

UNIVERSITE SAAD DAHLEB DE BLIDA

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

Département des Sciences Agronomiques

MEMOIRE DE MAGISTER

Spécialité : Amélioration des Productions Végétales

ETUDE DE L'INTERACTION GENOTYPE X MILIEU DE 63 LIGNEES D'ORGE (*Hordeum vulgare L.*)

Par

Sonia DAHMANI

Devant le jury composé de :

A. GUENDOOUZ-BENRIMA	Professeur, U.S.D. Blida 1	Président
A. BOUTEKRABT	Professeur, U.S.D. Blida 1	Promoteur
L. MEKLIICHE - HANIFI	Professeur, E.N.S.A. Alger	Co-Promotrice
M. BENMOUSSA	Professeur, U.S.D. Blida 1	Examineur
N. BEHIDJ	Maitre de conférences, U. Boumerdes	Examinatrice
F. DAHLIA	Maitre assistante B, U. Tiaret	Membre invité

Blida, juillet 2014

RESUME

La présente étude a pour objectifs l'étude comparative de 75 lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.) et l'étude de l'interaction génotype x environnement de 63 lignées d'orge dans le but d'évaluer le niveau de production et la stabilité des différents caractères afin de sélectionner les lignées les plus performantes.

Pour la première partie d'étude, les analyses statistiques ont montré que les lignées étudiées diffèrent largement pour les différents caractères mesurés. La sélection peut se faire sur la base des caractères qui possèdent une forte corrélation avec le rendement comme le nombre d'épis par mètre carré, la biomasse aérienne et la hauteur de la tige.

Pour la deuxième partie d'étude, les analyses statistiques ont montré une variabilité au niveau des génotypes et des environnements pour l'ensemble des caractères étudiés. L'analyse combinée de la stabilité de FINLAY-WILKINSON a montré un effet hautement significatif et très hautement significatif entre les environnements pour le nombre d'épis par mètre carré et le rendement en grain estimé, respectivement et un effet de l'interaction génotype x environnement non significatif, indiquant que les génotypes étudiés avaient une bonne stabilité. L'étude des corrélations entre les différents caractères a montré l'importance de la sélection pour le nombre d'épis par mètre carré, le nombre de grains par épi, la biomasse aérienne et la longueur de l'épi pour obtenir des rendements en grain acceptables.

Les génotypes 18/17/7 L1 et P44 L4 donnent de bons rendements en grain réel (41,95 et 39,05 q/ha respectivement), un grand nombre d'épis par mètre carré (322 et 335 épis/m² respectivement) et un grand nombre de grains par épi (44 et 46 grains /épi). Ils doivent être sélectionnés. Outre ces deux génotypes, le génotype P48 L2 peut être sélectionné pour son bon rendement en grain et sa bonne biomasse aérienne (38,17 et 110,78 q/ha, respectivement).

Mots clés : orge (*Hordeum vulgare* L.), interaction génotype x environnement, stabilité, adaptation.

SUMMARY

The present study aims at the comparative study of 75 genotypes of barley (*Hordeum vulgare* L.) and the study of the interaction genotype x environment of 63 of barley with an aim to evaluate the level of production and the stability of different characters to select the most efficient lines.

For the first part of study, the results show that the lines studied differed widely in the characteristics measured. The selection can also be based on the characters that have a strong correlation with the yield as the number of ears per square meter, the ground biomass and stem height.

For the second part of study, statistical analyzes showed variability in genotypes and environments for all traits studied. The combined analysis of the stability of FINLAY -WILKINSON showed a highly significant and very highly significant between environments for the number of ears per square meter and grain yield estimated, respectively and an insignificant effect of the interaction genotype x environment, indicating that the genotypes had good stability. The analysis of correlations between the various traits showed the importance of the selection for the number of ears per square meter, number of grains per ear, aboveground biomass and ear length to obtain acceptable grain yields.

Genotypes 18/17/7 L1 and L4 P44 give good real grain yields (41.95 and 39.05 q / ha respectively), a great number of ears per square meter (322 and 335 ears / m² respectively) and a great number of grains per ear (44 and 46 grains / ear). They should be selected. Besides these two genotypes, the genotype P48 L2 can be selected for its good grain yield and good aboveground biomass (38.17 and 110.78 q / ha, respectively)

Key words: Barley (*Hordeum vulgare* L.), interaction genotype x environment, stability, adaptation.

ملخص

تهدف هذه الدراسة إلى مقارنة 75 نمط وراثي من الشعير (*Hordeum vulgare L.*) و تحليل التفاعل بين البيئة و النمط الوراثي 1 63 نمط وراثي من الشعير من أجل تقييم مستوى الإنتاج و استقرار مختلفه الخصائص لانتقاء أفضل الأنماط.

بالنسبة للجزء الأول من الدراسة، أظهرت النتائج وجود اختلاف كبير بين المعايير المدروسة. يمكن الانتقاء على أساس المعايير التي لها علاقة قوية مع المردود مثل عدد السنبال في المتر المربع، الكتلة الحية و طول الساق.

بالنسبة للجزء الثاني من الدراسة، أظهرت التحليل الإحصائية تباينًا في الأنماط الوراثية والبيئات لجميع المعايير المدروسة. أظهر التحليل المشترك لاستقرار FINLAY –WILKINSON تأثيرًا كبيرًا و تأثيرًا جد كبير بين البيئات من أجل عدد السنبال في المتر المربع و محصول الحبوب المُقِيم، على التوالي و عدم وجود تأثير في التفاعل بين النمط الوراثي و البيئة، مشيرًا إلى أنّ الأنماط الوراثية لها استقرارًا جيدًا. أظهرت دراسة الارتباطات بين مختلفه المعايير أهمية الانتقاء على أساس عدد السنبالات لكل متر مربع، عدد الحبوب في السنبلة، الكتلة الحية فوق الأرض و طول السنبلة للحصول على محاصيل حبوب مقبولة.

الأنماط الوراثية L1 18/17/7 و L4 P44 تعطي مردودًا جيدًا للحبوب (41.95 و 39.05 قنطار في الهكتار، على التوالي) و عدد معتبر من السنبال في المتر المربع (335 و 322 سنبلة في المتر المربع، على التوالي) بالإضافة إلى عدد كبير من الحبوب في السنبلة (44 و 46 حبة في السنبلة)، هذا ما يوجب انتقاء هذه الأنماط. بالإضافة إلى هاذين النمطين، يمكن اختيار النمط الوراثي P48L2 نظرًا إلى مردوده العالي و كتلة الحيوية الجيدة (38.17 و 110.78 قنطارًا في الهكتار، على التوالي).

الكلمات المفتاحية: الشعير (*Hordeum vulgare L.*)، دراسة التفاعل بين البيئة و النمط الوراثي، الاستقرار، التكيف.

REMERCIEMENT

*Avant tout, je remercie **Dieu** tout puissant de m'avoir donné la force, la patience et le courage de mener à bien ce modeste travail.*

Je tiens à remercier vivement mon promoteur monsieur BOUTEKRABT Ammar, professeur à l'Université de Blida, pour avoir dirigé ce travail, Je lui dois beaucoup de respects.

J'exprime ma plus profonde reconnaissance et gratitude à ma co-promotrice madame MEKLICHE-HANIFI Leila, professeur à l'Ecole Nationale Supérieur Agronomique d'El Harrach, Alger qui a été à l'origine du choix de ce thème, qui ma aidé et orienté et pour tous les conseils précieux qu'elle m'a prodigué. Je la remercie de sa disponibilité et de sa gentillesse pour m'éclairer de ses compétences.

Mes remerciements et ma gratitude vont à Madame GUENDOUZ-BENRIMA Atika pour l'honneur qu'elle ma fait en acceptant de présider le jury. A monsieur BENMOUSSA Mebrouk, madame BEHIDJ N. et madame DAHLIA F. pour avoir accepté de faire part de jury pour examiner ce travail.

Merci à « Fatima », qui s'est surpassé pour contribuer à la réalisation de ce travail, je ne le remercierais jamais assez pour son aide, ses conseils et son dévouement. Qu'elle trouve ici le témoignage de ma profonde reconnaissance.

Je tiens à remercier les étudiantes TABTI et AZZA de l'ENSA El Harrach et mes collègues de Magister de Blida.

Je remercie le directeur et tout le personnel de la ferme pilote HAICHEUR de Ain Bessem pour leurs aides précieuses.

Je remercie également tout mes collègues de la DSA de Bouira qui m'ont encouragé pour l'accomplissement de ce travail.

Mes vifs remerciements vont également à tous les membres ma famille, mes chers parents et en particulier mon mari Hakim et ma sœur Nesrine pour l'aide et le soutien qu'ils m'ont apporté, pour leur encouragement, patience et gentillesse.

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 sincère reconnaissance.

Ce mémoire est dédié à la mémoire de mon grand-père « vava » Abderrahmane, qui ma toujours inciter à soutenir ce mémoire, qu'il trouve ici l'accomplissement de son vœux.

TABLE DES MATIERES

RESUME.....	1
REMERCIEMENTS.....	4
TABLES DES MATIERS.....	6
LISTE DES ILLUSTRATIONS, GRAPHIQUES ET TABLEAUX.....	8
INTRODUCTION.....	11
1. REVUE BIBLIOGRAPHIQUE.....	13
1.1. Origine génétique et géographique de l'orge (<i>Hordeum vulgare L.</i>).....	13
1.2. Superficies et production de l'orge dans le monde et en Algérie.....	14
1.3. Amélioration génétique de l'orge en Algérie.....	15
1.4. Objectifs de l'amélioration de l'orge.....	17
1.5. Méthodes d'analyse de l'interaction génotypes x milieux.....	19
1.6. Méthodes statistiques pour mesurer l'interaction G x E.....	28
2. MATERIEL ET METHODES.....	40
2.1. PARTIE 1 : ETUDE COMPARATIVE DE 75 LIGNEES D'ORGE.....	40
2.1.1. Caractérisation du milieu.....	40
2.1.2. Matériel végétal.....	42
2.1.3. Protocole expérimental.....	45
2.1.4. Caractères mesurés.....	50
2.1.5. Méthodes de traitement des données.....	52
2.2. PARTIE 2 : INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONNEMENT.....	53
2.2.1. Conditions de réalisation des essais	53
2.2.2. Le matériel végétal.....	57
2.2.3. Dispositif expérimental.....	58
2.2.4. Itinéraire technique.....	59
2.2.5. Analyse statistique.....	62
3. RESULTATS ET DISCUSSION.....	65
3.1. PARTIE 1 : ETUDE COMPARATIVE DE 75 LIGNEES D'ORGE.....	65
3.1.1. Etude des différents caractères.....	65
3.1.2. Etude des principales corrélations	80
3.2. PARTIE 2 : INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONNEMENT.....	83
3.2.1. Etude comparative des génotypes par la méthode conventionnelle.....	83
	83

3.2.1.1. Analyse des différents effets pour les différents caractères.....	84
3.2.1.2. Coefficients de variation et héritabilité.....	85
3.2.1.3. Moyennes des différents caractères et corrélations phénotypiques	88
3.2.2. Etude de l'interaction génotype x environnement.....	88
3.2.2.1. Adaptation des génotypes.....	91
3.2.2.2. Analyse des effets par la méthode de Finlay-Wilkinson.....	97
CONCLUSION.....	101
REFERENCES.....	113
APPENDICES.....	113
A. LISTE DES SYMBOLES ET DES ABREVIATIONS.....	115
B. DONNEES CLIMATIQUES.....	
C. TABLEAUX D'ANALYSE DE LA VARIANCE ET DES VALEURS MOYENNES DES DIFFERENTS CARACTERES ETUDIES ET LEURS GROUPES HOMOGENES.....	116 146
D. MATRICE DE CORRELATION.....	
E. TABLEAUX D'ANALYSE DE LA VARIANCE ET DES MOYENNES DES DIFFERENTS CARACTERES ETUDIES (PARTIE INTERACTION GENOTYPE X MILIEU).....	147

LISTE DES ILLUSTRATIONS, GRAPHIQUES ET TABLEAUX

Figure 1.1 :	Croissant fertile, zone de domestication de l'orge cultivée (<i>Hordeum vulgare</i> ssp. <i>Vulgare</i>) au Moyen-Orient, la distribution des ancêtres sauvages de l'orge (<i>H. vulgare</i> ssp. <i>Spontaneum</i>), et la période approximative pour atteindre différentes régions du monde.	14
Figure 1.2 :	Evolution de la production de l'orge en Algérie durant la période 2007-2011.	15
Figure 1.3 :	Une classification possible des différentes méthodes d'analyse de la stabilité et de l'interaction génotype x environnement.	30
Figure 2.1 :	Localisation de l'essai au niveau de la F. P. HAICHEUR	40
Figure 2.2. :	Evolution de la température et de la pluviométrie au cours de la campagne d'étude	41
Figure 2.3 :	Schéma du dispositif expérimental	47
Figure 2.4 :	Photos illustrant le dispositif expérimental à différents stades de l'essai.	48
Figure 2.5 :	Localisation des essais au niveau de l'ENSA, El Harrach	54
Figure 3.1 :	Nombre de pieds/m ² .	68
Figure 3.2 :	Nombre d'épis /m ²	69
Figure 3.3 :	Nombre de grains par épi	70
Figure 3.4 :	Poids de 1000 grains (g)	71
Figure 3.5 :	Rendement en grains estimé (q/ha).	72
Figure 3.6 :	Rendement en grains (q/ha).	73
Figure 3.7 :	Indice de récolte.	74
Figure 3.8 :	Longueur de l'épi (cm).	77
Figure 3.9 :	Longueur du col de l'épi (cm).	78
Figure 3.10 :	Longueur des barbes (cm)	79
Tableau 1.1 :	Superficies, rendements et production de l'orge dans le monde de 2006 à 2010.	14

Tableau 1.2 :	Variétés d'orge homologuées en Algérie.	16
Tableau 1.3 :	Classification des interactions entre génotype et environnements.	25
Tableau 1.4 :	Résumé des méthodes uniparamétriques permettant l'analyse de l'interaction génotype x environnement.	32
Tableau 1.5 :	Résumé des méthodes multiparamétriques permettant l'analyse de l'interaction génotype x environnement.	33
Tableau 1.6 :	Résumé des méthodes non paramétriques permettant l'analyse de l'interaction génotype x environnement.	35
Tableau 1.7 :	Résumé des méthodes pour réaliser des groupes de génotypes et/ou de milieux.	37
Tableau 2.1 :	Résultats d'analyse sol	42
Tableau 2.2 :	Code, provenance, origine et pedigree des géniteurs des lignées utilisées	43
Tableau 2.3 :	Croisements et numéro des lignées HD et F16 correspondants	44
Tableau 2.4 :	Numéros attribués aux génotypes.	44
Tableau 2.5 :	Localisation des trois essais étudiés.	53
Tableau 2.6 :	Résultats des analyses sol des deux zones d'étude	55
Tableau 2.7 :	Numéros attribués aux génotypes.	58
Tableau 2.8 :	Techniques de travail du sol et dates de semis au niveau des trois essais.	59
Tableau 2.9 :	Dates et doses de fertilisants apportées dans chaque essai.	60
Tableau 2.10 :	Dates et doses de désherbants apportés dans chaque essai.	61
Tableau 2.11 :	Dates et doses des traitements phytosanitaires apportés dans chaque essai.	61
Tableau 3.1 :	Coefficients de corrélations entre le rendement en grain et les différents caractères.	80

Tableau 3.2:	Carrés moyens et degrés de liberté des différentes sources de variation pour les différents caractères étudiés.	84
Tableau 3.3 :	Coefficients de variation (erreur et génétique), héritabilités au sens large, valeurs moyennes extrêmes et générales des caractères présentant une différence génotypique significative.	86
Tableau 3.4 :	Matrice de corrélation	86
Tableau 3.5 :	Classement des génotypes pour le rendement en grain parcellaire	89
Tableau 3.6 :	Classement des génotypes selon leurs types d'adaptation	91
Tableau 3.7 :	Carrés moyens et degrés de liberté des paramètres de stabilité de l'analyse FINLAY-WILKINSON (HARDWICK et WOOD, [65] pour les caractères étudiés.	92
Tableau 3.8 :	Coefficients de détermination (R^2_{ij}) entre la moyenne génotypique et l'index environnemental pour le nombre d'épis au mètre carré, le rendement en grain estimé et l'indice de récolte.	92

INTRODUCTION

Les stress abiotiques sont un facteur majeur de production de l'orge dans de nombreux environnements méditerranéens [1]. En Algérie, les zones céréalières se caractérisent par un climat continental aux hivers froids, un régime pluviométrique irrégulier, des gels printaniers très fréquents et des vents chauds et desséchants en fin de cycle de la culture. Tous ces facteurs influent sur la production céréalière qui se caractérise par une moyenne nationale stagnante depuis plus d'un siècle et en même temps très variable d'une année à l'autre [2].

Les deux variétés locales (Saïda et Tichedrett) occupent respectivement 72% et 17% de la sole semencière d'orge [3]. Elles ont un potentiel de production assez limité, ceci a conduit à l'importation de nouvelles variétés à haut rendement en vue d'améliorer la production et d'en intensifier l'espèce [4].

L'augmentation des rendements de l'orge peut se faire par des techniques culturales appropriées (travail du sol, fertilisation et traitements phytosanitaires), mais aussi par la recherche de géotypes performants et adaptées aux différents milieux de culture. La cause principale des différences entre les géotypes dans leur stabilité de rendement est la présence d'interaction géotypes x environnement.

Les essais multi-environnementaux jouent un rôle important dans la sélection de plantes et la recherche agronomique. Les données de telles épreuves ont trois objectifs principaux [5] :

- ✓ Estimer et prévoir exactement le rendement basé sur des données expérimentales limitées ;
- ✓ Déterminer la stabilité de rendement et le modèle de la réponse des géotypes à travers des environnements ;
- ✓ Fournir des conseils pour choisir les meilleurs géotypes fiables destinés à être semé dans des conditions pédoclimatiques nouvelles.

C'est dans ce cadre que nous avons entrepris les travaux suivants :

- L'étude comparative de 75 lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.) en zone semi-aride pour l'évaluation de leur niveau de production à travers la variabilité de leurs caractères agronomiques et morphologiques et la sélection de lignées performantes.
- L'étude de l'interaction génotype x environnement de 63 lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.) à partir de trois essais réalisés par les étudiantes Bellaouar A. (essai 1 ; campagne 2010/2011), TABTI D. (essai 2 ; campagne 2011/2012) dans la plaine de la Mitidja en zone sub-humide dans le cadre de leurs mémoires d'ingénieur et celui de DAHMANI S. (essai 3 ; campagne 2011/2012) dans la plaine des Aribes en zone semi-aride pour l'évaluation de la productivité, de l'adaptation et de la stabilité de leurs caractères agronomiques en vue de la sélection de lignées performantes.

CHAPITRE 1

REVUE BIBLIOGRAPHIQUE

1.1. Origine génétique et géographique de l'orge (*Hordeum vulgare* L.)

L'orge appartient à la tribu des *triticeae* et à la famille des *poaceae* et au genre *Hordeum*. Ce genre comporte 34 espèces (une seule est cultivée pour son grain) qui sont généralement diploïde ($2n = 14$), mais il existe des espèces sauvages tétra ou hexaploïdes [6].

L'orge sauvage, *Hordeum vulgare* L. ssp. *Spontaneum* (C. Koch) Thell., est l'ancêtre de l'orge cultivé [7]. C'est une plante dont l'épi est à deux rangs avec un rachis fragile et un grain vêtu. Une mutation du gène « rachis fragile » a donné une plante au rachis solide. Ensuite, d'autres mutations ont fait apparaître des types à grain nu et des types à six rangs [6, 8].

La domestication de l'orge a commencé dans le croissant fertile (figure 1.1), qui comprend des parties de l'Iran, la Turquie, la Syrie, la Palestine et la Jordanie [9]. Les vestiges archéologiques de grains d'orge trouvés à divers endroits dans le Croissant Fertile indiquent que la récolte a été domestiquée environ 8000 ans avant JC [10].

MOLINA-CANO *et al.* [11] supposent la présence de multiples centres d'origine de l'orge, du fait que des populations d'*Hordeum spontaneum* sont trouvées au Maroc et au Tibet et qui présentent des différences génétiques par rapport à celles du croissant fertile.

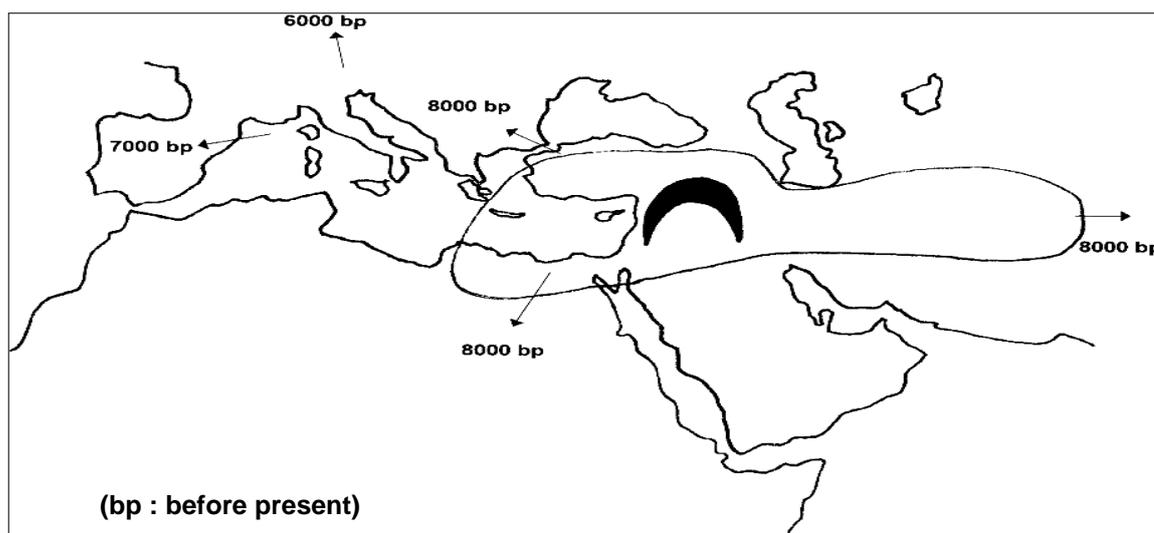


Figure 1.1 : Croissant fertile, zone de domestication de l'orge cultivée (*Hordeum vulgare ssp. Vulgare*) au Moyen-Orient, la distribution des ancêtres sauvages de l'orge (*H. vulgare ssp. Spontaneum*), et la période approximative pour atteindre différentes régions du monde [12].

1.2. Superficies et production de l'orge dans le monde et en Algérie

Selon DORE et VAROQUAUX [6], l'orge (*Hordeum vulgare L.*) est la céréale dont l'aire de culture est la plus étendue dans le monde, cette espèce, très rustique, est cultivée dans plus de 80 pays. D'après CECCARELLI *et al.* [8], l'orge est cultivée dans le monde sur une superficie qui dépasse 56 millions d'hectares. Dans les pays en développement, elle couvre plus de 40 millions d'hectares [7].

En termes de production (tableau 1.1), l'orge occupe la quatrième place dans le monde après le blé, le riz et le maïs, avec une production qui dépasse 140 millions de tonnes [13, 14]. Selon WU *et al.* [15], 88% de la production de l'orge du monde est réalisée dans l'Union Européenne, la Russie, le Canada, l'Ukraine, et l'Australie.

Tableau 1.1 : Superficies, rendements et production de l'orge dans le monde de 2006 à 2010 [16]

Années	2006	2007	2008	2009	2010
Superficies (ha)	56 374 070	55 729 632	56 282 629	54 249 341	47 536 419
Rendement (10⁻³q/Ha)	24 744	24 066	27 490	27 986	26 021
Production (tonnes)	139 493 761	134 116 708	154 723 365	151 823 830	123 695 392

En Algérie, 35 % de la superficie céréalière est consacrée à la culture de l'orge [17]. La production algérienne d'orge est faible et surtout variable dans l'espace et dans le temps. Les rendements moyens durant les cinq dernières années varient de 9 à 20 q/ha [18].

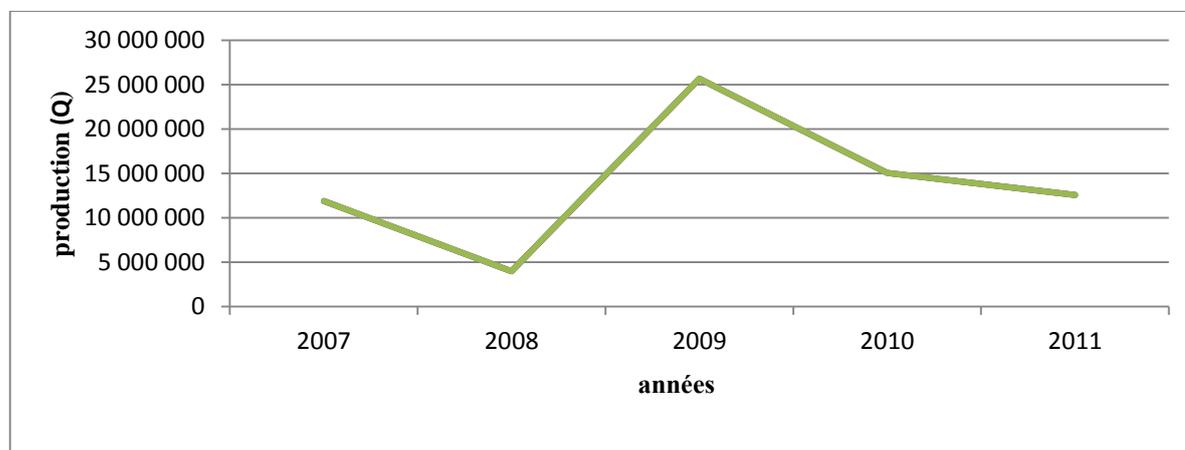


Figure 1.2 : Evolution de la production de l'orge en Algérie durant la période 2007-2011 [18].

1.3. Amélioration génétique de l'orge 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 tels que l'Ecole Nationale Supérieure Agronomique (E.N.S.A.), les départements d'Agronomie de certaines universités et les centres de recherche (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 l'orge, à la sélection et à l'homologation de 16 variétés [19] (tableau 1.2).

Tableau 1.2 : Variétés d'orge homologuées en Algérie [19]

Variété	Pedigree	Origine	Année*	Institution**
Djebel	Sélection généalogique	Serasem, France	2001	ITGC
El Fouara 97	Sélection généalogique	ITGC Setif, Algérie	1997	ITGC
Exito	Drina x Plaisant x SM 3521	Secobra Recherches, France	2006	ITGC
Hermione	NEVADA XO92015538	FLORIMOND DESPREZ, France	2006	ACI
Hispanic	FDO8109802 X MOSAR	FLORIMOND DESPREZ, France	2006	ITGC
Majestic	Sélection généalogique	Serasem, France	2001	ITGC
Princess	Sélection généalogique	Serasem, France	2001	ITGC
Nikel	Sélection généalogique	Serasem, France	2001	ITGC
Siberia	Clarine x Energy /Monaco x 3626	Secobra Recherches, France	2006	ITGC
Vertige	Sélection généalogique	Serasem, France	1997	ITGC
Rihane 03	AS46/AVT11ATHS2L1AP3 AP0AP	Icarda, Syrie	1997	ITGC
Saida 183	Sélection généalogique	ITGC khroub, Algérie	1995	ITGC
Tichedrett	Tichedrett/RebelleC595203 SF4	ITGC setif, Algérie	1997	ITGC
Bahria	Espérance x Two(OWS) x (Atlas 46 x Pronusa)	ACSAD, Syrie	1997	ITGC
Jaidor	(Rita x Baladia) x (33 x emir)	INRA France, France	1997	ITGC
Nailia (Acsad 176)	CMB 721893Y,1B x 1Y0B Cross 366/16/12	ACSAD, Syrie	2002	ITGC

* : Année d'inscription au catalogue officiel, ** : Demandeur.

1.4. Objectifs de l'amélioration de l'orge

Trois objectifs principaux sont recherchés dans la sélection de variétés plus performantes d'orge.

✓ Le rendement

La productivité est l'objectif essentiel de la sélection. Elle est définie comme étant la capacité de produire plus. C'est une notion relative. En sélection, elle désigne souvent le rendement en grain. L'amélioration du rendement en 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. C'est un caractère quantitatif complexe, sa variation est soumise à un contrôle polygénique de nature non additive. Il est plus soumis à la variation environnementale [20, 21, 22].

La sélection indirecte utilise les composantes du rendement (le nombre d'épis produits par unité de surface, le nombre de grains par épi et le poids de mille grains). Ou sur d'autres caractères morphologiques liés au rendement tels que le col de l'épi, la longueur de la tige, etc., comme critères de sélection.

MONNEVEUX [23], a proposé une méthode analytique, basée sur l'utilisation des caractères phénologiques et morpho-physiologiques pour déterminer le rendement potentiel et la tolérance aux stress abiotiques des céréales. Cependant, cette méthode a nécessité une connaissance suffisante de la physiologie des mécanismes de tolérance suivie de l'étude de la génétique de ces caractères avant de passer à leur utilisation en sélection.

La sélection du rendement en grain n'est efficace que si les conditions de milieu qui ont permis la réalisation d'un rendement en 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 environnement amenuisent le gain génétique réalisé [24, 25]. L'inefficacité de la sélection directe est expliquée par des interactions génotypes x milieux qui réduisent la variance génotypique et le coefficient de l'héritabilité [26, 27].

✓ Adaptation au milieu

L'adaptation fait suite à l'action modificatrice des facteurs externes qui influencent le comportement et la structure de la plante. L'adaptation est définie aussi comme étant la capacité d'une plante à croître et à donner des rendements satisfaisants dans des zones sujettes à des stress de périodicités connues [28]. La notion d'adaptation se confond parfois avec celle de résistance et de tolérance au stress. En fait l'adaptation n'est que la résultante de la tolérance aux contraintes [29].

Comme exemples d'adaptation on peut citer :

- La résistance au froid et à la sécheresse : en effet l'adaptabilité au milieu est un phénomène essentiel en raison des relations entre les conditions de culture et l'expression des potentialités génétiques [30].
- La Résistance à la verse : Selon MOULE [31]. , l'orge est l'une des céréales, la plus sensible à cet accident. On recherche par la sélection, des variétés résistantes à la verse par la création de variétés à paille courte et rigide [32].
- La résistance aux parasites : la maîtrise des maladies par les traitements chimiques n'est pas sans inconvénients, l'objectif est de rechercher des génotypes qui présentent avec l'agent pathogène un rapport d'incompatibilité.

✓ La qualité

Chez l'orge, on peut définir deux types de qualités pour deux utilisations différentes :

- Les escourgeons ou orge à six rangs : utilisation en alimentation du bétail (sélection sur la teneur en protéines) ;
- Les orges brassicoles ou orge à deux rangs : la sélection portera alors sur le calibrage, un taux de protéine moyen et une absence de dormance, pour une germination très rapide [32].

1.5. Méthodes d'analyse de l'interaction géotypes x milieu

1.5.1. Généralités

MONNEVEUX et DEPIGNY-THIS [33] ont signalé que dès 1974, REITZ a regroupé les variétés d'espèces cultivées en trois catégories :

- Les variétés maintenant des rendements élevés dans une large gamme d'environnements ;
- Les variétés assurant une production de grains relativement élevée dans les environnements à fortes contraintes (ces variétés sont souvent qualifiées de rustiques) ;
- Les variétés ne donnant de bons rendements qu'en conditions très favorables (on rejoint ici la notion de variété à haute productivité).

Le phénotype d'un individu est déterminé par le génotype et l'environnement, ces deux effets ne sont pas toujours additif ce qui indique que les interactions génotype x environnement sont présentes. Cette interaction génotype x environnement significative provient [34] :

- Soit qu'une quelconque différence spécifique du milieu exerce sur certains génotypes un effet plus important que sur d'autres ;
- Soit qu'il y ait un changement dans le classement d'une série de génotypes que l'on mesure sous différents milieux.

Par définition, on dit qu'il y a interaction génotype x milieu lorsque l'on s'écarte de la situation d'additivité, c'est-à-dire lorsqu'une condition de milieu affecte différemment les génotypes comparés et que l'écart entre les génotypes n'est pas le même selon les conditions de milieu [35]. Fondamentalement, l'interaction entre les effets du génotype et du milieu est un concept statistique, dont la mise en évidence passe par les techniques de l'analyse de variance. Les caractères d'adaptation aux contraintes du milieu jouent un rôle important dans l'existence d'interaction génotype x milieu [35, 36, 37]. Une interaction génotype x environnement significative résulte de l'importance des changements de différences entre les génotypes dans différents environnements ou changements du classement relatifs des génotypes [34].

Selon ALBERT [38], il s'agit dans le premier cas d'une interaction quantitative et dans le second cas d'une interaction qualitative. L'existence de l'interaction génotype x environnement signifie que selon le milieu l'ensemble des gènes d'un génotype ne s'exprime pas de la même façon [39]. Certains génotypes sont plus stables que d'autres. Cette situation complique le travail du sélectionneur qui recherche une stabilité élevée du rendement lui permettant de diminuer le nombre de variétés à sélectionner. La définition du concept de la stabilité et les méthodes permettant de la mesurer et de l'améliorer diffèrent selon les auteurs.

Les sélectionneurs s'intéressent généralement à l'importance de la stabilité élevée des rendements, cependant il y a moins d'entente sur la définition la plus appropriée de la " stabilité " et des méthodes permettant de mesurer et d'améliorer la stabilité du rendement [38].

1.5.2. Concepts de stabilité

Les termes de stabilité phénotypique, de stabilité de rendement et d'adaptation sont souvent employés dans des sens tout à fait différents. Différents concepts et définitions de stabilité ont été décrits au cours des années [38].

LIN *et al.* (1986) cités par ALBERT [38] ont identifié trois concepts de stabilité :

Type 1: Un génotype est considéré comme stable si sa variance environnementale est petite. BECKER et LEON (1988) cités par ALBERT [38] ont appelés cette stabilité « le concept statique ou biologique de la stabilité ». Un génotype stable possède une déviation inchangée indépendamment de n'importe quelle variation des conditions environnementales. Ce concept de stabilité est utile pour des essais de qualité, de résistance aux maladies, ou en cas de stress. Les paramètres employés pour décrire ce type de stabilité sont les coefficients de variation (CV) employés par FRANCIS et KANNENBURG (1978) cités par ALBERT [38] pour chaque génotype comme un paramètre de stabilité et les variations génotypiques à travers les environnements (S^2).

Type 2: Un génotype est considéré comme stable si sa réponse aux environnements est parallèle à la réponse moyenne de tous les génotypes dans

l'essai. BECKER et LEON (1988) cités par ALBERT (2004) [38] ont appelés cette stabilité « le concept dynamique ou agronomique de la stabilité ». Un génotype stable n'a aucune déviation de la réponse générale aux environnements et permet ainsi une réponse prévisible aux environnements. Le coefficient de régression (b_i) et la variance de la stabilité (σ^2_i) peuvent être utilisés pour mesurer la stabilité du type 2 (FINLAY et WILKINSON, 1963 [40] et SHUKLA, 1972 [41]).

Type 3: Un génotype est considéré comme stable si le carré moyen résiduel du modèle de régression sur l'index environnemental est petit. L'index environnemental implique le rendement moyen de tous les génotypes dans chaque endroit moins la moyenne générale de tous les génotypes dans tous les endroits. Selon BECKER et LEON (1988) cités par ALBERT [38], le type 3 est aussi une partie du concept de stabilité dynamique ou agronomique.

Les méthodes pour décrire la stabilité du type 3 sont les méthodes d'EBERHART et RUSSELL [42] et PERKINS et JINKS [43]. Selon BECKER et LEON (1988) cités par ALBERT [38], toutes les procédures de stabilité basées sur des effets de mesure de l'interaction génotype x environnement appartiennent au concept dynamique. Ceci inclut les procédures de décomposition de l'interaction génotype x environnement de l'écovalence de WRICKE [44] et de la stabilité de la variance de SHUKLA [41], ainsi que les procédures qui utilisent l'approche de régression telle que proposé par FINLAY et WILKINSON [40], EBERHART et RUSSELL [42] et PERKINS et JINKS [43], aussi bien que des analyses non paramétriques de stabilité.

LIN et BINNS (1988) cités par ALBERT [38] ont proposé des concepts de stabilité du type 4 sur la base de la variation non-génétique prévisible et imprévisible. La composante prévisible est liée aux localités et la composante imprévisible est liée aux années. Ils ont suggéré l'utilisation d'une approche de régression pour la partie prévisible et les carrés moyens pour des interactions environnement x années pour chaque génotype comme mesure de la variation imprévisible.

1.5.3. concept de l'adaptation

D'après GALLAIS [45] et BRANCOURT-HULMEL *et al.* [36], l'adaptation est l'aptitude d'une variété, d'un génotype (au sens large, individu ou groupe d'individus) à bien valoriser des conditions particulières. L'adaptabilité est l'aptitude d'un génotype à valoriser des conditions de milieux variés.

1.5.3.1. Mieux connaître le milieu pour comprendre l'adaptation au milieu

D'après BRANCOURT-HULMEL [46], Il paraît tout naturel au sélectionneur et au généticien de caractériser génétiquement le matériel végétal et de nombreux progrès sont actuellement réalisés grâce à la biologie moléculaire. En revanche, la caractérisation du milieu ne bénéficie pas d'autant d'efforts malgré la présence d'effet du milieu souvent beaucoup plus important que celui du génotype et malgré les progrès réalisés dans ce domaine (accès automatisé aux données météorologiques, développement continu de modèles agronomiques, etc.).

L'observation d'un certain nombre de génotypes (génotype révélateurs) dans différents milieux peut permettre la caractérisation des milieux en termes de facteurs limitants les composantes du rendement et par conséquent le rendement. Il est possible de déterminer les facteurs limitants qui ont généré ces interactions à l'aide de la régression factorielle biadditive incluant plusieurs variables du milieu. L'analyse des corrélations de chaque variable environnementale aux variables synthétiques (qui sont les combinaisons linéaires de toutes les variables environnementales) permet de déterminer celles qui sont à l'origine des interactions [46].

La distinction entre « milieux favorables » et « milieux défavorables » implique une caractérisation précise de ces milieux, une quantification des stress subis, et des pressions de sélection appliquées ; par ailleurs, la capacité d'un génotype à produire une quantité de grains élevée dans un milieu caractérisé par des contraintes données peut dépendre, de caractères aussi différents que [33]:

- des adaptations spécifiques liées à une grande rusticité (production de biomasse aérienne importante, faible indice de récolte), qui interviendront surtout dans des milieux à très fortes contraintes ;

- des adaptations « inductibles », à faible coût énergétique cumulé, compatibles avec une productivité élevée (comme cela semble être le cas pour l'ajustement osmotique par exemple) ;
- des « adaptations » recouvrant en fait des « effets résiduels » de potentiels élevés de rendement, qui s'expriment surtout dans des milieux favorables ou à contraintes modérées.

BRANCOURT-HULMEL [46] ajoute qu'en matière de caractérisation des milieux, la question importante est de déterminer non seulement si des contraintes du milieu sont apparues mais aussi si elles ont eu un impact sur l'élaboration du rendement des génotypes. Cela permet de repérer avec plus de pertinence les variables du milieu qui vont servir à mesurer l'adaptation des génotypes.

1.5.3.2. Origine génétique de l'adaptation au milieu

L'adaptation d'un génotype au milieu peut avoir deux origines : la présence de « gènes d'adaptation », ou plus exactement de gènes qui gouvernent des caractères jouant un rôle dans l'adaptation, et le pouvoir tampon lié à la structure génétique de certains génotypes [45]. L'effet de la structure génétique peut se manifester soit par l'hétérozygotie conférée par l'état hybride, soit par l'hétérogénéité du peuplement cultivé [46].

Selon BRANCOURT-HULMEL [46], les gènes d'adaptation spécifique sont nombreux : ils peuvent concerner l'évitement de la contrainte (gènes de précocité) ou bien l'adaptation à la contrainte elle-même (résistance au froid hivernal, etc.) ou à l'agent pathogène. L'adaptation générale à différents milieux peut être contrôlée par des gènes non-allèles différents ou bien, comme dans le cas de la pléiotropie, par des gènes allèles produisant des effets variables (positifs ou négatifs) entre milieux [45]. Les génotypes les plus adaptés seront ceux cumulant un maximum de gènes à effets favorables. Les gènes peuvent être en outre plus ou moins spécifiques comme dans le cas des résistances aux maladies [47].

1.5.4. Classification des interactions génotype x environnement

D'après MIGNON-GRASTEAU [37], plusieurs classifications des interactions génotype x environnement ont été établies. Elles reposent sur l'importance relative

des effets de l'environnement (E), du génotype (G) et de l'interaction entre génotype et environnement (I), la signification statistique de l'effet d'interaction génotype x environnement et l'inversion du rang des génotypes entre environnements. Toutes découlent de celle établie en 1946 par HALDANE, qui définit 6 catégories d'interaction (tableau 1.3).

Selon HALDANE (1946) cité par MIGNON-GRASTEAU [46], la catégorie 1 correspond à l'absence d'interaction. Pour la catégorie 2, on a une inversion des rangs des génotypes entre environnements, mais les valeurs restent très proches dans les deux environnements et l'interaction est non significative. La catégorie 3 correspond au cas où l'interaction existe, mais est d'amplitude trop faible pour inverser le rang des génotypes entre les milieux. Enfin, la catégorie 4 est la plus importante, car le rang des génotypes est inversé entre les environnements et l'amplitude de l'interaction est forte, ce qui est le plus problématique pour le sélectionneur.

Tableau 1.3 : Classification des interactions entre génotype et environnements [46].

Type	Rang des génotypes A (en rose) et B (en bleu)	Rang des milieux X (en vert) et Y (en orange)	Additivité de G et E	Significativité statistique	Effets respectifs du génotype (G), de l'environnement (E) et de l'interaction (I)	Significativité statistique et rangs	Inversion des rangs des environnements et/ou des génotypes
1a			Interaction linéaire	Pas d'interaction	$G > E > I$	Interaction non significative	Pas d'inversion
1b					$E > G > I$		
3				Interaction non linéaire	interaction	$G > I > E$	Interaction significative
2			$E > I > G$			Interaction non significative	Inversion pour le génotype
4a			$I > E > G$			Interaction significative	Inversion pour le génotype et l'environnement
4b			$I > G > E$				
Sources	HALDANE, 1946	TRUBERG et HUHN, 2000	LERNER, 1950	WEBER et LEROY, 1956	MATHER et JONES, 1958	PANI, 1971	TRUBERG et HUHN, 2000

1.5.5. Actions du macro-milieu et de l'interaction génotype x environnement

1.5.5.1. L'hypothèse d'additivité des effets du macro-milieu et du génotype et ses implications

Selon VERRIER *et al.* [35], des conditions de macro-milieu peuvent induire d'importantes variations des caractères quantitatifs. Pour caractériser une modalité particulière d'un facteur de milieu contrôlé, là encore, il est naturel de calculer la valeur moyenne des individus qui sont soumis à cette modalité. Exprimée en écart à la moyenne de la population, cette valeur moyenne est, par définition, l'effet moyen de la modalité considérée. Cette analyse suppose, cependant, que les différents génotypes soient répartis de façon équilibrée entre les différentes modalités de milieu.

Dans le cas où il n'y a qu'un seul facteur de macro-milieu, ce dernier est représenté par plusieurs modalités. Si plusieurs facteurs de milieu sont contrôlés, nous supposons que les effets moyens des différentes modalités des différents facteurs s'ajoutent les uns aux autres [35].

L'additivité entre les effets du génotype et du milieu implique qu'une modalité de milieu donnée affecte tous les génotypes de la même façon, et qu'un génotype donné confère le(s) même(s) avantage(s) quel que soit le milieu dans lequel se développe l'individu correspondant [35].

1.5.5.2. L'interaction génotype x environnement

La présence d'interactions entre génotype et environnement peut avoir de nombreuses conséquences [37] :

- Peut tout d'abord entraîner une réduction de la réponse attendue à la sélection, et donc occasionner une perte économique ;
- de plus, les performances en milieu non optimal peuvent différer de façon importante, et le rang de différents génotypes peut être inversé suivant les environnements ;
- ignorer la présence d'interactions peut donc aboutir à choisir le mauvais génotype ou le mauvais candidat à la sélection pour un environnement donné ;

- enfin, la bonne adaptation d'un génotype à son environnement peut dépendre des caractéristiques climatiques, des systèmes de culture, de facteurs économiques ou sociaux.

La question du choix du meilleur génotype se pose notamment quand on souhaite utiliser dans un milieu à fortes contraintes des génotypes qui ont été améliorés dans des conditions plus favorables. De la même façon, lorsque l'on poursuit ou démarre une sélection, il faut éviter de trop artificialiser le milieu dans lequel on entretient les candidats à la sélection [35].

Les critères importants à prendre en compte en sélection ne sont donc pas nécessairement les mêmes selon l'environnement. La prise en compte des interactions entre génotype et environnement implique donc tout d'abord de pouvoir les détecter, les décrire et évaluer leur ampleur correctement. De cette évaluation découlera ensuite la stratégie à adopter en sélection [37].

1.5.6. Efficacité de la sélection en présence d'interactions génotype x environnement

Les stratégies qui peuvent être adoptées sont alors de plusieurs ordres. On peut dédier certaines lignées à la production dans des conditions environnementales particulières, mais cela ne sera pas envisageable pour chaque type d'environnement. La sélection sur les normes de réaction pourrait fournir une alternative intéressante permettant de rechercher les génotypes ayant de bonnes capacités d'adaptation plutôt que ceux bien adaptés à un environnement donné [37]. Cet auteur a ajouté qu'en présence d'interaction entre génotype et environnement, les individus les plus performants ne sont pas nécessairement les mêmes dans les différents environnements.

Afin d'optimiser la sélection sur un grand nombre d'environnements on peut rechercher des génotypes ayant une bonne plasticité phénotypique, c'est-à-dire peu sensible aux variations des conditions environnementales, plutôt que de rechercher une population ou un génotype particulièrement bien adapté à un ou à quelques environnements particuliers [48].

1.6. Méthodes statistiques pour mesurer l'interaction G x E

Selon KRIEG [49], L'expression des caractères résulte généralement d'interactions complexes entre de nombreux facteurs de l'environnement et le programme génétique de l'individu, lui-même constitué d'un grand nombre de gènes s'exprimant successivement ou simultanément. L'observation d'un caractère donné chez un individu, une population (le phénotype) ne permet pas d'en déduire simplement la "valeur génétique" (le génotype) de cet individu. Cependant, à la suite des travaux de FISHER (1918), des modèles d'analyse se sont développés pour répondre à ce problème. Ils permettent, sans connaître précisément les gènes en cause et leurs effets individuels, de cerner les sources majeures de variation d'un caractère quantitatif.

L'étude de la stabilité du rendement et de l'interaction génotype-milieu intervient à tous les niveaux de l'amélioration des plantes : le sélectionneur recherche des génotypes présentant une bonne stabilité, tandis que le généticien est souvent confronté de façon involontaire à des problèmes d'analyse de l'interaction. Ceci explique le développement d'un nombre important de modèles pour l'analyse de la stabilité et de l'interaction [36].

1.6.1. Les méthodes d'analyse de la variation quantitative

1.6.1.1. La description de la variabilité phénotypique

A partir de la mesure d'un nombre élevé d'individus, on peut décrire la variation phénotypique au sein d'une population par une distribution. Pour pouvoir conduire une analyse statistique satisfaisante, cette distribution doit être relativement voisine d'une distribution théorique normale. Dans le cas contraire, une transformation mathématique normalisante doit être appliquée [49].

1.6.1.2. Effets génétiques et environnementaux

Le phénotype d'un individu résulte de la combinaison de facteurs génétiques et environnementaux. Pour une analyse génétique du caractère, il est nécessaire, au moins dans un premier temps, de supposer l'additivité de ces facteurs ; autrement dit, un milieu donné agit de la même façon sur des génotypes variés.

Cependant l'utilisation de ces résultats dans des milieux différents implique nécessairement de valider ces mêmes résultats dans chaque milieu [49].

1.6.1.3. Effets additifs et non additifs

Pour la plupart des caractères complexes, plusieurs zones en divers points du génome interviennent. Pour cet ensemble, on décompose la valeur génotypique en effets d'additivité et en interactions de dominance avec en plus d'autres types d'interactions inter-locus (entre effets additifs, entre effets de dominance ou mixtes) dont la somme constitue les effets d'épistasie [35].

1.6.1.4. L'héritabilité

C'est à partir de la variance génétique additive que l'on estime l'héritabilité [49]:

$$h^2 = V_A/V_P$$

Ce paramètre mesure le degré de ressemblance entre apparentés et a surtout un rôle prévisionnel. C'est en effet principalement à partir de cette valeur que l'expérimentateur établit son schéma d'amélioration génétique.

L'héritabilité peut être estimée à partir [49] :

- Soit de l'étude de la transmission du caractère établissant une régression entre les parents et les valeurs moyennes de leurs descendants ;
- Soit de l'analyse de la ressemblance entre familles de pleins-frères ou de demi-frères.

1.6.2. Méthode d'analyse de l'interaction génotype x environnement

Différents modèles ont été proposés pour analyser les interactions génotype x milieu. Ils reposent tous sur un suivi du comportement d'un même groupe de variétés, dans une large gamme de situations différentes [33].

Il existe diverses possibilités pour classer les méthodes permettant l'analyse de la stabilité et de l'interaction (figure 1.3). Plusieurs types seront distingués : les méthodes paramétriques, incluant des modèles à effets fixes et des modèles mixtes (à effets fixes et aléatoires), et les méthodes non-paramétriques [36].

Parmi les méthodes paramétriques à effets fixes, on distingue plusieurs catégories selon le nombre de paramètres associés à chaque génotype. Les méthodes uniparamétriques font intervenir un seul paramètre dédié à la stabilité pour décrire les génotypes tandis que les méthodes multiparamétriques en font intervenir plusieurs [36, 48].

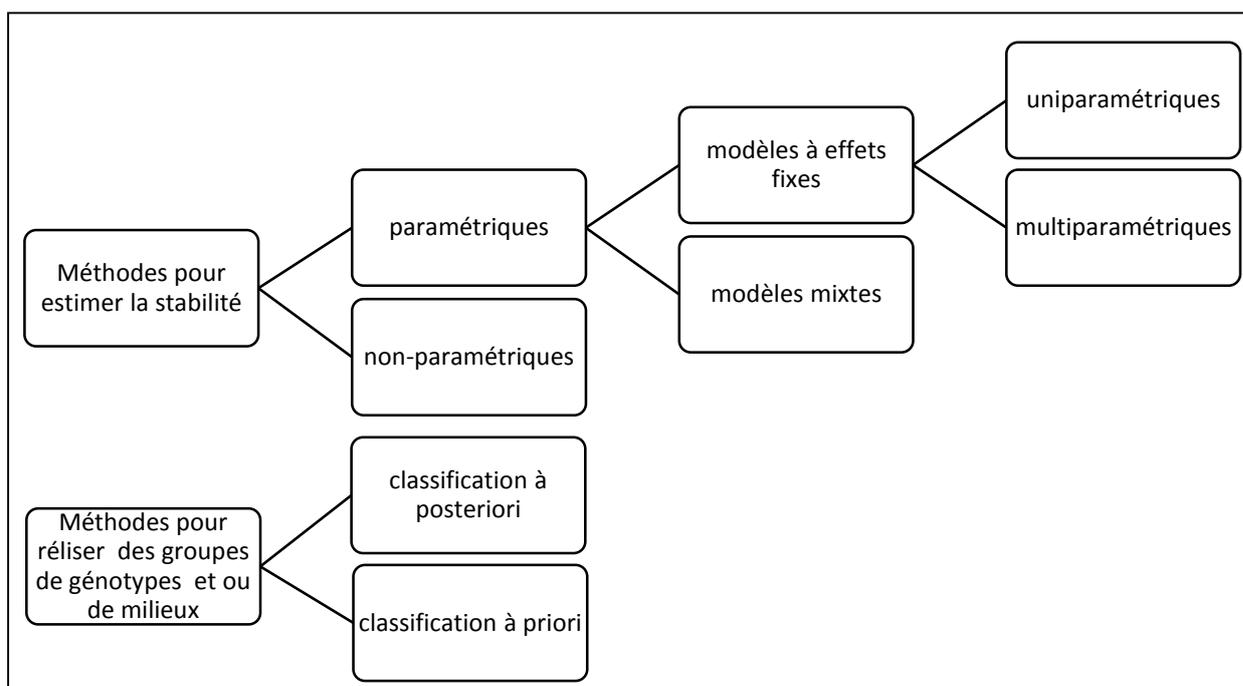


Figure 1.3 : Une classification possible des différentes méthodes d'analyse de la stabilité et de l'interaction génotype x environnement [36].

1.6.2.1. Méthodes uniparamétriques

Selon BRANCOURT-HULMEL *et al.* [36] et GONZALEZ GARCIA [50], ces méthodes comprennent le calcul de paramètres reposant soit sur un modèle prenant en compte uniquement l'effet génotype soit sur un modèle prenant en compte les effets d'interaction génotype x milieu et permettant d'explicitier ces derniers (tableau 1.3).

1.6.2.1.1. Modèle prenant en compte uniquement l'effet génotype

D'après ALBERT [38] et GONZALEZ GARCIA [50], à partir d'un modèle qui prend en compte uniquement l'effet génotype, il est possible de définir des paramètres permettant d'apprécier la stabilité d'un génotype tels que la variance environnementale ou le coefficient de variation environnementale. Selon ces auteurs, ces deux paramètres de stabilité relèvent du concept statique défini par BECKER et LEON (1988) ou encore du concept biologique développé par BECKER (1981), et rejoignent la notion d'homéostasie. Ils ont été classés dans le type I de stabilité par LIN *et al.* (1986) cités par ALBERT [38].

1.6.2.1.2. Modèle prenant en compte les effets d'interaction génotype-milieu

Différentes approches reposant sur des modèles dérivés du modèle interactif complet, qui s'attachent à expliciter le terme d'interaction génotype x milieu, permettent également de calculer des paramètres de stabilité caractérisant les génotypes. Parmi ces méthodes, on trouve l'écovalence, la variance de SHUKLA, la régression conjointe et ses dérivés. Ainsi, EBERHART ET RUSSELL [42] ont suggéré d'utiliser le carré moyen de la déviation à la droite de régression S^2_{di} . Pour PINTHUS [51] et BILBRO et RAY [52], la stabilité peut être mesurée par le coefficient de détermination R^2 , c'est-à-dire le rapport entre la variation expliquée par le modèle et la variation totale, incluant les effets principaux [36, 38, 50].

Tableau 1.4 : Résumé des méthodes uniparamétriques permettant l'analyse de l'interaction génotype x environnement [36].

Méthodes	Auteurs	Type selon LIN <i>et al.</i> , 1986	Concept selon BECKER et LEON, 1988	Autre définition de la stabilité
Modélisation de l'effet génotype ▪ Variance environnementale (S^2_g)	ROMER 1917, cité par BECKER et LEON, 1988	1	Statique	Homéostatique
	▪ Coefficient de variation environnemental (CV_g)	FRANCIS et KANNENBERG, 1978.	1	-
Modélisation des effets de l'interaction GxE ▪ Ecovalence variétale (W^2_g) ▪ Ecovalence environnementale (W^2_r) ▪ Variance de Shukla (σ^2_g) ▪ Régression conjointe • Coefficient de régression (b_g) • Coefficient de régression (ρ_g) • Carré de déviation à la droite de régression (S^2_{dg}) • Coefficient de détermination (r^2_g) ▪ Carré moyen de l'effet année hiérarchisé à l'effet lieu (CM_{Ve})	VON WRICKE, 1962	2	Dynamique	
	PARISOT-BARIL, 1992	-	-	-
	SHUKLA, 1972	2	-	-
	YATE et COCHRAN, 1938	-	-	-
	FINLAY et WILKINSON, 1963	2	Statique/ Dynamique	Adaptation/ Adaptabilité
	EBERHART et RUSSELL, 1966 ; PERKINS et JINKS, 1968	2	Statique/ Dynamique	-
	EBERHART et RUSSELL, 1966	3	Dynamique	-
	PERKINS et JINKS, 1968	3	Dynamique	-
	PINTHUS, 1973 ; BILBRO ET RAY, 1976	-	Dynamique	-
	LIN et BINNS, 1988	4	-	-

Pour l'ensemble de ces méthodes, la principale critique réside dans le fait qu'elles ne rendent pas bien compte d'un caractère aussi complexe que la stabilité sur lequel agissent de très nombreux facteurs. Pour lever cet inconvénient, il est nécessaire soit d'en combiner plusieurs, soit d'avoir recours à des analyses multiparamétriques [36].

1.6.2.2. Méthodes multiparamétriques

Les approches présentées précédemment donnent seulement des caractéristiques individuelles de la stabilité mais ne fournissent pas une image globale de la réponse. De plus, un génotype stable selon un des critères ne l'est pas forcément selon les autres [53, 54].

Les méthodes multiparamétriques (tableau 1.5) permettent soit une modélisation de l'interaction seule soit une modélisation simultanée des effets d'interaction et des effets principaux génotype et milieu [36, 38, 50].

Tableau 1.5 : Résumé des méthodes multiparamétriques permettant l'analyse de l'interaction génotype x environnement [36].

Méthodes	Auteurs
Modélisation de l'interaction seule	
▪ Modèle multiplicatif / modèle AMMI	MANDEL, 1969, 1971 ; DENIS et GOWER, 1992, 1996 ; GOLLOB, 1968 ; GAUCH et ZOBEL, 1988, 1990, 1992
▪ Régression multiple	HARDWICK et WOOD, 1972; PERKINS, 1972; WOOD, 1976; SAEED et FRANCIS, 1984; GORMAN <i>et al.</i> , 1989; FEYERHERM <i>et al.</i> , 1992
▪ Régression factorielle	DENIS, 1980, 1988
Modélisation de l'interaction des effets principaux	
▪ Modèle SHMM	SEYEDSADR et CORNELIUS, 1992; CORNELIUS <i>et al.</i> , 1992 ; CORNELIUS <i>et al.</i> , 1996 ; CROSSA <i>et al.</i> , 1996
▪ Analyse des coordonnées principales	WESTCOTT, 1987
▪ Analyse des coefficients de piste	TAI, 1975, 1990

1.6.2.3. Modèles mixtes

Ce modèle permet donc de considérer au moins un des facteurs comme aléatoire. Par exemple, l'améliorateur considère les milieux dans lesquels il teste ses cultivars en cours de sélection, comme représentatifs de la population de milieux qu'il vise. Ou encore, le généticien étudie les caractéristiques de sa population de génotypes pour quelques milieux contrastés. Bien entendu, le nombre de niveaux du facteur considéré comme aléatoire doit être en rapport avec l'estimation des composantes de la variance [50].

Ce modèle permet en outre d'associer une modélisation de l'interaction entre les deux facteurs (fixe et aléatoire) au moyen de régressions ou de termes multiplicatifs [36].

Les modèles multiparamétriques et mixtes, actuellement en plein essor grâce aux possibilités nouvelles des logiciels statistiques, paraissent attractifs par leur souplesse mais présentent l'inconvénient d'être exigeants quant à la quantité et la répartition des données nécessaires. Beaucoup de travail reste encore à faire au niveau de leur traitement statistique [36].

1.6.2.4. Méthodes non-paramétriques

Toutes les approches précédentes se définissent à partir de paramètres, d'autres sont non-paramétriques et constituent une alternative aux premières (tableau 1.6). La plupart sont basées sur le rang des génotypes dans chaque environnement, ce sont alors à la fois les effets du génotype et les effets d'interaction génotype x environnement qui sont pris en compte. Il faut corriger au préalable les données en leur retranchant l'effet génotype si l'on veut que les rangs ne reflètent plus que les effets d'interaction génotype- milieu [36].

Tableau 1.6 : Résumé des méthodes non paramétriques permettant l'analyse de l'interaction génotype x environnement [36].

Méthodes	Auteurs	Concept selon BECKER et LEON, 1988
Moyenne des rangs centrés ($S_{g(1)}$)	HÜHN, 1990	Dynamique
Variance des rangs ($S_{g(2)}$)	HÜHN, 1990	Dynamique
Somme des différences des rangs rapportées au rang moyen du génotype ($S_{g(3)}$)	HÜHN, 1990	Dynamique
Somme des rangs (rendement + variance de stabilité de Shukla)	KANG, 1988 ; KANG et PHAM, 1991	-
Indice de fiabilité	ESKRIDGE et MUMM, 1992 ESKRIDGE <i>et al.</i> , 1993	-
Méthode combinatoire	GUENOCHÉ <i>et al.</i> , 1994	-

Ces approches détectent uniquement les inversions de classement et confondent les interactions quantitatives avec l'absence d'interaction. De plus, même en cas d'inversion des classements, l'ordre de grandeur des différences n'est pas pris en compte, leur intérêt en est par conséquent diminué. Pour l'analyse des interactions qualitatives, elles présentent toutefois plusieurs avantages par rapport aux méthodes paramétriques : la réduction voire l'élimination de biais causé par les valeurs extrêmes ou les erreurs de mesures, l'absence d'hypothèses sur la distribution des observations, l'homogénéité des variances et l'additivité des effets ne sont pas nécessaires. De plus, elles sont facilement utilisables et interprétables [36].

Ces mesures non-paramétriques de stabilité sont dépendantes des nombres mais aussi des ensembles de génotypes et de milieux considérés. Il semble cependant que la réserve doit être d'autant plus forte à leur endroit que l'information retenue est fort réduite : des rangs de performances et non plus des performances [36].

1.6.2.5. Méthodes pour réaliser des groupes de génotypes et/ou de milieux

On distingue les classifications à priori qui font intervenir des informations extérieures et les classifications à posteriori qui s'appliquent aux données elles-mêmes, faute de mieux (tableau 1.7). La plupart des méthodes de classification reposent sur un index de dissimilarité basé sur un calcul de distance ou sur l'ajustement à un modèle ou encore sur l'utilisation de coefficients de corrélation. De plus, cet index se définit soit à partir d'un seul critère ou bien de plusieurs [36, 50].

Tableau 1.7 : Résumé des méthodes pour réaliser des groupes de génotypes et/ou de milieux [36].

Méthodes	Auteurs
Classification à priori	DENIS, 1979 ; IMRIE <i>et al.</i> , 1981 ; BROWN <i>et al.</i> , 1983 ; PARISOT-BARIL, 1992 ; BALFOURIER et CHARMET, 1991 ; PETERSON, 1992
Classification à posteriori <ul style="list-style-type: none"> • Méthode basée sur un seul critère <ul style="list-style-type: none"> ▪ Index basé sur un calcul de distance <ul style="list-style-type: none"> ✓ Distance euclidienne ✓ Distance euclidienne réduite ✓ Distance généralisée de MAHALANOBIS ▪ Index basé sur l'ajustement à un modèle <ul style="list-style-type: none"> ✓ Régression conjointe (partie linéaire) ✓ Régression conjointe (partie non linéaire) ✓ Modèle SHMM ▪ Utilisation de coefficients de corrélation ▪ Utilisation du carré moyen de l'interaction • Méthode basée sur plusieurs critères 	<p>HANSON 1970 ; MUGMOMERY <i>et al.</i>, 1974 ; JOHNSON, 1977 ; GHADERI <i>et al.</i>, 1980</p> <p>ABOU-EL-FITTOUH <i>et al.</i>, 1969 ; BYTH <i>et al.</i>, 1976 ; FOX et ROSIELLE, 1982 ; FOX <i>et al.</i>, 1990</p> <p>GHADERI <i>et al.</i>, 1982 ; WEATHERUP, 1994</p> <p>LIN et THOMPSON, 1975</p> <p>PERKINS et JINKS, 1968</p> <p>CORNELIUS <i>et al.</i>, 1993 ; CROSSA <i>et al.</i>, 1993</p> <p>HABGOOD, 1977 ; KRENZER ET AL., 1992 ; GHADERI ET AL., 1982 ; CAMPBELL et LAFEVER, 1977 ; YAU <i>et al.</i>, 1991</p> <p>BYTH ET AL., 1976 ; DENIS, 1979 ; LIN, 1982 ; RAMEY et ROSIELLE, 1983 ; CORSTEN ET DENIS, 1990 ; LIN et BUTLER, 1990</p> <p>LEFKOVITCH, 1985 ; LIN et BINNS, 1991 ; LIN <i>et al.</i>, 1992 ; COOPER <i>et al.</i>, 1994</p>

1.6.3. Avantages et limites des méthodes d'analyse de l'interaction génotype x environnement

Des méthodes très diverses existent pour analyser la stabilité et l'interaction génotype-milieu. Nous reprenons ci-dessous les avantages et les limites des méthodes d'analyse données par BRANCOURT-HULMEL *et al.* [36].

Parmi les méthodes uniparamétriques, la régression conjointe est la plus utilisée car elle est facile à mettre en œuvre et est assez aisée à interpréter. Elle semblerait convenir à des analyses faisant intervenir un grand nombre de génotypes variés dans un nombre limité de milieux, comme dans le cas de l'étude de collections. Mais elle ne tient pas compte du caractère multidimensionnel du comportement des génotypes. Selon l'espèce, l'améliorateur peut choisir d'utiliser certaines de ces méthodes uniparamétriques en fonction des groupes de corrélation auxquels elles appartiennent d'une part, et de leur caractère répétable et héritable d'autre part.

Les méthodes multiparamétriques semblent plus adaptées pour décrire la réponse des génotypes à différentes conditions de milieux. Ces techniques statistiques, qui reposent sur des calculs complexes, n'ont pu se développer qu'avec l'apparition d'ordinateurs puissants et sont donc relativement récentes. Parmi ces dernières, le modèle multiplicatif et la régression factorielle permettent dans la plupart des cas de décomposer une part importante de l'interaction : ces deux méthodes présentent en général une efficacité et une parcimonie comparables. Cependant, la régression factorielle paraît plus complète. En effet, elle ne fournit pas seulement une description des données mais elle permet aussi d'intégrer directement des informations relatives aux milieux ou aux génotypes et de donner une signification biologique aux phénomènes d'interaction génotype-milieu.

Quant aux méthodes non-paramétriques, elles sont simples à mettre en œuvre mais ne permettent d'appréhender que les interactions qualitatives. Les différentes approches présentées comportent toutes des avantages et des inconvénients. Mais ce ne sont que des pièces d'un jeu de construction qui peuvent s'assembler les unes avec les autres. Il peut être intéressant d'en utiliser plusieurs pour avoir une information plus complète sur la stabilité des génotypes et sur les

effets d'interaction génotype-milieu. De plus, parallèlement à toutes ces analyses, l'améliorateur peut être amené à établir des groupes de génotypes et ou de milieux à l'aide de méthodes de classification à priori ou à posteriori. Ces dernières dépassent largement le cadre de l'analyse de la stabilité et de l'interaction car les groupes peuvent être réalisés sur la base de la stabilité ou bien à partir de tout autre critère.

Le sélectionneur dispose d'outils intéressants et performants. Selon ses objectifs de sélection en matière de stabilité, objectifs qui dépendent de l'espèce, du type variétal, du type de milieu, du type de sélection (directe ou indirecte) mais aussi de ses moyens, il peut choisir la ou les méthodes les plus appropriées.

CHAPITRE 2

MATERIELS ET METHODES

PARTIE 1 : ETUDE COMPARATIVE DE 75 LIGNEES D'ORGE

2.1.1. Caractérisation du milieu

2.1.1.1. Localisation de la région d'étude

L'essai a été mené dans la Ferme Pilote HAÏCHEUR Ali, qui se situe dans la plaine des Aribis à Ain Bessem, wilaya de Bouira, en zone semi-aride (figure 2.1). Les coordonnées géographiques sont 36° 17' de latitude nord, 3° 40' de longitude est. L'altitude est de 690 m.



Figure 2.1 : Localisation de l'essai au niveau de la ferme pilote HAICHEUR [55].

2.1.1.2. Données climatiques

Le climat de Ain Bessem est de type semi-aride continental. Il est caractérisé par de basses températures en hiver et au printemps accompagnées de gelées, et de hautes températures en été accompagnées de sirocco.

Le cumul pluviométrique enregistré de septembre à juin s'élève à 475 mm. La répartition des précipitations a été bonne tout au long de la campagne d'étude ce qui a coïncidé avec les stades tallage, formation et remplissage des grains de la culture d'orge (figure 2.2.).

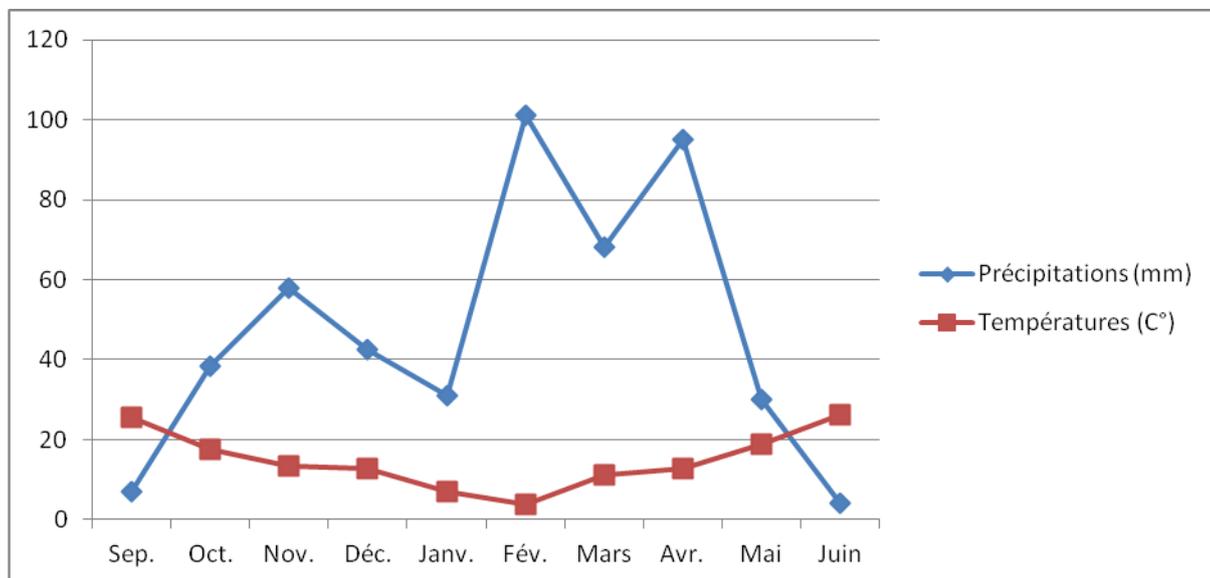


Figure 2.2. Evolution de la température et de la pluviométrie au cours de la campagne d'étude [56].

Les températures minimale et maximale les plus basses ayant caractérisé la campagne d'étude, ont été enregistrées respectivement au mois de février avec 0,2°C et juin avec 33,6°C. La période de froid s'est étalée sur six mois (du mois de novembre au mois d'avril) avec des températures moyennes minimales qui oscillent entre 0,2°C et 9°C et des températures moyennes maximales qui ne dépassent pas les 18°C (Appendice B tableau 1).

2.1.1.3. Caractéristiques du sol

Afin de déterminer les principales propriétés qui caractérisent le sol de notre essai, une série d'analyses a été réalisée sur un échantillon issu d'un mélange de cinq prélèvements du sol à l'aide d'une tarière suivant les diagonales de la parcelle à une profondeur de 0 - 30 cm. Les analyses ont été faites au niveau du laboratoire d'analyses de Fertial (Skikda). Les résultats sont rapportés dans le tableau 2.1.

Il s'agit d'un sol très lourd, non salé ; avec un drainage interne mauvais et une capacité de rétention de l'eau et des engrais très élevée. Le pH du sol est alcalin ; il est optimum pour la culture de l'orge. Le taux de calcaire est très faible. La teneur en matière organique est faible.

Tableau 2.1 : Résultats d'analyse sol

Granulométrie		%
Argile		52
Limons		20
Sables		28
Sol argileux		
Paramètres chimiques	Résultats	
Conductivité (1/5 Ms/cm)	0,184 (non salé)	
pH eau (1/2,5)	0,45 (alcalin)	
C/N	8,0 (excessive)	
Calcaire total	0,1 %	
Matière organique	1,9 %	
Azote total	0,1 %	
Phosphore assimilable (Olsen)	25,3 p.p.m.	
Potassium échangeable	380,2 p.p.m.	
Magnésium échangeable	239,3 p.p.m.	
Calcium échangeable	8 234,5 p.p.m.	
Sodium échangeable	48, 3 p.p.m.	

2.1.2. Matériel végétal

Le matériel végétal utilisé est constitué de 35 lignées d'orge (à six rangs) dont 31 proviennent de l'haplodiploïdisation et de la sélection généalogique réalisées par le professeur MEKLIČHE L. du laboratoire de recherche production végétale de L'ENSA – EL HARRACH, 37 populations (dont une à deux rangs) provenant d'une collection d'orges algériennes remise par le professeur BOUZNAD Z. du laboratoire de phytopathologie à l'ENSA – EL HARRACH, la variété Minnesota 23 (M23) remise par Monsieur AISSAT de l'université Saad DAHLEB de Blida et une variété « Rihane » (2 lignées) connue pour sa résistance à la sécheresse.

Certaines lignées (HD et généalogiques) sont représentées 2 à 4 fois car des mélanges dans les essais précédents ont été constatés et une sélection a été réalisée par le professeur MEKLICHE. Les populations ont, elles aussi, subi une sélection ce qui a conduit à la présence d'une à deux lignées dans le dispositif expérimental.

Le code, la provenance, l'origine et le pedigree correspondant aux variétés parentales des différentes lignées haploïdes doublées (HD) et généalogiques sont présentés respectivement dans le tableau 2.2. Le tableau 2.3 donne les croisements et les numéros des lignées HD et F16 correspondants.

Tableau 2.2 : Code, provenance, origine et pedigree des géniteurs des lignées utilisées [57].

Variété	code	provenance	origine	Pédigrée
Jaidor	3	Montpellier	France	(Rika*Baladi16)*33*EMA1038*Robur
Motan	6	Montpellier	France	(Rika*Baladi16)*33*EMA1038*Robur
CM67 (California Mariout 67)	14	Station de l'ITGC O. Smar Algérie	USA	CI 13782=(California Mariout* CI 2237)*(California Mariout*Club Mariout (SCHALLER et CHIM, 1968)
Prato	15	Station de l'ITGC O. Smar Algérie	USA	CM 67/3*Briggs/4/Briggs*4/3/Cali
Apizaco	16	Station de l'ITGC O. Smar Algérie	Mexique	PI 415011 = Promesa/Toluca
Ensenada	17	Station de l'ITGC O. Smar Algérie	Mexique	PI 467743 = sélection locale
Saïda	18	Station de l'ITGC O. Smar Algérie	Algérie	PI467743 = sélection locale

Tableau 2.3 : Croisements et numéro des lignées HD et F16 correspondants [58].

Croisement	Lignée HD	Lignées issues de croisements généalogiques avancées
Motan× CM67 (6/14)	29, 130, 48, 277, 3, 167, 226, 202 et 196	-----
Saïdax Ensenada (18/17)	18/17/7 et 18/17/2	-----
Saïdax Jaidor (18/3)	-----	18/3/2b
Pratox CM67 (15/14)	15/14/10, 15/14/19c, 15/14/14	-----
Jaidor×Ensenada (3/17)	-----	3/17/1/2a et 3/17/1/2b

Le tableau 2.4 donne les numéros attribués aux génotypes dans les histogrammes et les tableaux des moyennes.

Tableau 2.4 : Numéros attribués aux génotypes.

Génotype	Lignée	Numéro attribué	Génotype	Lignée	N° attribué	Génotype	Lignée	N° attribué
P1	L2	1	P48	L2	26	226 b	L5	51
P2	L2	2	P79	L1	27	277 a	L2	52
P6	L2	3	P79	L2	28	277 a	L4	53
P6	L3	4	P83	L2	29	277 b	L3	54
P7	L2	5	P87	L1	30	3/17/1/2 a	L1	55
P7	L4	6	P87	L3	31	15/14/10	L2	56
P8	L1	7	P99	L2	32	15/14/14	L2	57
P8	L2	8	P99	L3	33	15/14/19c	L1	58
P11	L3	9	DH3	L1	34	15/14/19c	L3	59

P11	L4	10	DH3	L2	35	18/3/2 b	L1	60
P12	L2	11	DH29	L1	36	18/3/2 b	L2	61
P12	L3	12	DH29	L2	37	18/17/2	L3	62
P16	L3	13	DH48	L1	38	18/17/2	L4	63
P21	L1	14	DH130	L1	39	18/17/7	L1	64
P21	L2	15	DH130	L5	40	18/17/7	L2	65
P25	L2	16	DH167	L1	41	Rihane	L1	66
P25	L3	17	DH167	L2	42	Rihane	L2	67
P31	L3	18	DH196 a	L1	43	15/14/10	L1	68
P33	L1	19	DH196 a	L2	44	P41	L2	69
P33	L4	20	DH196 b	L4	45	P5	L2	70
P35	L3	21	DH196 b	L6	46	DH48	L2	71
P35	L4	22	DH202	L1	47	P84	L1	72
P44	L4	23	226 a	L1	48	3/17/1/2b	L2	73
P46	L1	24	226 a	L2	49	P2	L1	74
P46	L2	25	226 b	L2	50	M 23	/	75

2.1.3. Protocole expérimental

2.1.3.1. Dispositif expérimental

Le dispositif expérimental mis en place est un dispositif en blocs aléatoires complets avec trois blocs, l'espacement entre les blocs est de 1 m. Chaque bloc comprend 75 géotypes répartis d'une façon aléatoire sur 75 micro parcelles de 0,8 m² de surface, le nombre de lignes pour chaque géotype (dans la microparcelle) est de deux. La longueur de chaque ligne est de 2 mètres. L'espacement entre les lignes est de 0,2 m et entre les parcelles élémentaires de 0,3 m. Les figures 2.3 et 2.4 donnent respectivement le schéma du dispositif expérimental et les photos illustrant l'essai à différents stades.

Bloc I	Bloc II	Bloc III
226b L2	18/17/2 L4	P5 L2
226b L5	DH29 L1	15/14/10 L2
P99 L3	P21 L1	18/17/7 L2
M23	18/17/7 L2	DH130 L5
DH196a L2	P35 L3	18/17/2 L4
P84 L1	P48 L2	P33 L1
P8 L1	DH48 L2	P25 L2
DH202 L1	DH130 L5	P8 L1
P6 L3	P2 L2	DH196a L2
P41 L2	3/17/1/2b L2	P46 L2
15/14/19c L1	P87 L1	DH202 L1
P79 L1	P7 L2	DH48 L2
P8 L2	15/14/10 L2	P87 L3
DH29 L2	DH48 L1	3/17/1/2b L2
P79 L2	P16 L3	226b L5
18/03/2b L1	P21 L2	18/3/2b L2
P83 L2	277a L2	P35 L4
18/17/7 L1	P25 L3	P25 L3
P6 L2	P46 L1	P79 L1
18/3/2b L2	DH3 L1	226b L2
P35 L4	226a L2	P12 L3
DH3 L2	P25 L2	DH48 L1
P31 L1	277a L4	Rihane L2
15/14/19c L3	Rihane L2	P11 L3
DH 167 L1	P87 L3	P7 L2
P12 L2	P5 L2	P87 L1
P33 L4	P12 L3	DH29 L1
P7 L4	P99 L2	P48 L2
P11 L3	Rihane L1	277a L2
P1 L2	P99 L3	P16 L3
P13 L3	DH130 L1	P41 L2
P2 L1	3/17/2a L1	DH130 L1
P46 L2	P6 L2	P2 L2
DH196b L4	266a L1	DH3 L1
DH196a L1	18/3/2b L1	226a L1
P44 L4	P11 L3	DH196b L4
DH167 L2	15/14/19c L3	Rihane L1
P11 L4	DH167 L1	3/17/2a L1
P99 L2	18/17/7 L1	18/3/2b L1
15/14/10 L1	15/14/14 L2	DH167 L1
226a L2	P8 L2	P44 L4
15/14/14 L2	18/17/2 L3	DH167 L2
3/17/2a L1	DH196b L4	P21 L2

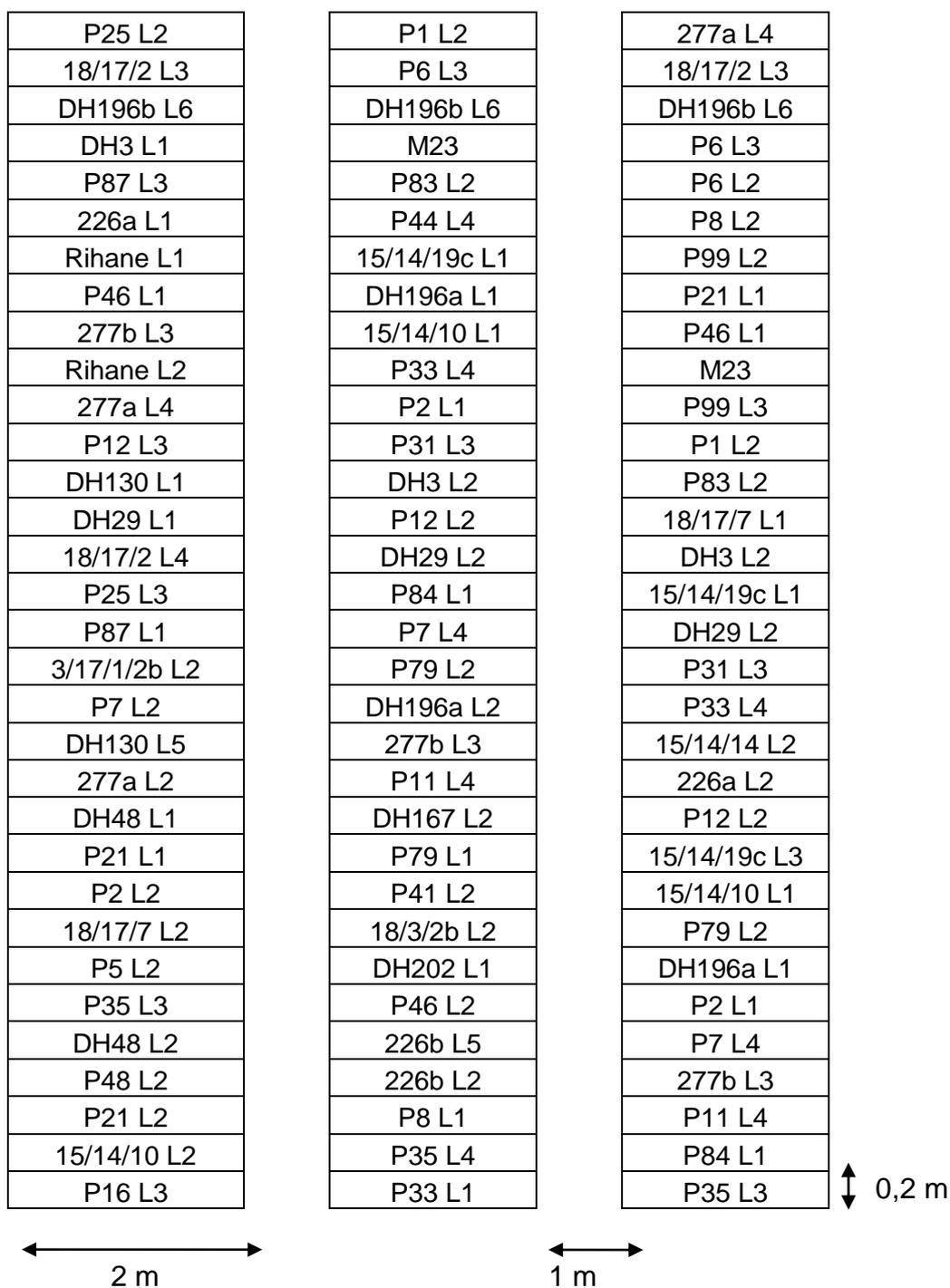


Figure 2.3 : Schéma du dispositif expérimental.



Figure 2.4 : Photos illustrant le dispositif expérimental à différents stades de l'essai.

a : semis, b : levée, c : fin tallage - début montaison, d : Récolte.

2.1.3.2. Précédent cultural

Le précédent cultural est une culture de blé dur.

2.1.3.3. Travail du sol

Un labour à 25 cm de profondeur à l'aide d'une charrue à soc a été réalisé le 11 novembre 2011 suivi d'un travail superficiel avec un cover crop et une herse réalisé le 25 décembre 2011.

2.1.3.4. Semis

Le semis a été réalisé manuellement le 5 janvier 2012 sur des lignes de 2m de longueur avec 120 grains/ligne soit une densité de 300 grains/m². La profondeur de semis était de 3 à 4cm.

2.1.3.5. Fertilisation

Une fertilisation de fond a été réalisée en épandant du TSP 46% à raison de 2 q/ha, le 27/12/2011. L'apport d'engrais azoté sous forme d'urée à 46 %[®] a été fait en couverture le 4/2/2012 et le 16/3/2012 à raison de 1 q/ha. Au stade tallage – début montaison une pulvérisation de Fertileader[®] (9% N + 5% P₂O₅ + 4% K₂O + oligo-éléments) a été réalisée le 11/4/2012 à une dose de 3 l/ha.

2.1.3.6. Désherbage

Un désherbage chimique a été réalisé sur la surface cultivée au stade plein tallage le 13/03/2012 à l'aide de deux dés herbants ; le Calliofop[®] (360 g de *diclofop-methyl* par litre) à raison de 2 l/ha contre les adventices monocotylédones et le Granstar[®] (dosant 75 % *tribenuron methyl*) à la dose de 14 g/ha contre les adventices dicotylédones.

2.1.3.7. Protection fongique

Un traitement à l'Amistar Xtra[®] (200 g/l d'*azoxystrobine* et 80 g/l de *cyproconazole*) a été appliqué à raison de 0,8 l/ha de produit commercial au stade montaison de la culture, le 11/04/2012, contre les champignons de l'orge (rouilles, helminthosporioses ...).

2.1.3.8. Récolte

La récolte s'est faite manuellement du 6 au 15 juin 2012. La ligne sur laquelle a été fait le comptage du nombre de pieds levés de chaque génotype a été récoltée séparément et un prélèvement de 10 échantillons au niveau de cette ligne a été effectué le jour de la récolte pour mesurer les différents caractères.

Le battage a été effectué le 8/8/2012 au niveau de la station expérimentale de Oued Smar de l'Institut Technique des Grandes Cultures.

2.1.4. Caractères mesurés

a. Avant la récolte

Deux caractères ont été déterminés, le nombre de pieds levés et le nombre d'épis par mètre carré. Le dénombrement s'est fait au niveau d'un mètre linéaire de la ligne la plus homogène pour chaque génotype.

✓ Nombre de pieds moyens par mètre carré (NPM)

La détermination de ce caractère s'est faite au stade trois feuilles en comptant le nombre de pieds par mètre linéaire puis la valeur obtenue est rapportée au mètre carré.

✓ Nombre d'épis par mètre carré (NEM)

Le dénombrement s'est fait au moment où toutes les lignées ont atteint le stade épiaison par le comptage du nombre d'épis par mètre linéaire puis la valeur obtenue est rapportée au mètre carré.

b. Après la récolte

Les paramètres ont été mesurés sur 10 échantillons pour chaque génotype.

✓ Nombre de grains par épi (NGE)

Il a été déterminé par le comptage du nombre de grains se trouvant au niveau de chaque épi.

✓ Poids de mille grains (PMG)

Pour ce caractère, des échantillons de mille grains préalablement comptés par le compteur de grains ont été pesés un à un à l'aide d'une balance de précision.

✓ Rendement en grain estimé (RE)

Pour calculer le rendement en grain estimé, la formule suivante a été utilisée :

Avec :

RE : Rendement en grain estimé.

NEM : Nombre d'épis par m².

NGE : Nombre de grains par épi.

PMG : Poids de mille grains.

$$\text{RE (q/ha)} = \text{NEM} \times \text{NGE} \times \text{PMG} \times 10^{-4}$$

✓ Rendement en grain réel (RR)

Les grains de chaque génotype récolté ont été pesés puis la valeur obtenue est rapporté à l'hectare.

✓ Biomasse aérienne (BA)

Après la récolte de chaque génotype, la partie aérienne totale a été pesée puis la valeur obtenue a été rapporté à l'hectare.

✓ Indice de récolte (IR)

Il a été déterminé par la formule suivante :

$$\text{IR} = \frac{\text{Rendement en grain}}{\text{Biomasse aérienne}}$$

✓ Hauteur de la tige (HT)

Elle a été déterminée par la mesure de la distance entre la base de la tige et celle de l'épi.

✓ Longueur de l'épi (LE)

Elle a été déterminée par la mesure de la distance entre la base de l'épi jusqu'à son extrémité hormis les barbes.

✓ Longueur du col de l'épi (LC)

Elle a été déterminée par la mesure de la distance entre le nœud du dernier limbe et la base de l'épi.

✓ Longueur des barbes (LB)

Elle a été déterminée par la mesure de la distance entre l'extrémité de l'épi et celle des barbes.

2.1.5. Méthodes de traitement des données

Pour percevoir la différence significative entre les 75 génotypes pour les différents caractères étudiés, une analyse statistique a été réalisée à l'aide du logiciel Statistica ver.8. Le seuil de signification étant de $\alpha = 0,05$ et le coefficient de variation a été calculé par la formule suivante :

$$CV = \frac{\text{Ecart type résiduel}}{\text{Moyenne}}$$

Une comparaison multiple des moyennes a été effectuée à l'aide du logiciel Statistica ver.8 en utilisant le test de la ppds (LSD en anglais) pour la détermination des groupes homogènes.

PARTIE 2 : INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONNEMENT

2.2.1. Conditions de réalisation des essais

2.2.1.1. Localisation des zones d'étude

Les essais de BELLAOUAR et TABTI ont été effectués respectivement en 2011 et 2012 à l'E.N.S.A. d'Alger, tandis que notre essai a été réalisé à Ain Bessem, Bouira, en 2012 (tableau 2.5).

La figure 2.5 illustre la localisation des essais réalisés à l'E.N.S.A. par images satellites.

Tableau 2.5 : Localisation des trois essais étudiés.

	Essais 1, 2	Essai 3
Localisation	Sous abri grillagé à l'E.N.S.A (Alger)	Ferme Pilote Haïcheur Ali, Ain Bessam (Bouira)
Altitude	38 m	690 m
Latitude	36° 43' Nord	36° 17' Nord
Longitude	3° 09' Est	3° 40' Est



Figure 2.5 : Localisation des essais au niveau de l'ENSA, El Harrach [55].

2.2.1.2. Conditions pédologiques et climatiques des zones d'étude

Le comportement de la plante est fonction du climat et de la nature du sol dans lequel elle se développe.

a. Le sol

Un excès ou une carence en minéraux et en matière organique, et le type de texture du sol, modifie le comportement de la plante. L'étude des caractéristiques chimiques et physiques est nécessaire pour interpréter les résultats. Avant la mise en place des essais, des échantillons de sol ont été prélevés par les différents étudiants au niveau des zones d'étude. Les résultats des analyses physico-chimiques du sol des zones d'étude sont donnés au niveau du tableau 2.6.

Tableau 2.6 : Résultats des analyses sol des deux zones d'étude

Paramètre		Résultat		Méthode
		ENSA	Ain Bessam	
granulométrie	Argile	32,94	52	Méthode volumétrique à la pipette de ROBINSON
	Limons	27,63	20	
	Sables	37,98	28	
Texture		Argilo-limono-sableuse	Argileuse	Triangle de Henin
Calcaire total (p.100)		0,34	0,10	Calcimètre de BERNARD
Azote total (p.100)		0,95	0,10	Méthode KJELDHAL
Phosphore assimilable (ppm)		78	25,3	Méthode Olsen et dosage colorimétrique
Potassium échangeable (mé/100 gr)		1,5	1,0	Dosage au Spectrophotomètre à flamme
pH _{eau}		8,31	8,45	Méthode électronique (rapport terre/eau de 1,25)
Matière organique (%)		2,11	1,9	C (p.100) x 1,72
C/N		10	8,0	/

Les résultats peuvent être interprétés comme suit :

- ✓ D'après le triangle des classes texturales de HENIN *et al.* [59], le sol présente une texture argilo-limono-sableuse à la zone 1 (ENSA) et argileuse dans la zone 2 (Ain Bessem);
- ✓ Le taux de matière organique est faible au niveau des deux zones d'après l'interprétation donnée par SOLTNER [60], ce qui accentue le lessivage du sol du fait que la matière organique joue un rôle important dans la capacité de rétention de l'eau et des sels minéraux [61];
- ✓ Le taux en calcaire est faible au niveau des deux zones d'étude (< 5%) ;

- ✓ Le pH est alcalin dans les deux zones d'étude ce qui favorise l'activité bactérienne du sol mais limite l'absorption de certains éléments tels que le phosphore, le fer, le zinc, le cuivre et le manganèse [62];
- ✓ Le sol des deux zones d'étude est bien fourni en azote, en phosphore et en potassium d'après l'interprétation donnée par MDLC [63] ;
- ✓ Le rapport C/N indique une activité minéralisatrice assez élevée dans le sol des deux zones d'étude permettant une bonne décomposition de la matière organique.

b. Le climat

L'étude du climat d'une région donnée est primordiale, il est le principal facteur limitant le bon développement des cultures. En effet, l'émission des feuilles et l'apparition des différents stades d'un végétal sont déterminées en grande partie par la pluviométrie et la somme des températures journalières du semis jusqu'à la fin du cycle de la plante.

La Mitidja se caractérise par un climat méditerranéen à hiver doux et humide avec une pluviométrie moyenne de 600 mm et à été chaud et sec avec des risques de sirocco réduits. La région de Ain Bessem se situe dans les hauts plateaux qui se caractérisent par un climat continental à basses températures en hiver et au printemps accompagnées de gelées, et de hautes températures en été accompagnées de siroco.

Dans le but de déterminer les conditions climatiques qui ont caractérisés les campagnes 2010/2011, 2011/2012 (en Mitidja et à Ain Bessem), un suivi régulier a été réalisé au niveau des stations météorologiques de l'ENSA et de Ain Bessem.

Le climat dans les deux zones d'étude est caractérisé par :

A l'ENSA

- ✓ **Essai 1** : Le cumul pluviométrique enregistré de septembre à juin s'élève à 727,4 mm. La répartition des précipitations a été bonne et la période humide s'est étalée durant pratiquement toute la campagne agricole 2010/2011. Les mois de septembre et juin étaient peu pluvieux, le mois d'octobre a connu

une pluviométrie abondante avec 160,1 mm. La gamme des températures moyennes varie de 11,5°C, pour le mois de janvier qui correspond au mois le plus froid, à 20°C en mai correspondant au mois le plus chaud.

- ✓ **Essai 2** : Le cumul pluviométrique enregistré de septembre à juin s'élève à 704,9 mm. la période humide s'étale du mois d'octobre jusqu'à la fin du mois d'Avril, le pic a été enregistré pendant le mois de février avec 238,3 mm ce qui a permis un bon approvisionnement en eau du sol. Une période biologiquement sèche est apparue entre mai et juin coïncidant avec le stade épiaison et remplissage du grain. La gamme de températures de la campagne 2011/2012 varie de 6,8°C, pour le mois de février qui correspond au mois le plus froid, à 23,7°C en juin correspondant au mois le plus chaud de la campagne.

A Ain Bessem

- ✓ **Essai 3** :

Le cumul pluviométrique enregistré de septembre à juin s'élève à 475 mm. La période humide s'étale du mois d'octobre jusqu'à le mois de mai, le pic a été enregistré pendant le mois de février avec 101 mm ce qui a permis un bon approvisionnement en eau du sol. La gamme de température de la campagne 2011/2012 varie de 3,9°C, pour le mois de février qui correspond au mois le plus froid, à 26,1°C en juin correspondant au mois le plus chaud de la campagne.

2.2.2. Le matériel végétal

Pour l'origine et la provenance du matériel végétal (voir partie 1) mais pour la comparaison des trois essais, une sélection des génotypes a été faite et seuls 63 génotypes communs aux trois essais ont été étudiés.

Le tableau 2.7 donne les numéros attribués aux génotypes dans les graphiques et les tableaux des moyennes.

Tableau 2.7 : Numéros attribués aux géotypes.

Numéro attribué	Géotype et lignée	Numéro attribué	Géotype et lignée	Numéro attribué	Géotype et lignée
1	P1L2	22	P79L1	43	277aL4
2	P6L2	23	P79L2	44	277bL3
3	P6L3	24	P87L1	45	3/17/1/2aL1
4	P7L2	25	P87L3	46	15/14/14L2
5	P7L4	26	P99L2	47	15/14/19cL1
6	P8L2	27	P99L3	48	15/14/19cL3
7	P11L3	28	DH3L1	49	18/3/2bL1
8	P12L2	29	DH3L2	50	18/3/2bL2
9	P12L3	30	DH29L2	51	18/17/2L3
10	P16L3	31	DH48L1	52	18/17/2L4
11	P21L1	32	DH130L1	53	18/17/7L1
12	P21L2	33	DH130L5	54	18/17/7L2
13	P25L2	34	DH167L1	55	Rihane L1
14	P33L1	35	DH167L2	56	Rihane L2
15	P33L4	36	DH196aL2	57	15/14/10L1
16	P35L3	37	DH196bL4	58	P41L2
17	P35L4	38	DH196bL6	59	P5L2
18	P44L4	39	DH202L1	60	DH48L2
19	P46L1	40	226aL1	61	P84L1
20	P46L2	41	226bL2	62	3/17/12bL2
21	P48L2	42	277aL2	63	P2L1

2.2.3. Dispositif expérimental

Les trois essais étaient menés selon un dispositif bloc aléatoire complet avec trois répétitions (3 blocs).

- **Essai 1** : La distance entre les blocs était 0,5 m et celle entre les parcelles élémentaires était 0,2 m. la dimension de chaque micro parcelle était 2 m de long et 1 m de large.
- **Essai 2** : La distance entre les blocs était 0,5 m et celle entre les parcelles élémentaires était 0,2 m. la surface de chaque micro-parcelle était 1,2 m².
- **Essai 3** : La distance entre les blocs était de 1 m et celle entre les micro-parcelles était de 0,3 m. La dimension de chaque micro parcelle était 2 m de long et 0,2 m de large.

2.2.4. Itinéraire technique

2.2.4.1. Travail du sol et semis

Les techniques de travail du sol et les dates de semis sont mentionnées dans le tableau 2.8.

Tableau 2.8 : Techniques de travail du sol et dates de semis au niveau des trois essais.

Itinéraire technique		Essai 1	Essai 2	Essai 3
Précédent culturel		Blé dur	Blé dur	Blé dur
Travail du sol	Labour	Charrue à soc le 08/12/2010	Charrue à soc le 02/12/2011	Charrue à soc le 11/11/2011
	Façons superficielles	Cultivateur à dents rotatif le 08/12/2010	Cover-crop et cultivateur à dents rotatif le 02/12/2011	Cover-crop et herse le 25/12/2011
Semis		Le 29/12/2010 60 graines/MI. 3 à 5 cm de profondeur	Le 04/01/2012 60 graines/MI. 3 à 4 cm de profondeur	Le 05/01/2012 60 graines/MI. 3 à 4 cm de profondeur

MI : mètre linéaire.

2.2.4.2. Fertilisation

La fertilisation apportée durant le cycle de l'orge dans les trois essais est résumée dans le tableau 2.9.

Tableau 2.9 : Dates et doses de fertilisants apportées dans chaque essai.

Engrais (unités apportées/ha)	Essai 1		Essai 2		Essai 3	
	Date	Dose	Date	Dose	Date	Dose
TSP [®] (92 u de P)	23/01/2011	2q/ha	03/01/2012	2 q/ha	27/12/2011	2 q/ha
Urée [®] (46 u de N)	23/01/2011	1q/ha	01/02/2012	1 q/ha	04/02/2012	1 q/ha
	09/02/2011	1q/ha	26/02/2012	1 q/ha	16/03/2012	1 q/ha
Agriphos [®] (1,08 u de P + oligo- éléments)	23/01/2011	2.53 l/ha	02/02/2012	2.53 l/ha		
	24/02/2011	2.53 l/ha	27/02/2012	2.53 l/ha		
	10/04/2011	2.53 l/ha	19/03/2012	2.53 l/ha		
Agripotash [®] (0,843 u de K)	10/04/2011	2.53 l/ha	08/05/2012	2.53 l/ha		
Phosamco [®] (0,506 u de N + 0,2 u de P + 0,354 u de K + oligo- éléments)	24/02/2011	2.53kg/ha	27/02/2012	2.53 kg/ha		
Safe N [®] (0,893 u de N)	04/04/2011	2.53 l/ha	19/03/2012	2.53 l/ha		
Fertileader [®] (27 u de N + 15 u de P + 12 u de K + oligo- éléments)					11/04/2012	3 l/ha

2.2.4.3. Désherbage

Le désherbage chimique effectué durant le cycle de l'orge dans les trois essais sont résumés dans le tableau 2.10.

Tableau 2.10 : Dates et doses de dés herbants apportés dans chaque essai.

Dés herbant (matière active)	Essai 1		Essai 2		Essai 3	
	Date	Dose	Date	Dose	Date	Dose
Roundup ® (<i>glyphosate</i>)			07/12/2011	2,5 l/ha		
Ridasate ® (<i>glyphosate</i>)	24/11/2010	10l/ha				
Damine ® (<i>2,4 D ester</i>)	08/02/2011	1 l/ha				
Hussar off ® (<i>Finaxoprop-P-Ethyle et l'Indosulfuron méthyle sodium</i>)			05/03/2012	0.5l/ha		
Calliofop ® (<i>diclofop-methyl</i>)					13/03/2012	2 l/ha
Granstar ® (<i>tribenuron methyl</i>)					13/03/2012	14g/ha

2.2.4.4. Traitements phytosanitaires

Les traitements phytosanitaires effectués durant le cycle de l'orge dans les trois essais sont résumés dans le tableau suivant :

Tableau 2.11 : Dates et doses des traitements phytosanitaires apportés dans chaque essai.

Traitement phytosanitaire (matière active)	Essai 1		Essai 2		Essai 3	
	Date	Dose	Date	Dose	Date	Dose
Amistar xtra (<i>azoxystrobine et cyproconazole</i>)					11/04/2012	0.8 l/ha
Akorus (<i>Tébuconazole</i>)	11/02/2011 22/03/2011	1l/ha	04/03/2012 21/03/2012 30/04/2012	1 l/ha		
Punch'cs (<i>Fluilazole Carbendazine</i>)	04/04/2011	1.01 l/ha				

Pychlorex (<i>Chloropyrifos</i>)	29/12/2010	1.77 l/ha	08/05/2012	1.77 l/ha		
	28/01/2011					
	13/02/2011					
	05/03/2011					
	02/04/2011					
	22/05/2011					
Métaldéhyde (<i>Métaldéhyde</i>)	28/01/2011 13/02/2011	15 kg/ha	21/03/2012	15g/ha		

2.2.5. Analyse statistique

L'analyse de la variance a été réalisée selon le modèle 4 où les effets génotypes et lieux sont fixés ANNICCHIARICO [64]. Il s'agit d'un modèle à trois facteurs qui sont : le génotype (G), le lieu (L) et le bloc (B). Dans ce cas, la réponse d'un caractère comme le rendement en grain R_{ijr} d'un génotype i dans un milieu j et le bloc r est :

$$R_{ijr} = \mu + G_i + L_j + B_r(L_j) + GL_{ij} + e_{ijr}$$

Où :

- μ est la moyenne générale ;
- e_{ijr} la valeur de l'erreur résiduelle.

Le calcul des composantes de la variance a été réalisé selon le modèle 1 et l'analyse de la variance HARDWICK et WOOD [65] pour l'étude de l'adaptation de FINLAY et WILKINSON [40] a été réalisée en utilisant le programme « GEST » du Dr. UKAI [65], basé sur le modèle d'EBERHART et RUSSEL [42] :

$$Y_{ij} = \mu_i + \beta_i l_j + \sigma_{ij}$$

Où :

- Y_{ij} = la moyenne du $i^{\text{ème}}$ génotype au $j^{\text{ème}}$ environnement ;
- μ_i = la moyenne du $i^{\text{ème}}$ génotype à travers l'ensemble des milieux ;
- β_i = coefficient de régression mesurant la réponse du $i^{\text{ème}}$ génotype au changement de milieu ;
- l_j = index environnemental (moyenne de tous les génotypes dans l'environnement j – la moyenne générale) ;
- σ_{ij} = déviation à partir de la régression.

$$\beta_i = \left(\frac{\sum Y_{ij} l_j}{l_j} \right) / \binom{2}{l_j}, s_{di}^2 = \left[\frac{\sum \sigma_{ij}^2}{(l-2)} \right] - s_e^2 / r$$

Où: r = répétition et s_e^2 = carré moyen estimé de l'erreur groupée.

La stabilité des génotypes peut être jugée à partir de l'étude des composantes de l'interaction génotype x environnement [42]. Le principe de cette méthode est l'utilisation de la régression linéaire jointe où le caractère étudié par exemple le rendement en grain est régressé sur le rendement moyen environnemental. Selon HANIFI-MEKLICHE *et al.* [67], la performance d'un génotype est généralement décomposée en environnement (linéaire), génotype x environnement (linéaire) et déviation du modèle de régression. La moyenne, le coefficient de régression (β_i) et la déviation (S_{di}^2) à partir de la régression sont les éléments qui caractérisent chaque génotype. EBERHART et RUSSEL [42] et WACHIRA *et al.* [68] ajoutent que :

- Une valeur de régression égale à 1 et une S_{di}^2 de zéro indiquent une stabilité satisfaisante ;
- Des valeurs de régression supérieures à 1 et une S_{di}^2 de zéro indiquent que les génotypes ont une sensibilité plus élevée au changement de milieu et une plus grande adaptation spécifique aux milieux à hauts rendements ;
- Un coefficient de régression inférieur à 1 et une S_{di}^2 de zéro indiquent que les génotypes ont une adaptation spécifique aux environnements à faibles rendements.

L'héritabilité au sens large a été calculée selon la formule suivante [64] :

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_{ph}^2} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \left(\frac{\sigma_{gl}^2}{l} \right) + \left(\frac{\sigma_e^2}{rl} \right)}$$

Où:

- σ_g^2 = variance génotypique;
- σ_{gl}^2 = variance de l'interaction génotype x environnement;
- σ_e^2 = variance environnementale;
- g , ph , l et r sont respectivement génotype, phénotype, lieu et nombre total de blocs ou répétitions.

Les caractères étudiés ont été le nombre de pieds levés au mètre carré (NPM), le nombre d'épis au mètre carré (NEP), le nombre de grains par épi (NGE), le poids de mille grains (PMG), la biomasse aérienne (BA), le rendement en grain estimé (RE), le rendement en grain réel (RR), l'indice de récolte (IR), la hauteur de la tige (HT) et la longueur de l'épi (LE).

L'ensemble des mesures ont été réalisées sur toutes les plantes d'un échantillon d'un mètre linéaire pour la mesure des composantes de rendement et des caractères morphologiques. La hauteur de la tige a été mesurée de la surface du sol jusqu'à la base de l'épi, tandis que la longueur de l'épi a été mesurée de la base de l'épi jusqu'au sommet de l'épi (barbes non comprises).

CHAPITRE 3

RESULTATS ET DISCUSSION

PARTIE 1 : ETUDE COMPARATIVE DE 75 LIGNEES D'ORGE

3.1.1. Etude des différents caractères

3.1.1.1. Paramètres agronomiques

3.1.1.1.1. Nombre de pieds levés par mètre carré

L'analyse de la variance a révélé un effet significatif et le coefficient de variation est de 16,22 % (Appendice C tableau 1). Le classement des moyennes (Appendice C tableau 2) par le test de la ppds a fait ressortir 15 groupes chevauchants. Le nombre de pieds levés le plus élevé a été enregistré par DH 196 a L1 avec 252,67 pieds par mètre carré et le plus faible par 18/17/2 L4 avec 154,33 pieds.

La figure 3.1 page 68 donne les valeurs moyennes du nombre de pieds levés au mètre carré.

3.1.1.1.2. Nombre d'épis au mètre carré

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 3) a révélé un effet génotypique très hautement significatif et le coefficient de variation est de 22,37 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 4) par le test de a ppds a fait ressortir 11 groupes chevauchants. Le nombre d'épis levés le plus élevé a été enregistré par le P83 L2 avec 537 épis/m² et le plus faible par le P33 L1 avec 215,33 épis/m².

La figure 3.2 page 69 donne les valeurs moyennes du nombre d'épis au mètre carré.

3.1.1.1.3. Nombre de grains par épi

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 5) a révélé un effet génotypique très hautement significatif et le coefficient de variation est de 13,80 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 6) par le test de

la ppds a fait ressortir 18 groupes chevauchants. Le génotype ayant enregistré le nombre de grains le plus élevé est le DH 196 b L4 avec 54,13 grains par épi et le plus faible est le P83 L2 avec 17,67 grains.

La figure 3.3 page 70 donne les valeurs moyennes du nombre de grains par épi.

3.1.1.1.4. Poids de mille grains

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 7) a révélé un effet génotypique très hautement significatif et un coefficient de variation de 13,88 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 8) par le test de la ppds a fait ressortir 30 groupes chevauchants. Le génotype ayant enregistré le poids de mille grains le plus élevé est le P35 L3 avec 56,33 g et le plus faible est le Rihane L1 avec 28,67 g.

La figure 3.4 page 71 donne les valeurs moyennes du poids de mille grains.

3.1.1.1.5. Biomasse aérienne

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 9) n'a révélé aucun effet génotypique et le coefficient de variation est de 17,55 %. Le génotype ayant enregistré la biomasse aérienne la plus élevée est le 226 b L2 avec 155,63 q/ha et la plus faible est le P33 L1 avec 108,33 q/ha (Appendice C tableau 10).

3.1.1.1.6. Rendement en grain estimé

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 11) a révélé un effet génotypique significatif et le coefficient de variation est de 21,28 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 12) par le test de la ppds a fait ressortir 14 groupes chevauchants. Le génotype ayant enregistré le rendement en grain estimé le plus élevé est DH29 L2 avec 70,33 q/ha et le plus faible est P33 L1 avec 40,41 q/ha.

La figure 3.5 page 72 donne les valeurs moyennes du rendement en grain estimé.

3.1.1.1.7. Rendement en grains réel

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 13) a révélé un effet génotypique hautement significatif et le coefficient de variation est de 19,94 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 14) par le test de la ppds a fait ressortir 9 groupes chevauchants. Le génotype ayant enregistré le rendement en grain le plus élevé est 15/14/19c L1 avec 60,17 q/ha et le plus faible est DH202 L1 avec 32,67 q/ha.

La figure 3.6 page 73 donne les valeurs moyennes du rendement en grain.

3.1.1.1.8. Indice de récolte

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 15) a révélé un effet génotypique hautement significatif et le coefficient de variation est de 17,399 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 16) par le test de la ppds a fait ressortir 21 groupes chevauchants. Le génotype ayant enregistré l'indice de récolte le plus élevé est 277b L3 avec 0,556 et le plus faible est 18/17/2 L4 avec 0,294.

La figure 3.7 page 74 donne les valeurs moyennes de l'indice de récolte.

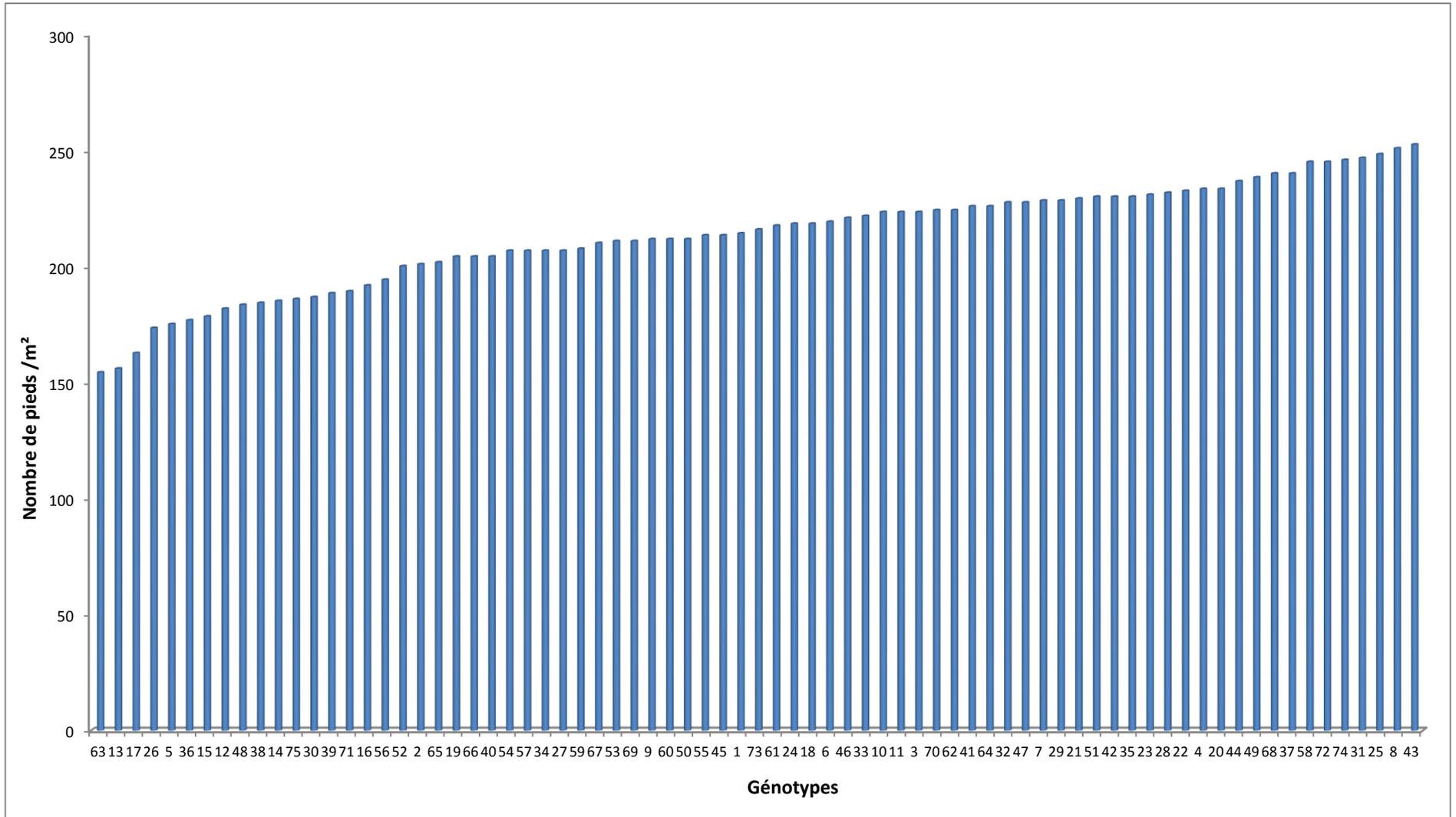
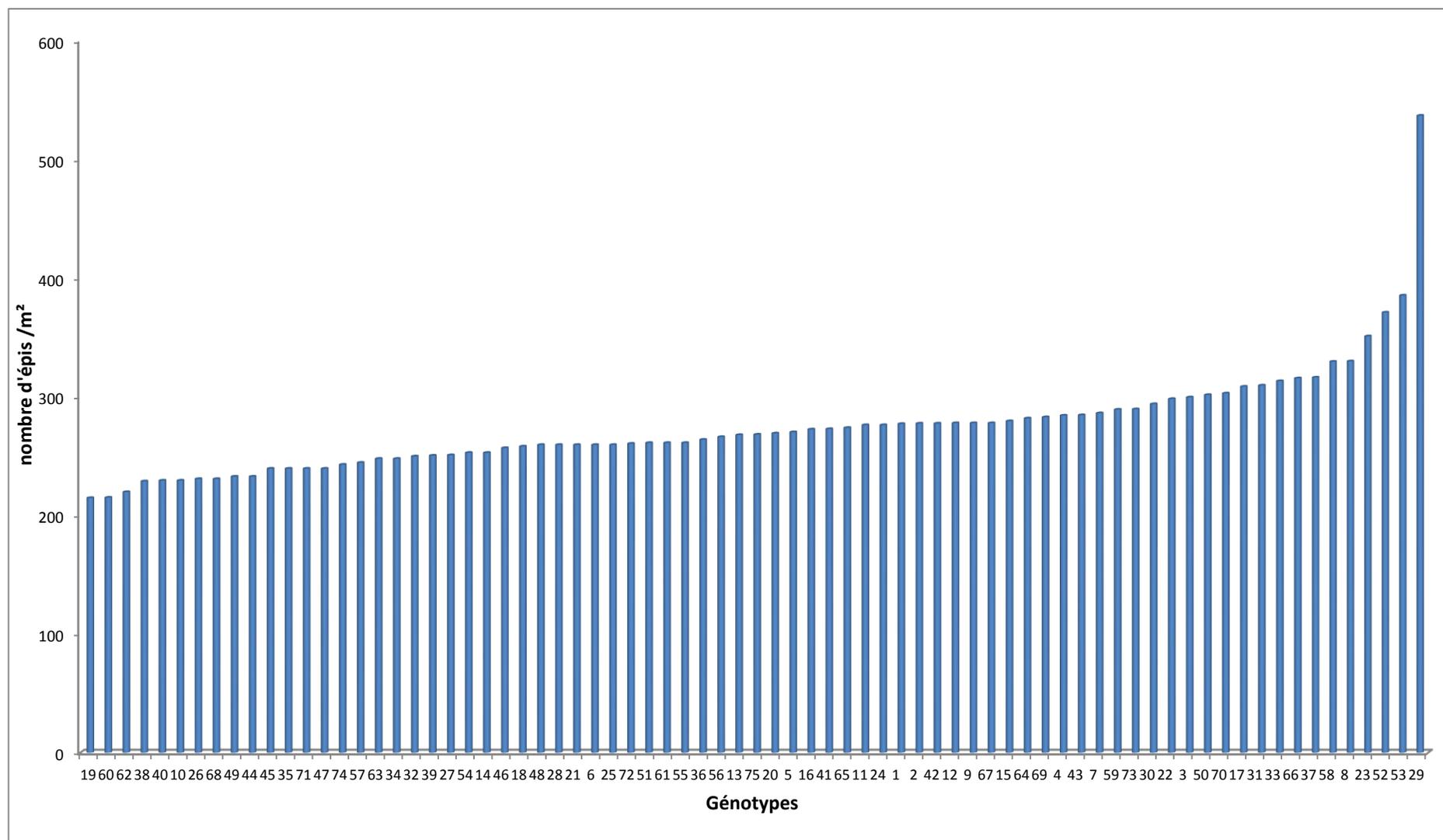


Figure 3.1 : Nombre de pieds/m².

Figure 3. 2 : Nombre d'épis /m²

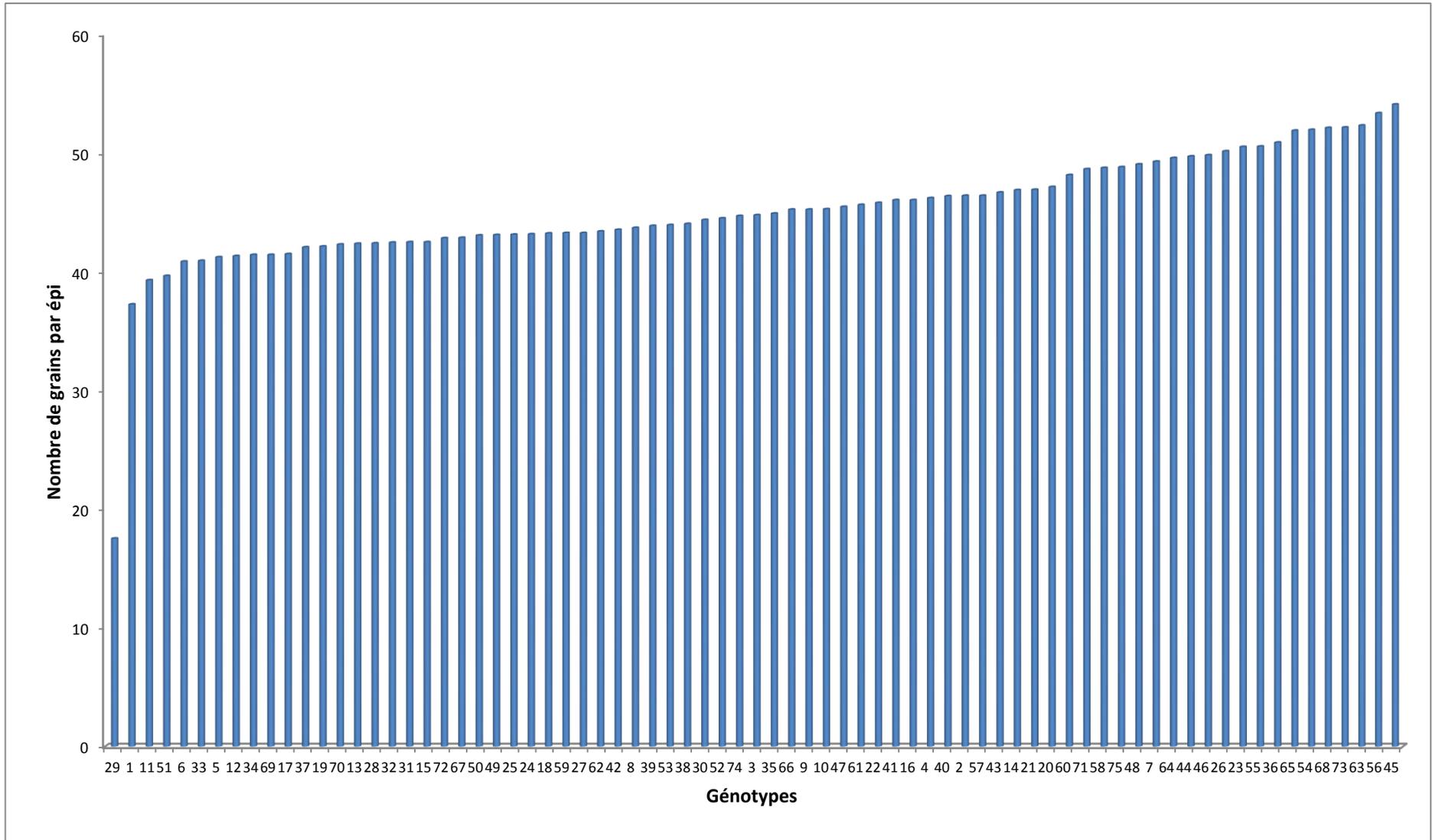


Figure 3.3 : Nombre de grains par épi

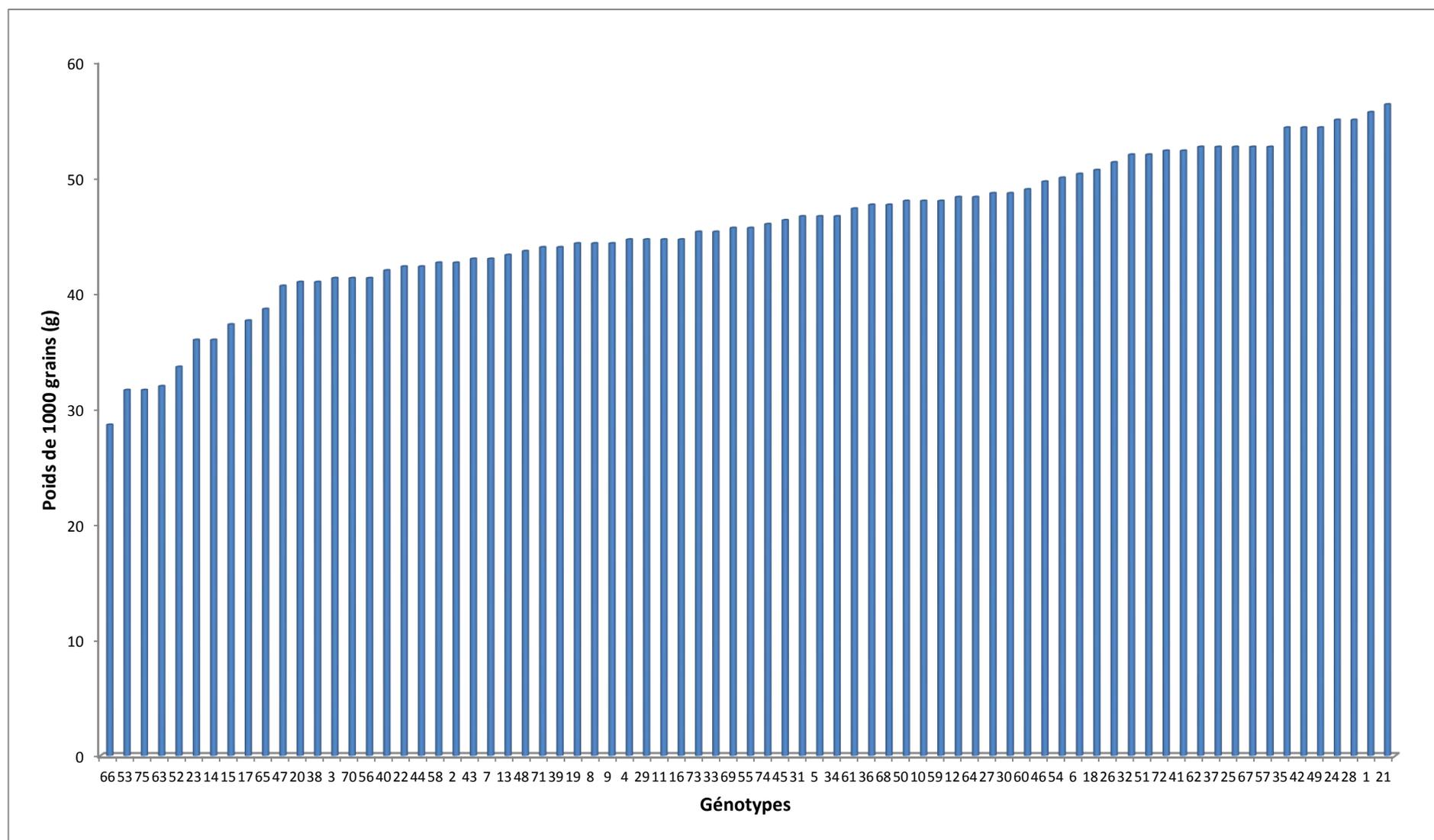


Figure 3.4 : Poids de 1000 grains (g)

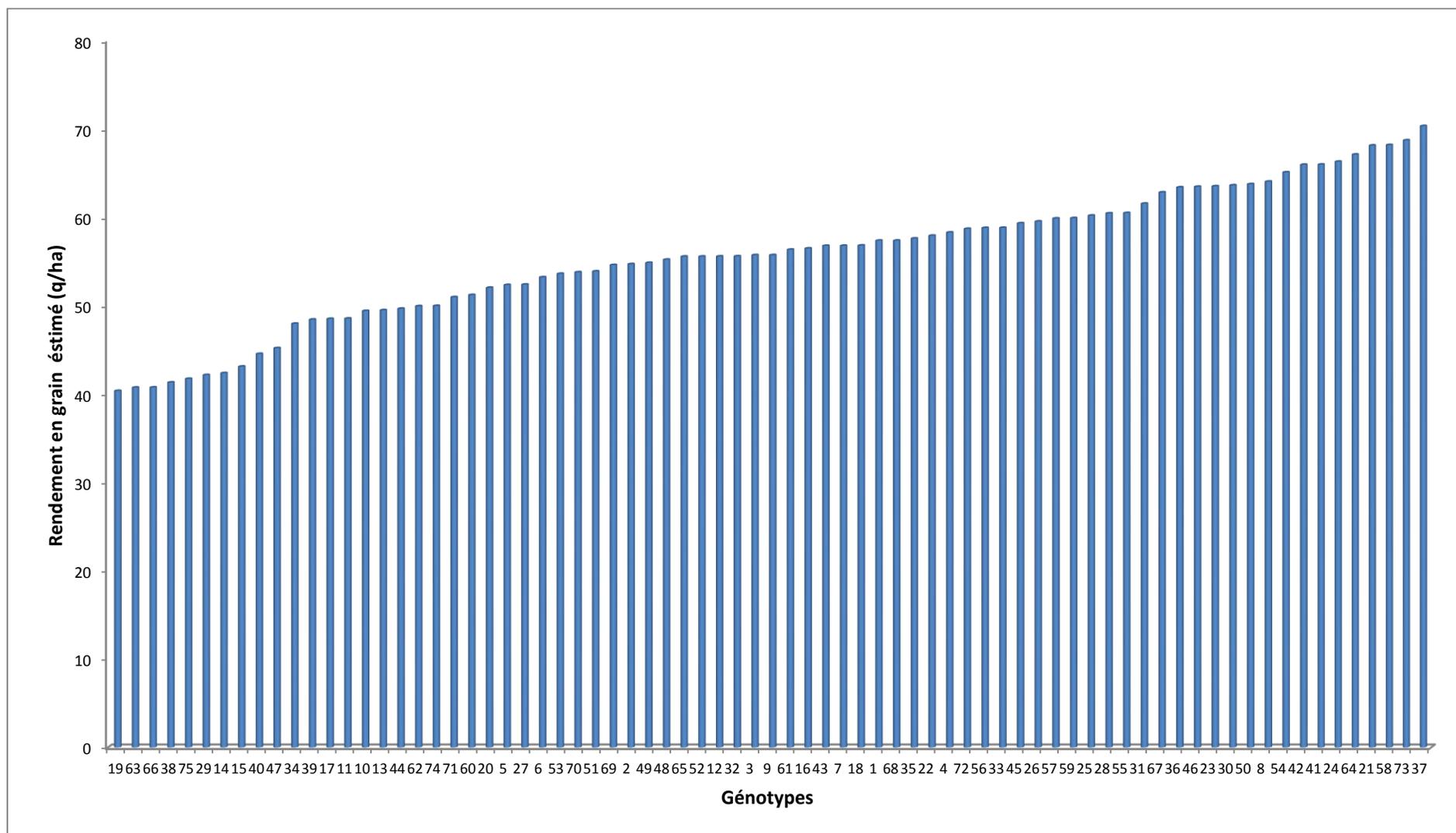


Figure 3.5 : Rendement en grain estimé (q/ha).

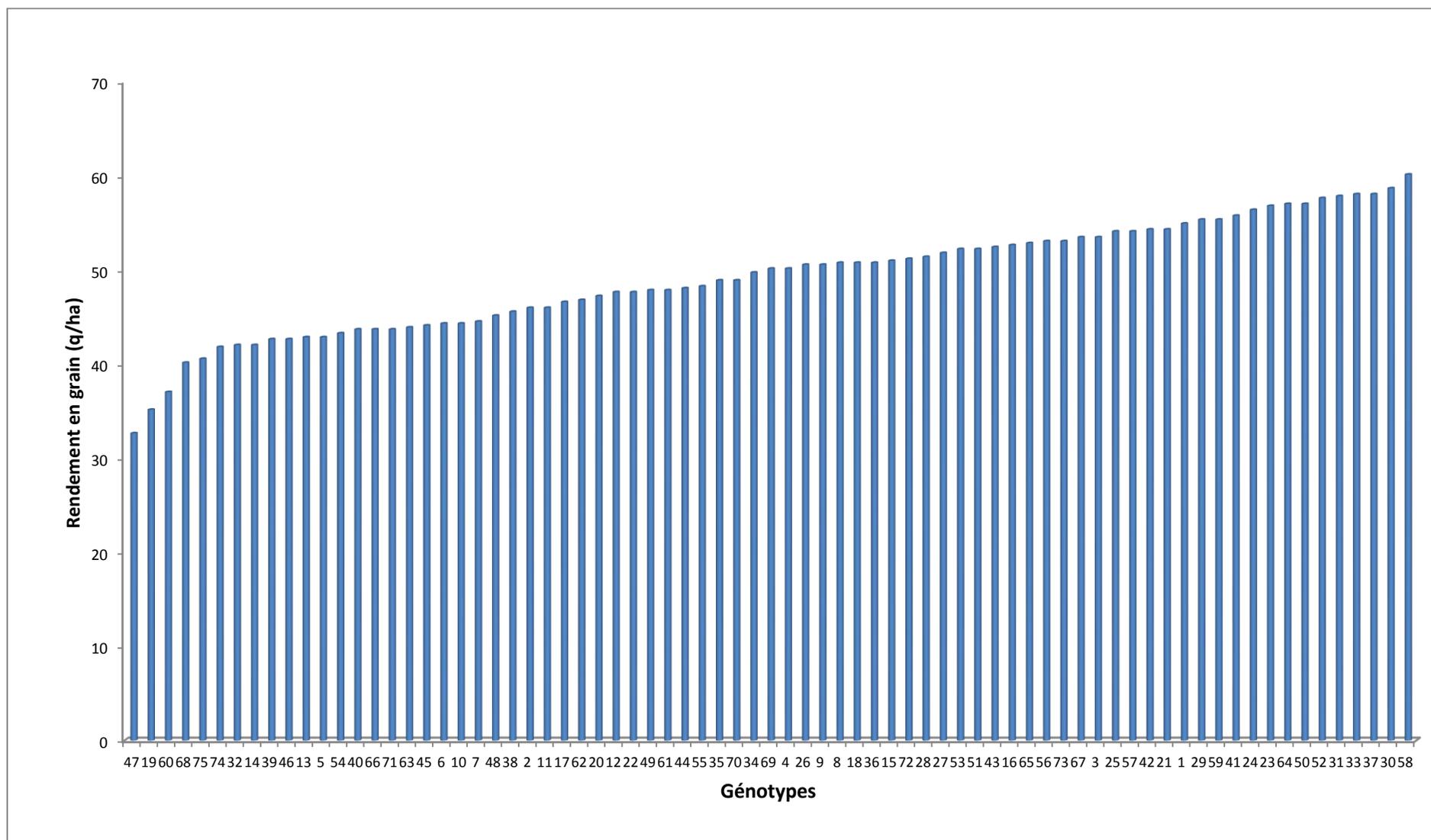


Figure 3.6 : Rendement en grain (q/ha).

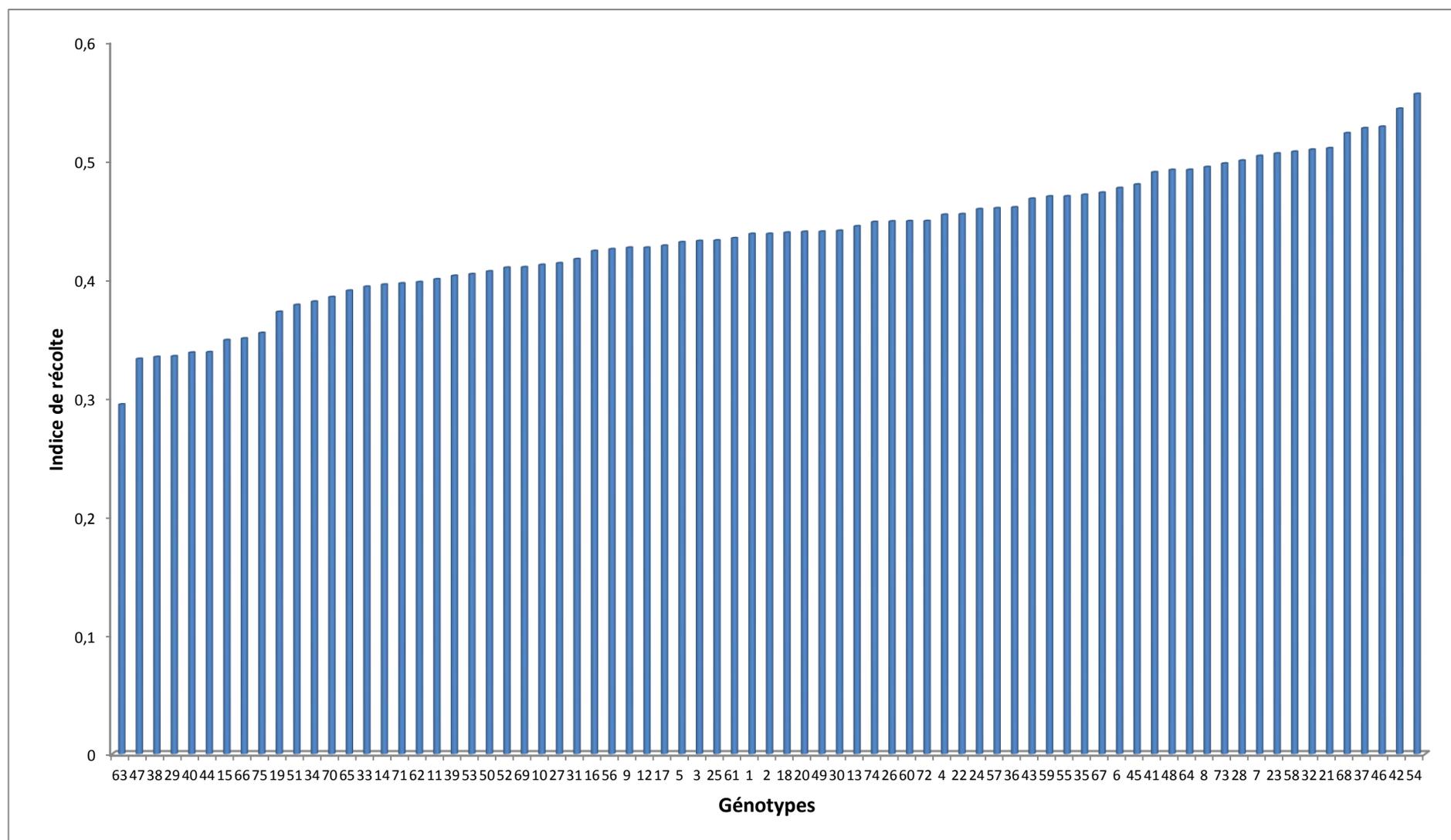


Figure 3.7 : Indice de récolte.

3.1.1.2. Paramètres morphologiques

3.1.1.2.1. Hauteur de la tige

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 17) n'a révélé aucun effet génotypique et le coefficient de variation est de 9,37 %. Le génotype ayant enregistré la hauteur de la tige la plus élevée est DH130 L5 avec 110,12 cm et la plus faible est P83 L2 avec 70,75 cm (Appendice B tableau 18).

3.1.1.2.2. Longueur de l'épi

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 19) a révélé un effet génotypique très hautement significatif avec un coefficient de variation de 16,07 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 20) par le test de la ppds a fait ressortir 20 groupes chevauchants. La longueur de l'épi la plus élevée a été enregistrée par DH130 L1 avec 10,90 cm et la plus faible par 277a L2 avec 5,61 cm.

La figure 3.8 page 77 donne les valeurs moyennes de la longueur de l'épi.

3.1.1.2.3. Longueur du col de l'épi

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 21) a révélé un effet génotypique très hautement significatif avec un coefficient de variation de 14,06 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 22) par le test de la ppds a fait ressortir 25 groupes chevauchants. La longueur du col de l'épi la plus élevée a été enregistrée par le P99 L3 avec 30,29 cm et la plus faible par P5 L2 avec 16,13 cm.

La figure 3.9 page 78 donne les valeurs moyennes de la longueur du col de l'épi.

3.1.1.2.4. Longueur des barbes

L'analyse de la variance (Appendice C tableau 23) a révélé un effet génotypique très hautement significatif avec un coefficient de variation de 8,39 %. Le classement des moyennes (Appendice C tableau 24) par le test de la ppds a fait ressortir 33 groupes chevauchants. La longueur des barbes la plus

élevée a été enregistrée par P33 L1 avec 14,01 cm et la plus faible par P83 L2 avec 9,85 cm.

La figure 3.10 page 79 donne les valeurs moyennes de la longueur des barbes.

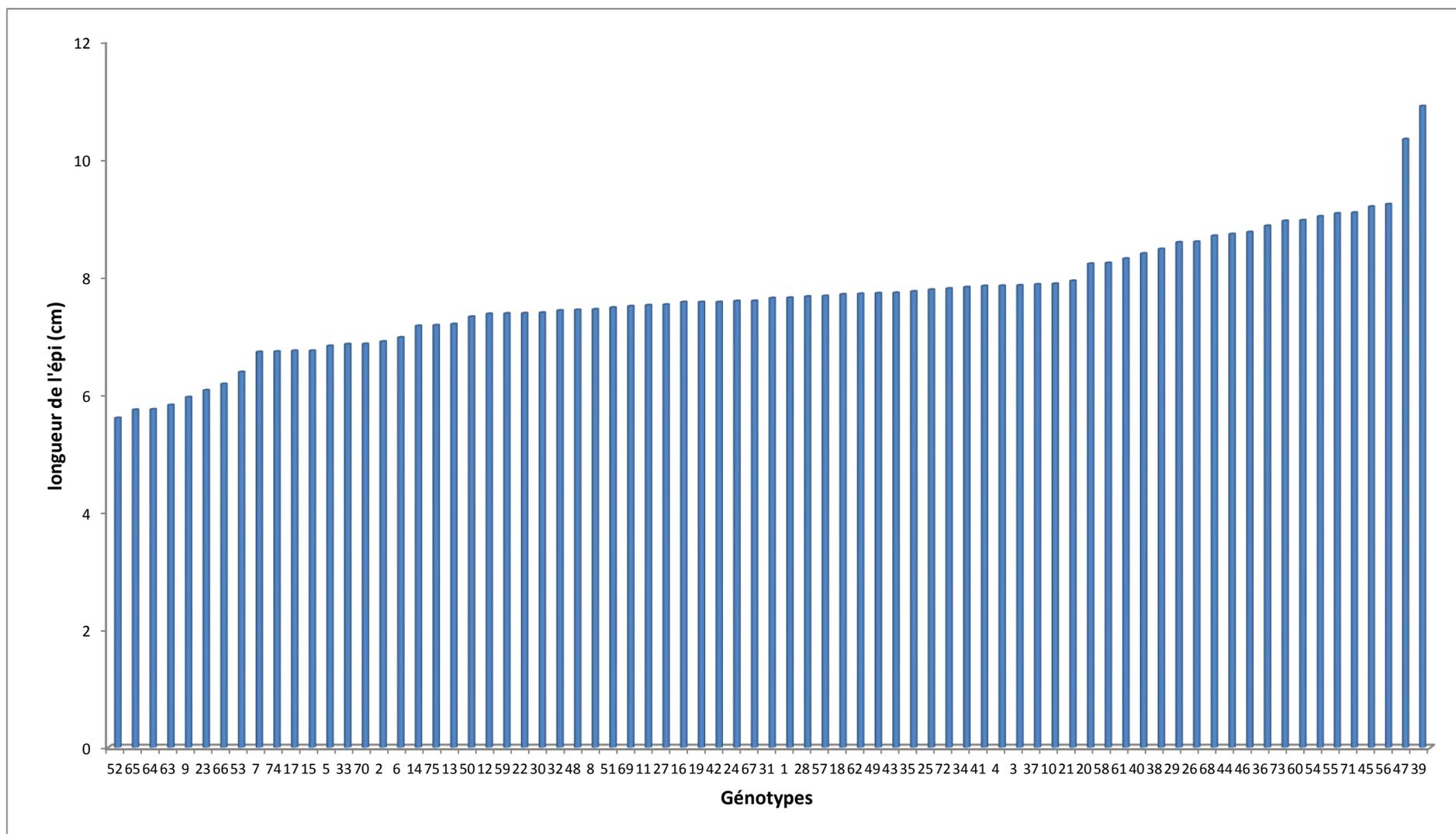


Figure 3.8 : Longueur de l'épi (cm).

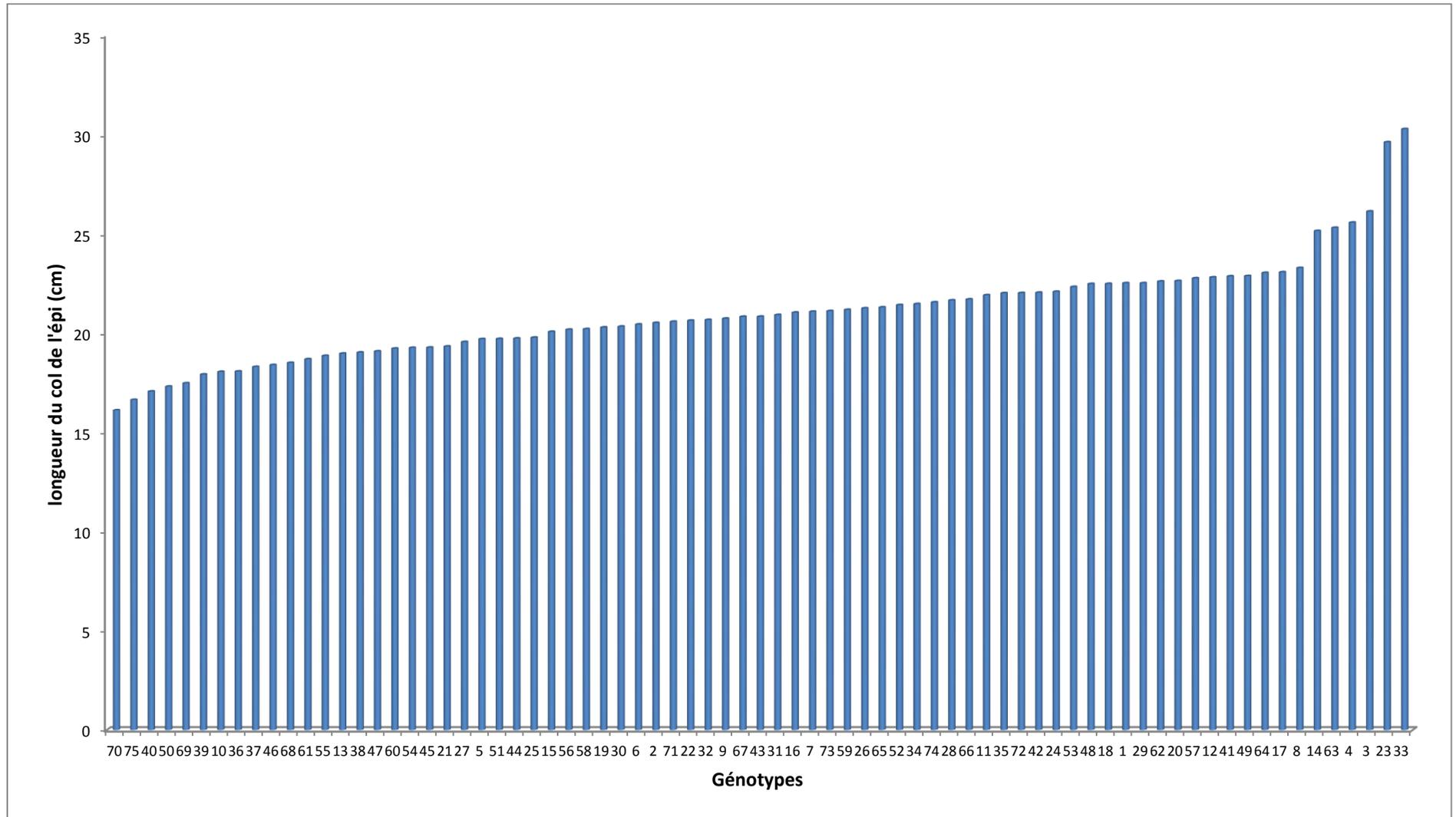


Figure 3.9 : Longueur du col de l'épi (cm).

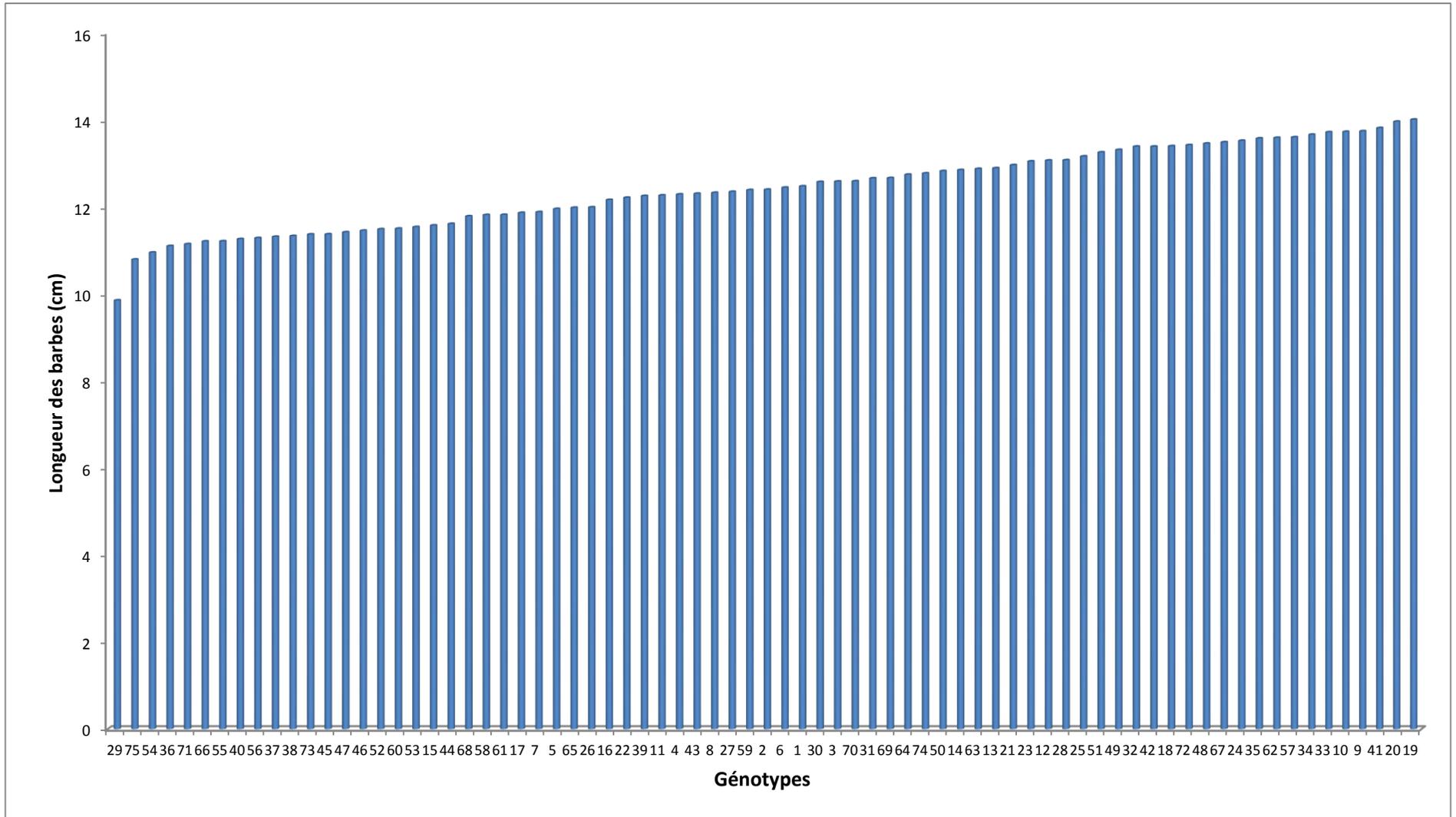


Figure 3.10 : Longueur des barbes (cm).

3.1.2. Etude des principales corrélations

Les résultats obtenus nous permettent la sélection des meilleurs génotypes du point de vue rendement, composantes du rendement et caractéristiques morphologiques. La sélection est pratiquée sur la base du rendement, or les résultats de certaines études s'accordent à montrer que le rendement est un caractère très variables, soumis à des interactions génotype x milieu fortes et que son coefficient d'héritabilité est plutôt faible [69].

Tableau 3.1 : Coefficients de corrélations entre le rendement en grain et les différents caractères.

Caractères	NPM	NEM	NGE	PMG	BA	IR	HT	LC
RR	/	0,683***	-0,150*	0,158*	0,807***	0,073	0,259***	0,222**
RE	0,166*	0,499***	0,270***	0,366***	0,645***	0,608***	0,254***	/

Les génotypes ayant le rendement en grain réel le plus élevé sont ceux qui présentent un nombre d'épis/m² ($r = 0,683^{***}$), une biomasse aérienne ($r = 0,807^{***}$) et une hauteur de la tige ($r = 0,259^{***}$) élevés.

Les génotypes ayant le rendement en grain estimé le plus élevé sont ceux qui présentent un nombre d'épis/m² ($r = 0,4994^{***}$), un nombre de grains par épi ($r = 0,270^{***}$), un poids de mille grains ($0,366^{***}$), une biomasse aérienne ($r = 0,645^{***}$), un indice de récolte ($r = 0,608^{***}$) et une hauteur de la tige ($r = 0,254^{***}$) élevés.

Des corrélations hautement significatives et significatives ont été enregistrées respectivement entre d'une part le rendement en grain réel et d'autre part la longueur du col de l'épi ($r = 0,222^{**}$) et le poids de mille grains ($r = 0,158^*$).

Ces résultats sont en accord avec ceux trouvés par BOUZERZOUR et OUDINA [70], BOUZERZOUR *et al.* [71], BOUZERZOUR *et al.* [72] et MEKHLouF et BOUZERZOUR [73] qui affirment qu'il faut assurer une production de biomasse aérienne suffisante pour garantir un rendement en grain considérable grâce à une redistribution optimale des ressources vers les différents puits.

DAKHEEL *et al.* [74] montrent que l'indice de récolte est positivement corrélé avec le rendement en grain. L'indice de récolte indique le degré de reconversion d'une partie de la biomasse aérienne produite en grain. Un indice de récolte faible s'explique par le fait que les génotypes ont produit plus de paille que de grains. En effet, un indice de récolte élevé contribue favorablement à l'accroissement du rendement [23].

Une corrélation hautement significative entre le rendement réel et la longueur du col de l'épi ($r = 0,222^{**}$). ABBAD *et al.* [75], suggèrent l'importance du rôle photosynthétique du col de l'épi dans l'élaboration du rendement.

La longueur des barbes présente une corrélation très hautement significative avec le poids de mille grains ($r = 0,315^{***}$). La présence des barbes aide les épis à maintenir élevée l'activité photosynthétique et limite les pertes en eau pendant la période de remplissage du grain. Ce qui peut être en rapport avec l'augmentation du poids sec du grain [76].

L'amélioration de la longueur du col de l'épi, de la longueur des barbes et de la biomasse aérienne est liée à l'amélioration de la hauteur de la tige ($r = 0,180^{***}$, $r = 0,131^{***}$ et $r = 0,398^{***}$ respectivement).

Nos résultats montrent que l'augmentation du nombre d'épis/m² entraîne une diminution du nombre de grains/épi ($r = -0,374^{***}$), du poids de 1000 grains ($r = -0,216^{**}$), de la longueur des barbes ($r = -0,372^*$) et de la longueur de l'épi ($r = -0,175^*$). Ces diminutions sont dues à la compétition qui s'exerce entre d'une part les épis formés et d'autre part la formation et le remplissage des grains, la plante n'arrive pas à satisfaire les besoins de tous les épis formés. Il y a donc un choix à faire entre l'augmentation du nombre d'épis par m² et l'augmentation du nombre de grains par épi et du poids de mille grains.

L'association positive entre d'une part le nombre de grains par épi et d'autre part la hauteur de la tige et la longueur de l'épi suggère une sélection indirecte du rendement en grain via le nombre de grains par épi et ce dernier via la hauteur de la tige et la longueur de l'épi. Ces deux derniers caractères interviennent dans le transfert des assimilats vers l'épi en formation et le remplissage des grains [77, 78, 79]. Selon GATE *et al.* [80, 81], BEN ABDALLAH et BENSALÉM [82], MEKLIÇHE

et al. [83] et DJEBRANI [84], la paille haute confère à la plante une meilleure tolérance à la sécheresse grâce aux constituants glucidiques qu'elle contient et qui favorisent le remplissage des grains en cas de déficit hydrique terminal.

La biomasse aérienne est plus élevée lorsque le nombre d'épis par m² ($r = 0,575^{***}$), la hauteur de la tige ($r = 0,398^{***}$) augmentent et l'indice de récolte ($r = -0,190^*$) diminue. Selon HOUASSINE [85], l'accroissement de la biomasse aérienne est dû principalement à l'augmentation du nombre de grains, autrement dit un nombre de grains élevé est déterminé par un nombre d'épis et un nombre de grains par épi élevé.

PARTIE 2 : INTERACTION GENOTYPE X ENVIRONNEMENT

3.2.1. Etude comparative des géotypes par la méthode conventionnelle

3.2.1.1. Analyse des différents effets pour les différents caractères

Les analyses de la variance des différents caractères sont données dans le tableau 3.2. Ce tableau montre un effet géotype significatif ($P < 0,05$) pour le nombre de pieds levés par mètre carré, un effet hautement significatif ($p < 0,01$) pour la biomasse aérienne et l'indice de récolte et un effet très hautement significatif ($P < 0,001$) pour tous les autres caractères étudiés. L'importance du facteur « géotype » suggère que des différences génétiques existent entre les géotypes pour les différents caractères mesurés.

L'effet environnement est très hautement significatifs ($P < 0,001$) pour l'ensemble de caractères étudiés. Cet effet est principalement dû aux différences pédoclimatiques et surtout aux précipitations qui varient d'une région à l'autre, allant de 475 mm pour l'essai de Ain Bessem (plaine de l'intérieur) à environ 710 mm pour les essais de la Mitidja (plaine de littoral).

L'effet interaction géotype x environnement est non significatif pour le nombre de pieds levés par mètre carré et la biomasse aérienne, un effet significatif pour l'indice de récolte et la hauteur de la tige ($P < 0,05$), le nombre d'épis au mètre carré, le rendement en grain estimé, le rendement en grain réel ($p < 0,01$), le nombre de grains/épi, le poids de 1000 grains et la longueur de l'épi ($P < 0,001$). La présence d'interaction géotype x environnement indique que les géotypes se classent différemment selon les variations du milieu.

Les caractères étudiés ont été fortement affectés par l'environnement. En effet, le pourcentage de la somme des carrés des écarts de l'environnement varie de 8,87 % (nombre d'épis/m²) à 84,18 % (rendement en grain réel). Le pourcentage de la somme des carrés des écarts de l'interaction géotype x environnement varie de 8,14 % (rendement en grain réel) à 53,27 % (nombre d'épis/m²). Tandis que pour l'effet géotype ce pourcentage varie de 7,68 % (rendement réel) à 55,90 % (longueur de l'épi) pour l'ensemble des caractères mesurés (tableau 3.2. et appendice E tableaux 1 à 10).

Tableau 3.2: Carrés moyens et degrés de liberté des différentes sources de variation pour les différents caractères étudiés.

Traitements	Génotypes (ddl = 62)	%	Environnement (ddl = 2)	%	Interaction GxE (ddl = 124)	%	Erreur (ddl = 250)
NPM	1684*	15,49	140179***	61,38	1278 ^{ns}	23,13	1173
NEM	6696***	36,63	48601***	12,66	4710**	50,71	2852
NGE	77,9***	15,96	7493,0***	73,08	27,2***	10,97	15,5
PMG	242***	53,83	3450***	36,54	22***	9,63	7
BA	594**	7,35	142716***	84,04	354 ^{ns}	8,62	306
RE	436***	41,85	3134***	14,32	232**	43,83	144
RR	131,4***	5,49	44638,6***	88,79	69,6**	5,72	41,9
IR	0,0518**	29,99	0,8412***	23,19	0,0411*	46,83	0,0260
HT	143***	19,61	10161***	66,35	52*	14,04	38
LE	5,42***	48,87	92,24***	39,60	0,65***	11,53	0,35

*, **, *** = différences significatives à $p < 0,05$, $p < 0,01$ et $p < 0,001$ respectivement ;
^{ns} = non significatif.

3.2.1.2. Coefficients de variation et hérabilité

Les coefficients de variation de l'erreur (tableau 3.3) sont moyens pour le poids de mille grains (14,31 %), la hauteur de la tige (10,52 %), élevés pour la longueur de l'épi (17,09 %), le nombre de pieds levés au mètre carré (18,56 %), le nombre de grains par épi (18,61 %), et le nombre d'épis par mètre carré (25,63 %) et très élevés pour le rendement en grain estimé (30,47 %), la biomasse aérienne (31,59 %), l'indice de récolte (42,834 %) et le rendement en grain (47,40 %), Pour ces derniers caractères il y a une forte hétérogénéité.

Les coefficients de variation génétiques (tableau 3.3) mettent en évidence une forte diversité génétique chez les génotypes étudiés pour tous les caractères étudiés, ils varient de 3,54 % pour la hauteur de la tige à 10,59 % pour la longueur de l'épi.

L'étude de l'hérabilité au sens large (tableau 3.3) révèle des hérabilités au sens large très élevées pour la longueur de l'épi (0,79) et le poids de mille grains (0,81). Ces valeurs élevées montrent, respectivement, que 79 % et 81 % de la variabilité phénotypique de ces deux caractères sont dus à la variation génétique totale. Les rendements en grain réel et estimé et la biomasse aérienne ont des hérabilités très proches (0,33 ; 0,33 et 0,35 respectivement) ainsi que pour le

nombre d'épis au mètre carré et le nombre de grains par épis (0,19 et 0,21 respectivement). L'héritabilité la plus faible a été enregistrée pour l'indice de récolte (0,13%).

3.2.1.3. Moyennes des différents caractères et corrélations phénotypiques

Les valeurs moyennes des 63 génotypes (tableau11, appendice E) varient de 82,09 cm (P21 L1) à 97,03 cm (DH130 L5) pour la hauteur de la tige et de 5,08 cm (P11 L3) à 8,21 cm (15/14/10 L1) pour la longueur de l'épi. Pour les caractères agronomiques (tableau 3.3), les valeurs moyennes varient de de 190,61 (P16 L3) à 249,28 (P87 L1) pour le nombre de pieds levés par mètre carré, de 193,44 (P33L1) à 343,72 (277 a L4) pour le nombre d'épis par mètre carré, de 34,72 (P41 L2) à 47,02 (15/14/10 L1) pour le nombre de grains par épi, de 0,312 (P33 L1) à 0,910 (P44 L4) pour l'indice de récolte, de 77,12 (P21 L1) à 112,71 q/ha (18/17/7 L1) pour la biomasse aérienne, de 32,26 (Rihane L1) à 56,50 g (P46 L2) pour le poids de mille grains, de 33,91 (P33 L1) à 70,09 q/ha (18/17/7 L1) pour le rendement en grain estimé et de 21,54 (P33 L1) à 41,95 q/ha (18/17/7 L1) pour le rendement en grain réel.

Les génotypes ayant les rendements en grain réel et estimé les plus élevés sont ceux qui présentent respectivement une biomasse aérienne ($r = 0,770^{***}$ et $r = 0,548^{***}$), un nombre d'épis/m² ($r = 0,408^{***}$ et $r = 0,783^{***}$), un nombre de grains/épi ($r = 0,405$ et $r = 0,430^{***}$), une longueur de l'épi ($r = 0,385^{***}$ et $r = 0,349^{***}$), un indice de récolte ($r = 0,120^*$ et $0,244^{**}$) élevés. Le rendement estimé est corrélé avec le poids de 1000 grains ($r = 0,214^{***}$).

Ces résultats sont en accord avec ceux trouvés par MEKHLOUF et BOUZERZOUR [73] qui affirment que la biomasse aérienne et l'indice de récolte font partie des facteurs limitants de l'obtention de bons rendements et ajoutent que la sélection de la biomasse est capable d'amener à un gain appréciable dans le rendement. En effet, un indice de récolte élevé contribue favorablement dans l'accroissement du rendement [23]. ALI DIB *et al.* [86] affirment que l'indice de récolte est positivement corrélé avec le rendement en grain en condition de sécheresse.

Lorsque les conditions de croissance et la capacité génotypique conduisent à la réalisation d'un nombre de grains par mètre carré élevé à partir du nombre d'épis par mètre carré ou du nombre de grains par épi, elles aboutissent à l'extériorisation d'une vitesse de remplissage des grains par mètre carré et d'un indice de récolte élevés dont la résultante est l'expression d'un haut rendement en grain [87]. La biomasse aérienne est plus élevée lorsque le nombre de grains par épi ($r = 0,532^{***}$), la longueur de l'épi ($r = 0,446^{***}$) et le nombre d'épis par m² ($r = 0,376^{***}$) augmentent et lorsque la hauteur de la tige ($r = - 0,135^{**}$) et le poids de mille grains ($r = - 0,182^{***}$) diminuent. Selon HOUASSINE [85], l'accroissement de la biomasse aérienne est dû principalement à l'augmentation du nombre de grains et du nombre d'épis. BOUZERZOUR et OUDINA [70], BOUZERZOUR *et al.* [71], BOUZERZOUR *et al.* [72] et MEKHLOUF et BOUZERZOUR [73] affirment qu'il faut assurer une production de biomasse aérienne suffisante pour garantir un rendement en grain considérable grâce à une redistribution optimale des ressources vers les différents puits. Les diminutions de biomasse observées sont dues à la compétition qui s'exerce entre d'une part les épis formés et d'autre part la formation et le remplissage des grains, la plante n'arrive pas à satisfaire les besoins de tous les épis formés. Il y a donc un choix à faire entre l'augmentation du nombre d'épis par

mètre carré et l'augmentation du nombre de grains par épi et du poids de mille grains.

Les associations positives entre la hauteur de la tige et le rendement en grain et le poids de mille grains et entre la longueur de l'épi et le nombre de grains par épi et la biomasse aérienne et le rendement en grain estimé obtenues suggèrent que la longueur de l'épi participe au remplissage des grains. Ces résultats confirment ceux rapportés par HANIFI-MEKLICHE *et al.* [67], BOUZERZOUR et MONNEVEUX [77], ABBASSENE *et al.* [78] et BAHLOULI *et al.* [79].

Selon Gate *et al.* [80, 81], BEN ABDALLAH et BENSALÉM [82], MEKLICHE *et al.* [83] et DJEBRANI [84], une paille haute confère une meilleure tolérance à la sécheresse grâce aux produits carbonés qu'elle contient et qui assurent le remplissage du grain en cas de déficit hydrique final. Selon BAGGA *et al.* [88] un génotype à paille haute a aussi un système racinaire profond, qui confère une importante capacité d'absorption d'eau.

3.2.2. Etude de l'interaction génotype x environnement

3.2.2.1. Adaptation des génotypes

La comparaison des génotypes dans les différents environnements nous permettra non seulement de déterminer les lignées qui ont une large adaptation, et celles qui ont une adaptation étroite, mais aussi de déterminer le degré de stabilité des caractères pour les différentes lignées.

Le but attendu de notre travail est la création d'une variété d'orge s'adaptant aux conditions de notre pays et présentant les meilleurs rendements en grain avec une régularité dans la production.

D'après BARBOTTIN [89], Certaines variétés sont bien adaptées à de nombreux environnements alors que d'autres sont particulièrement adaptées à des environnements spécifiques. L'adaptation regroupe en fait deux notions distinctes : l'adaptation générale, qui représente la capacité que possède un génotype à valoriser des conditions de milieux variées, et l'adaptation spécifique, qui représente la capacité d'un génotype à valoriser des conditions particulières.

L'adaptation générale et l'adaptation spécifique peuvent être déduites du classement de la performance des lignées dans différents milieux (tableau 3.6), dans notre cas on peut considérer les essais étudiés comme trois milieux différents, car le climat n'est pas tout à fait le même entre les différentes campagnes de plus l'essai 3 (2011/2012) réalisé par nous-même a été mené dans les plaines de l'intérieur en zone semi-aride à climat continental alors que les deux autres essais ont été menés dans la plaine de la Mitidja en zone subhumide ; l'essai 2 (2011/2012) réalisé par TABTI a eu une période sèche au moment du remplissage du grain contrairement à l'essai 1 (2010/2011) réalisé par BELLAOUAR qui n'a subi aucun stress hydrique.

Tableau 3.5 : Classement des géotypes pour le rendement en grain parcellaire [90 (1), 91 (2) et DAHMANI, 2012 (3)]

Classement	Essai 1 (2010/2011)		Essai 2 (2011/2012)		Essai 3 (2011/2012)	
	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.
1	DH167 L1	29,84	18/3/2bL2	41,89	15/14/19c L1	60,17
2	P44 L4	29,64	18/17/7L1	39,83	P87 L1	58,71
3	18/17/7 L1	28,96	P48L2	38,17	P99 L3	58,08
4	P79 L2	28,58	277bL3	37,39	DH29 L2	58,08
5	15/14/19c L1	28,35	18/17/7L2	36,72	P87 L3	57,88
6	P46 L2	27,71	DH196bL4	35,89	277a L2	57,67
7	15/14/14 L2	26,51	DH196bL6	35,78	18/17/7 L1	57,04
8	P46 L1	26,28	277aL2	35,50	226b L2	57,04
9	P84 L1	25,94	P21L2	35,11	P44 L4	56,83
10	P48 L2	25,76	P2L1	34,28	P46 L1	56,42
11	15/14/10 L1	25,74	DH130L5	34,17	DH167 L1	55,79
12	18/17/7 L2	25,47	277aL4	33,89	15/14/19c L3	55,38
13	15/14/19c L3	24,05	P35L3	32,83	P1 L2	54,96
14	DH130 L5	23,87	18/17/2L4	32,61	DH167 L2	54,33
15	P2 L1	23,78	P11L3	32,22	P35 L3	54,33
16	P87 L3	23,65	3/17/12bL2	31,78	P46 L2	54,13
17	DH48 L2	23,45	3/17/1/2aL1	31,44	15/14/14 L2	54,13
18	Rihane L2	23,20	18/3/2bL1	31,33	Rihane L2	53,50
19	DH29 L2	23,03	15/14/10L1	31,22	P6 L2	53,50
20	P5 L2	22,50	DH29L2	31,00	3/17/1/2b L2	53,08
21	277 a L4	22,23	18/17/2L3	30,94	18/17/7 L2	52,88

22	P35 L3	21,75	P46L1	30,83	P25 L2	52,67
23	P1 L2	21,74	P44L4	30,67	277 a L4	52,25
24	18/3/2 b L1	20,91	P87L3	30,61	P79 L1	51,83
25	226 a L1	20,47	P87L1	30,56	P79 L2	51,42
26	226 b L2	19,44	P35L4	30,22	P84 L1	51,21
27	P33 L4	19,37	P79L2	30,11	P21 L2	51,00
28	Rihane L1	19,08	DH48L1	30,11	P8 L2	50,79
29	P87 L1	18,62	P33L4	29,89	P48 L2	50,58
30	P79 L1	18,52	DH167L2	29,67	P11 L3	50,58
31	DH130 L1	18,28	DH130L1	29,67	P41 L2	50,17
32	3/17/1/2b L2	18,18	P79L1	29,50	P6 L3	50,17
33	DH169 a L2	17,93	P25L2	29,22	DH3 L1	49,75
34	DH48 L1	17,84	P7L4	29,17	DH3 L2	48,92
35	P25 L2	17,77	226aL1	29,08	P5 L2	48,92
36	277 a L2	17,65	P6L2	29,02	3/17/1/2a L1	48,29
37	P41 L2	17,38	P12L2	28,83	DH196a L2	48,08
38	DH169 b L4	17,27	P99L3	28,72	18/3/2b L2	47,88
39	DH3 L1	17,05	Rihane L1	28,44	P12 L3	47,67
40	DH202 L1	17,05	15/14/14L2	28,28	P35 L4	47,67
41	P16 L3	16,66	DH3L1	28,28	P33 L4	47,25
42	P12 L3	16,63	DH196aL2	27,67	18/17/2 L3	46,83
43	P6 L3	15,98	P84L1	27,61	P12 L2	46,00
44	P6 L2	15,89	DH167L1	27,56	DH48 L1	45,58
45	P7 L4	15,77	P1L2	27,22	226a L1	45,17
46	P7 L2	15,14	15/14/19cL3	27,00	P7 L4	44,33
47	DH167 L2	15,11	Rihane L2	26,94	DH196b L4	44,13
48	3/17/2 a L1	14,56	15/14/19cL1	26,89	18/17/2 L4	43,92
49	P99 L2	14,39	226bL2	26,89	DH130 L5	43,71
50	P35 L4	14,37	P99L2	26,83	Rihane L1	43,71
51	277 b L3	13,98	P7L2	26,61	DH48 L2	43,71
52	P99 L3	13,79	DH48L2	26,44	277b L3	43,29
53	18/17/2 L3	13,39	P6L3	26,22	P16 L3	42,88
54	DH169 b L6	13,19	DH3L2	25,83	P7 L2	42,88
55	P8 L2	13,16	P8L2	25,61	DH130 L1	42,67
56	P21 L2	11,99	DH202L1	24,67	DH196b L6	42,67
57	18/17/2 L4	11,69	P41L2	24,67	P99 L2	42,04
58	P12 L2	11,03	P5L2	24,44	P21 L1	42,04
59	P11 L3	10,26	P33L1	24,11	P2 L1	41,83
60	DH3 L2	10,00	P46L2	24,01	15/14/10 L1	40,17
61	18/3/2 b L2	7,74	P16L3	23,83	18/3/2b L1	37,04
62	P21 L1	6,58	P12L3	23,61	P33 L1	35,17
63	P33 L1	5,34	P21L1	22,27	DH202 L1	32,67

G. = génotypes, Moy. = moyennes

Les génotypes adaptés à une large gamme de milieux sont particulièrement intéressants, mais ils présentent généralement des performances plus faibles que celles des génotypes adaptés à des environnements plus spécifiques.

En raison des variations et des fluctuations qui caractérisent le climat méditerranéen de notre pays, il serait intéressant de choisir des variétés ou de sélectionner des génotypes dotés d'une large gamme d'adaptation. Cela peut constituer l'une des solutions pour pallier aux contraintes climatiques entravant le développement de la production d'orge.

Tableau 3.6 : Classement des génotypes selon leurs types d'adaptation

Génotypes à adaptation générale	Génotypes à adaptation spécifique	
	Lignées à haut potentiel	Lignées rustiques
18/17/7 L1 18/17/7 L2 P46 L1 P87 L3	DH167 L1 P44 L4 P79 L2 P46 L2 15/14/14 L2	15/14/19c L1 P87 L1 DH29 L2 18/3/2b L2 P99 L3

3.2.2.2. Analyse des effets par la méthode de Finlay-Wilkinson

D'après BARBOTI [89], la stabilité d'un caractère est définie comme l'importance des fluctuations d'un caractère observé pour un même génotype cultivé dans différents milieux.

L'analyse combinée de la stabilité a révélé des différences très hautement significatives ($p < 0,001$) entre les environnements pour l'ensemble des caractères. En ce qui concerne les génotypes, les effets sont significatifs ($p < 0,05$) à très hautement significatifs ($p < 0,001$) pour l'ensemble des caractères. Ceci indique qu'il existe une large variabilité parmi les génotypes étudiés. L'interaction génotypes x milieu a montré des effets significatifs ($p < 0,05$) à très hautement significatifs ($p < 0,001$) pour l'ensemble des caractères sauf pour le nombre de pieds levés par mètre carré et la biomasse aérienne.

Selon ANNICHIARICO [64] l'étude de l'interaction génotype x environnement pour les caractères qui présentent :

- ✓ Un effet génotypes significatif;

- ✓ Un effet environnement significatif;
- ✓ Un effet interaction génotype x milieu significatif;
- ✓ Une SCE de l'interaction G*E supérieure à la SCE du génotype et supérieure à la SCE de l'environnement.

Sur ce fait, l'analyse de l'interaction génotype x environnement va porter sur les paramètres suivants (qui vérifient les 4 conditions):

- Nombre d'épis par mètre carré;
- Le rendement en grain estimé;
- L'indice de récolte.

Tableau 3.7 : Carrés moyens et degrés de liberté des paramètres de stabilité de l'analyse FINLAY-WILKINSON (HARDWICK et WOOD, [65] pour les caractères étudiés

	NEM	RE	IR
Génotypes (ddl = 62)	2229,54 ns	145,31 ns	0,007 ns
Environnement (ddl = 2)	16750,60 **	1037,44 ***	0,021 ns
Interaction G x E (ddl = 124)	1579,74 ns	77,54 ns	0,007 ns
Hétérogénéité (ddl = 62)	2131,65 ns	45,26 ns	0,014 ns
Résiduelle (ddl = 62)	1027,82 ns	109,82 ns	0,000 ns

N.B. Les différents effets ont été testés par rapport à la variance résiduelle de l'analyse de la variance combinée (tableau 3. 2); **, *** = significatif respectivement à $P < 0,01$ et $P < 0,001$, ns = non significative.

Tableau 3.8 : Coefficients de détermination (R^2_{ij}) entre la moyenne génotypique et l'index environnemental pour le nombre d'épis au mètre carré, le rendement en grain estimé et l'indice de récolte.

Génotypes	NEM	RE	IR
1	0,234	0,176	0,130
2	0,099	0,269	0,261
3	0,623	0,337	0,487

4	0,075	0,238	0,460
5	0,595	0,146	0,381
6	0,099	0,338	0,494
7	0,702	0,477	0,124
8	0,379	0,394	0,301
9	0,143	0,213	0,720
10	0,011	0,170	0,347
11	0,495	0,498	0,019
12	0,510	0,301	0,126
13	0,252	0,632	0,336
14	0,575	0,309	0,520
15	0,270	0,122	0,623
16	0,846	0,378	0,114
17	0,319	0,242	0,424
18	0,301	0,108	0,611
19	0,216	0,102	0,740
20	0,134	0,0001	0,737
21	0,421	0,072	0,671
22	0,294	0,116	0,366
23	0,045	0,042	0,812
24	0,063	0,004	0,035
25	0,495	0,054	0,923
26	0,0004	0,059	0,147
27	0,444	0,610	0,035
28	0,173	0,100	0,547
29	0,104	0,293	0,006
30	0,157	0,567	0,718
31	0,205	0,042	0,683
32	0,103	0,004	0,070
33	0,304	0,009	0,272
34	0,590	0,536	0,593
35	0,008	0,546	0,145
36	0,301	0,0003	0,772
37	0,575	0,551	0,195
38	0,415	0,293	0,067
39	0,278	0,058	0,226
40	0,429	0,006	0,521
41	0,448	0,304	0,034
42	0,540	0,697	0,190
43	0,538	0,254	0,864
44	0,155	0,077	0,013
45	0,688	0,381	0,272
46	0,246	0,049	0,083
47	0,549	0,350	0,473
48	0,402	0,080	0,147
49	0,307	0,007	0,537
50	0,529	0,501	0,097
51	0,410	0,114	0,286

52	0,489	0,255	0,045
53	0,540	0,022	0,422
54	0,314	0,028	0,610
55	0,330	0,143	0,321
56	0,190	0,044	0,665
57	0,135	0,002	0,459
58	0,053	0,048	0,130
59	0,002	0,005	0,956
60	0,011	0,005	0,736
61	0,029	0,053	0,595
62	0,048	0,489	0,071
63	0,127	0,011	0,163

N.B. En gras les valeurs égales ou supérieures à 0,300.

Le coefficient de détermination (R^2_{ij}) (tableau 3.8) entre la moyenne génotypique et l'index environnemental varie de 0,002 (P5 L2) à 0,846 (P35 L3) pour le nombre d'épis/m², entre 0,0001 (P46 L2) à 0,697 (277a L2) pour le rendement en grain estimé et entre 0,006 (DH3 L2) et 0,956 (P5 L2) pour l'indice de récolte. Ces coefficients de variation confirment l'effet de l'environnement sur ces caractères pour les génotypes présentant des valeurs élevées. Le coefficient de détermination (R^2_{ij}) peut également être utilisé pour prédire la performance des génotypes [51].

3.2.2.2.1. Nombre d'épis par mètre carré

3.2.2.2.1.1. Décomposition de la variance d'interaction

La décomposition de l'interaction pour ce caractère montre une interaction génotype x environnement (linéaire) non significative (tableau 3.7) indiquant que les génotypes étudiés ont une bonne stabilité. Une grande partie de la somme des carrés des écarts de l'interaction génotype x environnement (67,47 %) est due à la régression linéaire des moyennes des génotypes sur les moyennes des différents environnements et 32,53 % de cette interaction est due à la déviation à partir de la régression.

Les génotypes 277a L4 (343,72 épis/m²), P44 L4 (335,19 épis/m²) et 277a L2 (326,56 épis/m²) ont donné les nombres d'épis par mètre carré les plus élevés. Le nombre d'épis par mètre carré des génotypes P33 L1, P12 L2 et DH202 L1 est beaucoup plus faible avec respectivement 193,44 épis/m², 228,06 épis/m² et 233,61

épis/m², soit une différence respective de 150,28 épis/m², 107,13 épis/m² et 92,95 épis/m² (tableau11, appendice E).

3.2.2.2.2. Rendement en grain estimé

3.2.2.2.2.1. Décomposition de la variance d'interaction

La décomposition de l'interaction pour ce caractère montre une interaction génotype x environnement (linéaire) non significative (tableau 3.7) indiquant une bonne stabilité des génotypes étudiés. 70,82 % de la somme de carré des écarts de l'interaction génotype x environnement est due à la déviation à partir de la régression et 29,18 % de cette interaction est due à la régression linéaire des moyennes de génotypes sur les moyennes des différents environnements.

Les génotypes 18/17/7 L1 (70,09 q/ha), P44 L4 (63,17 q/ha) et P79 L2 (63,12q/ha) ont donné les rendements en grain estimés les plus élevés. Le rendement en grain estimé des génotypes P33 L1, P12 L2 et 18/17/2 L4 est beaucoup plus faible avec respectivement 33,91 q/ha, 36,10 q/ha et 37,46 q/ha, soit une différence respective de 36,18 q/ha, 27,07 q/ha et 25,48 q/ha (tableau11, appendice E).

3.2.2.2.3. Indice de récolte

3.2.2.2.3.1. Décomposition de la variance d'interaction

La décomposition de l'interaction pour ce caractère montre une interaction génotype x environnement (linéaire) non significative (tableau 3.7) indiquant une bonne stabilité des différents génotypes. La totalité 100 % de la somme de carré des écarts de l'interaction génotype x environnement est due à la régression linéaire des moyennes de génotypes sur les moyennes des différents environnements.

Les génotypes P44 L4 (0,910), 277a L4 (0,560) et 15/14/19c L1 (0,539) ont donné les indices de récolte les plus élevés tandis que les génotypes P33 L1, P21 L1 et 18/3/2b L2 ont donné les indices de récolte les plus faible avec respectivement 0,312, 0,343 et 0,361 (tableau11, appendice E).

Ces résultats rejoignent ceux trouvés par HANIFI-MEKLICHE *et al.* [67] pour l'effet interaction génotype x environnement qui était non significatif par l'analyse FINLAY - WILKINSON pour quelques génotypes d'orge ce qui indique que les

génotypes étudiés ont une bonne stabilité et peuvent être cultivé dans les différentes zones de l'Algérie selon leurs type d'adaptation ; les génotypes ou (lignées) à haut potentiel peuvent être cultivé en zones littorales et les périmètres irrigués, les lignées rustiques dans les plaines de l'intérieur et les hauts plateaux et enfin les lignées à large adaptation pour les différentes zones selon leurs potentialités de production et de rusticité.

CONCLUSION

L'objectif de cette étude est l'évaluation de la productivité de 75 lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.) à travers les différents caractères agronomiques et morphologiques et l'étude de l'interaction génotype x environnement à partir des résultats de trois essais d'orge (*Hordeum vulgare* L..) réalisés par BELLAOUAR 2010/1011, TABTI 2011/2012 et DAHMANI 2011/2012 dans le cadre de leurs mémoires d'ingénieur pour les deux premières étudiantes et de magister pour la troisième afin d'évaluer le niveau de production, la stabilité des différents caractères et enfin la sélection de lignées plus performantes.

Les résultats de l'essai réalisé à Ain Bessam montrent, l'existence d'une variabilité génétique entre les génotypes pour la plupart des caractères agronomiques et morphologiques étudiés. L'analyse de la variance a montré des différences significatives entre les génotypes pour la plupart des caractères sauf pour la biomasse aérienne et la hauteur de la tige.

Un haut rendement en grain est issu de la combinaison d'un grand nombre d'épis par mètre carré, d'une biomasse aérienne et d'une hauteur de la tige élevée.

Pour cela, les génotypes qui répondent à cet objectif sont :

Les génotypes P99 L3 et P87 L3 donnent un rendement en grain réel (58,08 et 57,88 q/ha respectivement), une biomasse aérienne (150 et 145,63 q/ha respectivement) et une hauteur de la paille (92,79 et 92,36 cm respectivement) élevés, ils doivent être sélectionnés. Outre ces deux génotypes ceux qui suivent ont un caractère intéressant et peuvent donc être aussi sélectionnés pour la suite du programme :

- ✓ Pour le rendement en grain réel : 15/14/19c L1 (60,17 q/ha) et P87 L1 (58,71 q/ha) ;
- ✓ Pour la biomasse aérienne : 226b L2 (155,63 q/ha) et P87 L1 (145,63 q/ha) ;
- ✓ Pour le nombre d'épis/m² : P83L2 (537 épis/m²) et 277a L4 (385,67 épis/m²), ces résultats rejoignent ceux trouvés par TABTI (2012) pour ce paramètre ;
- ✓ Pour le nombre de grains/épi : DH 196b L4 (54 grains/épi) et 15/14/10 L2 (53 grains/épi).

Les résultats obtenus dans la deuxième partie d'étude suite aux analyses statistiques effectuées ont démontré une variabilité au niveau des génotypes et des environnements pour l'ensemble des caractères étudiés. L'effet de l'environnement était plus élevé que l'effet génotype et l'effet interaction génotype x environnement pour tout les caractères étudiés. L'analyse combinée de la stabilité de Finlay-Wilkinson a montré un effet hautement significatif et très hautement significatif entre les environnements pour le nombre d'épis par mètre carré et le rendement en grain estimé, respectivement. L'effet de l'interaction génotype x environnement est non significatif, indiquant que les génotypes étudiés avaient une bonne stabilité.

Sur les différents sites, un haut rendement en grain est issu de la réalisation d'un grand nombre d'épis par mètre carré, un grand nombre de grains par épi, une bonne biomasse aérienne et d'un épi long. Pour cela, les génotypes qui répondent à cet objectif sont :

Les génotypes 18/17/7 L1 et P44 L4 donnent de bons rendements en grain réel (41,95 et 39,05 q/ha respectivement), un grand nombre d'épis par mètre carré (322 et 335 épis/m² respectivement) et un grand nombre de grains par épi (44 et 46 grains /épi). Ils doivent être sélectionnés. Outre ces deux génotypes, le génotype P48 L2 peut être sélectionné pour son bon rendement en grain et sa bonne biomasse aérienne (38,17 et 110,78 q/ha, respectivement).

L'étude de l'héritabilité au sens large a révélé des héritabilités très élevées pour la longueur de l'épi et le poids de mille grains. Les rendements en grain réel et estimé, la biomasse aérienne, le nombre d'épis au mètre carré et le nombre de grains par épis ont des héritabilités moyennement faibles. L'héritabilité la plus faible a été enregistrée pour l'indice de récolte.

La comparaison des génotypes dans les différents environnements permet non seulement de déterminer les lignées qui ont une large adaptation, et celles qui ont une adaptation étroite, mais aussi de déterminer le degré de stabilité des caractères pour les différentes lignées.

Les géotypes 18/17/7 L1, 18/17/7 L2, P87 L3 et P46 sont ceux qui présentent une adaptation générale. Les géotypes DH 167 L1, P44 L4, P79 L2, P46 L2 et le 15/14/14 L2 ont un haut potentiel et les géotypes 15/14/19c L1, 18/3/2b L2, P87 L1, P99 L3 et le DH29 L2 sont rustiques donc ils ont une adaptation spécifique.

Les géotypes adaptés à une large gamme de milieux sont particulièrement intéressants, mais ils présentent généralement des performances plus faibles que celles des géotypes adaptés à des environnements plus spécifiques.

En raison des variations et des fluctuations qui caractérisent le climat méditerranéen de notre pays, il serait intéressant de choisir des variétés ou de sélectionner des géotypes dotés d'une large adaptation. Cela peut constituer l'une des solutions pour palier aux contraintes climatiques entravant le développement de la production d'orge.

Toutefois les lignées possédant un haut potentiel peuvent être mises en valeur en agriculture intensive là où l'eau n'est pas un facteur limitant (par exemple là où l'apport d'eau par irrigation est possible) et / ou l'agriculteur peut apporter les intrants nécessaires à la culture. Dans le cas d'une agriculture extensive là où l'agriculteur à faible revenu ne peut pas se permettre d'utiliser des intrants pour permettre aux variétés à haut potentiel d'exprimer leurs rendements, on préconise d'utiliser des variétés rustiques pouvant valoriser les milieux les plus défavorables.

La multiplicité des environnements et des objectifs de production en agriculture impose désormais une meilleure prise en compte des interactions entre géotype et environnement, sous peine de pertes économiques qui peuvent être importantes. Prendre en compte ces interactions peut induire un choix de géotype ou de système de croisement, de critère de sélection ou d'environnement de sélection, mais aussi la sélection de géotypes peu sensibles aux fluctuations environnementales.

Ces résultats illustrent la difficulté de la sélection pour le caractère rendement en grain, à cause de la complexité de ce caractère. Pour cela, des essais multilocaux et pluriannuels sont nécessaires pour mettre en évidence les géotypes productifs, stables, et à large adaptabilité.

REFERENCES

1. Ceccarelli, S. and Grando, S., "Drought as a challenge for the plant breeder". *Plant growth regulation*, V. 20, (1996), 149 - 155.
2. Abbassene, F., Bouzerzour, H. et Hachemi, L., "Phénologie et production de blé dur (*Triticum durum* Desf.) en zone semi-aride d'altitude". *Annales agronomiques de l'INA, Alger*, V.18, (1998), 24 - 36.
3. Zeghouane, O ., Boufenar, F., et Yousfi, M., "La technologie semencière : la production de semences des céréales à paille en Algérie", Alger,(2008),138p .
4. Rahal-Bouziane, H. et Abdelguerfi, A. "Caractérisation agronomiques et morphologiques des orges oasiennes (*Hordeum vulgare* L.), cultivées dans les oasis de la région d'Adrar (Algérie)", *Recherches agronomiques, INRA, Alger*, V. 19, (2007), 7 - 13.
5. Crossa, J., "Statistical analyses of multilocation trials". *Advances in Agronomy*, V. 44, (1990), 55 - 85.
6. Doré, C. et Varoquaux, F., "Histoire et amélioration de cinquante plantes cultivées", CEMAGREF, CIRAD, IFREMER, INRA, (2006), 812p.
7. Shakhathreh, Y., Haddad, N., Alrababah, M., Grando, S. Ceccarelli, S., "Phenotypic diversity in wild barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *Spontaneum* (C. Koch) Thell.)", accessions collected in Jordan. *Genetic Resources and Crop Evolution*, V.57, (2010),131 - 146.
8. Ceccarelli, S., Grando, S., Capettini, F. and Baum, M., "Barley breeding for sustainable production", *In* : Kang Manjit, S., Priyadarshan, P.M. (Eds.), "Breeding major food staples". Blackwell Publishing, USA, (2007), 193 - 225.

9. Ivandic, V., [Hackett, C.A.](#), [Nevo, E.](#), [Keith, R.](#), [Thomas, W.T.](#) and [Forster, B.P.](#), “Analysis of simple sequence repeats (SSRs) in wild barley from the Fertile Crescent: associations with ecology, geography and flowering time”, *Plant Molecular Biology*, V.48, (2002), 511- 527.
10. Badr, A., Muller, K., Schafer-Pregl, R., El Rabey, H., Effgen, S., Ibrahim, H. H., Pozzi, C., Rohde, W. and Salamini, F., “On the Origin and Domestication History of Barley (*Hordeum vulgare*)”, *Mol. Biol. Evol.*, V.17, n°4, (2000), 499 - 510.
11. Molina-Cano, J. L., Igartua, E., Casas, A. M. et Moralejo, M., “New views on the origin of cultivated barley”, *In*: Slafer, G. A., Molina-Cano, J. L., [Savin, R.](#), Araus, [J. L.](#) et [Romagosa, I.](#), “Barley Science: Recent Advances from Molecular Biology to Agronomy of Yield and Quality”, Ed. Haworth Press, Binghamton, (2002), 15 - 24.
12. Backes, G., Orabi, J., Fischbeck, G. and Jahoor, A., “Barley”, *In* : Kole C., “Genome mapping and molecular breeding in plants”, V 1.Cereals and millets. Springer-Verlag, Berlin, (2006), 155 - 210.
13. Comadran, J., Rusell, J.R., Van Eeu Wijik, F.A., Cecaarelli, S, Grando, S., Baum, M. and Stanca, A.M., “Mapping adaptation of barley to droughted environments”, *Euphytica*, V.161, (2008), 35 - 45.
14. Li, C., Zhang, G., and Lance, R., “Recent advances in breeding barley for drought and saline stress tolerance”, *In*: Jenks, A., Hasegawa Paul, M., Mohan Jain, S., (Eds.), “Advances in molecular breeding toward drought and salt tolerant crops”, Springer, Dordrecht, the Netherlands, (2007), 603 - 626.
15. Wu, Y., Wang, B., Han, J., Zhang, Z. and Chen, Y., “RAPD–2100 bio-analyzer and 2DGE methods applied to qualitatively and quantitatively assess grain purity of commercial malting barley”, *Eur. Food Res. Technol.*, V. 234, (2012), 381 - 390.

16. FAOSTAT, “ Statistical Database of the Food and Agriculture Organisation of the United Nations”, (2010), www.fao.org.
17. Menad, A., Meziani, N., Bouzerzour, H. et Benmahammed, A., “Analyse de l’interaction génotype x milieux du rendement de l’orge (*Hordeum vulgare* L.) : application des modèles AMMI et la régression conjointe”. *Nature & Technologie*, n° 05, (2011), 99 - 106.
18. MADR, “Annuaire Statistique du Ministère de l’Agriculture et du Développement Rural”, Série B, (2012).
19. CNCC, “Bulletin des variétés des céréales”, (Avril 2009), 96 p.
20. Simmonds, N.W. “Selection for local adaptation in a plant breeding program”, *Theor. Appl. Gen.*, n°82, (1991), 363 - 367.
21. Ceccarelli, S., Grando, S. and Hamblin, J. “Relationships between barley grain yield measured in low and high yielding environments”, *Euphytica*, n° 64, (1992), 49 - 58.
22. Gill, S., Bhullar, G.S. and Mohol, G.S, “Combining ability in durum wheat (*Triticum durum* Desf)”, *Euphytica*, n° 64, (1992), Pp 49-58.
23. Monneveux, P., “Quelles stratégies pour l'amélioration génétique de la tolérance au déficit hydrique des céréales d'hiver?”, *In* : “L'amélioration des plantes pour l'adaptation aux milieux arides”, Ed AUPELF-UREF, John Libbey Eurotext, Paris, (1991), 165 - 186.
24. Bouzerzour, H., Djekoune, A. et Benmahammed, A., “Analyse du déterminisme génétique et l’indice de récolte dans un croisement diallèle de l’orge (*Hordeum vulgare* L.)”, *Annales agronomiques de l’INA*, Alger, V.17 (1 et 2), (1996), 150 - 158.

25. 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.
26. 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.
27. 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.
28. Benderradji, L., Brini, F., Amar, S.B., Kellou, K., Azzaza, J., Masmoudi, K., Bouzerzour, H. and Hanin, M., "Sodium transport in the seedlings of two bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes showing contrasting salt tolerance", *Aust. J. Crop Sci.*, V. 05, (2011), 233 - 241.
29. **Ceccarelli, S. and Grandi, S.**, "Selection environment and environmental sensitivity in barley". *Euphytica*, V. 57, (1992), 157 - 167.
30. Picard, D. et Combe, L., "Elaboration du rendement des principales cultures annuelles". Ed. Quae, Paris, (1994), 191 p.
31. Moule, C., "Les céréales", Ed. Maison rustique, Paris, (1980), 318 p.
32. Codaccioni, P., Simon, H. et Lecœur, X., "Produire des céréales à paille", Tec & Doc, Ed Lavoisier, Paris, (1989), 333 p.

33. Monneveux, P. et Depigny-This, D., "Intégration des apports physiologiques, génétiques et moléculaires pour l'amélioration de la tolérance à la sécheresse chez les céréales. Quel avenir pour l'amélioration des plantes ?", In : "L'amélioration des plantes pour l'adaptation aux milieux arides", Ed AUPELF-UREF, John Libbey Eurotext, Paris, (1995), 165 - 186.
34. Falconer, D.S., "Introduction à la génétique quantitative", Ed. Masson et Cie, Paris, (1974), 284 p.
35. Verrier, E., Brabant, PH. et Gallais, A., "Faits et concepts de base en génétique quantitative", Institut National Agronomique Paris-Grignon, (Juillet 2001), 133 p.
36. Brancourt Hulmel, M., Biarnès-Dumoulin V. et Denis J.B., "Points de repère dans l'analyse de la stabilité et de l'interaction génotype milieu en amélioration des plantes" Ed. ELSEVIER/INRA, Agronomie, V.17, (1997), 219 - 246.
37. Mignon-Grasteau, S., "Prise en compte des interactions entre génotype et environnement dans les productions avicoles", INRA, France, Septièmes Journées de la Recherche Avicole, Tours, 28 et 29 mars (2007), 386 - 393.
38. Albert M.J.A., "A comparison of statistical methods to describe genotype x environment interaction and yield stability in multi-location maize trials", Mém. Mag. University of Free State, Bloemfontein, (2004), 96 p.
39. Gallais A., "Théorie de la sélection en amélioration des plantes", Ed. Masson, Paris, (1990), 588 p.
40. Finlay, K.W. and Wilkinson G.N., "The analysis of adaptation in a plant breeding programme", Aust. J. Agric. Res., V. 14, (1963), 742 - 754.

41. Shukla, G.K., "some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability", *Heredity*, V. 29, (1972), 237 - 245.
42. Eberhart, S.A. and Russell, W.A., "Stability parameters for comparing varieties", *Crop. Sci.*, V. 6, (1966), 36 - 40.
43. Perkins, J. M. and Jinks, J.L., "Environmental and genotype-environmental component of variability III Multiple lines and crosses", *Heredity*, V. 23, (1968), 239 - 256.
44. Wricke, G., "Ber eine methode zur erfassung der ökologischen Streubreite in feldversuchen" *Z. P. Flanzenzüchtg.* V. 47, (1962), 92 - 96.
45. Gallais, A., "Bases génétiques et stratégie de sélection de l'adaptation générale", *Sel. Fr.*, V. 42, (1992), 59 - 78.
46. Brancourt-Hulmel, M., "Sélection variétale et milieu : Sélection pour l'adaptation au milieu et prise en compte des interactions génotype/milieu", *Oléagineux, Corps Gras, Lipides*, V.7, n° 6, Ed. AUPELF-UREF. John Libbey Eurotext, (2000), 504 - 511.
47. Lefebvre, V. et Pflieger, S., "L'approche gène candidat pour la caractérisation moléculaire et fonctionnelle de locus de résistance aux parasites chez les plantes", *Sel. Fr.*, V. 51, (2000), 31 - 45.
48. Bell, G., "Selection, the mechanism of evolution", Ed. OXFORD university press, (2008), 568 p.
49. Krieg F., "La génétique des caractères quantitatifs : méthodes d'analyse et possibilités d'utilisation", *Bull. Fr. Pêche Piscic.*, V. 314, (1989), 109 - 117.

50. Gonzalez Garcia M.R., “Interacción genotipo x ambiente en guisante proteaginoso (*Pisum sativum* L.)”, Thèse de doctorat, Université E. T. S. Ingenierías Agrarias, Espagne, (2001), 160 p.
51. Pinthus, M. J., “Estimates of genotypic value: a proposed method”, *Euphytica*, V. 22, (1973), 345 - 351.
52. Bilbro, J.D. and Ray, L.L., “Environmental stability and adaptation of several cotton cultivars”, *Crop Sci.*, V. 16, (1976), 821 - 824.
53. Lincy, J., “Méthodes en analyse multivariée : voisinage et diversité”, Mém. Ing. Université Montpellier II, France, (2003), 46 p.
54. Duby, C. et Robin, S., “Analyse en Composantes Principales”, Institut National Agronomique Paris-Grignon, (2006), 54 p.
55. Google earth, (2013).
56. ONM, “Données météorologiques de la campagne 2011/2012”, Station météorologique de Ain Bessem, Bouira.
57. Hanifi-Mekliche L., “Contribution à l'étude de l'hétérosis et de l'intérêt des F1, F2, et lignées haploïdes doublés chez l'orge”, Thèse de Doctorat d'Etat en sciences naturelles, Université des sciences et technologies de Lille, France, (1999), 177 p.
58. Hanifi-Mekliche L. et Touadi S., “Etude du comportement de quelques lignées DH et F8 d'orge en zone méditerranéenne subhumide”, *Annales de l'Institut National Agronomique, El Harrach*, V. 19, n° 1 et 2, (1998), 135 - 143.
59. Henin, S., Gras, R. et Monnier G., “Le profil cultural”, Ed. Masson, 2^{ème} édition, Paris (1969), 332 p.

60. Soltner, D., "Phytotechnie spéciale : les grandes productions végétales", éd. Bressuire, Paris, (2005), 472 p.
61. Clavet, G. et Viellemin, P., "Interprétation des analyses de la terre", Tome I. P.A.S. Centre de recherche S.C.P.A., aspach le bas, (1986), 15 p.
62. Schvartz, C., Muller, C. et Decroux J., "Guide de la fertilisation raisonnée", Ed. France Agricole, Paris, (2005), 414p.
63. MDLC, "Mémento de l'agronome", 4^{ème} édition, Collections technique rurale en Afrique, (1993), 160 p.
64. Annicchiarico P., "Génotype by environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations", FAO, Italy, (2002), 174 p.
65. Hardwick, R. C., Wood, J. T., "Regression methods for studying genotype - environment interactions", *Heredity*, V. 28, (1972), 209 - 222.
66. Ukai, Y., "Analysis of the interaction between genotypes and environment", (2000), <http://lbm.ab.a.u-tokyo.ac.jp/~ukai/gest98.html>
67. Hanifi-Mekliche L., Mekliche, A., and Monneveux, P., "Genotype x environment interaction and stability analysis on barley (*Hordeum vulgare* L.) lines in Algeria", *Acta Agromica Hungarica*, V. 59, n° 4, (2011), 325 - 336.
68. Wachira, F., Wilson, N. G., Omolo, J. and Mamati, G., "Genotype x environment interactions for tea yields", *Euphytica*, V. 127, (2002), 289 - 296.
69. Ceccarelli, S., Acevedo, E., and Grandi, S., "Breeding for yield stability" *In*: "single traits, interaction between traits and architecture of genotypes", *Euphytica*, n° 56, (1991), 265 - 73.

70. Bouzerzour, H. et Oudina, M., "Variabilité du rendement de l'orge sous l'influence du climat des hauts plateaux" *In* : "Séminaire W.O.M. Ed. ICARDA", (1989), 110 - 119.
71. Bouzerzour, H., Djekoune, A., Benmahammed, N. et Hassous, L., "Contribution de la biomasse, l'indice de récolte et la précocité au rendement de l'orge (*H. vulgare* L.) en zones semi- arides ", *Annales de l'INA*, Elharrach, V.17, n° 2, (1996), 193 - 199.
72. Bouzerzour, H., Benmahammed, A., Hamzoune, T., Mimouni, H., Bourmel, S. et Mekhlouf, A., "Stabilité des performances et caractéristiques phéno-morphologiques de quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) issues d'une sélection multilocale", *Actes du premier symposium international sur la filière blé : enjeux et stratégies*, ITGC, (Février 2000), 187 - 194.
73. Mekhlouf, A. et Bouzerzour, H., "Comparaison de l'efficacité de la sélection précoce directe et indirecte pour améliorer le rendement en grain chez le blé (*Triticum durum* Desf.)", *Mém. Mag. INA*, El Harrach, (2000), 63 p.
74. Dakheel, A.J., Nadji, I., Mahalazkshmi, V. and Peacock, J.M., "Morphological traits associated with adaptation of durum wheat to harsh Mediterranean environments", *Aspects of Applied Biology*, V. 34, (1993), 297 - 307.
75. Abbad, H., El Jaafari, S., Bort, J. and Araus, J.L., "Comparaison of flag leaf and ear photosynthesis with biomass and grain yield of durum wheat under various water conditions and genotypes", *Agronomy*, V. 24, (2004), 19 - 28.
76. Bort, J., Febrero, A., Amaro, T. and Araus, J.L., "Role of awns in ear water-use efficiency and grain weight in barely", *Agronomie*, V. 2, (1994), 133 - 139.
77. Bouzerzour, H. et Monneveux, P., "Analyse des facteurs de stabilité du rendement de l'orge dans les conditions des hauts plateaux de l'Est algérien" *In* : Bensalem, M. et Monneveux, P., "Tolérance à la sécheresse des

- céréales en zones Méditerranéennes, diversité génétique et amélioration variétale”, les colloques, Ed. INRA, Paris, n° 64, (1993), 139 - 155.
78. Abbassene, F., Bouzerzour, H. et Hachemi, L., “Taux et durée de la phase de remplissage chez 14 géotypes de blé dur (*Triticum durum* Desf.) en zone semi-aride”, Recherche agronomique, INRAA, V. 3, (1998), 9 - 17.
79. Bahlouli, F., Bouzerzour, H. et Benmahammed, A., “Etude de la réponse à la sélection de la précocité chez l’orge (*Hordeum vulgare* L.) en zones semi-arides d’altitude, Annales de l’Institut National Agronomique, El Harrach, V. 22, n° 1 et 2, (2001), 1 - 25.
80. Gate, P., Bouthier, A., Woznica, K. et Manzo, M.E., “La tolérance des variétés de blé tendre d’hiver à la sécheresse : premiers résultats ITCF”, Perspectives agricoles, n° 145, (1992), 17-27.
81. Gate, P., Bouthier, A., Casabianca, H. et Deleens, E., “Caractères physiologiques décrivant la tolérance à la sécheresse des blés cultivés en France : interprétation des corrélations entre le rendement et la composition isotopique du carbone des grains” *In* : “Tolérance à la sécheresse des céréales en zones Méditerranéennes, diversité génétique et amélioration variétale”, les colloques, Ed. INRA, Paris, n° 64, (1993), 61 - 73.
82. Ben Abdallah, N., Ben Salem, M., “Paramètres morpho physiologiques de la sélection pour la résistance à la sécheresse des céréales” *In*: Monneveux, P., Ben Salem, M., “Tolérance à la sécheresse des céréales en zones Méditerranéennes, diversité génétique et amélioration variétale”, les colloques, Ed. INRA, Paris, n° 64, (1993), 173 - 190.
83. Mekliche, A., Gate, P. et Bouthier A., “Analyse comparative du comportement du blé tendre et du blé dur à la sécheresse” *In* : Monneveux,

- P., Ben Salem, M., "Tolérance à la sécheresse des céréales en zones Méditerranéennes, diversité génétique et amélioration variétale", les colloques, Ed. INRA, Montpellier, France, n° 64, (1993), 299 - 309.
84. Djebrani M., "Adaptation au déficit hydrique de quatre variétés de blé dur", Actes du premier symposium international sur la filière blé : enjeux et stratégies, ITGC, (Février 2000), 161 - 170.
85. Houassine D., "Adaptation au stress hydrique de quelques variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.)", Céréaliculture, V. 42, (2004), 29 - 33.
86. Ali Dib T., "Etude de la tolérance à la sécheresse chez le blé dur (*Triticum durum* Desf.), étude des caractères phénologiques et morphologiques d'adaptation, Thèse Doctorat ENSA Montpellier, (1992), 186 p.
87. Bahlouli, F., Bouzerzour, H. et Benmahammed, A., "Effets de la vitesse et de la durée du remplissage du grain ainsi que de l'accumulation des assimilats de la tige dans l'élaboration du rendement du blé dur (*Triticum durum* Desf.) dans les conditions de culture des hautes plaines orientales d'Algérie", Biotechnologie, Agronomie, Société et Environnement, V.12, n°1, (2008), 31 - 39.
88. Bagga, A.K., Ruwal, K.N. and Asana, R.D., "Comparaison of responses of some Indian and semi-dwarf Mexican wheats to unirrigated cultivation", Indian J. agric. sci, n°40, (1970), 421 - 427.
89. Barbottin, A., "Utilisation d'un modèle de culture pour évaluer le comportement des génotypes: Pertinence d'utilisation d'Azodyn pour analyser la variabilité du rendement et de la teneur en protéines du blé tendre", Thèse Doctorat Agronomie, INA Paris-Grignon, (2004), 237 p.
http://pastel.paristech.org/1262/01/th%C3%A8se_Aude_Barbottin.pdf.

90. Bellaouar, A., "Etude comparative de quelques lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.)", Mémoire Ingénieur Agronomie, ENSA, El Harrach, (2011), 63 p.
91. Tabti, D., "Etude des caractères morphologiques et phénologiques de tolérance à la sécheresse de quelques lignées d'orge (*Hordeum vulgare* L.)", Mémoire Master Agronomie, ENSA, El Harrach, (2012), 41p.

APPENDICE A

LISTE DES SYMBOLES ET DES ABREVIATIONS

%	pourcent
*	significatif
**	Hautement significatif
***	Très hautement significatif
°C	Degré Celsius
BA	Biomasse aérienne
b_g	Coefficient de régression
b_i	Coefficient de régression
b_i	Coefficient de regression
C.N.C.C	Centre National de Contrôle et de Certification des semences et plants.
C/N	Rapport C sur N
cm	Centimètre
CM	Carré Moyen
CM_{ve}	Carré moyen de l'effet année hiérarchisé à l'effet lieu
CV	Coefficient de variation
CV_g	Coefficient de variation environnemental
ddl	Degré de liberté
etc	etcétera
F obs.	F observé (test de Fisher)
FAO	Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture
G x E	Interaction entre genotype et environnement
G	Genotype
GH	Groupes homogènes
h^2	Héritabilité
H^2	héritabilité au sens large
ha	hectare
HD	haploïdes doublées
HS	Hautement significatif
HT	Hauteur de la tige
IR	Indice de récolte
ITGC	Institut Technique des Grandes Cultures
LB	Longueur des barbes
LC	Longueur du col de l'épi
LE	Longueur de l'épi
Max.	Maximale
Min.	Minimale
mm	millimètre
MO	Matière Organique
Moy.	moyenne
Ms	Micro siemens
N	Nord
N, P, K	Azote, Phosphore, Potassium
NEM	Nombre d'épis par mètre carré
NGE	Nombre de grains par épi

NPM	Nombre de pieds moyens par mètre carré
ns	Non significatif
p.100	Pour cent
pH	potentiel Hydrogène
PMG	poids de mille grains
ppds	Plus petite différence significative
ppm	partie par million
r	Coefficient de corrélation
R ² ij	coefficient de détermination
r ² _g	Coefficient de détermination
RE	Rendement en grain estimé
RR	Rendement en grain réel
S ² di	déviations à la droite de régression
S ² _{dg}	Carré de déviations à la droite de régression
S ² _g	Variance environnementale
SCE	Somme des carrés des écarts
S _{g(1)}	Moyenne des rangs centrés
S _{g(2)}	Variance des rangs
S _{g(3)}	Somme des différences des rangs rapportées au rang moyen du génotype
THS	Très hautement significatif
V _A	variance génétique additive
ver.	Version
V _P	variance génétique phénotypique
W ² _g	Ecovalence variétale
W ² _r	Ecovalence environnementale
ρ _g	Coefficient de régression
σ ² _e	variance environnementale
σ ² _g	Variance de Shukla
σ ² _g	variance génotypique
σ ² _{gl}	variance de l'interaction génotype x environnement
σ ² _i	variance de stabilité

APPENDICE B

Tableau 1 : Pluviométrie (mm) et températures (°C) pour la campagne agricole 2011/2012 [56]

Mois	Précipitations (mm)	T° min. (°C)	T° max. (°C)	T° moyenne
Septembre	07,10	21	30,4	25,6
Octobre	38,30	11,80	22,80	17,4
Novembre	58	09	17,9	13,5
Décembre	42,6	5,3	13,30	12,8
Janvier	31	03	12,7	7,1
Février	101	0,2	8,7	3,9
Mars	68	6,6	16,5	11,1
Avril	95	08	18,2	12,7
Mai	30	11,8	26	18,7
Juin	04	19,2	33,6	26,1
Total	475			

APPENDICE C

TABLEAUX D'ANALYSE DE LA VARIANCE ET DES VALEURS MOYENNES DES DIFFERENTS CARACTERES ETUDIES ET LEURS GROUPES HOMOGENES

Tableau 1 : Analyse de la variance du nombre de pieds levés au mètre carré

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Géotypes	74	116457	1574	1,81*	0,001152
Blocs	2	23295	11648	13,41***	0,000004
Interaction	148	128509	868		
Total	224	268261			
CV	16,22 %				

Tableau 2 : Valeurs moyennes et groupes homogènes du nombre de pieds levés au mètre carré

G.	Moy.	Groupes														
63	154,33	A														
13	156,00	A	B													
17	162,67	A	B	C												
26	173,50	A	B	C	D											
5	175,17	A	B	C	D	E										
36	176,83	A	B	C	D	E	F									
15	178,50	A	B	C	D	E	F	G								
12	181,83	A	B	C	D	E	F	G	H							
48	183,50	A	B	C	D	E	F	G	H	I						
38	184,33	A	B	C	D	E	F	G	H	I						
14	185,17	A	B	C	D	E	F	G	H	I						
75	186,00	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j					
30	186,83	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j					
39	188,50	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k				
71	189,33	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L			
16	191,83	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L			
56	194,33	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M		
52	200,17	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	
2	201,00	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	
65	201,83	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
19	204,33	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
66	204,33	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
40	204,33	A	B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
54	206,83		B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
57	206,83		B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
34	206,83		B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
27	206,83		B	C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
59	207,67			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O

67	210,17			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
53	211,00			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
69	211,00			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
9	211,83			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
60	211,83			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
50	211,83			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
55	213,50			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
45	213,50			C	D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
1	214,33				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
73	216,00				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
61	217,67				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
24	218,50				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
18	218,50				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
6	219,33				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
46	221,00				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
33	221,83				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
10	223,50				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
11	223,50				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
3	223,50				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
70	224,33				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
62	224,33				D	E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
41	226,00					E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
64	226,00					E	F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
32	227,67						F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
47	227,67						F	G	H	I	j	k	L	M	N	O
7	228,50							G	H	I	j	k	L	M	N	O
29	228,50							G	H	I	j	k	L	M	N	O
21	229,33							G	H	I	j	k	L	M	N	O
51	230,17								H	I	j	k	L	M	N	O
42	230,17								H	I	j	k	L	M	N	O
35	230,17								H	I	j	k	L	M	N	O
23	231,00								H	I	j	k	L	M	N	O
28	231,83								H	I	j	k	L	M	N	O
22	232,67								H	I	j	k	L	M	N	O
4	233,50									I	j	k	L	M	N	O
20	233,50									I	j	k	L	M	N	O
44	236,83										j	k	L	M	N	O
49	238,50											k	L	M	N	O
68	240,17												L	M	N	O
37	240,17												L	M	N	O
58	245,17													M	N	O
72	245,17													M	N	O
74	246,00														N	O
31	246,83														N	O
25	248,50														N	O
8	251,00														N	O
43	252,67															O

G. = génotypes, Moy. = moyennes

Tableau 3 : Analyse de la variance du nombre d'épis au mètre carré

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Géotypes	74	451807	6105	3,90***	0,000000
Blocs	2	164891	82446	52,61***	0,000000
Interaction	148	231921	1567		
Total	224	848619			
CV			22,37		

Tableau 4 : Valeurs moyennes et groupes homogènes du nombre d'épis au mètre carré

G.	Moy.	Groupes									
19	215,33	A									
60	215,67	A									
62	220,33	A	B								
38	229,33	A	B	C							
40	230,00	A	B	C							
10	230,00	A	B	C							
26	231,33	A	B	C	D						
68	231,33	A	B	C	D						
49	233,33	A	B	C	D	E					
44	233,33	A	B	C	D	E					
45	240,00	A	B	C	D	E	F				
35	240,00	A	B	C	D	E	F				
71	240,00	A	B	C	D	E	F				
47	240,00	A	B	C	D	E	F				
74	243,33	A	B	C	D	E	F				
57	245,00	A	B	C	D	E	F				
63	248,33	A	B	C	D	E	F	G			
34	248,33	A	B	C	D	E	F	G			
32	250,33	A	B	C	D	E	F	G			
39	251,00	A	B	C	D	E	F	G			
27	251,33	A	B	C	D	E	F	G			
54	253,33	A	B	C	D	E	F	G			
14	253,33	A	B	C	D	E	F	G			
46	257,33	A	B	C	D	E	F	G			
18	258,67	A	B	C	D	E	F	G			
48	260,00	A	B	C	D	E	F	G			
28	260,00	A	B	C	D	E	F	G			
21	260,00	A	B	C	D	E	F	G			
6	260,00	A	B	C	D	E	F	G			
25	260,00	A	B	C	D	E	F	G			
72	261,00	A	B	C	D	E	F	G			
51	261,67	A	B	C	D	E	F	G			
61	261,67	A	B	C	D	E	F	G			
55	261,67	A	B	C	D	E	F	G			

36	264,33	A	B	C	D	E	F	G				
56	266,67	A	B	C	D	E	F	G				
13	268,33	A	B	C	D	E	F	G				
75	268,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
20	269,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
5	270,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
16	273,00	A	B	C	D	E	F	G	H			
41	273,33	A	B	C	D	E	F	G	H			
65	274,33	A	B	C	D	E	F	G	H			
11	276,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
24	276,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
1	277,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
2	278,00	A	B	C	D	E	F	G	H			
42	278,00	A	B	C	D	E	F	G	H			
12	278,33	A	B	C	D	E	F	G	H			
9	278,33	A	B	C	D	E	F	G	H			
67	278,33	A	B	C	D	E	F	G	H			
15	280,00	A	B	C	D	E	F	G	H			
64	282,33	A	B	C	D	E	F	G	H			
69	283,33	A	B	C	D	E	F	G	H			
4	284,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
43	285,00	A	B	C	D	E	F	G	H			
7	286,67	A	B	C	D	E	F	G	H			
59	289,67	A	B	C	D	E	F	G	H	I		
73	290,00	A	B	C	D	E	F	G	H	I		
30	294,33	A	B	C	D	E	F	G	H	I		
22	298,67		B	C	D	E	F	G	H	I		
3	300,00		B	C	D	E	F	G	H	I		
50	302,00		B	C	D	E	F	G	H	I		
70	303,33			C	D	E	F	G	H	I	J	
17	309,00			C	D	E	F	G	H	I	J	
31	310,00			C	D	E	F	G	H	I	J	
33	313,67				D	E	F	G	H	I	J	
66	316,00					E	F	G	H	I	J	
37	316,67						F	G	H	I	J	
58	330,00							G	H	I	J	
8	330,33							G	H	I	J	
23	351,33								H	I	J	
52	371,33									I	J	
53	385,67										J	
29	537,00											K

G. = génotypes, Moy. = moyennes

30	44,43		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N				
52	44,57		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O			
74	44,77		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
3	44,83		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
35	44,97		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
66	45,30			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
9	45,30			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
10	45,33			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
47	45,53			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
61	45,70			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
22	45,87			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	
41	46,10			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	
16	46,10			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	
4	46,27			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	
40	46,43			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	
2	46,47			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
57	46,47			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
43	46,73			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
14	46,93			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
21	46,97			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
20	47,20				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
60	48,20					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
71	48,70						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
58	48,80						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
75	48,87						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
48	49,10							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
7	49,33								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
64	49,63								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
44	49,77								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
46	49,87									I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
26	50,20										J	K	L	M	N	O	P	Q	R
23	50,57											K	L	M	N	O	P	Q	R
55	50,60												L	M	N	O	P	Q	R
36	50,93													M	N	O	P	Q	R
65	51,93														N	O	P	Q	R
54	52,00														N	O	P	Q	R
68	52,17															O	P	Q	R
73	52,20															O	P	Q	R
63	52,37																P	Q	R
56	53,40																	Q	R
45	54,13																		R

G. = génotypes, Moy. = moyennes

Tableau 7 : Analyse de la variance du poids de mille grains

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Géotypes	74	8440,4	114,1	108,8***	0,00000
Blocs	2	415,6	207,8	198,3***	0,00000
Interaction	148	155,1	1,0		
Total	224	9011,0			
CV	13,88 %				

Tableau 9 : Analyse de la variance de la biomasse aérienne

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	22599	305	0,761 ns	0,904700
Blocs	2	31738	15869	39,545***	0,000000
Interaction	148	59391	401		
Total	224	113729			
CV	17,55 %				

Tableau 10 : Valeurs moyennes de la biomasse aérienne

Génotypes	Moyennes
19	108,33
14	108,54
32	110,00
6	111,67
68	111,67
13	112,08
74	112,29
17	112,92
60	113,13
48	113,75
66	117,92
20	118,75
54	118,96
46	120,00
39	120,42
28	121,04
10	121,25
5	121,46
11	121,88
43	122,92
35	123,54
45	123,75
38	123,75
49	123,96
15	124,38
7	125,21
62	125,42
23	125,42
42	125,63
2	125,83
75	126,00
29	126,25
34	126,46
59	127,50
27	128,13
55	128,13

22	128,54
71	128,54
3	128,54
18	128,75
61	129,58
8	129,79
4	129,79
57	130,00
69	130,21
47	130,21
9	131,04
1	131,25
12	131,46
40	132,08
37	132,92
53	133,33
26	133,33
16	133,54
21	133,54
64	133,75
67	133,96
72	134,17
41	134,79
52	136,25
58	136,88
25	137,08
36	137,50
73	137,92
56	139,17
63	140,00
70	140,21
65	140,83
51	142,71
24	143,33
44	144,38
30	145,63
31	148,13
33	150,00
50	155,63

Tableau 11 : Analyse de la variance du rendement en grain estimé

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	12602,3	170,3	1,778*	0,001600
Blocs	2	4616,2	2308,1	24,094***	0,000000
Interaction	148	14177,8	95,8		
Total	224	31396,3			
CV	21,28 %				

Tableau 12: Valeurs moyennes et groupes homogènes du rendement en grain estimé

G.	Moy.	Groupes													
19	40,41	A													
63	40,79	A	B												
66	40,80	A	B												
38	41,36	A	B	C											
75	41,77	A	B	C	D										
29	42,21	A	B	C	D	E									
14	42,42	A	B	C	D	E	F								
15	43,16	A	B	C	D	E	F	G							
40	44,59	A	B	C	D	E	F	G	H						
47	45,24	A	B	C	D	E	F	G	H	I					
34	48,00	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J				
39	48,47	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K			
17	48,55	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K			
11	48,59	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K			
10	49,45	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
13	49,54	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
44	49,71	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
62	49,98	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
74	50,02	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L		
71	51,00	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	
60	51,25	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	
20	52,07	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	
5	52,38	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
27	52,42	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
6	53,25	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
53	53,65	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
70	53,82	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
51	53,92	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
69	54,63	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
2	54,74	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
49	54,88	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
48	55,24	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
65	55,59	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
52	55,59	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
12	55,61	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N

32	55,62	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
3	55,75	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
9	55,75	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
61	56,37	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
16	56,51	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
43	56,80	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
7	56,82	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
18	56,84	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
1	57,39	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
68	57,39	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
35	57,63	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
22	57,95	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
4	58,31	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
72	58,72		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
56	58,83		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
33	58,84		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
45	59,35			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
26	59,56				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
57	59,90					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
59	59,94					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
25	60,22					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
28	60,47						F	G	H	I	J	K	L	M	N
55	60,52							G	H	I	J	K	L	M	N
31	61,57								H	I	J	K	L	M	N
67	62,84									I	J	K	L	M	N
36	63,41										J	K	L	M	N
46	63,47										J	K	L	M	N
23	63,53										J	K	L	M	N
30	63,64										J	K	L	M	N
50	63,77										J	K	L	M	N
8	64,06										J	K	L	M	N
54	65,11										J	K	L	M	N
42	65,97										J	K	L	M	N
41	65,99										J	K	L	M	N
24	66,31											K	L	M	N
64	67,12												L	M	N
21	68,14													M	N
58	68,19													M	N
73	68,73													M	N
37	70,33														N

G. = génotypes, Moy. = moyennes

Tableau 13 : Analyse de la variance du rendement en grain

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	7733,8	104,5	1,836**	0,000919
Blocs	2	5379,9	2689,9	47,259***	0,000000
Interaction	148	8424,0	56,9		
Total	224	21537,7			
CV	19,94 %				

Tableau 14 : Valeurs moyennes et groupes homogènes du rendement en grain

G.	Moy.	Groupes									
47	32,67	A									
19	35,17	A	B								
60	37,04	A	B	C							
68	40,17	A	B	C	D						
75	40,58	A	B	C	D	E					
74	41,83	A	B	C	D	E	F				
32	42,04	A	B	C	D	E	F				
14	42,04	A	B	C	D	E	F				
39	42,67	A	B	C	D	E	F	G			
46	42,67	A	B	C	D	E	F	G			
13	42,88	A	B	C	D	E	F	G			
5	42,88	A	B	C	D	E	F	G			
54	43,29	A	B	C	D	E	F	G	H		
40	43,71	A	B	C	D	E	F	G	H		
66	43,71	A	B	C	D	E	F	G	H		
71	43,71	A	B	C	D	E	F	G	H		
63	43,92	A	B	C	D	E	F	G	H		
45	44,13	A	B	C	D	E	F	G	H		
6	44,33	A	B	C	D	E	F	G	H		
10	44,33	A	B	C	D	E	F	G	H		
7	44,54	A	B	C	D	E	F	G	H		
48	45,17	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
38	45,58	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
2	46,00	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
11	46,00	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
17	46,63	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
62	46,83	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
20	47,25	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
12	47,67	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
22	47,67	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
49	47,88	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
61	47,88	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
44	48,08	A	B	C	D	E	F	G	H	I	
55	48,29		B	C	D	E	F	G	H	I	
35	48,92		B	C	D	E	F	G	H	I	

70	48,92		B	C	D	E	F	G	H	I
34	49,75		B	C	D	E	F	G	H	I
69	50,17		B	C	D	E	F	G	H	I
4	50,17		B	C	D	E	F	G	H	I
26	50,58		B	C	D	E	F	G	H	I
9	50,58		B	C	D	E	F	G	H	I
8	50,79			C	D	E	F	G	H	I
18	50,79			C	D	E	F	G	H	I
36	50,79			C	D	E	F	G	H	I
15	51,00			C	D	E	F	G	H	I
72	51,21			C	D	E	F	G	H	I
28	51,42			C	D	E	F	G	H	I
27	51,83			C	D	E	F	G	H	I
53	52,25			C	D	E	F	G	H	I
51	52,25			C	D	E	F	G	H	I
43	52,46			C	D	E	F	G	H	I
16	52,67				D	E	F	G	H	I
65	52,88				D	E	F	G	H	I
56	53,08				D	E	F	G	H	I
73	53,08				D	E	F	G	H	I
67	53,50				D	E	F	G	H	I
3	53,50				D	E	F	G	H	I
25	54,13				D	E	F	G	H	I
57	54,13				D	E	F	G	H	I
42	54,33				D	E	F	G	H	I
21	54,33				D	E	F	G	H	I
1	54,96				D	E	F	G	H	I
29	55,38				D	E	F	G	H	I
59	55,38				D	E	F	G	H	I
41	55,79					E	F	G	H	I
24	56,42						F	G	H	I
23	56,83						F	G	H	I
64	57,04						F	G	H	I
50	57,04						F	G	H	I
52	57,67							G	H	I
31	57,88							G	H	I
33	58,08							G	H	I
37	58,08							G	H	I
30	58,71								H	I
58	60,17									I

G. = génotypes, Moy. = moyennes

Tableau 15 : Analyse de la variance de l'indice de récolte

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	0,69135	0,00934	2,34***	0,000006
Blocs	2	0,00660	0,00330	0,83	0,439316
Interaction	148	0,59087	0,00399		
Total	224	1,28882			
CV	17,399 %				

Tableau 16 : Valeurs moyennes et groupes homogènes de l'indice de récolte

G.	Moy.	Groupes																			
63	0,294	A																			
47	0,333	A	B																		
38	0,334	A	B																		
29	0,335	A	B																		
40	0,338	A	B	C																	
44	0,338	A	B	C	D																
15	0,349	A	B	C	D	E															
66	0,350	A	B	C	D	E															
75	0,354	A	B	C	D	E	F														
19	0,372	A	B	C	D	E	F	G													
51	0,378	A	B	C	D	E	F	G	H												
34	0,381	A	B	C	D	E	F	G	H												
70	0,385	A	B	C	D	E	F	G	H												
65	0,390	A	B	C	D	E	F	G	H	I											
33	0,394	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J										
14	0,395	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J										
71	0,396		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K									
62	0,397		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K									
11	0,400		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L								
39	0,403		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M							
53	0,404		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N						
50	0,406		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O					
52	0,410		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
69	0,410		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
10	0,412		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
27	0,413		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
31	0,417		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
16	0,424		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q			
56	0,425		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q			
9	0,426		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
12	0,426		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
17	0,428		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	
5	0,431		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	
3	0,432		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	
25	0,433		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	
61	0,434		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	
1	0,438			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	
2	0,438			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	

18	0,439			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S			
20	0,440				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S			
49	0,440				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S			
30	0,441					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S			
13	0,444					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T		
74	0,448					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T		
26	0,449					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T		
60	0,449					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T		
72	0,449					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T		
4	0,454						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T		
22	0,455						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
24	0,459							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
57	0,460							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
36	0,460							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
43	0,468							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
59	0,470							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
55	0,470							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
35	0,471							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
67	0,473							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
6	0,477								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
45	0,480								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
41	0,490									I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
48	0,492										J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
64	0,492										J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
8	0,494										J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
73	0,497											K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
28	0,500												L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
7	0,504													M	N	O	P	Q	R	S	T	U	
23	0,506														N	O	P	Q	R	S	T	U	
58	0,507															O	P	Q	R	S	T	U	
32	0,509																P	Q	R	S	T	U	
21	0,510																	P	Q	R	S	T	U
68	0,523																		Q	R	S	T	U
37	0,527																			R	S	T	U
46	0,528																				S	T	U
42	0,544																					T	U
54	0,556																						U

G. = génotypes, Moy. = moyennes

Tableau 17 : Analyse de la variance de la hauteur de la tige

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	4925	67	1,17 ns	0,208754
Blocs	2	1142	571	10,04***	0,000081

Interaction	148	8413	57		
Total	224	14480			
CV	9,37 %				

Tableau 18 : Valeurs moyennes pour la hauteur de la tige

Génotypes	Moyennes
29	70,75
75	78,19
13	78,40
10	79,54
68	80,03
21	80,91
70	81,27
23	81,34
54	81,35
37	81,53
19	81,72
48	81,78
7	81,85
6	81,89
14	81,95
58	82,11
46	82,29
63	82,71
64	82,91
69	83,41
12	83,57
8	83,59
15	83,89
50	84,02
36	84,12
45	84,27
42	84,27
60	84,32
52	84,69
16	84,81
65	84,85
28	84,94
55	85,10
38	85,18
32	85,30
61	85,52
74	86,11
35	86,12
11	86,13
56	86,19
73	86,20

39	86,37
71	86,41
17	86,63
20	86,66
43	86,74
27	86,85
41	87,08
67	87,09
66	87,41
49	87,42
26	87,47
5	87,51
72	87,58
44	87,65
53	87,76
24	88,06
9	88,12
22	88,14
18	88,36
59	88,49
51	88,51
30	88,61
25	88,73
34	88,82
47	89,29
62	89,38
57	89,68
1	90,15
2	91,20
4	91,27
31	92,36
33	92,79
3	94,45
40	110,12

Tableau 19 : Analyse de la variance de la longueur de l'épi

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	218,45	2,95	3,56***	0,000000
Blocs	2	0,58	0,29	0,35	0,704429

Interaction	148	122,65	0,83		
Total	224	341,68			
CV	16,07 %				

Tableau 20 : Valeurs moyennes et groupes homogènes pour la longueur de l'épi

G.	Moy.	Groupes																	
52	5,61	A																	
65	5,75	A	B																
64	5,76	A	B																
63	5,83	A	B																
9	5,96	A	B	C															
23	6,08	A	B	C	D														
66	6,19	A	B	C	D	E													
53	6,39	A	B	C	D	E	F												
7	6,73	A	B	C	D	E	F	G											
74	6,74	A	B	C	D	E	F	G											
17	6,75	A	B	C	D	E	F	G											
15	6,75	A	B	C	D	E	F	G											
5	6,83	A	B	C	D	E	F	G	H										
33	6,86	A	B	C	D	E	F	G	H	I									
70	6,87	A	B	C	D	E	F	G	H	I									
2	6,91	A	B	C	D	E	F	G	H	I									
6	6,98	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J								
14	7,17		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K							
75	7,18		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K							
13	7,20		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K							
50	7,33			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L						
12	7,38			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L						
59	7,38			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L						
22	7,39			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L						
30	7,40			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L						
32	7,43				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M					
48	7,44				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M					
8	7,45				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M					
51	7,48				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M					
69	7,51				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N				
11	7,52				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N				
27	7,53				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N				
16	7,58					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O			
19	7,58					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O			
42	7,58					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O			
24	7,59					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O			
67	7,60					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O			
31	7,64					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
1	7,65						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
28	7,67						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		
57	7,68						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P		

18	7,71					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
62	7,72					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
49	7,73					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
43	7,73					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P				
35	7,76					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q			
25	7,79					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
72	7,81					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
34	7,83					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
41	7,85					F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
4	7,85						G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
3	7,86						G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
37	7,88						G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
10	7,89						G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
21	7,94						G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
20	8,23							H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
58	8,24							H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
61	8,31								I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
40	8,40									J	K	L	M	N	O	P	Q	R		
38	8,48										K	L	M	N	O	P	Q	R		
29	8,59										K	L	M	N	O	P	Q	R		
26	8,60										K	L	M	N	O	P	Q	R		
68	8,70											L	M	N	O	P	Q	R		
44	8,73											L	M	N	O	P	Q	R		
46	8,76											L	M	N	O	P	Q	R		
36	8,87												M	N	O	P	Q	R		
73	8,95													N	O	P	Q	R	S	
60	8,96													N	O	P	Q	R	S	
54	9,03														O	P	Q	R	S	
55	9,08															P	Q	R	S	
71	9,09															P	Q	R	S	
45	9,20																Q	R	S	
56	9,24																	R	S	
47	10,34																		S	T
39	10,90																			T

G. = génotypes, Moy. = moyennes

Tableau 21 : Analyse de la variance de la longueur du col de l'épi

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	1411,95	19,08	5,17***	0,000000
Blocs	2	0,95	0,47	0,13 ns	0,879565

Interaction	148	545,74	3,69		
Total	224	1958,64			
CV	14,06 %				

Tableau 22 : Valeurs moyennes et groupes homogènes de la longueur du col de l'épi

G.	Moy.	Groupes																										
70	16,13	A																										
75	16,65	A	B																									
40	17,08	A	B	C																								
50	17,32	A	B	C	D																							
69	17,49	A	B	C	D	E																						
39	17,93	A	B	C	D	E	F																					
10	18,07	A	B	C	D	E	F	G																				
36	18,08	A	B	C	D	E	F	G																				
37	18,31	A	B	C	D	E	F	G	H																			
46	18,41	A	B	C	D	E	F	G	H	I																		
68	18,52	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J																	
61	18,70	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K																
55	18,87	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L															
13	18,98	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M														
38	19,04	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N													
47	19,10	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N													
60	19,24		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N													
54	19,27		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O												
45	19,29		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O												
21	19,34		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O												
27	19,57		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P											
5	19,71		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q										
51	19,72		B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q										
44	19,75			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R									
25	19,79			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R									
15	20,08			C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S								
56	20,19				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S								
58	20,22				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T							

19	20,30				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
30	20,34				D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
6	20,45					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
2	20,53					E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
71	20,59						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
22	20,64						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
32	20,68						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
9	20,75						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
67	20,84						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
43	20,84						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
31	20,93						F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
16	21,05							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
7	21,09							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
73	21,12							G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
59	21,19								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
26	21,26								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
65	21,31								H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
52	21,43									I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
34	21,48									I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
74	21,57										J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
28	21,66											K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
66	21,71											K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
11	21,92												L	M	N	O	P	Q	R	S	T					
35	22,02													M	N	O	P	Q	R	S	T					
72	22,03													M	N	O	P	Q	R	S	T					
42	22,05													M	N	O	P	Q	R	S	T					
24	22,10														N	O	P	Q	R	S	T	U				
53	22,34															O	P	Q	R	S	T	U	V			
48	22,49																P	Q	R	S	T	U	V			
18	22,50																P	Q	R	S	T	U	V			
1	22,53																P	Q	R	S	T	U	V	W		

Tableau 23 : Analyse de la variance de la longueur des barbes

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Génotypes	74	188,81	2,55	8,6***	0,000000
Blocs	2	10,40	5,20	17,5***	0,000000
Interaction	148	43,99	0,30		
Total	224	243,19			
CV				8,39 %	

APPENDICE D

MATRICE DE CORRELATION

	NPM	NEM	BA	HT	LE	LC	LB	NGE	PMG	RR	RE	IR
NPM	1,0000											
NEM	0,0628	1,0000										
BA	0,0976	0,5753***	1,0000									
HT	0,1090	0,1111	0,3983***	1,0000								
LE	0,0060	-0,1753*	-0,0115	0,0088	1,0000							
LC	0,1190	0,2006*	0,0955	0,1796*	-0,263***	1,0000						
LB	0,1414*	-0,1818*	-0,0252	0,1312*	-0,2191**	0,3707***	1,0000					
NGE	-0,0221	-0,374***	-0,0574	0,0034	0,1505*	-0,0321	-0,0027	1,0000				
PMG	0,2217**	-0,2162**	0,0734	0,0877	0,2464***	-0,0830	0,3150***	-0,1657*	1,0000			
RR	0,0759	0,6826***	0,8068***	0,2591***	-0,1274	0,2215**	0,0460	-0,1503*	0,1578*	1,0000		
RE	0,1659*	0,4994***	0,6448***	0,2538***	0,0821	0,0939	0,1054	0,2701***	0,3663***	0,7162***	1,0000	
IR	0,1277	0,0537	-0,1899*	-0,0724	0,0817	0,0388	0,1592*	0,4389***	0,3603***	0,0729	0,6081***	1,0000

APPENDICE E

TABLEAUX D'ANALYSE DE LA VARIANCE ET DES MOYENNES DES DIFFERENTS CARACTERES ETUDIES

(PARTIE INTERACTION GENOTYPE X MILIEU)

Tableau 1 : Analyse de la variance du nombre de pieds levés par mètre carré

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	280358	140179	119,46***	0,000000
Génotypes	62	104407	1684	1,44*	0,028759
Blocs	2	43218	21609	18,42***	0,000000
Génotype*Environnement	124	158519	1278	1,09 ns	0,284338
Environnement*Bloc	4	5086	1272	1,08	0,365094
Génotype*Bloc	124	105876	854	0,73	0,976414
Interaction (G * E * B)	248	291001	1173		
Total	566	988466			
CV				18,56 %	

Tableau 2 : Analyse de la variance du nombre d'épis par mètre carré

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	97201	48601	17,04***	0,000000
Génotypes	62	415166	6696	2,35***	0,000002
Blocs	2	154221	77111	27,03***	0,000000
Génotype*Environnement	124	584037	4710	1,65**	0,000461
Environnement*Bloc	4	357156	89289	31,30	0,000000
Génotype*Bloc	124	385039	3105	1,09	0,285982
Interaction (G * E * B)	248	707364	2852		
Total	566	2700184			
CV				25,63 %	

Tableau 3 : Analyse de la variance du nombre de grain par épi

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	14985,9	7493,0	484,71***	0,000000
Génotypes	62	4830,8	77,9	5,04***	0,000000
Blocs	2	626,5	313,2	20,26***	0,000000
Génotype*Environnement	124	3369,5	27,2	1,76***	0,000095
Environnement*Bloc	4	552,6	138,1	8,94	0,000001
Génotype*Bloc	124	2430,2	19,6	1,27	0,059455
Interaction (G * E * B)	248	3833,7	15,5		
Total	566	30629,2			
CV				18,61 %	

Tableau 4 : Analyse de la variance du poids de mille grains

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	6899	3450	528,5***	0,000000
Génotypes	62	15003	242	37,1***	0,000000
Blocs	2	135	68	10,4***	0,000048
Génotype*Environnement	124	2768	22	3,4***	0,000000
Environnement*Bloc	4	458	115	17,6	0,000000
Génotype*Bloc	124	739	6	0,9	0,713925
Interaction (G * E * B)	248	1619	7		
Total	566	27622			
CV				14,31 %	

Tableau 5 : Analyse de la variance de la biomasse aérienne

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	285432	142716	465,74***	0,000000
Génotypes	62	36819	594	1,94**	0,000203
Blocs	2	7806	3903	12,74****	0,000005
Génotype*Environnement	124	43848	354	1,15 ns	0,172676
Environnement*Bloc	4	46125	11531	37,63	0,000000
Génotype*Bloc	124	42656	344	1,12	0,222313
Interaction (G * E * B)	248	75995	306		
Total	566	538680			
CV				31,59 %	

Tableau 6 : Analyse de la variance du rendement en grain estimé

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	6269	3134	21,77***	0,000000
Génotypes	62	27030	436	3,03***	0,000000
Blocs	2	6980	3490	24,24***	0,000000
Génotype*Environnement	124	28726	232	1,61**	0,000845
Environnement*Bloc	4	16797	4199	29,17	0,000000
Génotype*Bloc	124	17584	142	0,98	0,531813
Interaction (G * E * B)	248	35705	144		
Total	566	139092			
CV				30,47 %	

Tableau 7 : Analyse de la variance du rendement en grain réel

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	89277,1	44638,6	1065,48***	0,000000
Génotypes	62	8144,5	131,4	3,14***	0,000000
Blocs	2	796,6	398,3	9,51**	0,000105
Génotype*Environnement	124	8635,7	69,6	1,66**	0,000393
Environnement*Bloc	4	13052,8	3263,2	77,89	0,000000
Génotype*Bloc	124	5532,1	44,6	1,06	0,336421
Interaction (G * E * B)	248	10390,0	41,9		
Total	566	135828,8			
CV				47,40 %	

Tableau 8 : Analyse de la variance de l'indice de récolte

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	1,6823	0,8412	32,367***	0,000000
Génotypes	62	3,2145	0,0518	1,995**	0,000108
Blocs	2	0,6489	0,3244	12,484***	0,000007
Génotype*Environnement	124	5,0915	0,0411	1,580*	0,001272
Environnement*Bloc	4	1,1179	0,2795	10,753	0,000000
Génotype*Bloc	124	3,5584	0,0287	1,104	0,255533
Interaction (G * E * B)	248	6,4451	0,0260		
Total	566	21,7585			
CV				42,834 %	

Tableau 9 : Analyse de la variance de la hauteur de la tige

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	20322	10161	268,7***	0,000000
Génotypes	62	8864	143	3,8***	0,000000
Blocs	2	136	68	1,8	0,167049
Génotype*Environnement	124	6417	52	1,4*	0,019619
Environnement*Bloc	4	1528	382	10,1	0,000000
Génotype*Bloc	124	3682	30	0,8	0,935067
Interaction (G * E * B)	248	9380	38		
Total	566	50329			
CV				10,52 %	

Tableau 10 : Analyse de la variance de la longueur de l'épi

Sources de variation	ddl	SCE	CM	F	P
Environnement	2	184,48	92,24	265,00***	0,000000
Génotypes	62	336,29	5,42	15,58***	0,000000
Blocs	2	6,71	3,35	9,63***	0,000094
Génotype*Environnement	124	80,83	0,65	1,87***	0,000016
Environnement*Bloc	4	26,04	6,51	18,71	0,000000
Génotype*Bloc	124	59,98	0,48	1,39	0,015194
Interaction (G * E * B)	248	86,32	0,35		
Total	566	780,67			
CV				17,09 %	

Tableau 11: Classement des moyennes des géotypes des différents caractères étudiés.

Cls.	NPM		NEM		NGE		PMG		BA		RE		RR		IR		HT		LE	
	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.	G.	Moy.
1	P87 L3	249,28	277 a L4	343,72	15/14/10 L1	47,02	P46 L2	56,50	18/17/7 L1	112,71	18/17/7 L1	70,09	18/17/7 L1	41,95	P44 L4	0,910	DH130 L5	97,03	15/14/10 L1	08,21
2	15/14/19c L1	249,22	P44 L4	335,19	P44 L4	46,13	P35 L3	56,21	P48 L2	110,78	P44 L4	63,17	P44 L4	39,05	277 a L4	0,560	P46 L2	96,94	DH130 L1	08,15
3	P99 L3	248,67	277 a L2	326,56	18/17/7 L1	44,42	P1 L2	55,94	P46 L1	110,37	P79 L2	63,12	15/14/19c L1	38,47	15/14/19c L1	0,539	P1 L2	96,79	DH196 b L4	08,05
4	18/3/2 b L1	247,83	15/14/19c L1	323,33	DH48 L2	44,11	Rihane L2	55,49	P46 L2	108,97	277 b L3	61,79	18/17/7 L2	38,35	226 a L1	0,536	P2 L1	95,89	DH48 L2	08,00
5	P8 L2	247,28	18/17/7 L1	322,44	18/17/2 L4	43,88	15/14/14 L2	55,44	P87 L3	108,19	15/14/10 L1	61,21	P48 L2	38,17	18/17/7 L1	0,536	P6 L2	95,82	DH202 L1	07,94
6	3/17/1/2b L2	242,56	P87 L3	314,44	18/17/7 L2	43,56	P46 L1	54,92	18/17/7 L2	107,30	15/14/19c L1	60,01	P46 L1	37,84	15/14/10 L1	0,526	P87 L3	95,28	18/3/2 b L1	07,94
7	P44 L4	240,22	P87 L1	299,72	P6 L2	43,44	DH167 L1	54,45	DH167 L1	106,99	DH196 b L6	58,91	DH167 L1	37,73	P79 L2	0,512	DH167 L1	94,98	277 b L3	07,91
8	DH202 L1	238,94	P79 L2	295,28	3/17/1/2b L2	43,31	P79 L2	54,30	P87 L1	106,81	P87 L1	58,75	P87 L3	37,38	DH167 L1	0,508	P46 L1	94,86	3/17/1/2b L2	07,83
9	3/17/2 a L1	238,67	277 b L3	293,33	DH196 b L4	43,18	P48 L2	54,06	P5 L2	106,42	P87 L3	58,46	DH29 L2	37,37	DH29 L2	0,506	P99 L3	94,62	DH196 b L6	07,73
10	DH167 L2	237,83	15/14/19c L3	291,56	277 a L4	42,52	DH167 L2	54,06	3/17/1/2b L2	106,01	Rihane L2	58,37	277 a L2	36,94	18/17/7 L2	0,503	DH3 L1	94,12	15/14/19c L1	07,72
11	P35 L3	237,28	DH196 b L6	288,56	277 b L3	42,08	P79 L1	53,57	DH167 L2	104,95	15/14/14 L2	57,75	P79 L2	36,70	P33 L4	0,501	15/14/14 L2	93,97	DH48 L1	07,68
12	DH196 b L6	237,00	18/17/7 L2	287,83	P48 L2	42,04	P84 L1	53,42	15/14/14 L2	104,93	P46 L2	57,70	P35 L3	36,30	15/14/14 L2	0,497	P7 L2	93,76	DH196 a L2	07,66
13	P46 L2	236,61	Rihane L1	287,28	15/14/14 L2	42,03	DH3 L2	53,16	226 b L2	104,58	P35 L3	57,38	15/14/14 L2	36,30	P35 L3	0,488	P87 L1	93,60	3/17/2 a L1	07,60
14	18/17/7 L1	236,44	DH29 L2	285,44	DH130 L5	41,98	P99 L2	52,87	P35 L3	104,14	P46 L1	57,03	277 a L4	36,12	P48 L2	0,487	P6 L3	93,48	P48 L2	07,52
15	277 a L4	236,17	P7 L4	284,44	3/17/2 a L1	41,58	DH3 L1	52,63	15/14/19c L1	103,72	3/17/1/2b L2	56,70	P87 L1	35,96	P2 L1	0,487	P79 L2	93,47	DH130 L5	07,50
16	277 b L3	235,61	P41 L2	283,33	P33 L4	41,54	18/17/2 L3	52,03	18/3/2 b L2	103,58	DH29 L2	56,52	15/14/19c L3	35,48	P6 L2	0,485	DH167 L2	93,24	DH29 L2	07,49
17	18/17/7 L2	235,33	DH167 L2	279,61	18/3/2 b L1	41,49	277 b L3	51,45	18/3/2 b L1	103,50	18/17/7 L2	56,22	P46 L2	35,28	Rihane L2	0,485	P79 L1	93,00	18/3/2 b L2	07,42
18	P79 L2	234,50	Rihane L2	278,61	P35 L4	41,33	P87 L1	51,43	DH196 b L4	103,42	15/14/19c L3	56,21	P84 L1	34,92	P84 L1	0,482	P35 L4	92,21	15/14/14 L2	07,41
19	Rihane L1	234,22	P21 L2	278,33	DH202 L1	41,26	15/14/10 L1	50,83	P84 L1	103,35	P48 L2	56,13	P1 L2	34,64	277 a L2	0,480	DH130 L1	92,14	P6 L2	07,36
20	DH29 L2	233,72	P2 L1	277,78	Rihane L1	41,26	P87 L3	50,78	DH48 L2	102,92	226 a L1	55,91	Rihane L2	34,55	15/14/19c L3	0,476	Rihane L2	91,88	P79 L1	07,18
21	P6 L3	232,56	P99 L3	276,78	15/14/19c L1	41,23	P12 L2	50,71	P1 L2	102,65	P2 L1	55,18	226 b L2	34,46	P16 L3	0,474	18/17/2 L3	91,72	P79 L2	07,15
22	P5 L2	232,56	18/17/2 L3	275,94	P2 L1	41,20	P41 L2	50,56	DH29 L2	102,60	18/3/2 b L1	54,70	3/17/1/2b L2	34,35	P46 L1	0,472	P48 L2	91,03	P6 L3	07,14
23	DH196 a L2	231,72	3/17/1/2b L2	275,56	DH196 a L2	41,16	P7 L4	50,52	277 b L3	102,52	DH167 L2	53,99	DH130 L5	33,91	3/17/2 a L1	0,472	P11 L3	90,99	P25 L2	07,14
24	P2 L1	230,61	226 a L1	275,00	226 a L1	40,90	DH29 L2	50,45	15/14/19c L3	102,50	P1 L2	53,19	P99 L3	33,53	DH130 L5	0,471	DH3 L2	90,96	P35 L4	07,13

25	18/17/2 L3	230,06	P8 L2	274,83	P25 L2	40,88	18/17/7 L1	50,09	P79 L2	102,44	DH167 L1	52,81	P2 L1	33,30	P8 L2	0,466	P33 L4	90,83	Rihane L2	07,12
26	DH130 L5	229,50	P6 L2	274,44	DH196 b L6	40,86	DH196 b L6	50,06	DH196 a L2	101,90	DH196 b L4	52,32	P79 L1	33,28	P99 L2	0,466	P84 L1	90,83	P1 L2	07,11
27	P84 L1	229,50	DH130 L1	274,22	P79 L1	40,37	226 a L1	50,06	P99 L3	101,70	P7 L4	51,94	P25 L2	33,22	P87 L3	0,464	DH196 a L2	90,80	P33 L4	07,09
28	DH48 L1	228,11	18/3/2 b L2	274,17	277 a L2	40,19	15/14/19c L3	50,02	DH130 L5	101,55	DH48 L2	51,52	DH167 L2	33,04	P7 L2	0,460	226 b L2	90,12	DH3 L1	07,04
29	DH196 b L4	227,83	P6 L3	273,22	P79 L2	39,56	18/3/2 b L1	49,92	P6 L3	100,40	P6 L2	51,36	P6 L2	32,80	P25 L2	0,459	P12 L2	89,85	P84 L1	07,00
30	P35 L4	227,56	226 b L2	272,61	P6 L3	39,41	226 b L2	49,89	Rihane L2	100,02	3/17/2 a L1	51,17	P21 L2	32,70	18/17/2 L4	0,456	18/17/2 L4	89,36	DH167 L1	06,99
31	DH167 L1	227,56	P46 L1	271,94	DH48 L1	39,27	P12 L3	49,31	277 a L2	98,86	P84 L1	51,12	18/3/2 b L2	32,50	226 b L2	0,452	277 a L4	89,35	P41 L2	06,99
32	DH3 L2	227,39	P46 L2	270,83	P87 L1	39,24	P7 L2	49,07	P2 L1	97,88	277 a L4	50,86	DH196 b L4	32,43	P1 L2	0,450	DH202 L1	89,21	DH3 L2	06,96
33	P7 L4	224,50	P35 L4	269,00	DH29 L2	39,20	DH196 b L4	49,05	DH130 L1	97,49	P35 L4	50,83	15/14/10 L1	32,38	P7 L4	0,449	P12 L3	89,14	P35 L3	06,95
34	P33 L4	224,50	P5 L2	266,67	P35 L3	38,87	P5 L2	48,72	15/14/10 L1	97,22	DH48 L1	50,79	P33 L4	32,17	DH196 b L6	0,448	P7 L4	89,04	P46 L1	06,88
35	P1 L2	223,94	P1 L2	265,89	P21 L1	38,77	P11 L3	48,69	P79 L1	96,67	DH196 a L2	50,78	P5 L2	31,95	Rihane L1	0,448	15/14/10 L1	88,97	P46 L2	06,87
36	226 b L2	223,39	P35 L3	264,72	15/14/19c L3	38,67	P25 L2	48,69	P21 L2	96,38	DH3 L1	50,32	DH3 L1	31,69	DH48 L2	0,446	P25 L2	88,78	226 b L2	06,80
37	18/3/2 b L2	223,39	DH48 L1	263,39	DH130 L1	38,57	DH48 L1	48,67	P11 L3	96,13	P33 L4	50,22	226 a L1	31,57	P79 L1	0,445	3/17/1/2b L2	88,65	P87 L1	06,78
38	P41 L2	222,83	P84 L1	262,56	DH167 L1	38,46	DH130 L1	48,54	DH196 b L6	95,65	18/17/2 L3	50,09	277 b L3	31,55	P46 L2	0,443	DH48 L2	88,48	P87 L3	06,78
39	DH130 L1	222,28	DH196 a L2	260,56	18/3/2 b L2	38,37	DH196 a L2	48,48	P12 L3	95,52	18/3/2 b L2	50,03	3/17/2 a L1	31,43	277 b L3	0,442	P35 L3	88,12	P12 L3	06,73
40	15/14/10 L1	222,00	DH3 L1	260,00	P11 L3	38,32	18/3/2 b L2	48,44	18/17/2 L3	95,15	DH130 L1	49,89	DH196 a L2	31,23	3/17/1/2b L2	0,441	DH196 b L4	88,09	P99 L2	06,73
41	P12 L2	221,44	18/3/2 b L1	259,39	Rihane L2	38,16	DH48 L2	48,21	P41 L2	95,13	226 b L2	49,43	DH48 L2	31,20	DH196 b L4	0,439	15/14/19c L3	88,02	P16 L3	06,71
42	226 a L1	220,06	DH167 L1	258,06	P16 L3	38,14	P2 L1	48,16	DH202 L1	94,75	P79 L1	49,07	DH48 L1	31,18	P35 L4	0,438	18/3/2 b L1	88,00	15/14/19c L3	06,68
43	P48 L2	219,78	P7 L2	257,44	DH3 L2	37,89	P16 L3	48,14	P25 L2	94,72	P6 L3	49,04	P11 L3	31,02	P87 L1	0,433	P21 L2	87,79	DH167 L2	06,63
44	277 a L2	218,94	15/14/10 L1	256,83	P99 L2	37,46	P33 L1	48,13	DH3 L1	94,67	P99 L3	48,84	P6 L3	30,79	P41 L2	0,429	3/17/2 a L1	87,67	226 a L1	06,63
45	P12 L3	218,11	P33 L4	254,06	P46 L1	37,44	P33 L4	48,12	P35 L4	94,00	P41 L2	48,82	P35 L4	30,75	DH48 L1	0,428	P5 L2	87,20	P12 L2	06,62
46	P87 L1	217,22	3/17/2 a L1	253,06	P87 L3	37,33	3/17/2 a L1	48,07	277 a L4	93,85	P99 L2	48,72	P41 L2	30,74	DH3 L1	0,424	18/17/7 L1	87,18	18/17/2 L3	06,62
47	DH3 L1	216,17	DH196 b L4	251,11	P46 L2	37,27	P99 L3	47,48	DH48 L1	93,16	DH3 L2	48,44	DH196 b L6	30,54	DH167 L2	0,423	18/17/7 L2	87,12	P33 L1	06,48
48	P25 L2	215,33	15/14/14 L2	250,00	DH3 L1	37,17	3/17/1/2b L2	47,32	DH3 L2	91,35	DH130 L5	47,87	Rihane L1	30,41	18/3/2 b L1	0,418	DH48 L1	86,81	P8 L2	06,38
49	P99 L2	215,33	P48 L2	248,78	P99 L3	37,08	DH130 L5	47,11	3/17/2 a L1	89,28	P5 L2	47,71	18/17/2 L3	30,39	P5 L2	0,413	277 b L3	86,60	P5 L2	06,19
50	P21 L1	214,94	P99 L2	247,89	P8 L2	36,89	15/14/19c L1	46,61	P12 L2	89,16	P8 L2	46,91	DH130 L1	30,21	P6 L3	0,412	226 a L1	86,24	P2 L1	06,14
51	P6 L2	214,78	DH130 L5	246,39	P7 L2	36,74	P6 L3	46,57	P6 L2	88,74	P25 L2	46,76	P8 L2	29,85	DH130 L1	0,412	Rihane L1	85,93	P21 L1	06,12
52	18/17/2 L4	213,94	DH48 L2	244,72	P5 L2	36,57	DH202 L1	46,19	Rihane L1	88,44	P7 L2	46,70	P7 L4	29,76	P12 L3	0,407	P33 L1	85,89	P7 L2	06,11
53	P33 L1	211,72	P12 L3	243,89	P84 L1	36,51	18/17/7 L2	45,91	226 a L1	88,21	P11 L3	46,70	18/3/2 b L1	29,76	P99 L3	0,403	P99 L2	85,48	277 a L4	06,11

54	15/14/19c L3	208,11	P21 L1	243,33	226 b L2	36,13	P35 L4	45,81	P33 L4	88,14	DH202 L1	44,82	18/17/2 L4	29,41	18/17/2 L3	0,399	P41 L2	85,44	18/17/2 L4	06,02
55	P7 L2	207,72	P16 L3	241,67	P7 L4	36,01	P8 L2	44,46	P7 L4	88,02	P16 L3	44,42	P12 L3	29,30	DH202 L1	0,394	18/3/2 b L2	84,74	P7 L4	06,01
56	P46 L1	207,56	P11 L3	239,72	P1 L2	35,88	P6 L2	43,41	P8 L2	87,30	277 a L2	43,41	P12 L2	28,62	DH196 a L2	0,393	P44 L4	84,68	P99 L3	05,87
57	Rihane L2	207,28	DH3 L2	238,61	DH167 L2	35,84	P21 L2	42,91	18/17/2 L4	86,09	P12 L3	42,73	DH3 L2	28,25	P21 L2	0,384	P16 L3	84,31	P21 L2	05,84
58	P21 L2	207,00	P25 L2	237,11	18/17/2 L3	35,56	P44 L4	42,15	P7 L2	85,76	P12 L2	40,93	P7 L2	28,21	P12 L2	0,383	DH196 b L6	83,71	18/17/7 L1	05,62
59	P11 L3	206,17	P79 L1	234,33	P33 L1	35,34	P21 L1	38,88	P44 L4	85,73	P21 L2	39,91	P16 L3	27,79	DH3 L2	0,383	P8 L2	83,49	Rihane L1	05,62
60	P79 L1	203,67	18/17/2 L4	234,17	P12 L2	35,23	18/17/2 L4	37,37	P99 L2	84,52	Rihane L1	37,65	P99 L2	27,76	P11 L3	0,377	DH29 L2	83,32	P44 L4	05,39
61	15/14/14 L2	196,17	DH202 L1	233,61	P12 L3	35,08	277 a L4	35,02	P33 L1	82,84	18/17/2 L4	37,46	DH202 L1	24,79	18/3/2 b L2	0,361	277 a L2	82,83	277 a L2	05,23
62	DH48 L2	194,06	P12 L2	228,06	P21 L2	34,84	277 a L2	33,09	P16 L3	82,05	P21 L1	36,10	P21 L1	23,63	P21 L1	0,343	15/14/19c L1	82,31	18/17/7 L2	05,18
63	P16 L3	190,61	P33 L1	193,44	P41 L2	34,72	Rihane L1	32,26	P21 L1	77,12	P33 L1	33,91	P33 L1	21,54	P33 L1	0,312	P21 L1	82,09	P11 L3	05,08

Cls. = classement, G. = génotype et Moy. = moyenne.

Tableau 12: Classement des moyennes des environnements pour les différents caractères étudiés.

Cls.	NPM		NEM		NGE		PMG		BA		RE		RR		IR		HT		LE	
	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.	Env.	Moy.
1	1	256,27	2	283,81	3	45,44	2	53,71	3	128,49	3	56,10	3	49,26	1	0,532	2	98,09	3	7,68
2	3	213,61	3	272,37	1	40,27	1	46,82	1	88,71	2	49,65	2	29,87	3	0,438	3	86,08	1	6,53
3	2	205,61	1	252,14	2	32,91	3	45,89	2	75,75	1	48,58	1	18,91	2	0,403	1	84,80	2	6,41

Cls. = classement, Env. = environnement et Moy. = moyenne

