocité à l'épiaison et la teneur relative en eau. Cet hybride est intéressant dans la mesure où c'est le seul hybride qui présente une hétérosis pour le rendement associée à la biomasse aérienne et au nombre d'épis, qui sont des caractères déterminants du rendement. Cet hybride mérite une étude plus approfondie, suite au fait que chez les plantes autogames, comme c'est le cas du blé tendre, l'effet hétérosis se dissipe peu à peu à mesure que la ségrégation diminue et que le matériel sous sélection devient plus homozygote et plus homogène.

Ces résultats corroborent ceux de HASSAN [201] qui rapporte des valeurs négatives de l'hétérosis pour la date d'épiaison. AKTHAR [202] a trouvé des valeurs significatives de l'hétérosis pour la longueur du col de l'épi chez le blé tendre ainsi que HASSAN [201]. RAGHUVANSHI *et al.* [203] ont également enregistré une hétérosis positive pour la hauteur de la végétation. YU *et al.* [204] ont fourni l'évidence de l'hétérosis par rapport au parent moyen pour le nombre d'épis produits par plant. ULLAH *et al.* [205] ont rapporté des valeurs positives de l'hétérosis par rapport au parent moyen pour le nombre de grains par plant. YU *et al.* [204] observent des valeurs positives de l'hétérosis par rapport au parent moyen pour le rendement en grain par plant chez le blé. Des résultats identiques ont été obtenus par MAHPARA [206] pour l'indice de récolte.

## CONCLUSION

L'objectif de ce travail est d'évaluer le potentiel génétique de neuf génotypes de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) et leurs hybrides  $F_1$  sous conditions climatiques semi-arides afin de déduire les meilleurs géniteurs et chercher les meilleures combinaisons hybrides possibles qui pourraient être utilisées dans les futurs programmes d'amélioration.

Les résultats obtenus suite aux analyses statistiques effectuées ont démontré une large variabilité génotypique aussi bien au niveau des parents qu'au sein des hybrides pour la majorité des caractères étudiés. Cela suggère la possibilité de sélection de nouveaux cultivars pour ces caractères durant les prochaines générations.

Les différentes analyses génétiques achevées ont montré la présence des effets géniques additifs qui interviennent dans l'expression de certains caractères et non-additifs pour certains d'autres. L'action génique indique la complexité du système génétique influencé par les effets additifs et non-additifs pour le rendement et les caractères relatifs, ce qui suggère que la meilleure approche en matière d'amélioration du blé tendre est de choisir les meilleures combinaisons hybrides, faire avancer le matériel végétal par la méthode bulk, jusqu'à fixation des principaux effets géniques puis de faire une sélection sur la base des caractères d'intérêts, dont le rendement en grain.

La sélection classique a achevé un frappant succès dans l'extension de nouvelles variétés à haut potentiel. En outre, on le suggère également d'incorporer les outils de la biotechnologie dans les stratégies conventionnelles d'amélioration afin d'augmenter la précision et réduire la période de sélection des génotypes souhaitables.

## REFERENCES

1. Thirumeni, S., Subramanian, M. and Paramasivam, K., "Combining ability and gene action in rice", *Trop. Agric. Res.*, 12, (2000), 375 - 385.
2. Sulodhani Devi, E., Singh, N.B., Bijaya Devi, A., Singh, N.G. and Laishram, G.M., "Gene action for fruit yield and its components in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.)", *Ind. J. Genet.*, V. 65, (2005), 221 - 222.
3. Singh, R.K. and Chaudhary, B.D., "Biometrical methods in quantitative genetic analysis", Kalyani Publ., New Delhi, (1985), 318 p.
4. Sakamura, T., "Kurze Mitteilung uber die Chromosomenzahlen und die Verwandtschaftsverhaltnisse der Triticum-Arten", *In: Curtis, B.C., Rajaram, S. and Macpherson, G.H., "Bread wheat. Improvement and Production", Eds. Food and Agriculture Organization, Rome, V. 30, (2002).*
5. Ahn, S.N., Anderson, J.A., Sorrels, M.E. and Tanksley, S.D., "Homoeologous relationships of rice, wheat and maize chromosomes", *Mol. Gen. Genet.*, V. 241, (1993), 483 - 490.
6. Feldman, M. and Sears, E.R., "The wild gene resources of wheat", *Scientific American*, V. 244, (1981), 102 - 112.
7. Kihara, H., "Discovery of the DD-analyser, one of the ancestors of *Triticum vulgare* (Japanese)", *Agric. Hort.*, V. 19, (1944), 13 - 14.
8. Dvorak, J., Luo, M.C., Yang, Z.L. and Zhang, H.B., "The structure of the *Aegilops tauschii* gene pool and the evolution of hexaploid wheat", *Theor. Appl. Genet.*, V. 97, (1998), 657 - 670.
9. Heun, M., Schafer-Pregl, R., Klawan, D., Castagna, R., Accerbi, M., Borghi, B. and Salamini, F., "Site of Einkorn wheat domestication identified by DNA fingerprinting", *Science*, V. 278, (1997), 1312 - 1314.
10. Zohary, D. and Hopf, M., "Domestication of plants in the old world", 2<sup>nd</sup> ed., Oxford, UK, Calrendon Press, (1993).

11. Talbert, L.E., Smith, L.Y. and Blake, N.K., "More than one origin of hexaploid wheat is indicated by sequence comparison of low-copy DNA", *Genome*, V. 41, (1998), 402 - 407.
12. McFadden, E.S. and Sears, E.R., "The origin of *Triticum spelta* and its free-threshing hexaploid relatives", *J. Hered.*, V. 37, (1946), 81 - 89 and 107 - 116.
13. Sears, E.R. and Sears, L.M.S., "The telocentric chromosomes of common wheat", *In: Ramanujams, S. (Eds.), Proc. 5<sup>th</sup>Int., "Wheat Genetics Symp"*, New Delhi, Indian, Agricultural Research Institute, (1978), 389 - 407.
14. Law, C.N., "Wheat genetics - today and tomorrow", *In: Li, Z.S. and Xiu, Z.Y., (Eds.), Proc. 8<sup>th</sup>Int. Wheat Genetics Symp., Beijing, China, Sciencetech Press, (1993), 3 - 10.*
15. Pederson, C. and Langridge, P., "Identification of the entire chromosome complement of bread wheat by two-color FISH", *Genome*, V. 40, (1997), 589 - 593.
16. Jiang, J. and Gill, B.S., "Different species-specific chromosome translocations in *Triticum timopheevii* and *T. turgidum* support diphyletic origin of polyploid wheats", *Chrom. Res.*, V. 02, (1994), 59-64.
17. Naranjo, T., Roca, A., Goicoechea, P.G. and Giraldez, R., "Arm homoeology of wheat and rye chromosomes", *Genome*, V. 29, (1987), 873 - 882.
18. Mickelson-Young, L., Endo, T.R. and Gill, B.S., "A cytogenetic ladder-map of the wheat homeologous group 4 chromosomes", *Theor. Appl. Genet.*, V. 90, (1995), 1007 - 1011.
19. Mello-Sampayo, T., "Genetic regulation of meiotic chromosome pairing by chromosome 3D of *Triticum aestivum*", *Nature New Biol.*, V. 230, (1971), 22 - 23.
20. Samouelian, F., Gaudin, V. and Boccara, M., "Génétique moléculaire des plantes", Eds. Quae, Paris, (2009), 208 p.



21. Tagu, D., "Principes des techniques de biologie moléculaire", Eds. Quae, Paris, (1999), 131 p.
22. Gill, B.S. and Friebe, B., "Cytogenetics, phylogeny and evolution of cultivated wheats", *In*: Curtis, B.C., Rajaram, S. and Macpherson, G.H., "Bread wheat. Improvement and Production", Eds. Food and Agriculture Organization, Rome, V. 30, (2002), 71- 88.
23. IGC, "Grain market report", GMR No. 420, (April 2012), [www.igc.int](http://www.igc.int).
24. FAOSTAT, "Statistical Database of the Food and Agriculture Organization of the United Nations", 2009, [www.FAO.org](http://www.FAO.org).
25. MADR, "Annuaire statistique du Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural ", Série B, (2011).
26. Simmonds, N.W., "Selection for local adaptation in a plant breeding program", *Theor. Appl. Genet.*, 82, (1991), 363 - 367.
27. Acevedo, E., "Improvement of winter cereal crops in Mediterranean environments. Use of yield, morphological and physiological traits", *In*: "Physiology Breeding of Winter Cereals for Stressed Mediterranean Environments", *Les Colloques de l'INRA*, V. 55, (1989), 273 - 305.
28. Acevedo, E., Silva, P. and Silva, H., "Wheat growth and physiology", *In*: Curtis, B.C., Rajaram, S. and Macpherson, G.H., "Bread wheat. Improvement and Production", Eds. Food and Agriculture Organization, Rome, V. 30, (2002), 34 - 70p.
29. Kamoshita, A., Babu, R.C., Boopathi, N.M. and Fukai, S., "Phenotypic and genotypic analysis of drought-resistance traits for development of rice cultivars adapted to rainfed environments", *Field Crops Research*, V. 109, (2008), 1 - 23.
30. Witcombe, J.R., Hollington, P.A., Howarth, C.J., Reader, S. and Steele, K.A., "Breeding for abiotic stresses for sustainable agriculture", *Phil. Trans. R. Soc.*, V. 363, n° B, (2008), 703 - 716.

31. Passioura, J.B., "Increasing Crop Productivity When Water is Scarce - From Breeding to Field Management", *In*: "New directions for a diverse planet", Proceedings of the 4<sup>th</sup> International Crop Science Congress, Brisbane, Australia, (2004).
32. Tardieu, F., "Virtual plants: modeling as a tool for the genomics of tolerance to water deficit", *Trends Plant Sci.*, V. 08, (2003), 9 - 14.
33. Blum, A., "Crop responses to drought and interpretation of adaptation", *Plant Growth Regulation*, V. 20, (1996), 135 - 148.
34. Chaves, M.M., Maroco, J.P. and Pereira, J.S., "Understanding plant responses to drought—from genes to the whole plant", *Funct. Plant. Biol.*, V. 30, (2003), 239 - 264.
35. Richards, R.A., Reitzke, G.J., Herwarden, V., Duggan, B.L. and Condon, A.G., "Improving dryland yield in rainfed environments through physiological plant breeding", *Dryland agriculture*, V. 362, (1997), 254 - 266.
36. Eckhart, N.A., "Abscisic acid biosynthesis gene underscores the complexity of sugar, stress, and hormone interactions", *Plant Cell*, V. 14, (2002), 2645 - 2649.
37. Ehdai, B., Waines, J.W. and Hall, A.E., "Differential response of landrace and improved spring wheat genotypes to stress environments", *Crop Sci.*, V. 28, (1988), 838 - 842.
38. Dakheel, A.J., Nasi, I., Mahalakshmi, V. and Peacock, J.M., "Morpho-physiological traits associated with adaptation of durum wheat to harsh Mediterranean environments", *Aspects of Applied Biology. Physiology of varieties*, V. 34, (1993), 297 - 307.
39. Scofield, T., Evans, J., Cook, M.G. and Wardlaw, I.F., "Factors influencing the rate and duration of grain filling in wheat", *Aust. Journ. Plant Physiol.*, V. 04, (1988), 785 - 797.
40. Condon, A.G., Richards, R.A. and Rebetzke, G.J., "Breeding for high water-use efficiency", *Journal of Experimental Botany*, V. 55, (2004), 2447 - 2460.

41. Kameli, A. and Lösel, D., 1996. "Growth and sugar accumulation in durum wheat plants under water stress", *New Phytol.*, V. 132, (1996), 57 - 62.
42. Gate, P., Boutier, A., Casabianca, H. et Deléens, E., "Caractères physiologiques décrivant la tolérance à la sécheresse des blés cultivés en France: interprétation des corrélations entre rendement et la composition isotopique du carbone des grains", *In: séminaire, "Tolérance à la sécheresse des céréales en zone méditerranéenne. Diversité génétique et amélioration variétale"*, Les Colloques de l'INRA, (Eds.), Montpellier, V. 64, (1992), 61 - 73.
43. Morgan, J.M., "Osmoregulation and water stress in higher plants", *Ann. Rev. Plant. Physiology*, V. 35, (1984), 299 - 319.
44. Rebetzke, G.J., Condon, R.A., Richards, R.A. and Farquhar, G.D., "Selection for reduced carbon isotope discrimination increases aerial biomass and grain yield of rain-fed bread wheat", *Crop Sci.*, V. 42, (2002), 739 - 745.
45. Ibrahim, A.M.H. and Quick, J.S., "Heritability of heat tolerance in winter and spring wheat", *Crop Sci.*, V. 41, (2001), 1401 - 1405.
46. Araus, J.L., Villegas, D. Aparicio, N. Garcia del Moral, L.F. El Hani, S. Rharrabti, Y. Ferrio, J.P. and Royo, C., "Environmental factors determining carbon isotope discrimination and yield in durum wheat under Mediterranean conditions", *Crop Sci.*, V. 43, (2003), 170 - 180.
47. Hauchinal, R.R., Tandon, J.P. and Salimath, P.M., "Valorization and adaptation of wheat varieties to heat tolerance in peninsular India", *In: Saunders, D.A. and Hettel, G.P. Eds, "Wheat in heat stressed environments, irrigated, dry areas and rice-wheat farming systems"*, Mexico, D.F., Cimmyt, (1993), 175 - 183.
48. Wardlaw, J.F. and Moncor, L., "The response of wheat to high temperature following anthesis. I: the rate and duration of grain filling", *Aust. J. Plant Physiol.*, V. 22, (1995), 391 - 397.

49. Siddique, K.H.M., Loss, S.P., Regan, K.L. and Jettner, R.L., "Adaptation and seed yield of cool season grain legumes in Mediterranean environments of south-western Australia", *Aust. J. Agric. Res.*, V. 50, (1999), 375 - 387.
50. Gate, P., "Ecophysiologie du blé : de la plante à la culture", *Technique et documentation*, Lavoisier, (Eds.), Paris, (1995), 429 p.
51. Mekhlouf, A., Bouzerzour, H., Bemahammed, A., Hadj Sahraoui, A. et Harkati, N., "Adaptation des variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au climat semi-aride", *Sécheresse*, V. 17, (2006), 507 - 513.
52. Sutka, J., Vagujfalvi, A., Koszegi, B., and Galiba, G., "Inheritance of frost resistance and drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.)", *Proc. Latvian Acad. Sci. Sect.*, V.51, (1997), 33 - 38.
53. Abbassenne, F., Bouzerzour, H. et Hachemi, L., "Phénologie et production du blé dur en zone semi-aride d'altitude", *Annales INA - El Harrach, Alger*, V. 18, (1998), 24 - 36.
54. Benbelkacem, A. et Kellou, K., "Evaluation du progrès génétique chez quelques variétés de blé dur (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) cultivées en Algérie", *Options Méditerranéennes*, V. 06, n° A, (2000), 105 - 110 p.
55. Fellah, A., Bouzerzour, H., Benmahammed, A., et Djekoun, A., "Sélection pour améliorer la tolérance aux stress abiotiques chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.)", *Actes Inst. Agron. Vet.*, (Maroc), V. 22, (2002), 161 - 168.
56. Benderradji, L., Brini, F., Amar, S.B., Kellou, K., Azaza, J., Masmoudi, K., Bouzerzour, H., Hanin, M., "Sodium transport in the seedlings of two bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes showing contrasting salt tolerance", *Aust. J. Crop Sci.*, Vol. 05, (2011), 233 - 241.
57. Benbelkacem, A., Sadli, F. et Brinis, L., "La recherche pour la qualité des blés durs en Algérie", *Options Méditerranéennes*, V. 22, n° A, (Novembre 1993), 61 - 65.

58. Reynolds, M., Dreccer, F. and Trethowan, R., "Drought-adaptive traits derived from wheat wild relatives and landraces", *J. Exp. Bot.*, V. 58, (2007), 177 - 186.
59. Adjabi, A., Bouzerzour, H., Lelarge, C., Benmahammed, A., Mekhlouf, A. and Hanachi, A., "Relationships between grain yield performance, temporal stability and carbone isotope discrimination in durum wheat (*Triticum durum* Desf.) under Mediterranean conditions", *Journal of Agronomy*, V. 06, n° 2, (2007), 294 - 301.
60. Bouzerzour, H. et Djekoun, A., "Etude de l'interaction génotype x lieu du rendement de l'orge en zone semi-aride", *Science et Technologie*, V. 7, (1996), 16 - 28.
61. Cattivelli, L., Baldi, P., Crosatti, N., Di Fonzo, N. and Stanca, M., "Chromosome regions and stress related sequences involved in resistance to abiotic stress in *Triticeae*", *Plant Molecular Biology*, V. 48, (2002), 649 - 665.
62. Annichiarico, P., Bellah, F. and Chiari, T., "Repeatable genotype x location interaction and its exploitation by conventional GIS-based cultivar recommendation for durum wheat in Algeria", *Europ. J. Agronomy*, V. 24, (2006), 70 - 81.
63. Lecomte, C., "L'évaluation expérimentale des innovations variétales. Proposition d'outils d'analyse de l'interaction génotype - milieu adaptés à la diversité des besoins et des contraintes des acteurs de la filière semences", Thèse de Doctorat, INA P-G, Paris, France, (2005), 173 p.
64. Benmahammed, A., Nouar, H., Haddad, L., Laala, Z., Oulmi, A. et Bouzerzour, H., "Analyse de la stabilité des performances de rendement du blé dur (*Triticum durum* Desf.) sous conditions semi-arides", *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, V. 14, (2010), 177 - 186.
65. Rebetzke, G.J., Ellis, M.H., Bonnett, D.G., and Richards, R.A., "Molecular mapping of genes for coleoptiles growth in bread wheat (*Triticum aestivum* L.)", *Theor. Appl. Genet.*, V. 114, (2007), 1173 - 1183.

66. Fischer, R.A., "Number of kernels in wheat crops and the influence of solar radiation and temperature", J. Agr. Sci. Camb., V. 105, (1985), 447 - 461.
67. Bouzerzour, H., Djekoune, A., Benmahammed, A. et Hassous, L., "Contribution de la biomasse aérienne, de l'indice de récolte et de la précocité au rendement de l'orge (*H. vulgare* L.) en zone semi-aride d'altitude", Méthodes et techniques, Cahiers Agricultures, V. 07, (1998), 307 - 17.
68. Hadjichristodoulou, A., "The effects of optimum heading date and its stability on yield and consistency of performance of barley and durum wheat in dry areas", J. Agri. Sci., (Camb), V. 108, (1987), 599 - 608.
69. Worland, A.J., Apendina, M.L., and Sayers, E.J., "The distribution in European winter wheat of genes that influence eco-climatic adaptability while determining photoperiod insensitivity and plant height", Euphytica, V. 80, (1994), 219 - 228.
70. Bahlouli, F., "Variabilité génétique et analyse de piste d'un germoplasme d'orge (*Hordeum vulgare* L.)", Thèse de Magister INA - El Harrach, Alger, (1998), 80 p.
71. Bahlouli, F., Bouzerzour, H., Benmahammed, A. and Hassous, K.L., "Selection of high yielding and risk efficient durum wheat (*Triticum durum* Desf.) cultivars under semi arid conditions", J. Agron., V. 4, (2005), 360 - 365.
72. De Vita, P., Li Destri Nicosia, O., Nigro, F., Platani, C., Riefolo, C., Di Fonzo, N. and Cattivelli, L., "Breeding progress in morpho-physiological, agronomical and qualitative traits of durum wheat cultivars released in Italy during the 20th century", Eur. J. Agron., V. 26, (2007), 39 - 53.
73. Kirby, E.J.M. and Appleyard, M., "Cereal development guide", Eds. Baron, A., cereal unit, (1981), 70 p.
74. Annicchiarico, P., Bellah, F. and Chiari, T., "Defining sub regions and estimating benefits for a specific adaptation strategy by breeding programs: a case study", Crop Sci., V. 45, (2005), 1741 - 1749.

75. Ehdaie, B., Alloush, G.A., Madore, M.A. and Waines, J.G., "Genotypic variation for stem reserves and mobilization in wheat. I. Postanthesis changes in internode dry matter", *Crop Sci.*, V. 46, (2006), 735 - 746.
76. Slafer, G.A., Araus, J., Royo, C. and Del Moral, L.F.G., "Promising eco-physiological traits for genetic improvement of cereal yields in Mediterranean environments", *Ann. of Applied Biol.*, V. 146, (2005), 61 - 79.
77. Slafer, G.A. and Andrade, F.H., "Genetic improvement effect on pre-anthesis phenological attributes related to wheat grain yield", *Field Crop Research*, V. 23, (1990), 255 - 263.
78. Clarke, J.M. and McCaig, T.N., "Excised-leaf water retention capacity as an indicator of drought resistance of *Triticum* genotypes", *Can. J. Plant. Sci.*, V. 62, (1982), 571 - 577.
79. Farshadfar, E., Kőszegi, B., Tischner, T. and Sutka, J., "Substitution analysis of drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.)", *Plant breeding*, V. 114, (1995), 542 - 544.
80. Acevedo, E., Silva, P., Silva, H. and Solar, B., "Wheat production in Mediterranean environments", *In: Satorre, E.H., and Slafer, G.A., (Eds.), "Wheat: Ecology and Physiology of Yield Determination", Food Product Press, New York, (1999), 295 - 331.*
81. Blum, A., "Breeding for Stress Environments", CRC Press, Boca Raton., (Eds.), (1988), 223 p.
82. Araus, J.L., Slafer, G.A., Reynolds, M.P. and Royo, C., "Plant breeding and drought in C3 cereals: what should we breed for?", *Ann. Bot.*, V. 89, (2002), 925 - 940.
83. Jones, M., Dingkuhn, M., Aluko, G.K. and Semon, M., "Interspecific *Oryza sativa* L. x *O. glaberrima* Steud. progenies in upland rice improvement", *Euphytica*, V. 94, (1997), 237 - 246.
84. Bartels, D. and Sunkar, R., "Drought and salt tolerance in plants", *Crit Rev Plant Sci.*, V. 24, (2005), 23 - 58

85. Eagles, H.A., Bariana, H.S., Ogonnaya, F.C., Rebetzke, G.J., Hollamby, G.J., Henry, R.J., Henschke, P.H. and Carter, M., "Implementation of markers in Australian wheat breeding", *Australian Journal of Agricultural Research*, V. 52, (2001), 1349 - 1356.
86. Najimi, B., El Jaafari, S., Jlibène, M. et Jacquemin, J., "Applications des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes", *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, V. 7, n° 1, (2003), 17 - 35.
87. Hospital, F., "Size of donor chromosome segments around introgressed loci and reduction of linkage drag in marker-assisted backcross programs", *Genetics*, V. 158, (2001), 1363 - 1379.
88. Langridge, P., Lagudah, E.S., Holton, T.A., Appels, R., Sharp, P.J. and Chalmers, K.J., "Trends in genetic and genome analyses in wheat: a review", *Australian Journal of Agricultural Research*, V. 52, (2001), 1043 - 1077.
89. Paterson, A.H., Damon, S., Hewitt, J.D., Zamir, D., Rabinowitch, H.D., Lincoln, S.E., Lander, E.C. and Tanksley, S.D., "Mendelian factors underlying quantitative traits in tomato: comparison across species, generation and environments", *Genetics*, V. 127, (1991), 181 - 197.
90. Yang, J.C., Zhang, J.H., Wang, Z.Q., *et al.*, "Activities of starch hydrolytic enzymes and sucrose-phosphate synthase in the stems of rice subjected to water stress during grain filling", *J. Exp. Bot.*, V. 52, (2001), 2169 - 2179.
91. Yang, J.C., Zhang, J.H., Wang, Z.Q., *et al.*, "Involvement of abscisic acid and cytokinins in the senescence and remobilization of carbon reserves in wheat subjected to water stress during grain filling", *Plant. Cell. Environ.*, V. 26, (2003), 1621 - 1631.
92. Lee, G.J. and Vierling, E., "A small heat shock protein cooperates with heat shock protein 70 systems to reactivate a heat-denatured protein", *Plant Physiol.*, V. 122, (2000), 189 - 197.
93. Ribaut, J.M. and Betran, J., "Single large-scale marker-assisted selection (SLS - MAS)", *Mol. Breed.*, V. 05, (1999), 531 - 541.



94. Chao, S., Sharp, P.J., Worland, A.J., Warham, E.J., Koebner, R.M.D. and Gale, M.D., "RFLP-based genetic maps of wheat homoeologous group 7 chromosomes", *Theor. Appl. Genet.*, V. 78, (1989), 495 - 504.
95. Devos, K.M. and Gale, M.D., "The genetic maps of wheat and their potential in plant breeding", *Outl. Agric.*, V. 22, (1993), 93 - 99.
96. Xie, D.X., Devos, K.M., Moore, G. and Gale, M.D., "RFLP based genetic maps of the homoeologous group 5 chromosomes of bread wheat (*Triticum aestivum* L.)", *Theor. Appl. Genet.*, V. 87, (1993), 70 - 74.
97. Marino, C.L., Nelson, J.C., Lu, Y.H., Sorrels, M.E., Lopes, C.R. and Hart, G.E., Molecular genetic maps of the group 6 chromosomes of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell)", *Genome*, V. 39, (1996), 359 - 366.
98. Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. and Tingey, S.V., "DNA Polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers", *Nucleic Acids Research.*, V. 18, (1990), 6531 - 6535.
99. Röder, M.S., Korzun, V., Wendehake, K., Plaschke, J., Tixier, M.H., Leroy, P. and Ganal, M.W., "A microsatellite map of wheat", *Genetics*, V. 149, (1998), 2007 - 2023.
100. Messele, T., "Multidisciplinary approach in estimating genetic diversity of Ethiopian tetraploid wheat (*Triticum turgidum* L.) landraces", PhD, dissertation, Wageningen University, Wageningen, (2001), 106 p.
101. Alamerew, S., Chebotar, S., Huang, X., Röder, M.S. and Börner, A., "Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers", *Gen. Res. Crop Evol.*, V. 51, (2004), 559 - 564.
102. Bohn, M., Friedrich, U. H. and Melchinger, A.E., "Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis of RFLPs, AFLPs and SSRs and their use for predicting progeny variance", *Crop Sci.*, V. 39, (1999), 228 - 237.

103. Khan, A.A., Bergstrom, G.C., Nelson, J.C. and Sorrells, M.E., "Molecular markers for resistance to wheat spindle streak mosaic by virus (WSSMV) disease", *Genome*, V. 43, (2000), 477 - 482.
104. Olson, M., Hood, L., Cantor, C. and Botstein, D., "A common language for physical mapping of the human genome", *Science*, V. 245, (1989), 1434 - 1435.
105. Kantety, R.V., Rota, M.L., Mathews, D.E. and Sorrells, M.E., "Data mining for simple-sequence repeats in expressed sequence tags from barley, maize, rice, sorghum and wheat", *Plant Molecular Biology*, V. 48, (2002), 501 - 510.
106. Anderson, J.A., Ogihara, Y., Sorrells, M.E. and Tanksley, S.D., "Development of a chromosomal arm map for wheat based on RFLP markers", *Theoretical and Applied Genetics*, V. 83, (1992), 1035 - 1043.
107. Hartl, L., H. Weiss, F. J. Zeller, and Jahoor, A., "Use of RFLP markers for the identification of alleles of the *Pm3* locus conferring powdery mildew resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.)", *Theor. Appl. Genet.*, V. 86, (1993), 959 - 963.
108. Jia, J., Devos, K.M., Chao, S., Miller, T.E., Reader, S.M. and Gale, M.D., "RFLP based maps of the homoeologous group 6 chromosomes of wheat and their application in the tagging of *Pm12*, a powdery mildew resistance gene transferred from *Aegilops speltoides* to wheat", *Theor. Appl. Genet.*, V. 92, (1996), 559 - 565.
109. Devos, K.M. and Gale, M.D., "The use of random amplified polymorphic DNA markers in wheat", *Theor. Appl. Genet.*, V. 84, (1992), 567 - 572.
110. Salem, K.F.M., "The inheritance and molecular mapping of genes for post-anthesis drought tolerance (PADT) in wheat", *Thèse de Doctorat*, Martin-Luther-university, Göttingen (Allemagne), (2004), 146 p.
111. Kochert, G., "RFLP technology", *In: Phillip, R.L. and Vasil, I.K., (Eds.), "DNA-Based Markers in Plants"*, Kluwer Academic Publishers, The Netherlands, (1994), 8 - 38.

112. Sehgal, D. and Yadav, R., "Molecular Markers Based Approaches for Drought Tolerance", In: Mohan Jain, S. and Brar, D.S., "Molecular Techniques in Crop Improvement", 2<sup>nd</sup> ed., (2010), 207 - 230.
113. Shi, Y.Z., Guo, W.U., Deng, X.X., Shi, Y.Z., Guo, W.W. and Deng, X.X., "Establishment of RAPD analysis techniques and identification of somatic hybrids in Citrus", Acta. Hort. Sinica., V. 25, (1998), 105 - 110.
114. Neu, C., Stein, N. and Keller, B., "Genetic mapping of the *Lr20-Pm1* resistance locus reveals suppressed recombination on chromosome arm 7AL in hexaploid wheat", Genome, V. 45, (2002), 737 - 744.
115. Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., and Zabeau, M. "AFLP a new technique for DNA fingerprinting", Nucleic Acids Research, Vol. 23, n° 21, (1995), 4407 - 4414.
116. Zeller, F.J., Kong, L., Hartl, L. Mohler, V. and Hsam, S.L.K., "Chromosomal location of genes for resistance to powdery mildew in common wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.)7 Gene *Pm29* in line Pova", Euphytica, V. 123, (2002), 187 - 194.
117. Maughan, P.J., Saghai Maroof, M.A. Buss, G.R. and Huestis, G.M., "Amplified fragment length polymorphism (AFLP) in soybean: species diversity, inheritance, and near-isogenic line analysis", Theor. Appl. Genet., V. 93, (1996), 392 - 401.
118. Mohler, V., Hsam, S.L.K., Zeller, F.J. and Wenzel, G., "An STS marker distinguishing the rye-derived powdery mildew resistance alleles at the *Pm8/Pm17* locus of common wheat", Plant Breed., V. 120, (2001), 448 - 450.
119. Hamada, H., Petrino, M.G. and Kakunaga, T., "A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes", Proc Natl Acad Sci (USA), V. 79, (1982), 6465 - 6469.
120. Tautz, D. and Renz, M., "Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes", Nucleic Acids Res., V. 12, (1984), 4127 - 4138.

121. Röder, M.S., Plaschke, J., König, S.U., Börner, A., Sorrells, M.E., Tanksley, S.D. and Ganai, M.W., "Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat", *Mol. Gen. Genet.*, V. 246, (1995), 327 - 333.
122. Somers, D.J., Isaac, P. and Edwards, K., "A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.)", *Theoretical and Applied Genetics*, V. 109, (2004), 1105 - 1114.
123. Bougot, Y., Lemoine, J. Pavoine, M.T., Barloy, D. and Doussinault, G., "Identification of a microsatellite marker associated with Pm3 resistance alleles to powdery mildew in wheat", *Plant Breed.*, V. 121, (2002), 325 - 329.
124. Kempthorne, O., "An introduction to genetic statistics", John Wiley & Sons. Inc., New York, (1957), 545 p.
125. Hallauer, A.R., and Miranda, J.B.Fo., "Quantitative Genetics in Maize Breeding", 2<sup>nd</sup> ed., Iowa State University Press, Ames, IA., (1988), 468 p.
126. Sprague, G. F. and Tatum, L. A., "General and specific combining ability in single crosses of corn", *J. Amer. Soc. Agron.*, V. 34, (1942), 923 - 32.
127. Zahour, A., "Eléments d'amélioration génétique des plantes", Actes éd., Rabat, (Maroc), (1992), 230 p.
128. Griffing, B., "Concept of general combining ability and specific combining ability in relation to diallel crossing system", *Aust. J. Biol. Sci.*, V. 09, (1956), 463 - 493.
129. Gardner, C.O., "Estimation of genetic parameters in cross-pollinated plants and their implications in plant breeding", *Statistical Genetics and Plant Breeding*, NAS - NRS Washington D, C. Publication, V. 982, (1963), 228 - 234.
130. Joshi, S.K, Sharma, S.N., Sighania, D.L. and Sain, R.S., "Genetic analysis of some quantitative and quality traits under varying environmental conditions in bread wheat", *Wheat information service*, V. 95, (2002), 5 - 10.
131. Hussain, A., "Inheritance studies on morpho-physiological and agronomic characters in spring wheat", *Euphytica*, V. 19, n° 1, (1991), 54 - 60.

132. Dey-Sarkar, A.K. and Roy, I., "Estimation of gene action conditioning yield and its components in spring wheat", SABARO J., V. 25, n° 1, (1993), 41 - 47.
133. Saeed, A., Chowdhry, M.A., Saeed, N., Khaliq, I. and Johr, M.Z., "Line x tester analysis for some Morpho-Physiological Traits in Bread Wheat", Int. J. Agri. Biol., V. 3, n° 4, (2001), 444 - 447.
134. Iqbal, M. and Khan, A.A., "Analysis of combining ability for spike characteristics in wheat (*Triticum aestivum* L.)", Int. J. Agri. Biol., V. 08, n° 5, (2006), 684 - 687.
135. Ajmal, S.U., Khanam, B., Khanum, S. and Akram, Z., "Gene action studies for some biometric traits in a diallel cross of wheat", Pak. J. Biol. Sci., V. 03, n° 10, (2000), 1799 - 1800.
136. Ullah, I., "Inheritance of important traits in bread wheat using diallel analysis", PhD, Thesis, NWFP Agri. Univ., Peshawar, Pakistan, (2004).
137. Mahpara, S., Ali, Z. and Ahsan, M., "Combining ability analysis for yield and yield related traits among wheat varieties and their F<sub>1</sub> hybrids", Int. J. Biol. Sci., V. 10, n° 6, (2008), 599 - 604.
138. Chowdhry, M.A., Arshad, M.T., Subhani, G.M. and Khaliq, I., "Inheritance of some polygenic traits in hexaploid spring wheat", JAPS, V. 7, (1997), 77 - 79.
139. Khan, A.S. and Ali, Z., "General and specific combining ability estimates for plant height and some yield components in wheat", Pak. J. Agric. Res., V. 13, n° 3, (1998), 211 - 215.
140. Iqbal, M., "Diallel analysis of some physio-morphological traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L.)", PhD, Thesis, Deptt. P.B.G., Univ. Agri., Faisalabad, Pakistan, (2004), 224 p.
141. Ullah, S., Khan, A., Raza, A. and Sadique, S., "Gene Action Analysis of Yield and Yield Related Traits in Spring Wheat (*Triticum aestivum*)", Int. J. Agric. Biol., V. 12, n° 1, (2010), 125 - 128.

142. Wagoire, W.W., Stolen, O. and Ortiz, R., "Combining ability analysis in bread wheat adapted to the East African highlands Wheat", Information Service, V. 87, (1998), 39 - 41.
143. Arshad, M. and Chowdhry, M.A., "Impact of environment on the combining ability of bread wheat genotypes", Pak. J. Bio. Sci., V. 5, n° 12, (2002), 1316 - 1320.
144. Khasif, M. and Khaliq, I., "Determination of general and specific combining ability effects in a diallel cross of spring wheat", Pak. J. Biol. Sci., V. 06, n° 18, (2003), 1616 - 1620.
145. Khan, A.S., and Habib, I., "Gene action in five parents diallel cross of spring wheat (*Triticum aestivum* L.)", Pak. J. Biol. Sci., V. 06, n° 23, (2003), 1945 - 1948.
146. Nazeer, A.W., Sareer-ul-hassan, M. and Akram, Z., "Genetic architecture of some agronomic traits in diallel cross of bread wheat", Pak. J. Biol. Sci., V. 07, n° 8, (2004), 1340 - 1342.
147. Rehman, A., Khaliq, I., Chowdhry, M.A. and Khushnood, R.I., "Combining ability studies for polygenic characters in *Aestivum* species", Int. J. Agric. Biol., V. 4, (2002), 171 - 1174.
148. Chowdhry, M.A., Saeed, M.S. Khaliq, I. and Ahsan, M., "Combining ability analysis for some polygenic traits in a 5 x 5 diallel cross of bread wheat (*Triticum aestivum* L.)", Asian J. Pl. sci., V. 04, n° 4, (2005), 405 - 408.
149. Rahim, M.A., Salam, A., Saeed, A. and Shakeel, A., "Combining ability for flag leaf area, yield and yield components in bread wheat", J. Agric. Res., V. 44, n° 3, (2006), 175 - 180.
150. Chowdhry, M.A., Rabbani, G., Subhani, G.M. and Khaliq, I., "Combining ability studies for some polygenic traits in *Aestivum* spp", Pak. J. Biol. Sci., V. 02, n° 2, (1999), 434 - 437.

151. Mahmood, N. and Chowdhry, M.A., "Ability of bread wheat genotypes to combine for high yield under varying sowing conditions", J. Genet. Br., V. 56, (2002), 119 - 125.
152. Chowdhry, M.A., Chaudhry, M.A., Gilani, S.M.M. and Ahsan, M., "Genetic control of some yield attributes in bread wheat", Pak. J. Biol. Sci. V. 04, (2001), 980 - 982.
153. Khaliq, I. and Chowdhry, M.A., "Inheritance of yield related traits across environments", Pak. J. Biol. Sci., V. 4, n° 7, (2001), 829 - 837.
154. Malik, M.F.A., Iqbal, S. and Ali, S., "Genetic behavior and analysis of quantitative traits in five wheat genotypes", V. 01, n° 4, (2005), 313 - 315.
155. Riaz, R. and Chowdhry, M.A., "Genetic analysis of some economic traits of wheat under drought conditions", Asian J. Pl. Sci. V. 02, (2003), 790 - 796.
156. Habib, I. and Khan, A.S., "Genetic model of some economic traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.)", Asian J. Pl. Sci., V. 02, n° 17, (2003), 1153 - 1155.
157. Siddique, M., Ali, S., Malik, M.F.A. and Awan, S.I., "Combinng ability estimates for yield and yield components in spring wheat", Sarhad J. Agri., V. 20, n° 4, (2004), 485 - 487.
158. Khan, M.U., Chowdhry, M.A., Khaliq, I. and Ahmad, R., "Morphological response of various genotypes to drought conditions", Asian J. Pl. Sci., V. 02, n° 4, (2003), 392 - 394.
159. Joshi, S.K, Sharma, S.N., Sighania, D.L. and Sain, R.S., "Combining ability in the F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations of diallel cross in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.)", Hereditas, V. 141, n° 2, (2004), 115 - 121.
160. Prabhu, K.V. and Sharma, B.D., "Combining ability for flag leaf area in bread wheat", Ind. J. Agric. Sci., V. 57, (1987), 873 - 875.
161. Chennafi, H., Aïdaoui, A., Bouzerzour, H. and Saci, A., "Yield reponse of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) cultivar Waha to deficit irrigation under semiarid growth conditions", Asian J. Plant Sci., V. 05, (2006), 854 - 860.

162. Chennafi, H., "Optimisation de l'apport d'appoint d'eau sur trois variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) à différents stade. Cas des hautes plaines Sétifiennes", Thèse de Magister, INA - El Harrach, Alger, (1996), 64 p.
163. Laumont, P. et Erroux, J., "Inventaire des blés durs rencontrés et cultivés en Algérie", Mémoires de la Société d'Histoire Naturelle de l'Afrique du Nord, V. 5, (1961), 94 p.
164. Barrs, H.D. and Weatherley, P.E., "A re-examination of the relative turgidity technique for estimating water deficits in leaves", Aust. J. Biol. Sci., V. 24, (1962), 519 - 570.
165. Spagnoletti-Zeuli, T.L. and Qualset, P.O., "Flag leaf variation and the analysis of diversity in durum wheat", Plant Breeding, V. 105, (1990), 189 - 202.
166. Fellah, S., "Variation de la teneur relative en eau, de l'intégrité cellulaire, de la croissance et de l'efficience d'utilisation de l'eau des variétés de blé dur conduites sous différentes intensités de stress hydrique", Mémoire de Magister, Institut des Sciences de la Nature, Université Larbi Ben Mhidi, OEB, (2008), 70 p.
167. Troll, W. and Lindsley, J., "A photometric method for the determination of proline", J. Biochem., V. 215, (1955), 655 - 660.
168. Dreir, W. and Görring, M., "Der Einfluss hoher salz Konzentrationen auf verschieden physiologische Parameter von Maisururzln", DER hu; Berlin, Nath. Naturwiss. R., V. 23, (1974), 641 - 644.
169. Monneveux, P. et Nemmar, M., "Contribution à l'étude de la résistance à la sécheresse chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) et chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.): Etude de l'accumulation de la proline au cours du cycle de développement", Agronomie, V. 06, n° 6, (1986), 583 - 590.
170. Panse, V.G. and Sukhatme, P.V., "Statistical Methods", Oxford and IBH Publishers, New Delhi, (1961).



171. Singh, R.K. and Chaudhary, B.D., "Biometrical methods in quantitative genetics analysis", Kalyani Publ., New Delhi, India, (1985), 318 p.
172. Falconer, D.S. and Mackey, F.C., "Introduction to quantitative genetics", 4<sup>th</sup> ed., Longman, New York, (1996), 464 p.
173. Nadarajan, N. and Gunasekaran, M., "Quantitative genetics and biometrical techniques in plant breeding", Kalyani Pub., New Delhi, (2005), 258 p.
174. Harer, P.N. and Bapat, D.R., "Line x tester analysis of combining ability in grain sorghum", Journal Maharashtra Agriculture University, V. 7, (1982), 230 - 232.
175. Marilia, C.F., Servio, T.C., Vatter, O.R., Clibas, V., Siu, T.M., "Combining ability for nodulation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotype from Andean and middle American gene pools", Euphytica, V. 118, (2001), 265 - 270.
176. Kenga, R., Albani, S.O. and Gupta, S.C., "Combining ability studies in tropical sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Meonch)", Field Crop Res., V. 88, (2004), 251 - 260.
177. Belkharchouche, H., Fellah, S., Bouzerzour, H., Benmahammed, A. et Chellal, N., "Vigueur de croissance, translocation et rendement en grains du blé dur (*Triticum durum* Desf.) sous conditions semi arides", Courrier du Savoir, V. 09, (2009), 17 - 24.
178. Bensemene, L. et Bouzerzour, H., "Rythme de développement des variétés contrastées de blé dur (*Triticum durum* Desf). I - Analyse de la croissance-développement", Recherche agronomique, V. 18, (décembre 2006), 30 - 52.
179. Abbas, K. et Abdelguerfi, A., "Perspectives d'avenir de la jachère pâturée dans les zones céréalières semi-arides", Fourrages, V. 184, (2005), 533 - 546.
180. Gowda, M., Longin, C.F.H., Lein, V. and Reif, J.C., "Relevance of Specific versus General Combining Ability in Winter Wheat", Crop Sci., V.52, n° 6, (2012), 2494 - 2500.

181. Brandle, J.E. and McVetty, P.B.E., "Heterosis and combining ability in hybrids derived from oilseed rape cultivars and inbred lines", *Crop Sci.*, V. 29, (1989), 1191 - 1195.
182. Panter, D.M., Allen, F.L., "Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: II. Selection of superior crosses from a limited number of field trials", *Crop Sci.*, V. 35, (1995), 405 - 410.
183. Akbar, M., Anwar, J., Hussain, M., Qureshi, M.H., and Khan, S., "Line  $\times$  tester analysis in bread wheat (*Triticum aestivum* L.)", *J. Agric. Res.*, V.47, n° 1, (2009), 411 - 420.
184. Dhanda, S.S. and Sethi, G.S., "Inheritance of excised leaf water loss and relative water content in bread wheat (*Triticum aestivum*)", *Euphytica*, V. 104, (1998), 39 - 47.
185. Farshadfar, E., Rafiee, F. and Yghotipoor, A., "Comparison of the efficiency among half diallel methods in the genetic analysis of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought stress condition", *Annals of Biological Research*, V.3, n° 3, (2012), 1607 - 1622.
186. Boukecha, D., "Etude agronomique et génétique de la tolérance à la sécheresse de quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.)", *Mémoire de Magister, ENSA*, (2001), 139 p.
187. Ahmad, I.H., Mohammad, F., Siraj-ud-din, Hassan, G. and Gul, R., "Diallel analysis of the inheritance pattern of agronomic traits of bread wheat", *Pak. J. Bot.*, V. 38, n° 4, (2006), 1169 - 1175.
188. Hanifi-Mekliche, L., Boukecha, D. et Mekliche, A., "Analyse agronomique et génétique de quelques variétés de blé dur et de leurs hybrides F<sub>1</sub> en conditions pluviales", *Sciences & Technologie*, V. 27, (juin, 2008), 9 - 14.
189. Çifci, E.A. and Yağdı, K., "The Research of the Combining Ability of Agronomic Traits of Bread Wheat in F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> Generations", *Journal of Agricultural Faculty of Uludag University* V. 2, n° 24, (2010), 85 - 92.

190. Akram, Z., Ajmal, S.U., Khan, K.S., Qureshi, R. and Zubair, M., "Combining ability estimates of some yield and Quality related traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L.)", Pak. J. Bot., V. 43, n° 1, (2011), 221 - 231.
191. Irshad, M., Khaliq, I., Kha, A. and Ali, A., "Genetic studies for some agronomic traits in spring wheat under heat stress", Pak. J. Agri. Sci., Vol. 49, n° 1, (2012), 11 - 20.
192. Esmail, R.M., "Detection of genetic components through triple test cross and line x tester analysis in bread wheat", World Journal of Agricultural Sciences, V. 3, n° 2, (2007), 184 - 190.
193. Yadav, A.K., Maan, R.K., Kumar, S. and Kumar, P., "Variability, heritability and genetic advance for quantitative characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.)", Electronic Journal of Plant Breeding, V. 2, n° 3, (September 2011), 405 - 408.
194. Nazir, S., Khan, A.S. and Ali, Z., "Combining Ability Analysis for Yield and Yield Contributing", Journal of Agriculture & Social Sciences, V. 1, n° 2, (2005), 129 - 132.
195. Chowdhary, M.A., Sajad, M., and Ashraf, M.I., "Analysis on combining ability of metric traits in bread wheat, *Triticum aestivum*", J. Agric. Res., V. 45, n° 1, (2007), 11 - 18.
196. Gorjanović, B. and Kraljević-Balalić, B., "Genetic analysis for grain weight per spike and harvest Index in macaroni wheat", GENETIKA, V. 36, n° 1, (2004), 23 - 29.
197. Ahmad, M.N., "Heritability estimates of drought related morpho-physiological character in wheat (*Triticum aestivum* L.)", M. Sc. (Hons.) Agri. Thesis, Deptt. P.B.G., Univ. Agri., Faisalabad, Pakistan, (1990).
198. Khaliq, I., "Genetic mechanisms of some plant traits in spring wheat under two fertilizer levels", PhD thesis, Deptt. P.B.G., Univ. Agri., Faisalabad, Pakistan, (2000).

199. Ajmal, S.U., Asif, M. and Munir, M., "Implication of combining ability: analysis of some characteristics of spring wheat", Quarterly SCIENCE VISION, V. 9, n° 2, (2004), 1 - 5.
200. Eshghi, R. and Akhundova, E., "Genetic analysis of grain yield and some agronomic", African Journal of Agricultural Research, V. 4, n° 12, (December 2009), 1464 - 1474.
201. Hassan, G., "Diallel analysis of some important parameters in wheat (*Triticum aestivum* L.) under irrigated and rainfed conditions", PhD, Thesis, NWFP Agri. Univ., Peshawar, Pakistan, (2004), 171 p.
202. Akhtar, N., "Gene action and mode of inheritance for yield and some other yield components in bread wheat", PhD, Thesis, Deptt. P.B.G., Univ. Agri., Faisalabad, Pakistan, (2004), 192 p.
203. Raghuvanshi, K. M. S., Singh, S. P. and Rao, S. K., "Diallel analysis for yield and its components in bread wheat (*T. aestivum* L.)", Indian J. Agric. Sci., V. 8, (1988), 189 - 191.
204. Yu, Y. J., Chen, Q. S., Yin, J.Y. and Chen, Q. S., "A study on the use of wheat heterosis in the Beijing area. An analysis of heterosis in certain important wheat varieties and lines", Beijing Agric. Sci., V. 15, n° 2, (1997), 13 - 15.
205. Ullah, K. Khan, S.J., Irfaq, M., Muhammad, T. and Muhammad, S., "Genotypic and phenotypic variability, heritability and genetic diversity for yield components in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm", African Journal of Agricultural Research, V. 6, n° 23, (October 2011), 5204 - 5207.
206. Mahpara, S., "Biometrical analysis of important plant attributes in spring wheat", PhD, Thesis, Deptt. P.B.G., Univ. Agri., Faisalabad, Pakistan, (2008), 200 p.
207. Kadi, Z., Adjel, F. and Bouzerzour, H., "Analysis of the genotype x environment interaction of barley grain yield (*Hordeum vulgare* L.) under semi arid conditions", Advances in Environmental Biology, V. 4, n° 1, (2010), 30 - 40.

208. Meziani, N., Bouzerzour, H. Benmahammed, A. Menad, A. and Benbelkacem, A., "Performance and adaptation of barley genotypes (*Hordeum vulgare* L.) to diverse locations", *Advances in Environmental Biology*, V. 5, n° 7, (2011), 1465 - 1472.

## APPENDICE A

### LISTE DES SYMBOLES ET DES ABREVIATIONS

%	: pour cent
$\hat{\sigma}^2_A$	: Variance additive
$\hat{\sigma}^2_{AGC}$	: Variance de l'aptitude générale à la combinaison
$\hat{\sigma}^2_{ASC}$	: Variance de l'aptitude spécifique à la combinaison
$\hat{\sigma}^2_D$	: Variance de dominance
$h^2_{(b.s)}$	: L'héritabilité au sens large
$h^2_{(n.s)}$	: L'héritabilité au sens étroit
$CV_G$	: Coefficients de la variabilité génotypique
$CV_P$	: Coefficients de la variabilité phénotypique
$\sigma^2_g$	: La variance génétique
$\sigma^2_p$	: La variance phénotypique
$\sigma_p$	: Écart-type de la variance phénotypique sous sélection
°C	: Degré Celsius
ABA	: Acide abscissique
ACSAD	: Centre arabe pour l'étude des zones arides et des terres sèches
AFLP	: Polymorphisme de longueur de fragment d'amplification
AGC	: Aptitude Générale à la Combinaison
ASC	: Aptitude Spécifique à la Combinaison
BIO	: poids de la plante
CIMMYT	: Centre international d'amélioration du maïs et du blé
CM	: Carré Moyen
cm	: centimètre
cm <sup>2</sup>	: centimètre carré
CNEPRU	: Commission Nationale d'Evaluation des Projets de Recherche Universitaire
Col	: Longueur du col de l'épi
Cov	: Covariance
CRSTRA	: Centre de Recherche Scientifique et Technique sur les Régions Arides
ddl	: degré de liberté

ENSA	: Ecole Nationale Supérieure d'Agronomie
EST	: les marqueurs de séquence exprimée
Ext	: Longueur de l'extrusion
FAO	: Organisation mondiale de l'agriculture et de l'alimentation
H	: hauteur des plantes
ha	: hectare
HI	: Indice de récolte
HM	: L'hétérosis par rapport au parent moyen
HT	: Hauteur de la plante
ICARDA	: Centre international pour la recherche agricole dans les zones arides
IGC	: Centre international du grain
INRAA	: Institut National de la Recherche Agronomique d'Algerie
INRAF	: Institut National de la Recherche Agronomique de France
ITGC	: Institut Technique des Grandes Cultures
JAJ	: Jours Après le 1 <sup>er</sup> Janvier
K	: intensité de sélection
Kg/ hab/an	: kilogramme par habitant par an
LE	: Longueur de l'épi
LEA	: Late Embryogenesis Protein
MADR	: Ministère de l'Agriculture et du Développement Rural
MAP	: Ministère de l'agriculture et de la pêche
mg	: milligramme
ml	: millilitre
mm	: millimètre
NE	: Nombre d'épis par plante
NGE	: Nombre de grains par épi
PCR	: Amplification en Chaîne par Polymérase
PF	: Poids de la matière fraîche foliaire
PLL	: Poids de la paille
PMG	: Poids de mille grains
PNE	: Poids des épis
PNR	: Programme National de Recherche
Prec	: Durée de la phase végétative
PS	: Poids de la matière sèche foliaire

PSF	: Poids Spécifique Foliaire
PT	: Poids de la matière foliaire turgide
q	: quintaux
QTL	: Quantitative Traits Loci
RAPD	: Polymorphisme d'ADN par Amplification Aléatoire
RDT	: Rendement grain par plante
RFLP	: Polymorphisme de longueurs de fragments de restriction
SAM	: Sélection Assistée par Marqueurs
SCAR	: Caractérisation de produit d'amplification
SCMC	: Station Centrale de Maison Carrée
Serasem	: Obtenteur de céréales à pailles, protéagineux et colza
SF	: Surface moyenne de la feuille étendard
ssp	: sous espèce
SSR	: les microsatellites
STS	: Séquence ciblée
TRE	: Teneur Relative en Eau
<i>GM</i>	: La grande moyenne des parents et des hybrides
$\mu g$	: microgramme



## APPENDICE B

### MODE DE PRESENTATION DES DONNEES ENREGISTREES

Parents/hybrides	Symboles des données			
	Rep1	Rep2	Rep3	Total
Parents (Femelles) <span style="float: right;">(f)</span>				
<i>Acsad</i> <sub>901</sub>	<i>X</i> <sub>1</sub>	<i>X</i> <sub>2</sub>	<i>X</i> <sub>2</sub>	<i>TL</i> <sub>1</sub>
<i>Acsad</i> <sub>899</sub>	<i>X</i> <sub>4</sub>	<i>X</i> <sub>5</sub>	<i>X</i> <sub>6</sub>	<i>TL</i> <sub>2</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1135</sub>	<i>X</i> <sub>7</sub>	<i>X</i> <sub>8</sub>	<i>X</i> <sub>9</sub>	<i>TL</i> <sub>3</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1069</sub>	<i>X</i> <sub>10</sub>	<i>X</i> <sub>11</sub>	<i>X</i> <sub>12</sub>	<i>TL</i> <sub>4</sub>
<i>Ain Abid</i>	<i>X</i> <sub>13</sub>	<i>X</i> <sub>14</sub>	<i>X</i> <sub>15</sub>	<i>TL</i> <sub>5</sub>
Total <span style="float: right;">(f)</span>	...	...	...	<i>TL</i>
Parents (Mâles) <span style="float: right;">(m)</span>				
<i>Mahon-Démias</i>	<i>Z</i> <sub>1</sub>	<i>Z</i> <sub>2</sub>	<i>Z</i> <sub>3</sub>	<i>TT</i> <sub>1</sub>
<i>Rmada</i>	<i>Z</i> <sub>4</sub>	<i>Z</i> <sub>5</sub>	<i>Z</i> <sub>6</sub>	<i>TT</i> <sub>2</sub>
<i>HD</i> <sub>1220</sub>	<i>Z</i> <sub>7</sub>	<i>Z</i> <sub>8</sub>	<i>Z</i> <sub>9</sub>	<i>TT</i> <sub>3</sub>
<i>Wifak</i>	<i>Z</i> <sub>10</sub>	<i>Z</i> <sub>11</sub>	<i>Z</i> <sub>12</sub>	<i>TT</i> <sub>4</sub>
Total <span style="float: right;">(m)</span>	...	...	...	<i>TT</i>
Total <span style="float: right;">(f+m)</span>	...	...	...	<i>TP</i>
<i>f x m</i> (Hybrides) <span style="float: right;">(c)</span>				
<i>Acsad</i> <sub>901</sub> x <i>Mahon-Démias</i>	<i>y</i> <sub>1</sub>	<i>y</i> <sub>2</sub>	<i>y</i> <sub>3</sub>	<i>TH</i> <sub>1</sub>
<i>Acsad</i> <sub>901</sub> x <i>Rmada</i>	<i>y</i> <sub>4</sub>	<i>y</i> <sub>5</sub>	<i>y</i> <sub>6</sub>	<i>TH</i> <sub>2</sub>
<i>Acsad</i> <sub>901</sub> x <i>HD</i> <sub>1220</sub>	<i>y</i> <sub>7</sub>	<i>y</i> <sub>8</sub>	<i>y</i> <sub>9</sub>	<i>TH</i> <sub>3</sub>
<i>Acsad</i> <sub>901</sub> x <i>Wifak</i>	<i>y</i> <sub>10</sub>	<i>y</i> <sub>11</sub>	<i>y</i> <sub>12</sub>	<i>TH</i> <sub>4</sub>
<i>Acsad</i> <sub>899</sub> x <i>Mahon-Démias</i>	<i>y</i> <sub>13</sub>	<i>y</i> <sub>14</sub>	<i>y</i> <sub>15</sub>	<i>TH</i> <sub>5</sub>
<i>Acsad</i> <sub>899</sub> x <i>Rmada</i>	<i>y</i> <sub>16</sub>	<i>y</i> <sub>17</sub>	<i>y</i> <sub>18</sub>	<i>TH</i> <sub>6</sub>
<i>Acsad</i> <sub>899</sub> x <i>HD</i> <sub>1220</sub>	<i>y</i> <sub>19</sub>	<i>y</i> <sub>20</sub>	<i>y</i> <sub>21</sub>	<i>TH</i> <sub>7</sub>
<i>Acsad</i> <sub>899</sub> x <i>Wifak</i>	<i>y</i> <sub>22</sub>	<i>y</i> <sub>23</sub>	<i>y</i> <sub>24</sub>	<i>TH</i> <sub>8</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1135</sub> x <i>Mahon-Démias</i>	<i>y</i> <sub>25</sub>	<i>y</i> <sub>26</sub>	<i>y</i> <sub>27</sub>	<i>TH</i> <sub>9</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1135</sub> x <i>Rmada</i>	<i>y</i> <sub>28</sub>	<i>y</i> <sub>29</sub>	<i>y</i> <sub>30</sub>	<i>TH</i> <sub>10</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1135</sub> x <i>HD</i> <sub>1220</sub>	<i>y</i> <sub>31</sub>	<i>y</i> <sub>32</sub>	<i>y</i> <sub>33</sub>	<i>TH</i> <sub>11</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1135</sub> x <i>Wifak</i>	<i>y</i> <sub>34</sub>	<i>y</i> <sub>35</sub>	<i>y</i> <sub>36</sub>	<i>TH</i> <sub>12</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1069</sub> x <i>Mahon-Démias</i>	<i>y</i> <sub>37</sub>	<i>y</i> <sub>38</sub>	<i>y</i> <sub>39</sub>	<i>TH</i> <sub>13</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1069</sub> x <i>Rmada</i>	<i>y</i> <sub>40</sub>	<i>y</i> <sub>41</sub>	<i>y</i> <sub>42</sub>	<i>TH</i> <sub>14</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1069</sub> x <i>HD</i> <sub>1220</sub>	<i>y</i> <sub>43</sub>	<i>y</i> <sub>44</sub>	<i>y</i> <sub>45</sub>	<i>TH</i> <sub>15</sub>
<i>Acsad</i> <sub>1069</sub> x <i>Wifak</i>	<i>y</i> <sub>46</sub>	<i>y</i> <sub>47</sub>	<i>y</i> <sub>48</sub>	<i>TH</i> <sub>16</sub>
<i>Ain Abid</i> x <i>Mahon-Démias</i>	<i>y</i> <sub>49</sub>	<i>y</i> <sub>50</sub>	<i>y</i> <sub>51</sub>	<i>TH</i> <sub>17</sub>
<i>Ain Abid</i> x <i>Rmada</i>	<i>y</i> <sub>52</sub>	<i>y</i> <sub>53</sub>	<i>y</i> <sub>54</sub>	<i>TH</i> <sub>18</sub>
<i>Ain Abid</i> x <i>HD</i> <sub>1220</sub>	<i>y</i> <sub>55</sub>	<i>y</i> <sub>56</sub>	<i>y</i> <sub>57</sub>	<i>TT</i> <sub>19</sub>
<i>Ain Abid</i> x <i>Wifak</i>	<i>y</i> <sub>58</sub>	<i>y</i> <sub>59</sub>	<i>y</i> <sub>60</sub>	<i>TT</i> <sub>20</sub>
Total <span style="float: right;">(c)</span>	...	...	...	<i>TH</i>
Grand total <span style="float: right;">(c+p)</span>	<i>TR</i> <sub>1</sub>	<i>TR</i> <sub>2</sub>	<i>TR</i> <sub>3</sub>	<i>GT</i>

*f* = 5, *m* = 4, *c* = 20, *e* = 29, *r* = 3

## APPENDICE C

### MODE DE CALCUL DES SOMMES DES CARRÉS DES ÉCARTS ET DES CARRÉS MOYENS

Le terme correctif (CF) :  $CF = GT^2/er$

$$(i) \quad TSS = \sum_i^{fr} x_i^2 + \sum_j^{mr} z_j^2 + \sum_k^{cr} y_k^2 - CF$$

$$(ii) \quad rSS = \sum_i^r TR_i^2/e - CF$$

$$rMS = rSS/(r - 1)$$

$$(iii) \quad enSS = \frac{1}{r} (\sum_i^f TL_i^2 + \sum_j^m TT_j^2 + \sum_k^c TH_k^2) - CF$$

$$enMS = enSS/(e - 1)$$

$$(iv) \quad pSS = \frac{1}{r} (\sum_i^f TL_i^2 + \sum_j^m TT_j^2) - CFP \quad \text{avec : } CFP = TP^2/pr$$

$$pMS = pSS/(p - 1)$$

$$(v) \quad fSS = \frac{1}{r} (\sum_i^f TL_i^2) - CFF \quad \text{avec : } CFF = TL^2/fr$$

$$fMS = fSS/(f - 1)$$

$$(vi) \quad mSS = \frac{1}{r} (\sum_j^m TT_j^2) - CFM \quad \text{avec : } CFM = TT^2/mr$$

$$mMS = mSS/(m - 1)$$

$$(vii) \quad fmMS = pSS - fSS - mSS$$

$$mMS = mSS/(m - 1)$$

$$(viii) \quad cSS = \frac{1}{r} (\sum_k^c TH_k^2) - CFC \quad \text{avec : } CFC = TH^2/cr$$

$$cMS = cSS/(c - 1)$$

$$(ix) \quad pcSS = enSS - pSS - cSS$$

$$pcMS = pcSS/1$$

$$(x) \quad eSS = TSS - enSS - rSS$$

$$eMS = eSS/(e - 1) (r - 1)$$

$$(xi) \quad fhSS = \sum_i^f TF_i^2/mr - CFC$$

$$fhMS = fhSS/(f - 1)$$

$$(xii) \quad mhSS = \sum_j^m TM_j^2/fr - CFC$$

$$mhMS = mhSS/(m - 1)$$

$$(xiii) \quad fmhSS = cSS - fhSS - mhSS$$

$$fmhMS = fmhSS/(f - 1) (m - 1)$$

## APPENDICE D

### MODE DE PRESENTATION DES DONNEES COLLECTEES SUR LES

#### HYBRIDES F<sub>1</sub>

Lignées	Testeurs				Total des femelles (FH <sub>i</sub> )
	<i>Mahon-Démias</i>	<i>Rmada</i>	<i>HD<sub>1220</sub></i>	<i>Wifak</i>	
<i>Acsad<sub>901</sub></i>	<i>TH<sub>1</sub></i> ( <i>MH<sub>11</sub></i> )	<i>TH<sub>2</sub></i> ( <i>MH<sub>12</sub></i> )	<i>TH<sub>3</sub></i> ( <i>MH<sub>13</sub></i> )	<i>TH<sub>4</sub></i> ( <i>MH<sub>14</sub></i> )	<i>TF<sub>1</sub></i> ( <i>FH<sub>1</sub></i> )
<i>Acsad<sub>899</sub></i>	<i>TH<sub>5</sub></i> ( <i>MH<sub>21</sub></i> )	<i>TH<sub>6</sub></i> ( <i>MH<sub>22</sub></i> )	<i>TH<sub>7</sub></i> ( <i>MH<sub>23</sub></i> )	<i>TH<sub>8</sub></i> ( <i>MH<sub>24</sub></i> )	<i>TF<sub>2</sub></i> ( <i>FH<sub>2</sub></i> )
<i>Acsad<sub>1135</sub></i>	<i>TH<sub>9</sub></i> ( <i>MH<sub>31</sub></i> )	<i>TH<sub>10</sub></i> ( <i>MH<sub>32</sub></i> )	<i>TH<sub>11</sub></i> ( <i>MH<sub>33</sub></i> )	<i>TH<sub>12</sub></i> ( <i>MH<sub>34</sub></i> )	<i>TF<sub>3</sub></i> ( <i>FH<sub>3</sub></i> )
<i>Acsad<sub>1069</sub></i>	<i>TH<sub>13</sub></i> ( <i>MH<sub>41</sub></i> )	<i>TH<sub>14</sub></i> ( <i>MH<sub>42</sub></i> )	<i>TH<sub>15</sub></i> ( <i>MH<sub>43</sub></i> )	<i>TH<sub>16</sub></i> ( <i>MH<sub>44</sub></i> )	<i>TF<sub>4</sub></i> ( <i>FH<sub>4</sub></i> )
<i>Ain Abid</i>	<i>TH<sub>17</sub></i> ( <i>MH<sub>51</sub></i> )	<i>TH<sub>18</sub></i> ( <i>MH<sub>52</sub></i> )	<i>TH<sub>19</sub></i> ( <i>MH<sub>53</sub></i> )	<i>TH<sub>20</sub></i> ( <i>MH<sub>54</sub></i> )	<i>TF<sub>5</sub></i> ( <i>FH<sub>5</sub></i> )
Total des mâles ( <i>MM<sub>i</sub></i> )	<i>TM<sub>1</sub></i> ( <i>MM<sub>1</sub></i> )	<i>TM<sub>2</sub></i> ( <i>MM<sub>2</sub></i> )	<i>TM<sub>3</sub></i> ( <i>MM<sub>3</sub></i> )	<i>TM<sub>4</sub></i> ( <i>MM<sub>4</sub></i> )	<i>TH</i> ( <i>MC</i> )

NB : Les valeurs entre parenthèses correspondent aux moyennes.

## APPENDICE E

### TEST DE SIGNIFICATION DES EFFETS DE L'APTITUDE A LA COMBINAISON

Le test de signification des effets de l'aptitude à la combinaison est déterminé en utilisant le test  $t$  au seuil de 1 et 5%.

Pour les lignées :

$$t_{calculé} = AGC/SE_{g_i}$$

Pour les testeurs :

$$t_{calculé} = AGC/SE_{g_j}$$

Pour l'interaction lignée x testeur :

$$t_{calculé} = ASC/SE_{s_{ij}}$$

$SE$  = erreur standard des effets des aptitudes à la combinaison

#### Calcul des effets de l'erreur standard

- (i)  $SE(g_i) = [(f - 1)eMS/mfr]^{1/2}$  (pour les lignées)
- (ii)  $SE(g_j) = [(m - 1)eMS/mfr]^{1/2}$  (pour les testeurs)
- (iii)  $SE(s_{ij}) = [(f - 1)(m - 1)eMS/mfr]^{1/2}$  (pour les croisements)
- (iv)  $SEd(g_i - g_k) = [2eMS/fr]^{1/2}$  (entre les effets de l'AGC de deux lignées)
- (v)  $SEd(g_j - g_k) = [2eMS/mr]^{1/2}$  (entre les effets de l'AGC de deux testeurs)
- (vi)  $SEd(s_{ij} - s_{ik}) = [(2eMS(m + 1)/mr)]^{1/2}$  (pour deux effets quelconques de l'ASC des hybrides avec leur parent femelle commun)
- (vii)  $SEd(s_{ij} - s_{kj}) = [(2eMS(f + 1)/fr)]^{1/2}$  (pour deux effets quelconques de l'ASC des hybrides avec leur parent mâle commun)

## APPENDICE F

### MODE DE CALCUL DE L'ERREUR STANDARD DE L'HERITABILITE AU SENS LARGE

L'erreur standard de l'héritabilité au sens large ( $S.E. h^2_{(b.s)}$ ) est calculée par :

$$S.E. h^2_{(b.s)} = \frac{S.E. (\sigma^2_g)}{\sigma^2_p}$$

Où :

$\sigma^2_p$  = variance phénotypique

$S.E. (\sigma^2_g)$  = erreur standard de la variance génétique, calculée par l'équation :

$$S.E. (\sigma^2_g) = \left[ \frac{2}{C^2} \left\{ \frac{\sum MS_{i^2}}{df_i + 2} \right\} \right]^{1/2}$$

Avec :

$C$  = nombre de répétitions

$MS_{i^2}$  = carré moyen de l' $i^{\text{ème}}$  caractère

$df_i$  = degré de liberté de l' $i^{\text{ème}}$  caractère

## APPENDICE G

### Test de signification de l'hétérosis

Le test de signification de l'hétérosis par rapport au parent moyen est déterminé en utilisant le test  $t$  aux seuils 1 et 5%, comme suit :

$$t_{calculé} = \frac{F_1 - MP}{SE_{MP}}$$

$SE_{MP}$  = erreur standard de l'hétérosis par rapport au parent moyen, calculée par :

$$SE_{MP} = \left[ \frac{3}{2r} eMS \right]^{1/2}$$

## APPENDICE H

### Publication

Journal of Agriculture and Sustainability

ISSN 2201-4357

Volume 3, Number 1, 2013, 16-26



### Correlation between Traits and Path Analysis Coefficient for Grain Yield and Other Quantitative Traits in Bread Wheat under Semi Arid Conditions

**Fellahi, Z.<sup>1</sup>, Hannachi, A.<sup>1</sup>, Bouzerzour, H.<sup>2</sup> and Boutekrabt, A.<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>National Institute of Agricultural Research (INRAA), Setif Agricultural Research Unit, Algeria

<sup>2</sup>Faculty of Life and Natural Sciences, Ecology and Plant Biology Department, University Ferhat Abbas Setif 1, Algeria

<sup>3</sup>Faculty of Agro-veterinary and Biological Sciences, Agronomy Department, University Saad Dahlab Blida, Algeria

Corresponding author: Fellahi, Z., National Institute of Agricultural Research (INRAA), Setif Agricultural Research Unit, Algeria

---

**Abstract:** Current research was conducted out at the Field Crop Institute-Agricultural Experimental Station of Setif (Algeria) during 2010/11 and 2011/12 crop seasons. The objectives were to determine traits affecting grain yield in 29 bread wheat genotypes and to establish the nature of relation between grain yield and yield components by partitioning the correlation coefficients between grain yield and its components into direct and indirect effects by using simple correlation, stepwise regression and path analysis. The obtained results indicated that grain yield was positively correlated to biological yield, straw yield and number of spike per plant. The results of step by step regression showed that traits including biological yield and harvest index had justified approximately 99.7% of grain yield variations. In the path coefficient analysis, biological yield and harvest index should be considered as the main yield components because these traits showed a positive direct effects towards increasing grain yield with the values of + 1.051 and + 0.364, respectively. Depending on the findings of this study, biological yield and harvest index may be used an effective selection criterion to improve genetic yield potential of bread wheat genotypes.

**Key Words:** *Triticum aestivum* L. Correlation, Stepwise regression, Path analysis, Grain yield

---