



**REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE
SCIENTIFIQUE
UNIVERSITE SAAD DAHLEB DE BLIDA
FACULTE DE LA SCIENC DE LA NATURE ET DE LA VIE
DEPARTEMENT DE BIOTECHNOLOGIE**

Projet de fin d'étude en vue de l'obtention du diplôme de Master II
En Agronomie
Spécialité : Système de production agro-écologique

Thème :

**Caractérisation Phéno-morphologique et agronomique de quelques
lignées haploïdes d'orge (*Hordeum vulgare L*)**

Présenté par :

ZIDI Yasmine IMOULOU DENE Cherifa

Devant le jury :

Président de jury : Docteur Mouas Y. USDB

Promotrice : Mme RAMLA- YAKHOU. D. M.R.B. INRAA

Co-promoteur : Mr. AISSAT A. M.C.A USDB

Examinatrice : Professeur Chaouia Ch. USDB

Blida, Septembre, 2020

REMERCIEMENTS

Nos remerciements vont d'abord au Dieu le tout puissant et miséricordieux pour tous ses bienfaits dont il nous a comblés et de nous avoir donné la force, la patience, la volonté et le courage d'accomplir ce Modeste travail.

Nous adressons nos chaleureux remerciements à Mme Dalila Ramla -Yakhou, M.R.B. à l'INRAA et Mr Abdelkader Aïssat, MCA à L'université Saad Dahlab de Blida, qui ont réussi à former un duo solide aux compétences complémentaires. Merci à tous les deux de votre implication, de votre disponibilité et de votre réactivité, Vous avez su apprécier avec justesse nos difficultés et apaiser nos doutes en proposant sans imposer. Nous avons eu beaucoup de plaisir à travailler à vos côtés.

Un Grand remerciement à Nos précieux Parents, Papa, maman, à nos chères sœurs et frères qui par leurs prières et leurs encouragements, on a pu surmonter tous les obstacles On vous aime énormément.

Nos remerciements s'étendent également à tous nos enseignants durant les années des études.

A la fin On tient à remercier tous les gens qui ont contribué, de près ou de loin, à l'aboutissement de ce travail. Mille Merci.

Dédicace

Ce travail est dédié à la mémoire du Professeur Hammouche Bachir (26/11/1953 -18/04/2020). Scientifique, enseignant, mentor, ami et père. Un professeur passionné et passionnant qui nous a tant appris des matières que sont l'Agro-pédologie, la Pédogenèse, l'évaluation des terres. A aller plus loin, à la recherche du meilleur de soi, de toujours continuer si nous en avons les capacités, de nous surpasser si nous en avons la possibilité, de ne pas nous satisfaire de nos acquis, d'aller chercher plus loin que ce que nous avons simplement appris, le respect et l'écoute d'autrui.

Il était bienveillant, lumineux face à ses étudiants, un homme de science plein d'humanité, un véritable mentor, inlassable pour la réussite des étudiants, un grand homme compréhensif et chaleureux qui a su nous écouter, nous consoler, et nous rassurer au moment de doute, un homme très honorable par sa générosité, son intégrité, son engagement vers l'université "Saad Dahlab Blida", et vers l'option dont il était responsable " production végétale " à présent orpheline.

Il était plus qu'un enseignant, un père pour nous tous, sa vision et son énergie nous manqueront à tous, Sa mémoire sera toujours gravée dans nos cœurs.

Paix à ton âme cher professeur.

À la mémoire de ma grand-mère paternelle

LARINOUNA Cherifa : née le 15 novembre 1924, et décédée le 29 novembre 2018

Affable, honorable, aimable ; Tu as été et tu seras toujours pour moi le symbole de la bonté par excellence, la source de tendresse et l'exemple du dévouement.

Tes prières m'ont toujours été d'un grand secours pour mener à bien mes études.

Aucune dédicace ne saurait être assez éloquente pour exprimer l'amour, l'estime, gratitude et le respect que j'ai toujours eu pour vous

Bien présente dans mes pensées et surtout en ces moments de Réussite

Tu resteras un modèle pour moi, une étoile qui ne Me quittera jamais et qui continuera à éclairer ma vie

REPOSE EN PAIX Manié

IMOULOUDENE Cherifa

Caractérisation Phéno-morphologique et agronomique de quelques lignées haploïdes doublées d'orge (*Hordeum vulgare* L)

RESUME

Une culture d'anthers a été réalisée sur un hybride issu du croisement entre deux variétés d'orge *Hordeum vulgare*.

Les lignées haploïdes doublées obtenues ainsi que leurs parents respectifs ont fait l'objet dans notre étude d'une évaluation de ces lignées en vue de sélectionner celles qui sont les plus intéressantes par rapport aux paramètres suivants : caractères morphologiques, caractères agronomiques, et rendement.

Le résultat des différentes analyses réalisées montre que :

HD39 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD15 F2 TE sont apparues comme les meilleures lignées pour les caractères morphologiques, de même que pour les deux parents TICHEDRETT et EXPRESS.

En revanche HD39 F2 TE 2009, HD10 F2 TE 2009, HD11 F2 TE 2009, HD14 F2 TE 2009, ainsi que le parent EXPRESS sont les meilleures pour les caractères agronomiques.

Quant aux lignées : HD39 F2 TE 2009, HD10 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009 et HD26 F2 TE 2009, se sont avérées les meilleures lignées pour le rendement.

Enfin, cette étude a montré l'importance des variétés locales, qui portent des caractères intéressants, dans la création de nouvelles lignées plus performantes.

Leur préservation et leur prise en charge à travers des programmes de sélection afin d'exploiter leur pool génétique s'avère très importante à réaliser.

Mots clés : Orge, lignées haploïdes d'orge doublées, *Hordeum vulgare*, sélection orge, productivité, résistance, tolérance, maladies, sécheresse.

Pheno-morphological and agronomic characterization of some double haploid lines of barley (*Hordeum vulgare L*)

ABSTRACT

An anther culture was carried out on a hybrid resulting from the crossing of two varieties of barley *Hordeum vulgare*.

The doubled Haploid lines obtained as well as their respective parents are the subject of our study, which aims to evaluate these lines in order to select those that are the most interesting in regard to the following parameters: morphological characteristics, agronomic characteristics, and yield.

The result of the various analyzes carried out show that:

HD39 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD15 F2 TE appeared as the best lines for morphological characters, as well as for both parents TICHDRETT and EXPRESS.

On the other hand, HD39 F2 TE 2009, HD10 F2 TE 2009, HD11 F2 TE 2009, HD14 F2 TE 2009, as well as the parent EXPRESS are best for agronomic traits.

As for the lines: HD39 F2 TE 2009, HD10 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009 and HD26 F2 TE 2009, proved to be the best lines for yield.

Finally, this study showed the importance of local varieties, which carry interesting traits, in the creation of new, more efficient lines. Their preservation and management through breeding programs in order to exploit their genetic pool is very important to achieve.

Keywords: Barley, double haploid lines of barley, *Hordeum vulgare*, barley selection, productivity, resistance, tolerance, disease, drought

التوصيف الفينو-المورفولوجي والزراعي لبعض سلالات الشعير أحادية الصبغية المزدوجة (*Hordeum vulgare L*)

ملخص

تم تحقيق تهجين بين نوعين من الشعير *Hordeum vulgare L* عن طريق زراعة المآبر في المختبر. إن سلالات الشعير أحادية الصبغية المزدوجة التي تم الحصول عليها بالإضافة إلى والديها هي موضوع دراستنا ، والتي تهدف إلى تقييم هذه السلالات من أجل تحديد تلك الأكثر إثارة للاهتمام فيما يتعلق بالمعايير التالية: الخصائص المورفولوجية ، والخصائص الزراعية ، والمحصول. تظهر نتيجة التحليلات المختلفة التي تم إجراؤها (ANOVA و LSD و Post hoc) ما يلي:

ظهرت HD15 F2 TE و HD26 F2 TE 2009 و HD39 F2 TE 2009 كأفضل سلالات للخصائص المورفولوجية ، وكذلك للوالدين TICHDRETT و EXPRESS. من ناحية أخرى، فإن HD39 F2 TE 2009 و HD10 F2 TE 2009 و HD11 F2 TE 2009 و HD14 F2 TE 2009 بالإضافة إلى الوالد EXPRESS هم الأفضل بالنسبة للسمات الزراعية أما بالنسبة للسلالات: HD39 F2 TE 2009 و HD10 F2 TE 2009 و HD30 F2 TE 2009 و HD15 F2 TE 2009 أثبتت أنها أفضل السلالات من ناحية الإنتاج. أخيرًا، أوضحت هذه الدراسة أهمية الأصناف المحلية، التي تحمل سمات مثيرة للاهتمام، في إنشاء سلالات جديدة أكثر كفاءة. الحفاظ عليها وإدارتها من خلال برامج التربية من أجل استغلال مصدرها الجيني أمر مهم للغاية لتحقيقه.

الكلمات المفتاحية : الشعير ، سلالات الشعير أحادية الصبغية المزدوجة ، *Hordeum vulgare* ، اختيار الشعير ، الإنتاجية ، المقاومة ، التحمل ، المرض ، الجفاف.

SOMMAIRE

SOMMAIRE

INTRODUCTION.....	1
--------------------------	----------

PARTIE I : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE

Chapitre I : Généralités sur l'orge.....	3
--	---

Chapitre II : Amélioration génétique de l'orge.....	16
---	----

PARTIE II : PARTIE EXPERIMENTALE

Matériel et méthodes.....	31
---------------------------	----

Résultats et discussion.....	39
------------------------------	----

Discussion générale.....	63
--------------------------	----

CONCLUSION.....	68
------------------------	-----------

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

ANNEXES

TABLE DES MATIERES

LISTE DES ABREVIATIONS

ADN : Acide **D**ésoxyribonucléique

ANOVA : Analysais **O**f **V**ariance

BA : **B**iomasse **A**érienne

BC : **B**ack - **C**ross

ERO : Espèces **R**éactives de l'**O**xygène

EUE : **E**fficacité **U**tilisable en **E**au.

F2 : **D**euxième **G**énération

FAO : **F**ood and **A**griculture **O**rganization

H : *Hordeum*

HD : **H**aploïde **D**ouble

HT : **H**auteur **T**ige.

INRAA : **I**nstitut **N**ationale de la **R**echerche **A**gronomique d'**A**lgérie

IR : **I**ndice de **R**écolte

ITGC : **I**nstitut **T**echnique des **G**randes **C**ultures

J.C: **J**ésus **C**hrist

LB : **L**ongueur des **B**arbes.

LCQ : **L**iquid **C**hromatography **Q**uadrupole

LDEN : **L**ongueur du **D**ernier **E**ntre **N**œud.

LDL : Les **L**ipoprotéines de **B**asse **D**ensité

LE : **L**ongueur de l'**E**pis

LSD : **L**east **S**ignificant **D**ifference

NE : **N**ombre d'**E**pis.

NGE : **N**ombre de **G**rains par **E**pis.

NP : **N**ombre de **P**lantes

NS : **N**on **S**ignificative

P : Plantes

p : Probabilité

PCR : Réaction de Polymérisation en Chaîne

PGE : Poids de Graines des Epis

PV : Plants Verts

Rdt b : Rendement en Biomasse

RFLP : Polymorphisme de Longueur des Fragments de Restriction

RG : Rendement en Grains

RP : Rendement en Paille

S : Significative

SAM : Sélection Assistée par Marqueurs

SNP : Single Polymorphisme Nucléotidique

SR : Sélection Récurrente

SSD : Single Seed Descent

ssp : Sous Espèces

subsp : Sub Species

LISTES DES FIGURES

Figure 01 : Illustration d'un épi non cassant et non éclatant et d'un épi cassant d'orge sauvage (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*), qui représentent probablement l'une des premières sélections par les humains, qui ont commencé le processus de domestication de l'orge.

Figure 02 : Epis à deux rangs d'orge *Hordeum vulgare* subsp. *Vulgare*, héritées directement de l'orge sauvage (*H. vulgare* subsp. *spontaneum*).

Figure 03 : Épis à six rangées d'orge *Hordeum vulgare* subsp. *Vulgare*, sélectionnée parmi les deux rangées d'orge au cours du processus de la domestication.

Figure 04 : Grains d'orge décortiqué et sans coque d'orge *Hordeum vulgare* subsp. *Vulgare*.

Les graines sans coque ont été sélectionnées pendant le processus de domestication.

Figure 05 : Parties de la plante d'orge, racines, tige, feuilles, noyau, pointe ou tête à arêtes, et épillet.

Figure 06 : Répartition de la production d'orge dans le monde

Figure 07 : Dix Principaux pays producteurs d'orge en 2018.

Figure 08 : Dix principaux pays exportateurs d'orge.

Figure 09 : Dix principaux pays importateurs d'orge.

Figure 10 : Fluctuation interannuelle de la superficie récoltée et de la production de l'orge en Algérie (2000-2018).

Figure 11 : L'utilisation de l'orge dans le monde.

Figure 12 : L'utilisation de l'orge en Algérie.

Figure 13 : Semis des grains d'orge réalisé à la main (INRAA 2019).

Figure 14 : Sacs d'orges récoltés au niveau des micro-parcelles (INRAA2020).

Figure 15 : Image prise lors de la pesée des sacs d'orges (INRAA 2020).

Figure 16 : Séparation et comptage des plants (INRAA 2020).

Figure 17 : Détermination du rendement en biomasse aérienne par plant (INRAA 2020).

Figure 18 : Image prise lors du comptage du nombre d'épis par plante (INRAA 2020).

Figure 19 : Mesure des caractères morphologiques : hauteur tige ; longueur de l'épi ; longueur des barbes et longueur du dernier entre nœud (INRAA 2020).

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 01 : Valeurs moyennes du rendement en grains calculé des Lignées étudiées (q/ha).

Tableau 02 : Valeurs moyennes du nombre de plants des lignées étudiées.

Tableau 03 : Valeurs moyennes du nombre d'épis des lignées étudiées.

Tableau 04 : Valeurs moyennes du rendement en biomasse aérienne par plante des Lignées étudiées (q/ha).

Tableau 05 : Valeurs moyennes du rendement en paille des Lignées étudiées (q/ha)

Tableau 06 : Valeurs moyennes du rendement en grains des Lignées étudiées (q/ha).

Tableau 07 : Valeurs moyennes du nombre d'épis par plante des Lignées étudiées.

Tableau 08 : Valeurs moyennes du poids de grains de l'épi des Lignées étudiées (g).

Tableau 09 : Valeurs moyennes de la hauteur tige des Lignées étudiées (cm).

Tableau 10 : Valeurs moyennes de la longueur de l'épi des Lignées étudiées (cm).

Tableau 11 : Valeurs moyennes de la longueur des barbes des Lignées étudiées (cm).

Tableau 12 : Valeurs moyennes de la longueur du dernier entre nœud des Lignées étudiées (cm.).

Tableau 13 : Valeurs moyennes du nombre de grains par épi des Lignées étudiées.

Tableau 14 : Valeurs moyennes les plus élevées des caractères étudiés.

Tableau15 : Récapitulatif des principaux résultats.

INTRODUCTION

INTRODUCTION

Les céréales et leurs dérivées constituent l'alimentation de base dans beaucoup de pays en développement, y compris l'Algérie où les produits céréaliers occupent une place stratégique dans le système alimentaire et dans l'économie nationale (Djermoun, 2009).

L'orge cultivée, *H. vulgare*, orge à six rangs, est la quatrième culture céréalière mondiale après le maïs le riz et le blé avec une production estimée à 141 Mt (FAO2018), utilisée pour l'alimentation animale, humaine et en malt, elle a été domestiquée polyphylétiquement par les humains il y a 10000 ans à partir de son ancêtre l'orge sauvage, *H. spontaneum*, l'orge a deux rangs, pendant la période néolithique dans au moins trois centres du monde: Croissant fertile, Asie centrale et Tibet (Nevo, 2013).

En Algérie l'orge occupe une place importante parmi les céréales, elle est classée deuxième, après le blé avec une production de 1.9 Mt, cela est sûrement dû au fait de sa rusticité, à ses capacités d'adaptation aux irrégularités du climat algérien par rapport à d'autres céréales, et à ses qualités nutritionnelles (Bouziane, 2015). Environ 60 % de l'orge cultivée en Algérie est destinée à l'alimentation animale, 37% pour l'alimentation humaine et seulement 3% est destinée à la transformation (FAO2018).

La production de l'orge en Algérie a régressé, à cause de plusieurs facteurs dont les stress biotiques, les stress abiotiques, engendrés par les aléas climatiques tels que la pluviométrie et la température, sujette à de grandes variations intra et interannuelles, qui affectent sérieusement les rendements.

Compte tenu de la grande diversité des agro-écosystèmes en Algérie, et les grands espaces agricoles qui s'y trouvent, une culture encore plus diversifiée et des variétés encore plus adaptées localement sont nécessaires, de plus la diversification de l'utilisation de l'orge dans différents secteurs agricoles et de transformations fait appel à de nouvelles variétés mieux adaptées aux nouvelles exigences. Les variétés locales qui sont adaptées aux différentes zones agro-écologiques du pays sont très réduites tandis que l'utilisation de variétés importées amène à des difficultés d'adaptation et par la suite à une diminution importante de leurs performances (Hanifi, 1999), l'adoption de nouvelles variétés s'avère primordial, pour pouvoir répondre à la grande diversité agro-écologique d'une part et pour répondre aux besoins croissants de la population en créant des variétés plus performantes d'une autre part.

La création de variétés tolérantes ou résistantes et plus productives, peut nécessiter plusieurs cycles de sélection (Bonjean, 1995), l'haploïdisation, un outil biotechnologique moderne, offre une possibilité de réduire de 2 à 3 ans la durée d'un cycle de sélection chez l'orge en produisant en une seule génération de lignées complètement homozygotes (Pickering et Devaux, 1992).

Des travaux de création de nouvelles lignées de céréales par haploïdisation ont eu lieu. Parmi les chercheurs qui ont réussi à obtenir diverses nouvelles variétés d'haploïdes doublées d'orge en Algérie on cite l'équipe du laboratoire de l'amélioration génétique à l'INRAA et dont le matériel végétal fait l'objet de notre étude, une étude concernant le comportement de quelques lignées d'orge haploïdes doublées en zone subhumide afin d'identifier les plus performantes d'entre elles, et celles qui ont les caractères morphologiques, agronomiques et de rendement les plus intéressants.

**PARTIE I : SYNTHÈSE
BIBLIOGRAPHIQUE**

CHAPITRE I : GENERALITES SUR L'ORGE

1. Origine et histoire :

L'origine de presque toutes les espèces végétales y compris les principales espèces cultivées et l'origine de la domestication des espèces cultivée est ancienne, bien antérieure à la compréhension humaine de ces choses (Ullrich, 2014).

Culture stratégique, L'orge (*Hordeum vulgare L*) a d'abord été domestiquée il y a 10 000 ans de son parent sauvage *Hordeum spontaneum*, l'orge à deux rangs, que l'on trouve encore au moyen orient. Il existe des preuves que l'orge a été cultivée pour la première fois en Palestine-Jordanie, zone du croissant fertile (Badr et al, 2000), et également des preuves d'une domestication de l'orge au Tibet (Wang et al., 2015).

Pendant l'antiquité et jusqu'au deuxième siècle avant J-C l'orge était la céréale la plus utilisée pour l'alimentation humaine dans les régions du croissant fertile, d'Europe et du bassin méditerranéen, quant aux pays du Maghreb son introduction s'est faite depuis le croissant fertile en passant par l'Egypte (Kellil, 2010, d'après Bouziane, 2015).

Selon Hakimi (1993), (cité par Bouziane, 2015), l'orge venait en tête de culture en Algérie au début du XIXe siècle, par son importance : elle était destinée à l'autoconsommation humaine et servait de compléments fourragers aux troupeaux entretenus pendant la grande partie de l'année dans les régions steppiques. Puis sa production a régressé pendant la période coloniale à partir de 1990 (Laumont, 1937).

Une approche pour déterminer si une espèce végétale a été domestiquée est la présence dans les échantillons archéologiques, des caractères morphologiques résultants de changements génétiques (naturels ou causés par l'homme) qui favorisent la production agricole (von Bothmer et al., 2003). Dans le cas de l'orge, une telle domestication des caractères comprend :

1) La présence d'un rachis non cassant qui empêche l'épi de se briser et les grains de se disperser à la maturité (**Figure1**).

2) Le changement de l'épi à deux rangs de l'orge progénitrice sauvage (*H. vulgare subsp. spontaneum*) (**figure 2**) à l'épi à six rangs chez (*H. vulgare subsp. Vulgare*) (**Figure 3**).

3) La nudité des graines (**Figure 4**) (Ullrich, 2014).

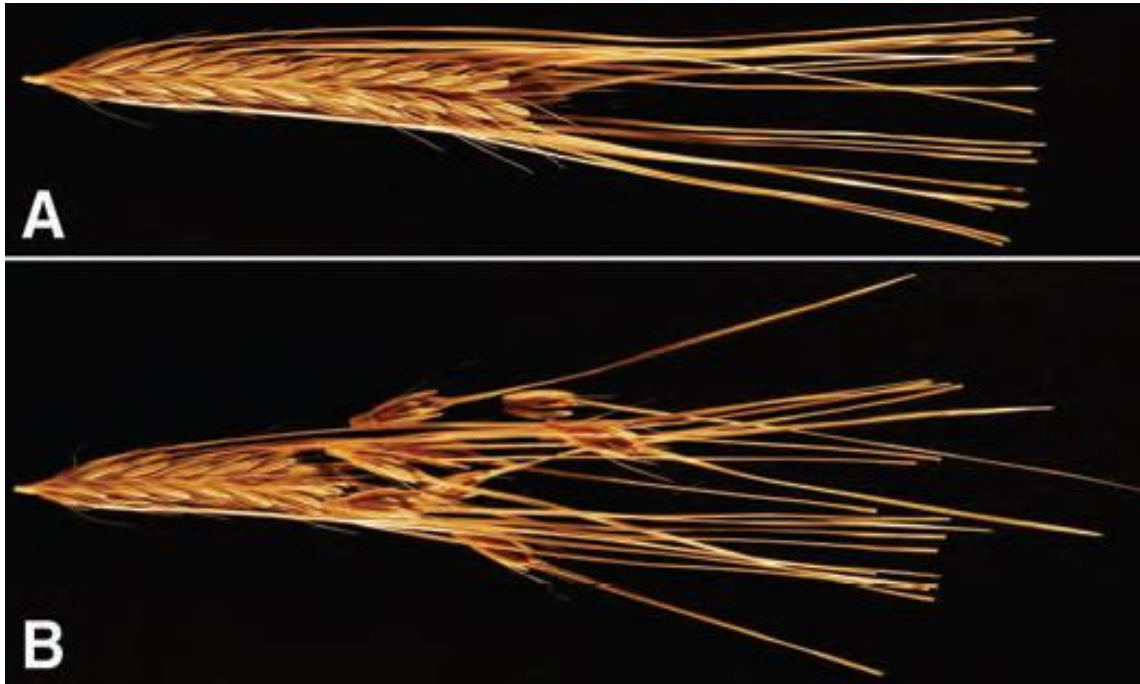


Fig. 1. Illustration d'un épi non cassant et non éclatant (A) et d'un épi cassant (B) d'orge sauvage (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*), qui représentent probablement l'une des premières sélections par les humains, qui ont commencé le processus de domestication de l'orge (Ullrich, 2014)



Fig. 2. Épis à deux rangs d'orge *Hordeum vulgare subsp. Vulgare*, héritées directement de l'orge sauvage (*H. vulgare subsp. spontaneum*) (Ullrich, 2014).



Fig. 3. Épis à six rangées d'orge *Hordeum vulgare subsp. Vulgare*, sélectionnées parmi les deux rangées d'orge au cours du processus de la domestication (Ullrich, 2014).

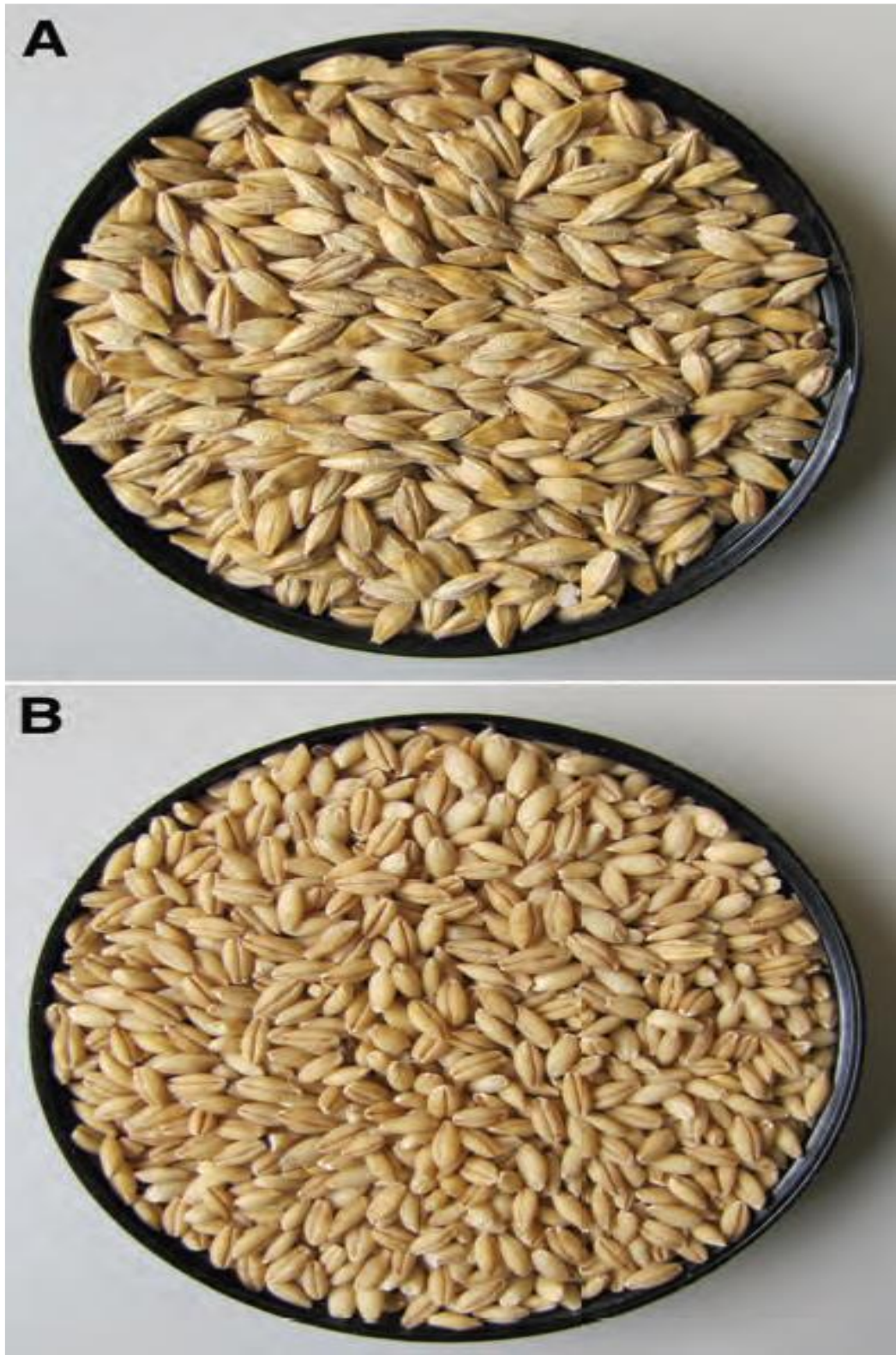


Fig. 4. Décortiqué (A) et sans coque (B) grains d'orge *Hordeum vulgare subsp. Vulgare*. Les graines sans coque ont été sélectionnées pendant le processus de domestication (Ullrich, 2014).

2. Classification et description botanique :

L'orge cultivée (*Hordeum vulgare* L) appartient au globalement et économiquement très important groupe de plantes, les Triticeae, qui est une tribu dans l'herbe famille des Poacées. Cette tribu est caractérisée comme ayant une inflorescence en pointe, un nombre de chromosomes de base $x = 7$, et de grands génomes (Ullrich, 2014).

Selon Bonjean et Picard (1990) leur classification est la suivante :

Classe : Monocotylédones

Ordre : Poales

Famille : Poacées

Genre : *Hordeum*

Espèce : *Hordeum vulgare* L.

Linné a été le premier à fournir une description botanique de l'orge dans son « *Species Plantarum* » en 1753 (Bothmer et Jacobson, 1985), une description qui a vu de nombreuses modifications dans la littérature scientifique depuis cette époque. Description du genre *Hordeum* donné par Aberg et Wiebe (1946, 1948), défini l'orge cultivé et l'orge sauvage comme suit : « Genre *Hordeum* : épi indéterminé, dense, parfois aplati, avec des arêtes cassantes, moins souvent tenaces. Rachis dur ou cassant. Epillets en triplets, à fleur simple, mais parfois avec des rudiments d'un second fleuron. Fleurons centraux fertiles, sessiles ou presque : fleurons latéraux réduits, fertiles, mâle ou asexué, sessile ou sur un rachis court. Glumes lancéolées ou ressemblant à une arête. Le lemme des fleurs fertiles aristées, aristées, sans arêtes ou à capuchon. Le dos du lemme se détourne du rachis. Rachis attaché au noyau. Grains oblongs avec pli ventral, les caryopses adhèrent généralement au lemme et à la glumelle. Plantes annuelles ou vivaces. " Cette description, publiée en 1946, a été suivie deux ans plus tard par le texte suivant : « Annuelles d'été ou d'hiver, épis linéaires ou largement linéaires, dur ou cassant. Les fleurons centraux sont fertiles ; les latérales fertiles, mâles ou asexuées. Glumes lancéolées, étroites ou larges, se projetant en une arête courte. Le lemme dans fleurons fertiles aristés, cannelés, sans arêtes ou à capuchon ; le lemme chez le mâle ou chez les fleurons sans sexe est sans arêtes ni capuchons. Poids de l'amande 20 à 80 mg. Le nombre de chromosomes au stade diploïde est 14.

3. Croissance et développement :

La croissance et le développement commencent par la germination de la graine. Moral et *al.* (2002), a divisé la croissance et le développement de l'orge en trois phases principales : Végétative, reproductive et remplissage des grains.

La phase végétative commence à la germination suivie d'une initiation florale caractérisée par la formation précoce de talles et de feuilles.

La phase de reproduction commence avec la formation de l'épillet et se termine par la pollinisation des ovaires dans les épillets.

Le remplissage des grains commence après la pollinisation avec l'augmentation de l'endosperme et du nombre de cellules embryonnaires avec l'accumulation de matière sèche et les primordia végétatifs initiaux, respectivement.

La durée de chaque phase varie selon le génotype, la zone géographique, agronomique et les facteurs climatiques.

Les parties anatomiques de base de la plante d'orge cultivée sont les racines, les tiges, feuilles, épis, épillets et grains (**figure 5**) qui ne sont pas très différentes des parties de la plupart des plantes de la famille des Poacées (Newman et Newman, 2008).



Fig.5. Parties de la plante d'orge. À gauche : racines, tige, feuilles. Centre : noyau. Plus haut à droite : pointe ou tête à arêtes. En bas à droite : épillet (Newman et Newman, 2008).

4. La culture de l'orge à l'échelle mondiale :

L'orge a profité des changements qui ont eu lieu dans les stratégies d'amélioration et dans les pratiques agricoles entraînant une augmentation stable du taux de rendement de ce dernier. Aujourd'hui, l'orge est cultivée dans plus de 100 pays à travers le monde bien qu'elle soit principalement cultivée dans les régions tempérées du nord et du sud de l'hémisphère, elle est également cultivée dans certaines régions tropicales. **(Figure 6).**

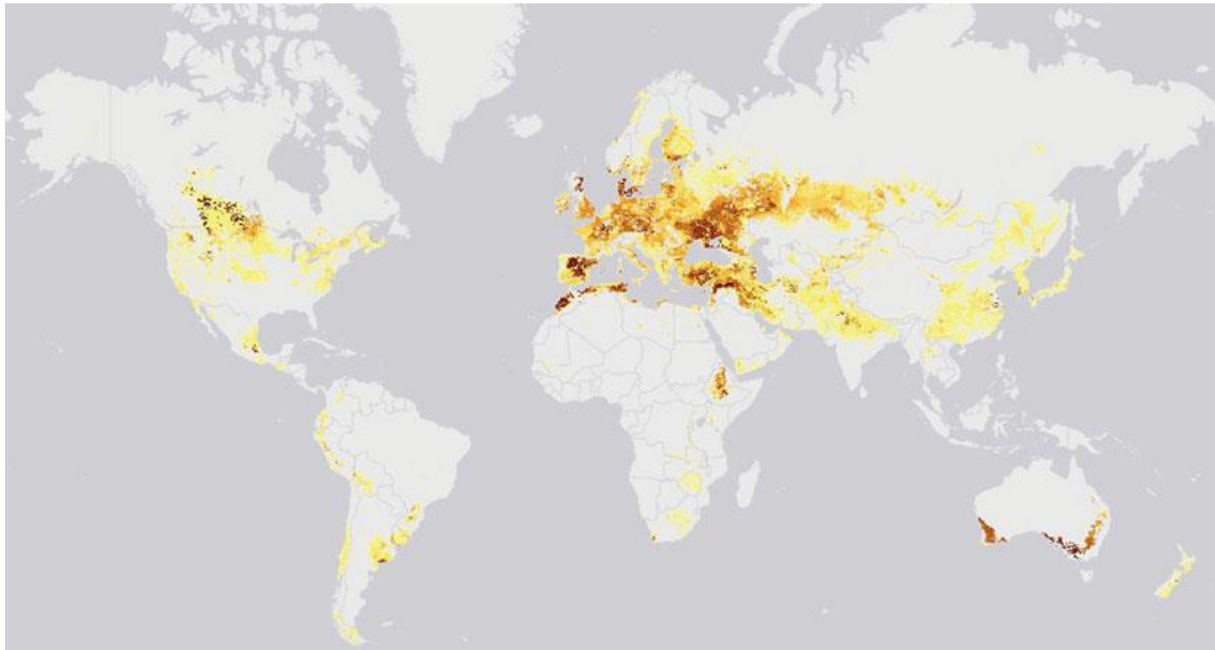


Fig.6. Répartition de la production d'orge dans le monde. L'intensité des couleurs est liée à la proportion de terres consacrées à la production d'orge (Langridge, 2018).

La production d'orge a atteint son pic en 1990 à 178 millions tonnes, puis a diminué régulièrement pour atteindre 141 millions tonnes en 2018, l'année finale de données de la FAO disponibles à ce jour, sur une superficie de 47.9 Millions d'hectares. Cela place l'orge à la quatrième place en termes de production céréalière derrière le maïs, le riz et le blé. Les principaux pays producteurs d'orge sont la Russie, la France, l'Allemagne, l'Australie, l'Espagne et le Canada **(Figure 7).**

La production la plus importante est de loin en Europe, y compris la Fédération de Russie, à 83 millions tonnes soit 58.6 % de la production mondiale. L'Asie se classe deuxième avec 15% ou 21 millions tonnes, suivi par les Amériques 13.5 % (principalement Canada et les U.S.A). L'Océanie avec 6.8 % et en dernier 6 % de la production mondiale en Afrique avec deux tiers de la production en Afrique du nord (Principalement le Maroc et l'Algérie).

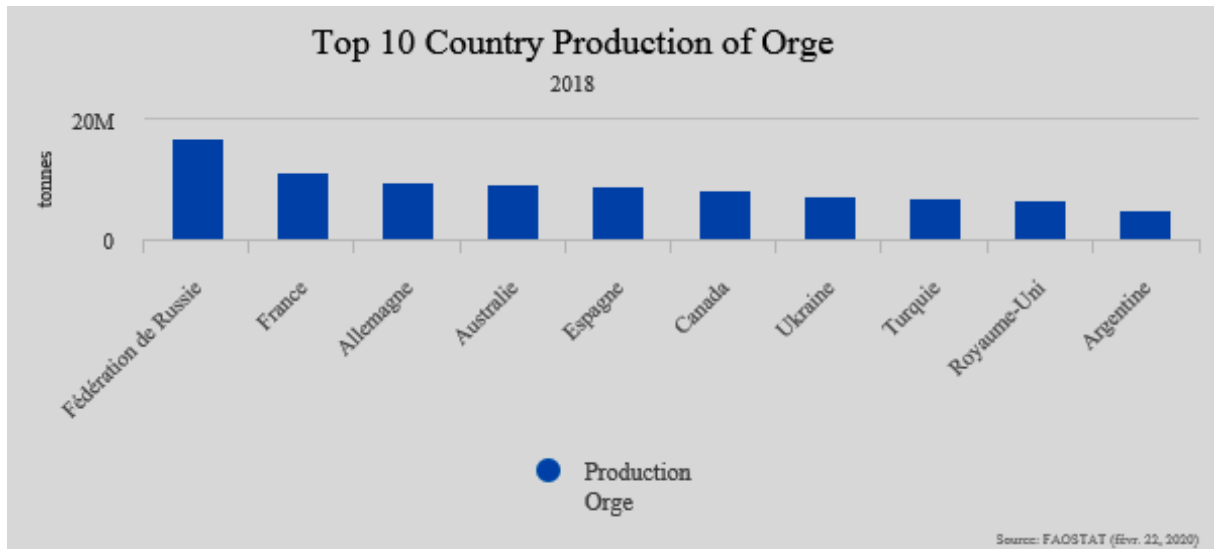


Fig. 7. Les dix principaux pays producteurs d'orge en 2018 (FAOSTAT).

En 2017, les exportations d'orge ont été évaluées à plus de 7 milliards de dollars US (39,5 millions tonnes) avec les plus grands pays exportateurs L'Australie, la France, l'Ukraine, la Fédération de la Russie, et l'Argentine (**Figure 8**). Inversement les Plus grands importateurs d'orge dans le monde sont la Chine, l'Arabie saoudite et l'Iran (**Figure 9**) (FAOSTAT 2017).

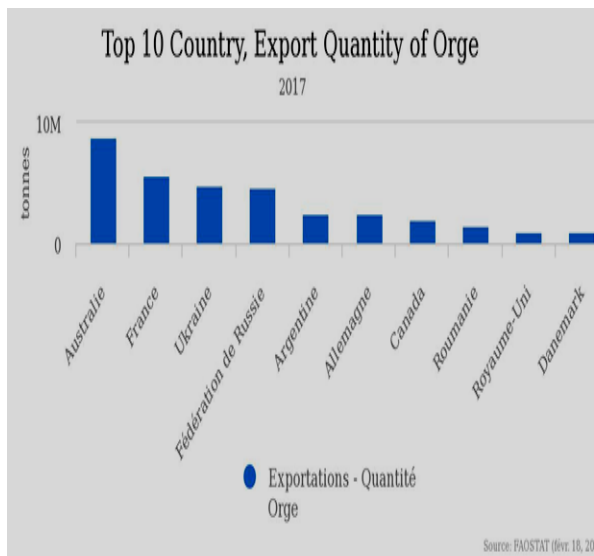


Fig.8. Les dix principaux pays exportateurs D'orge (FAOSTAT 2017).

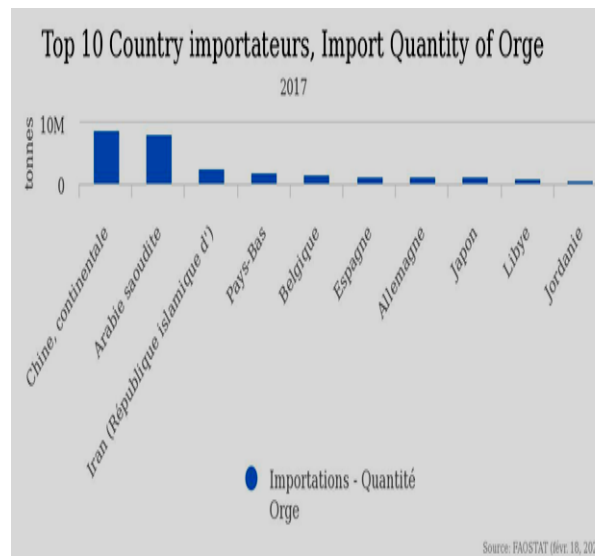


Fig.9. Les dix principaux pays importateurs d'orge (FAOSTAT 2017).

5. La culture de l'orge en Algérie :

L'orge (*Hordeum vulgare* L) a toujours occupé une place importante parmi les autres céréales (blé dur et tendre) en Algérie. Elle est donc la deuxième céréale cultivée après le blé dur avec une superficie occupée de 1.2 Mha et une production estimée à 1.9 Million tonnes en 2018 (FAOSTAT)

La production de l'orge en Algérie a connu des fluctuations depuis l'an 2000 jusqu'à l'an 2018, ainsi le plus faible niveau de production a été enregistré en 2000 (1.6 M tonnes), une diminution très importante du rendement a été enregistré en 2008 (1.7 M tonnes), et le pic de production a été enregistré en 2009 (2.2 M tonnes) (**Figure 10**).

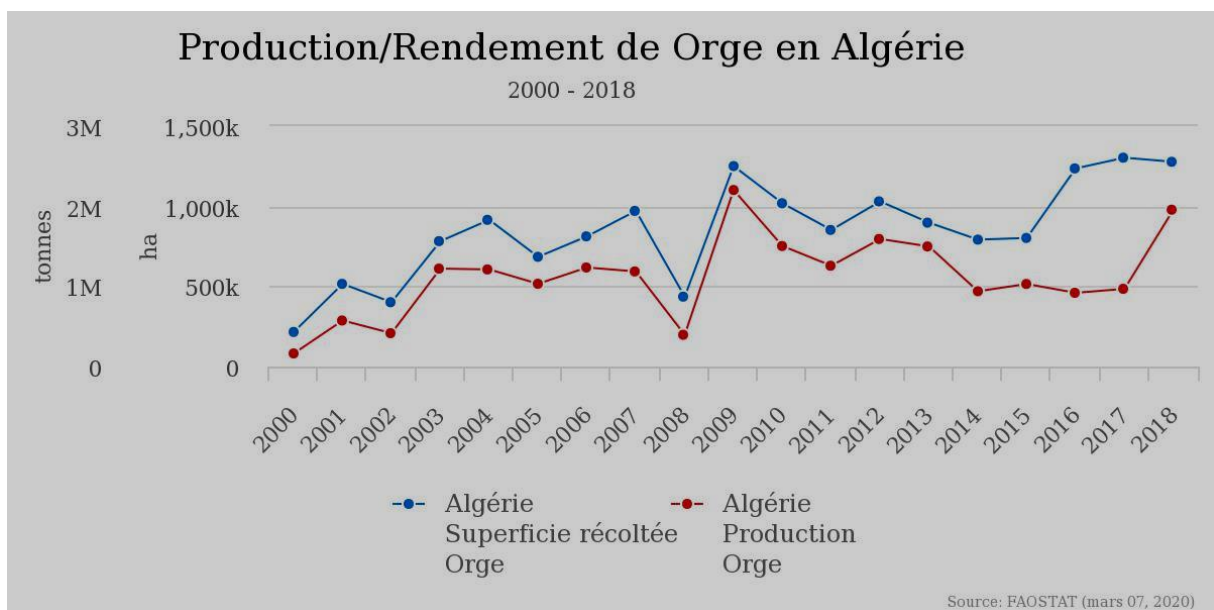


Fig.10. Fluctuation interannuelle de la superficie récoltée et de la production de l'orge en Algérie (2000-2018) (Source FAOSTAT 2018).

Selon FAOSTAT (2018) l'Algérie fait partie des 20 pays producteurs d'orge au niveau mondial (18ème du classement). Parmi les pays de l'Afrique elle occupe la 3ème place après le Maroc (2.8 Mt) et l'Ethiopie (2.1 Mt) en matière de superficies récoltées et de production.

Quant aux échanges commerciaux, l'Algérie est un pays importateur d'orge, en 2017 l'importation de l'orge a été estimée à 541558 tonnes, plaçant l'Algérie à la 14ème place des pays importateurs. http://www.fao.org/faostat/fr/#rankings/commodities_by_country.

Les principales variétés d'orges cultivées en Algérie selon le guide des principales variétés de céréales à paille en Algérie de l'ITGC (2006) sont : des variétés locales Saida 183 et TICHDRETT, elles occupent respectivement 72% et 12% de la sole semencière d'orge. D'autres variétés sont cultivées : El Fouara, Nailia et Rihane 03, qui est une variété

d'introduction assez récente. En 2006, 3 variétés ont été nouvellement homologuées (Exito, Hermione et Hispanic).

(Un tableau des principales variétés d'orges produites en Algérie et leurs différentes caractéristiques est apporté en annexe).

6. L'utilisation de l'orge :

Depuis 1960, l'orge est principalement utilisée comme alimentation animale qui représente entre 61 et 77% de l'orge utilisée. Cependant, le maltage représente l'utilisation à haute valeur de l'orge avec orge de maltage commandant des primes substantielles par rapport à l'alimentation. Sur la même période, entre 9 et 22% de la production d'orge est consacrée au maltage et à l'industrie brassicole. Bien que l'orge ait probablement été à l'origine domestiquée pour l'alimentation humaine, elle reste une source importante de nourriture pour les gens dans de nombreuses régions spécifiques du monde comme le Tibet. Actuellement, la consommation alimentaire ne représente qu'environ 5% de l'utilisation totale de l'orge (FAOSTAT 2017) (Figure 11).

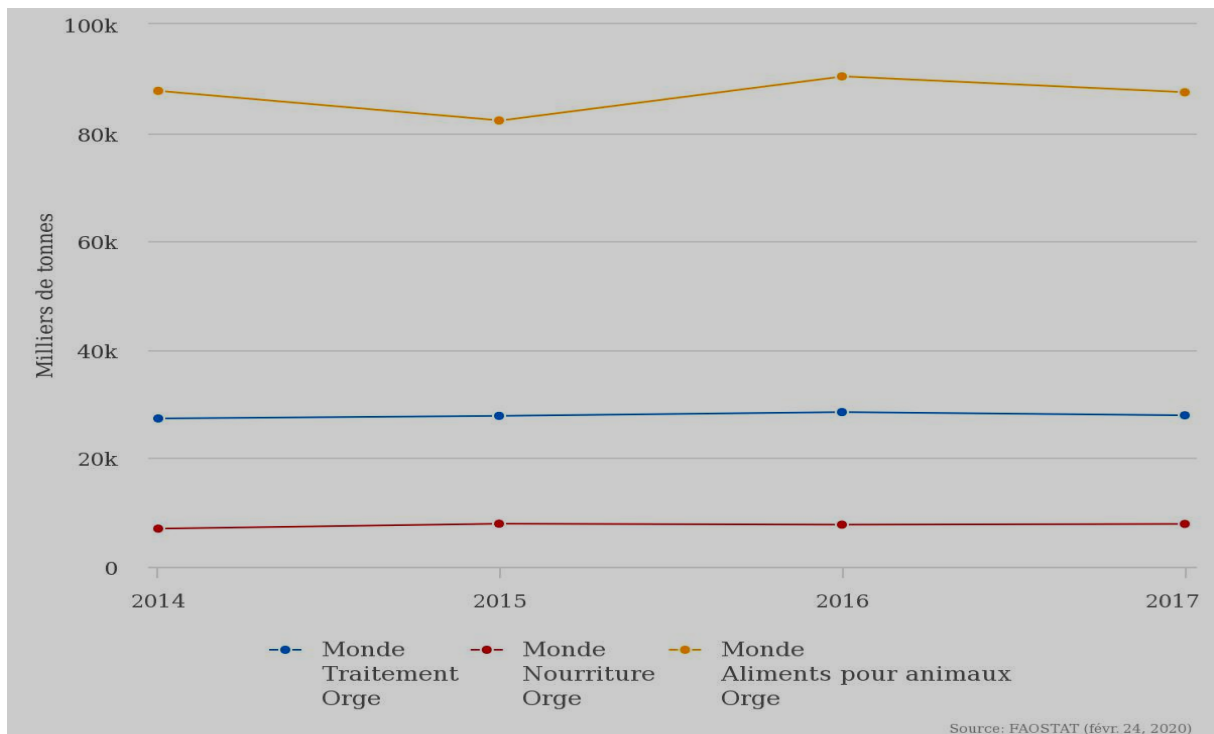


Fig.11. L'utilisation de l'orge dans le monde (Source FAOSTAT 2017).

La tendance la plus évidente dans l'utilisation de l'orge a été une augmentation de l'orge consacrée au maltage et une diminution de la consommation destinée à l'alimentation humaine. Dans les années 1960, un peu plus de 10% d'orge était utilisée pour le maltage et plus de 15% pour les humains. Maintenant, la situation s'est inversée avec plus de 20% de la production d'orge consacrée au maltage dans peu de temps alors que la consommation humaine est restée autour de 5% depuis les années 80 (FAOSTAT 2017). Le maltage d'orge est une matière première clé pour le brassage de bière et la production de whisky - environ 130 g de malt est utilisé pour produire un litre de bière (Langridge, 2018). De nombreuses et de différentes caractéristiques d'orge sont importantes pour le maltage. Ces caractéristiques sont

principalement liées à la vitesse et la cohérence de germination, la dégradation de l'endosperme, les parois cellulaires et la dégradation de l'amidon en sucres fermentescibles. Un taux élevé de protéines n'est pas souhaitable pour le maltage et une dégradation efficace des protéines endogènes sont également importantes pour la production de malt de haute qualité (Fox et *al.*, 2003).

L'utilisation alimentaire a toujours été importante dans de nombreuses régions dont le Moyen-Orient, l'Afrique du Nord et l'Europe du Nord et de l'Est et en Asie (examiné dans Baik et Ullrich, 2008). La farine d'orge est généralement préparée à partir d'orge perlée et peut être incorporée dans les aliments à base de blé (Newman et Newman, 1991). Selon Harwood (2019), l'orge est une bonne source de bêta-glucane. On pense que cette fibre soluble offre une gamme de bienfaits pour la santé, y compris la baisse des niveaux de cholestérol LDL rendant la céréale de plus en plus populaire comme étant un aliment entier. Cependant, le blé et le riz fournissent un produit de meilleure qualité et meilleure sensation en bouche que l'orge, ce qui a entraîné une dégradation de la consommation d'orge au cours des 200 dernières années (Newman et Newman, 2006). Par conséquent, les éleveurs ont largement ignoré la qualité alimentaire dans l'amélioration de l'orge et malgré ses bienfaits évidents, son utilisation pour l'alimentation reste faible et rien n'indique que son utilisation va croître (Langridge, 2018). En 2017, l'utilisation d'orge par habitant n'était que de 1 kg / personne contre 65 kg pour le blé, 19 kg pour le maïs et 81 kg pour le riz (FAOSTAT 2017). La consommation par habitant la plus élevée est dans l'Afrique du Nord, en particulier au Maroc (35 kg / personne 2017), l'Éthiopie (15 kg / personne), Algérie (12 kg / personne).

En Algérie L'orge qui constituait à côté du blé dur un aliment de base chez les populations algériennes, a perdu sa place importante dans la cuisine algérienne suite à plusieurs facteurs qui l'ont bouleversé, entre autres, les habitudes culinaires. Ce déclin dans les traditions culinaires constitue une vraie perte aussi bien sur le plan de la santé humaine que sur le plan économique (Bouziane, 2015). L'orge représente actuellement l'aliment essentiel des ovins en Algérie (Benmahammed, 2005). Environ 60 % de l'orge est destinée à l'alimentation animale, 37% pour l'alimentation humaine et seulement 3% est destinée à la transformation. (**Figure 12**) (FAOSTAT2017 : <http://www.fao.org/faostat/fr/#compare>).

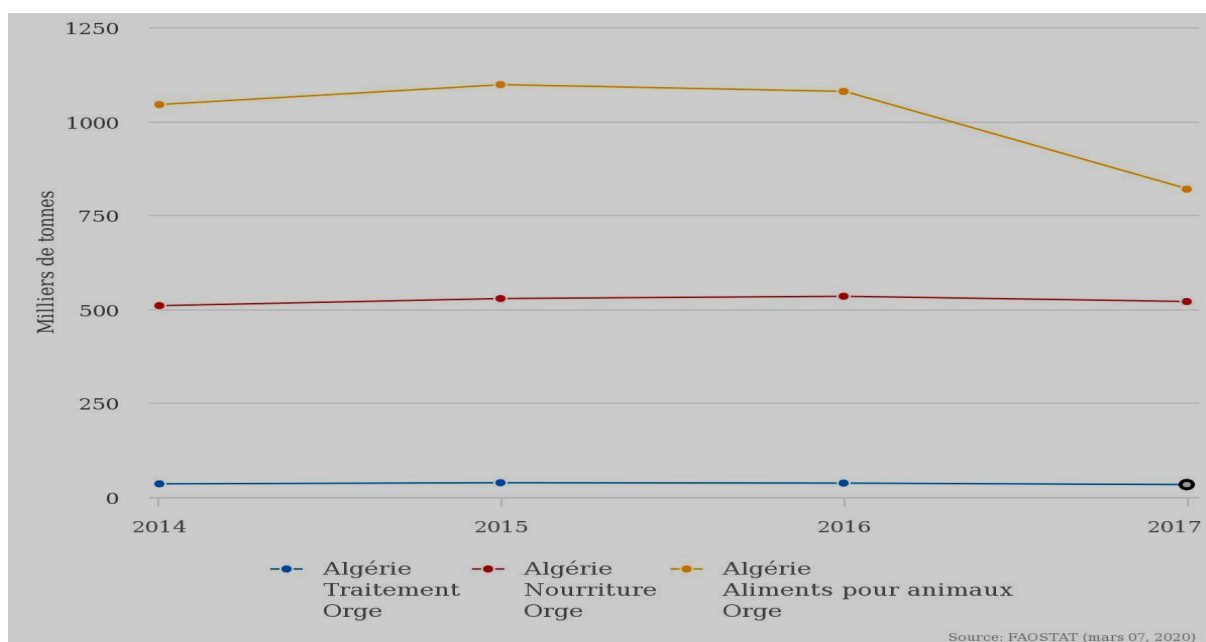


Fig.12. L'utilisation de l'orge en Algérie (Source FAOSTAT 2017).

CHAPITRE II : AMELIORATION DE L'ORGE

1. Objectifs de l'amélioration :

L'agriculture est confrontée à de nombreux défis, qui se sont intensifiés ces dernières années ce qui a amené à des lentes augmentations des rendements des cultures, causées par les stress biotiques et abiotiques (Grassini et *al.*, 2013). L'orge ne fait pas l'exception, et sa productivité est affectée à travers le monde en raison de divers stress biotiques comme la rouille, l'oïdium, la tâche nette, brûlure des feuilles, etc. Et des stress abiotiques comme la sécheresse, la submersion et la salinité (Kumar et *al.*, 2020).

L'orge est devenue une céréale modèle pour une gamme d'applications y compris les études génétiques (Saisho et Takeda, 2011), et les applications biotechnologiques (Harwood, 2016). L'orge possède plusieurs attributs qui contribuent à sa valeur en tant que modèle, premièrement, elle a un génome diploïde avec un faible nombre de chromosome ($2n \frac{1}{4} 14$) ce qui en fait d'elle un choix évident comme modèle pour la tribu des Triticeae, qui comprend le blé l'hexaploïde beaucoup plus complexe. Aussi la culture de l'orge est facile dans un large éventail de conditions environnementales, elle dispose de vastes ressources génétiques et aussi d'un croisement simple (Harwood, 2019).

Le but de la sélection de l'orge ou du génie génétique est de produire une version améliorée de l'orge en introduisant et en exprimant une ou plusieurs caractéristiques génétiques souhaitables d'une plante ou d'un organisme donneur à un plant récepteur, les sélectionneurs doivent donc développer des cultivars pour les marchés qui nécessitent un grain propre et brillant avec faible teneur en humidité, meilleure résistance aux maladies et caractères de haute qualité (Knežević et *al.*, 2004).

Kumar et *al.* (2020), rapporte que le moyen le plus efficace et le plus durable pour gérer ces stress est le renforcement de la résistance de l'hôte, cela ne peut se faire que par une connaissance du génome de l'orge, des méthodes de sélection (les lignes haploïdes doublées, les marqueurs moléculaires et les approches du génie génétique) et des technologies de culture. En outre, l'identification de génotypes supérieurs pour la résistance aux maladies et pour l'obtention d'un rendement meilleure en qualité et en quantité grâce à la sélection assistée par marqueurs (SAM) et à la mise en pyramide de plusieurs gènes de résistance aux maladies et autres caractères désirables dans des variétés d'orge, peut contribuer à une plus grande longévité de la résistance aux maladies et de meilleures productions.

Selon Anderson et Reinbergs (1985), la science de l'élevage d'orge que nous savons aujourd'hui a commencé au début du XXe siècle. Il a été suggéré qu'un bon choix d'orges

parentales et de descendants n'est pas une science définie, mais plutôt, un succès qui dépend souvent de l'intuition perceptive de l'éleveur.

Newman et Newman (2008), mentionne que les premières sélections de l'orge ont porté sur l'amélioration du rendement certainement pour des raisons économiques, cependant, très tôt, les scientifiques ont commencé à reconnaître que l'expression de certains caractères génétiques dans les cultivars d'élite à haut rendement était souhaitable ou même essentielle dans le produit final, "le grain d'orge", et ont commencé à inclure certaines caractéristiques souhaitables. Comme les aliments à base d'orge ont été progressivement remplacés par du blé et d'autres céréales, l'utilisation principale a été déplacée vers l'alimentation animale, avec une utilisation continue dans la production de boissons ce qui a fortement influencé les objectifs de sélection dans l'amélioration de l'orge qui se sont dirigés vers les industries de maltage et de la brasserie au cours des 50 dernières années. Ce n'est que relativement récent où l'accent a été mis sur l'amélioration de la qualité de l'alimentation (Ullrich, 2002), surtout après les démonstrations scientifiques des aspects sanitaires, médicaux et nutritionnels de l'orge.

1.1. Amélioration de l'orge pour l'alimentation humaine et animale :

L'orge est une céréale riche en composants nutritifs avec de nombreux avantages pour la santé comme la perte de poids ; baisse de la pression artérielle ; de la glycémie et du cholestérol sanguin ; et la prévention du cancer du côlon (Kumar et al., 2020). C'est un grain modeste et effectivement accessible, et il contient à la fois des fibres insolubles et solubles ; protéine ; les vitamines B et E ; des minéraux comme le magnésium, le fer et le sélénium ; anthocyanes ; et flavonoïdes (Newman et Newman, 2008). Carl Nilsson Linné devait penser aux bienfaits de l'orge quand il a donné le nom scientifique ou latin à l'orge, *Hordeum vulgare*. *Hordeum* dérive de *Hordearii*, le nom latin de gladiateurs, et se traduit par « hommes d'orge ». C'est parce que l'orge était un élément principal du régime d'entraînement des gladiateurs, ce qui leur a donné force, endurance et graisse sous-cutanée (Curry, 2008).

Malgré tous les avantages de l'orge pour le bien être du corps humain, les programmes de sélection axés sur les aspects de la source alimentaire sont relativement petits et principalement gérés par des instituts nationaux de recherche agricole et parrainés dans un contexte pour une cible spécifique où le goût, la nudité de la graine et la qualité du traitement sont des caractères intéressants, précise Verstegen et al. (2014). En revanche plus de progrès sont consacrés pour le maltage et pour la production de bière, à l'échelle mondiale, 30% de la production mondiale

d'orge est utilisée pour des fins de maltage et environ 90% de l'orge maltée est utilisée pour le maltage de la bière et le reste pour les ingrédients alimentaires (Akar et *al.*, 2004) où les deux cultivars orge à deux rangs et orge à six rangs sont utilisés avec une favorisation de l'orge à deux rangs dans la plupart des pays du monde (Kling, 2004).

Quant à l'alimentation animale l'orge est régulièrement utilisée, en dépit du fait que sa valeur nutritive est moindre que celle du blé ou du maïs pour les animaux, le pourcentage utilisé pour l'alimentation du bétail dans différents pays vari de > 50% à <90% (Zhang et Li, 2009). Cependant Kumlehn et Stein (2014), exprime que le grain d'orge représente une source appropriée d'amidon et a une teneur en fibres brutes et en protéines plus élevée que d'autres cultures comme le maïs. Akar et *al.* (2004) estime qu'environ 70% de la production d'orge est utilisée directement ou indirectement pour nourrir les animaux à l'échelle mondiale.

Ces dernières années un intérêt accru est remarqué dans le développement d'orge sans coque pour l'industrie de l'alimentation animale, l'enlèvement de la coque est nécessaire pour entraîner des augmentations incertaines des niveaux absolus de nutriments de l'orge sans coque par rapport à l'orge ordinaire (Kumar et *al.*, 2020).

Comme exemple, les orges sans coque à six rangs et à deux rangs produites pour l'alimentation animale au Canada ont une teneur en protéines modérément plus élevée (14 à 15%) ; cependant, le grain d'orge à deux rangs est favorisé parce qu'il a une teneur relativement plus élevée en hydrates de carbone et est très comestible par les animaux monogastriques (Fregeau-Reid et *al.*, 2001). Et pour les ruminants qui cependant ne tolèrent pas des graines avec des concentrations plus élevées en amidon car la fermentation rapide de l'amidon dans le rumen entraîne une baisse du pH, ce qui diminue finalement la consommation de fibres et provoque divers troubles gastriques (Larsen et *al.*, 2009). Pour cette raison, il est nécessaire d'examiner la constitution des graines tout en sélectionnant le bon grain d'orge pour les ruminants ainsi que pour les non-ruminants.

1.2. Amélioration de la tolérance aux stress biotiques :

Comme toutes les cultures, l'orge est attaquée par un certain nombre d'agents pathogènes, les trois principaux agents pathogènes sont des champignons, des virus et des bactéries. Chaque pathogène cible une physiologie différente d'un stade de développement de l'orge, que ce soit le grain, la tige, la feuille etc (Verstegen et *al.*, 2014).

Les principales maladies de l'orge sont : L'oïdium (*Blumeria graminis*, un champignon transmis par le vent d'une autre plante) ; Septoriose un champignon qui provoque des tâches mouchetées ; Rhynchosporiose, un champignon qui se propage principalement par dispersion des éclaboussures d'eau causant des tâches foliaires brûlantes ; Fusariose (maladie fongique) ; la rouille noire, la rouille jaune et la rouille brune (*Puccinia sp*) ; piétin verse et piétin échaudage (champignon affectant le pied) (Source : ITGC 2006).

Selon Brown et Caligari (2008), cultiver des cultivars qui sont génétiquement résistants aux ravageurs et aux maladies est toujours un principal objectif d'un sélectionneur des plantes, il rajoute que le développement de cultivars résistants implique la prise en compte de la variabilité génétique du ravageur ou de la maladie ainsi que la variabilité de la résistance (ou de la tolérance) qui existe au sein de l'espèce cultivée (ou des espèces apparentées desquelles une résistance peut souvent être obtenue) et que la durabilité de la résistance de ces cultivars développés peut être affectée par l'émergence de nouvelles races de la maladie / du ravageur qui sont capables de surmonter le mécanisme de résistance dans les plantes hôtes. Ainsi la longévité de la résistance aux maladies qui peut être réalisée dans un nouveau cultivar est souvent aussi importante que l'étendue ou le degré de résistance que le nouveau cultivar expose en fait. Johnson (1981), décrit la durabilité de résistance comme étant une résistance qui reste efficace lorsqu'elle est déployée dans un temps et sur une superficie étendue dans un environnement favorable pour la maladie. Génétiquement, deux schémas de résistance de base sont disponibles : qualitatif (spécifique à la race, résistance verticale) et quantitatif (non spécifiques à la race, horizontales) (Miedaner *et al.*, 2006).

Plusieurs techniques de sélection existent et permettent d'améliorer la résistance aux différentes maladies de plantes, des stratégies de sélection classique : **la sélection récurrente (SR)** conçue pour augmenter la fréquence des allèles souhaités pour les caractères hérités quantitativement par des cycles répétés de sélection et des recombinaison et en même temps maintenir la diversité génétique (Hallauer et Carena, 2009) ; **la sélection en plusieurs étapes** qui est la probabilité de trouver des recombinants rares unissant plusieurs résistances et caractères agronomiques supérieurs ; et **la sélection par backcross (BC)**, une méthode qui vise l'introgession d'un gène cible d'un donneur dans le fond génétique d'un génotype receveur utilisé comme parent récurrent (Miedaner, *et al* 2006). Des stratégies modernes de sélection : **stratégies de sélection assistée par marqueurs moléculaires (SAM)**, Ces marqueurs sont particulièrement utiles pour les résistances des plantes adultes ou caractères à faible héritabilité, caractères difficiles, coûteux et chronophages et offrent l'avantage de moins de cycles de

sélection et une compilation de plusieurs caractères souhaités dans un même génotype pour évaluer phénotypiquement les caractères récessifs ou ceux contrôlés par plusieurs gènes (Koebner, 2003).

Kumar *et al.* (2020), proclame que l'approche de pré-sélection est la plus prometteuse pour relier les ressources génétiques aux programmes de sélection car les programmes de pré-sélection génèrent non seulement de nouvelles populations de base pour les programmes de sélection, mais aident également à identifier les combinaisons hétérotiques pour les programmes hybrides, il explique que le processus implique l'identification des caractères, la découverte de gènes, le développement de marqueurs et le dépistage de la population à l'aide d'outils conventionnels et moléculaires pour générer des informations valides.

Le développement de variétés modernes avancées d'orge a conduit au remplacement de variétés locales adaptées localement, réduisant ainsi la base génétique de la culture, ainsi plusieurs travaux de pré-sélection sur les variétés locales d'orge et les progéniteurs sauvages ont été réalisés par de nombreux chercheurs ; résistance à la rouille brune (Dill Macky *et al.*, 1992) et chez les accessions de *H. spontaneum* (Jin *et al.*, 1994) ; résistance à l'oïdium (Dreiseitl *et al.*, 2004) ; (Sandhu *et al.*, 2012) ; (Johnson *et al.*, 2013) ; Repkova *et al.* (2006), a identifié un nombre d'accessions de *H. vulgare ssp. Spontaneum* pour une résistance utile à l'oïdium ; (Castro *et al.*, 2003), (Toojinda *et al.*, 2000) Identification d'un certain nombre de gènes conférant une résistance à la rouille jaune provenant de germoplasmes d'orge ; résistance des semis à la rouille jaune (Gyawali *et al.*, 2017 ; Gyawali *et al.*, 2018).

1.3. Amélioration de la tolérance aux stress abiotiques :

Wang *et al.* (2003), suggère que les facteurs de stress abiotiques tels que la chaleur, le froid, la salinité, la sécheresse et le stress nutritionnel ont un impact énorme sur l'agriculture mondiale, il estime qu'ils réduisent les rendements moyens de > 50% pour la plupart des principales plantes, quant à Acquah (2007), il estime qu'environ 70% de la réduction du rendement agricole est due à l'effet direct du stress abiotique.

Quand une plante endure un stress abiotique, un nombre de changements morphologiques, physiologiques, biochimiques et moléculaires sont déclenchés, l'expression génique induite par le stress peut être globalement classés en trois groupes : 1) les gènes codant pour des protéines avec des fonctions enzymatiques ou structurales, 2) protéines dont les fonctions sont encore inconnues et 3) protéines régulatrices (Bhatnagar-Mathur *et al.*, 2008).

D'après Tiwari *et al.* (2010), les stress abiotiques résultant d'une salinité excessive, d'un déficit hydrique, ou des températures extrêmes conduisent à une réduction de la photosynthèse, de la transpiration et d'autres processus biochimiques associés à la croissance, au développement et à la productivité des plantes. De plus, exprime Asada (2006), le stress abiotique entraîne un stress oxydatif dans la cellule végétale, ce qui entraîne une fuite plus élevée d'électrons vers l'O₂ au cours des processus photosynthétiques et respiratoires, conduisant à une amélioration de la génération d'espèces réactives de l'oxygène (ERO), comme il est largement connu rajoute Breusegem *et al.* (2001), que la réponse la plus caractéristique et la plus générale des cellules végétales sous diverses stress est l'augmentation de la production de (ERO) en raison de leur fonction de molécule signale, les (ERO) joue un rôle crucial dans la signalisation des conditions défavorables et dans l'activation des réponses de défense, cependant pendant des conditions de stress plus sévères et persistantes, une accumulation incontrôlée de (ERO) peut se produire, ce qui provoque plusieurs dommages, notamment des modifications de la membrane et des protéines dans les cellules, un niveau accru de peroxydation des lipides et des protéines et l'activation de l'appareil antioxydant. Une grande partie des blessures sur les plantes soumises à un stress abiotique est liée à des dommages oxydatifs au niveau cellulaire conduisant à la mort cellulaire (Mittler, 2002).

Dans le cas des cultures céréalières comme l'orge, les facteurs de stress abiotiques tels que la faible teneur en azote, la sécheresse, la salinité et la toxicité de l'aluminium entraînent une diminution de rendement importante par conséquent, la sélection pour la tolérance à ces stress abiotiques est importante (Bänziger *et al.*, 1999). Plusieurs stratégies de sélection sont utilisées pour faire face aux différents stress abiotiques, des travaux de pré-sélection sur les variétés locales d'orge et des progéniteurs sauvages sur la tolérance à la sécheresse (Baum *et al.*, 2003), et sur la tolérance au froid (Grossi *et al.*, 1998).

Des approches de biotechnologie dont la technologie assistée par marqueurs moléculaires et le génie génétique ont été utilisées pour augmenter la tolérance à la salinité (Roy *et al.*, 2013), augmenter la tolérance au froid et la vigueur de germination dans des conditions de basse température avec un léger effet sur la croissance des plantes (Soltész *et al.*, 2012) et la tolérance au stress de sécheresse (Morran *et al.*, 2011), et bien d'autres travaux ont été fait sur ce sujet.

2. Méthodes de sélection :

La sélection végétale à plusieurs stratégies pratiques pour améliorer les caractéristiques de l'orge afin que la culture devienne plus souhaitable sur le plan agronomique et économique.

Les méthodes pour faire avancer les générations diffèrent d'un caractère à un autre, la production de lignées pures à partir de la sélection massale, pedigree, la méthode SSD et la production d'homozygotes par double haploïdie sont courantes dans l'orge. Récemment, une sélection assistée par marqueurs moléculaires a également été signalée dans l'orge pour les caractères d'importance économique, en particulier la qualité du maltage. Ici, ces méthodes sont décrites brièvement.

2.1. Méthodes conventionnelles de sélection

D'après Patrick et Alfonso (2013), les sélectionneurs d'orge ont utilisé diverses méthodes de sélection traditionnelles pour améliorer les caractères de l'orge tels que le rendement élevé, la résistance biotique, la résistance abiotique et la qualité du maltage, cet élevage traditionnel et conventionnel de l'orge n'a pas été remplacé par l'utilisation de cartes génétiques et de techniques de marqueurs, mais plutôt ces nouvelles approches sont ajoutées aux outils que les éleveurs peuvent utiliser pour identifier et localiser les gènes et leurs effets sur l'expression des caractères recensés Rao *et al.* (2007).

Wiebe (1978), affirme que le croisement de cultivars de différents milieux génétiques est peut-être la méthode la plus élémentaire d'élevage d'orge. L'orge étant une plante auto-fertilisante, des croisements artificiels sont nécessaires pour produire des plantes recombinantes. L'inconvénient de cette approche pour améliorer diverses caractéristiques, c'est qu'elle conduit à un pool génétique restreint (Anderson et Reinbergs, 1985).

À l'heure actuelle, la majorité des variétés d'orge sont basées sur le développement de lignées pures, La sélection hybride est également disponible et a abouti à la sortie d'un certain nombre de variétés hybrides (Longin *et al.*, 2012). Pour le développement de variétés de lignée pure, deux approches de sélection de base sont disponibles : sélection massale et sélection de pedigree.

La sélection massale est parmi les méthodes de sélection les plus anciennes, elle est probablement à la base de la domestication de plusieurs espèces végétales. Elle est simple et très peu coûteuse. C'est une méthode qui consiste à choisir des individus d'après leurs propres performances (choix phénotypique) et de mélanger leur semence. Cette dernière est alors semée

en vrac. Après un croisement, la descendance hétérozygote est cultivée en masse pendant plusieurs générations (sept à huit) avant qu'on ne choisisse les plants qui apparaissent comme étant les meilleures du point de vue agronomique (Zahour, 1992).

La sélection de pedigree ou sélection généalogique consiste à choisir des individus dans une population hétérogène et procéder ensuite à l'étude des descendance en autofécondation en suivant la filiation généalogique de chaque individu (plante ou épis par ligne), d'où le nom de sélection généalogique (Demarly et Sibi, 1996), à chaque génération, on choisit des plantes intéressantes et on attend la génération suivante pour voir si le caractère retenu s'extériorise à nouveau et de façon homogène, cette méthode de sélection est utilisée surtout pour l'amélioration des plantes autogames (Zahour, 1992). D'après Gallais et *al.* (1992), la sélection généalogique est une méthode efficace pour les caractères peu influencés par le milieu, son grand intérêt est de fournir à la grande culture des lignées pures dont les avantages sont considérables : végétation uniforme, tiges de même hauteur, graines de même taille et rendement élevé.

Une autre méthode largement utilisée dans les programmes de sélection de l'orge qui peut être considérée comme conventionnelle, la sélection par descendance à une seule graine ou méthode (SSD) (Tourte, 2005). Elle a été proposée par Goulden (1939), comme procédure pour obtenir un niveau élevé d'homozygotie tout en maintenant une variation génétique maximale dans les espèces autogames ; la sélection de graines uniques de chaque plante au fur et à mesure que les générations de F₂ avancent à la valeur désirée ; le niveau d'homozygotie et la base du terme de descendance d'une graine unique.

Les éleveurs travaillant dans des réserves de matériel génétique étroites utilisent régulièrement le pedigree méthode basé sur la reproduction, souvent associées à la méthode (SSD) pour obtenir de nombreuses lignées dans des états avancés d'homozygotie sans perdre la variabilité génétique (Lupton et Whitehouse, 1957).

La méthode de sélection par rétrocroisement (Back- cross) suggéré pour la première fois par Harlan (1922), implique des rétrocroisements répétés avec un parent après un croisement initial avec l'intention de récupérer le parent récurrent avec la caractéristique ajoutée du parent donneur. Ce système de reproduction est bien adapté aux caractères simplement hérités et contrôlés par un ou deux gènes majeurs, le rétrocroisement est également bien adapté au développement de lignées iso-géniques pour les études génétiques (Kumar et *al.*, 2020).

2.2. Nouvelles méthodes de sélection

Un certain nombre de techniques modernes innovatrices ont eu une influence sur la sélection d'orge ces dernières années. Certaines de ces approches ont aidé à accélérer le processus de sélection (par exemple, la culture de microspores dans la production de lignées (HD) ; d'autres l'ont rendu plus précis et efficace (par exemple, l'utilisation d'un gène moléculaire Marqueurs) (Verstegen et *al.*, 2014).

Les lignées haploïdes doublées sont actuellement une méthode standard de création de nouveaux matériels dans la plupart des programmes modernes de sélection d'orge, De Buyser et Henry (1986), explique que pour la plupart des espèces, les descendances des (HD) sont homogènes et stables. Ainsi, chez l'Orge, les (HD) obtenus par la technique de croisement interspécifique avec l'orge bulbeuse, ne révèlent aucune instabilité. Par contre, chez le blé, le triticales, le tabac, certains auteurs ont observé d'anomalies dans les descendances des plantes haploïdes doublées (Plus de détails à propos de cette approche dans la page 25).

Une autre approche utilisée pour la sélection d'orge, les marqueurs moléculaires, une approche de reproduction au laboratoire par laquelle des régions chromosomiques (locus) contrôlant des caractères particuliers d'intérêt peuvent être identifiés et suivis dans un programme de sélection (Newman et Newman, 2008). D'après Najimi et *al.* (2003), le développement des marqueurs moléculaires durant les dernières années offre la possibilité d'établir de nouvelles approches pour améliorer les stratégies de sélection avec l'avènement des polymorphismes de longueur des fragments de restriction (RFLP), des marqueurs à base de réaction en chaîne par polymérase (PCR), et en particulier avec le développement de la troisième génération de marqueurs ADN, polymorphismes mono nucléotidiques (SNP), cette approche est appliquée très activement dans l'orge d'aujourd'hui.

Le génie génétique est un autre moyen de sélection dans l'orge, étant donné que les ressources phylogénétiques peuvent être utilisées pour élargir la base de matériel génétique de cultivars améliorés à haut rendement avec des résistances aux stress abiotiques et biotiques (Singh, 2006). Kling (2004), constate qu'il existe une variation naturelle importante dans l'orge, ce qui la rend assez sensible à la sélection artificielle, mais la collecte et la préservation de ces ressources génétiques pourraient apporter une contribution importante aux futures recherches sur l'orge.

3. Haploïdisation :

3.1 Définition :

Piccard (1995), définit une plante haploïde comme étant une plante dont le nombre chromosomique est égal au nombre chromosomique des gamètes, mâles ou femelles, de la plante dont elle est issue, donc chaque chromosome de chaque paire n'est présent qu'en un seul exemplaire sauf pour les espèces autotétraploïdes. Les plantes haploïdes sont morphologiquement identiques aux plantes mères bien que d'une taille plus réduite, n'ont pas perdu la capacité de former de nouveaux gamétophytes mais restent presque totalement stériles. Le traitement de cet haploïde à la colchicine, une toxine dérivée du colchique d'automne, *Colchicum*, produit efficacement des haploïdes doubles permettant l'obtention de lignées consanguines homozygotes en une seule génération (Newman et Newman, 2008). Dans le cas d'haploïdes dérivés de la culture d'anthere, le doublement se produit souvent d'une façon spontanée pour obtenir des (HD) (Luckett et Darvey, 1992).

3.2. Les premiers Haploïdes observés :

Dans une publication de Blackeslee et *al.* En 1922, on parle de plantes haploïdes observées pour la première fois : il s'agit d'haploïdes spontanés de *Datura stramonium*.

Le premier haploïde de céréale est observé en 1926 par Gains et Aase provenant d'un croisement interspécifique entre *Triticum compactum* et *Aegilops cylindrica*. Ainsi, explique Piccard (1995), les premiers haploïdes qui sont historiquement étudiés résultent plutôt d'anomalies des processus de la reproduction asexuée, soit : de l'oosphère qui s'est développé en embryon sans fécondation (c'est le phénomène de parthénogenèse *in vivo*) ou d'une autre cellule du sac embryonnaire (apogamie) avec ou sans développement normal du zygote, ou bien alors du développement d'une des deux cellules gamétiques mâles dans le sac embryonnaire (androgenèse *in vivo*).

Ce phénomène qu'on appelle "l'Haploïdisation spontanée" survient chez de nombreuses espèces mais à des fréquences très faible (Kimber et Riley, 1963).

3.3. Techniques d'obtention de plantes Haploïdes :

Bien que l'haploïdie soit une technique très intéressante pour de nombreux obtenteurs, la présence naturelle de plantes haploïdes est rare, cependant, il y a plusieurs techniques qui permettent de produire des haploïdes et par la suite des HD (Kumar et *al.*, 2020). Cette production de plantes haploïdes dans des conditions artificielles est restée impossible jusqu'au début des années 60 grâce à Guha et Maheshwari en 1964 quand ils obtiennent en cultivant des anthères sur un milieu artificiel contenant du lait de noix de coco, du miel et quelques éléments minéraux les premières plantes haploïdes chez le *Datura innoxia*. Trois ans plus tard Bourgin et Nitsch (1967), ont réussi à leur tour à obtenir des haploïdes de tabac à partir de cellules d'étamines.

Et depuis plusieurs équipes à travers le monde se lancent alors dans des recherches pour tenter de mettre au point les conditions expérimentales permettant l'obtention in vitro d'haploïdes vu l'intérêt de l'haploïdisation pour la production de plantes homozygotes (Ishii et *al.*, 2016).

Les méthodes de production des haploïdes comprennent la culture ovarienne (gynogenèse in vitro), l'élimination des chromosomes (technique du bulbosum), culture d'anthères et culture de microspores isolés, (androgenèse in vitro), l'hybridation interspécifique (Newman et Newman, 2008). Et l'utilisation d'un gène initiateur haploïde (hap) trouvé par Hagberg et Hagberg (1980).

Bien que les plantes haploïdes puissent être régénérées des cellules sexuelles mâles et femelles, c'est généralement les cellules mâles (Microspores ou pollen) qui se sont avérés les plus efficaces dans la régénération d'un grand nombre d'haploïdes et des lignées HD. Cela est dû en partie à la facilité avec laquelle le pollen, par opposition aux ovules, peut être collecté, et en partie parce que simplement, en général, beaucoup plus de grains de pollen que d'ovules sont produits (Brown et Caligari, 2008).

3.3.1. La Gynogenèse ou culture d'ovaires in vitro :

La régénération haploïde à l'aide de gamétophytes femelles non pollinisés est un processus alternatif pour l'induction haploïde, ce processus est généralement décrit par le terme gynogenèse, ou parthénogenèse haploïde (Bohanec, 2009)

Historiquement, les premières plantes haploïdes issues de gamétophytes femelles de façon spontanée étaient décrites dans *Datura stramonium* (Blakeslee et *al.*, 1922).

Dans l'orge, les premières plantes haploïdes d'origine gynogène induites *in vitro* ont été réalisées par Noeum (1976).

Depuis, d'autres plantes haploïdes issues de la gynogenèse sont produites chez d'autres espèces (Wu et Chen, 1982), comme chez le blé tendre et le tabac par Zhu et Wu en 1979 et Zhu et *al.* En 1981, chez le riz (Asselin de Beauville, 1980) ; et (Kuo, 1982) ; chez l'orge (Wang et Kuang, 1981) ; chez le maïs (Yang et Zhou, 1982) ; et chez le gerbera (Cagnet-Sitbon, 1980).

En revanche, plusieurs tentatives antérieures pour induire des haploïdes en cultivant les ovules non fécondés ont échoué, affirme Yang et Zhou (1982). Malgré d'autres exemples réussis dans un certain nombre d'espèces végétales, Bohanec (2009), mentionne que la culture d'ovules non fertilisés a souvent échoué à induire des haploïdes. Certains échecs et premières tentatives sont passés en revue par Laksmi-Sita (1997), Mukhambetzhonov (1997), et plus récemment, par Germana (2006), pour les cultures fruitières.

3.3.2. L'Androgenèse *in vitro* :

C'est la méthode sur laquelle on trouve le plus de publications, certainement parce que c'est la méthode la plus utilisée pour l'obtention de plantes haploïdes. En 1973, Claphan a été le premier à déclarer avoir obtenu des plantes haploïdes de la culture des anthères dans l'orge.

Le processus d'induction de plantes haploïdes ou d'haploïdes doublés (HD) à partir de spores méiotiques mâles (microspores) à travers **la culture d'anthère** ou à travers **la culture de microspores isolées** (grains de pollen immatures) est appelé **androgenèse** (Hu, 1997).

Les anthères sont retirées des fleurs et cultivées directement dans des conditions de culture *in vitro* ou les microspores peuvent être isolées avant la culture. La méthode d'induction des plantes HD à partir de cultures de microspores peut être plus efficace (Li et Devaux, 2005), mais techniquement exigeante (Lantos et *al.*, 2006).

Ce processus d'androgenèse *in vitro* comporte trois phases : l'initiation du phénomène puis l'embryogenèse ou la callogenèse et enfin la régénération de plantes entières chlorophylliennes, albina ou chimériques. L'ensemble depuis la mise en culture des explants jusqu'à l'obtention de plantes sevrables, prend environ de 6 à 10 semaines, suivant les espèces (Piccard, 1995).

La réponse androgénique est le résultat de deux distincts mécanismes héréditaires impliquant l'embryogenèse (induction et développement d'un embryon de microspore) et la régénération des plantes. La fréquence globale de la formation d'haploïdes et de dihaploïdes ou d'haploïdes

doubles (HD) dépend de nombreux facteurs. Les facteurs les plus importants sont le génotype des plantes donneuses, le stade des explants cultivés, la composition des milieux de culture et les conditions de culture. La Dihaploïdisation, la stabilité génétique subséquente et l'apparition de plantes albinos sont d'autres facteurs limitants (Ohnoutkova et *al.*, 2019).

Le génotype de la plante donneuse est le facteur le plus critique à obtenir des embryons de microspores. Des LCQ spécifiques sont connus pour contribuer à l'efficacité aux différents stades de l'androgénèse (Chen et *al.*, 2007). Dans de nombreux génotypes d'orge, le processus androgène est plutôt inefficace. Lazaridou et *al.* (2011), a mené des recherches sur un grand ensemble de génotypes d'orge et a montré une efficacité de régénération moyenne de 1,7 plantes vertes (PV) pour 100 anthères cultivées. Cependant, Dans le cultivar modèle « Igri », 1009,8 plantules pour 100 anthères répondantes ont été régénérées, avec la proportion de PV atteignant 87,6% (Jacquard et *al.*, 2009). Le génotype détermine la réponse cellulaire à chaque étape du développement de la plante HD, à partir de l'induction de l'androgénèse, par l'embryogénèse, par la production d'embryons / cals, et la régénération de la plante, au phénomène indésirable de l'albinisme. Jusqu'à présent, il n'a pas été possible d'établir la source d'une si grande disparité dans l'efficacité de ce processus parmi les génotypes (Makowska et *al.*, 2015).

La production de plantes haploïdes à partir de la culture d'anthères a été signalée pour plus de 200 espèces de plantes supérieures (Brown et Caligri, 2008).

3.3.3. Les Croisements Interspécifiques ou Intergénériques :

La possibilité d'obtenir à partir de croisements interspécifiques ou Intergénériques des plantes haploïdes est découvert dès les années 1960 et consistent à croiser deux espèces différentes ou appartenant à deux genres différents, quelques jours après le croisement le stock chromosomiques du parent mâle est éliminé mais le fruit se développe normalement pendant quelques jours - de 5 à 10 jours - comme s'il y avait eu fécondation, après cette période, si l'embryon n'est pas sauvé in vitro sur un milieu nutritif artificiel, il dégénère parce qu'il y a pas d'albumen fonctionnel dans le grain car il n'y a pas eu double fécondation (Piccard, 1995).

Diverses approches de la sélection interspécifique et intergénérique de l'orge ont été étudiées par un certain nombre de chercheurs en vue de l'introduction de nouveaux allèles en orge comme les travaux de Lange (1968), puis de Kasha et Kao (1970), qui ont mis en évidence la possibilité d'obtenir de nombreux haploïdes à partir du croisement interspécifique *Hordeum*

vulgare × *Hordeum bulbosum*. Depuis ce sujet à fait l'objet de plusieurs revues (Fedak, 1985 ; Bothmer, 1992 ; Shepherd and Islam, 1992 ; Ellis, 2002).

Pickering et Johnston ont détaillé dans une revue en 2005 les traits d'incompatibilité de croisement de *H. vulgare* avec d'autres espèces de *Hordeum* et ont mentionné qu'à l'exception de *H. bulbosum*, les espèces autres que *H. vulgare* montrent peu ou pas d'appariement chromosomique à la méiose, et peu ou pas de possibilité de transfert de gènes interspécifique existant. Les principales incompatibilités signalées étaient l'élimination des chromosomes, dégénérescence de l'endosperme, hybrides infertiles, recombinaison réduite, traînée de liaison, instabilité des hybrides et appariement des chromosomes. Parce que les chromosomes *H. vulgare* et *H. bulbosum* montrent un appariement à la méiose (Bothmer, 1992).

Le croisement Intergénérique a fourni d'additionnelles sources de matériel génétique. La relation phylogénétique entre les genres au sein de la tribu Triticeae a été le stimulant pour les généticiens pour obtenir des hybrides entre l'orge et le blé. Peu de succès a été obtenu dans ce domaine jusqu'en 1973, date à laquelle a été démontré que le diploïde *H. vulgare* L. pouvait être croisé en tant que parent maternel avec du blé diploïde, tétraploïde et hexaploïde (Kruse, 1973). En 1985 Fedak a présenté une revue de la recherche accomplie et publiée sur la sélection intergénérique de l'orge cultivée et parents au sein de la tribu des Triticeae. Nombreuses combinaisons des croisements orge × blé ont depuis été mis au point (Fedak, 1992).

3.4. Avantages de l'Haploïdisation :

La culture des haploïdes est un domaine en croissance dans le secteur de l'amélioration des plantes, ayant l'avantage de produire des plantes totalement homozygotes et constituant des lignées pures pouvant être utilisées en pedigree ou autres méthodes d'élevage. De plus, la facilité de sélection parmi les lignées homozygotes et le gain de temps sont des avantages reconnus de la technique haploïde (Kumlehn et Stein, 2014). La taille des populations reproductrices peut être réduite tout en préservant une probabilité de réussite similaire à celle d'autres méthodes plus laborieuses et plus longues (Newman et Newman, 2008).

Les lignées HD offrent un moyen plus simple de tester à plusieurs reprises, plusieurs complexes des caractères tels que le rendement, la résistance aux maladies, la tolérance au stress abiotique, et la qualité du malt à différents endroits (Weyen, 2009).

En pratique, ces techniques ont été utilisées pour sélectionner les caractères de l'orge en fonction du rendement, de la résistance aux parasites et maturité précoce et un nombre important de cultivars d'orge ont été libérés sous forme d'haploïdes doubles (Tourte, 2005).

3.5. Limites de L'haploïdisation :

Brown et Caligri (2008), ont écrit que le développement d'haploïdes dans un programme d'élevage pratique ne sera pas aussi efficace que prévu. En particulier des préoccupations ont été soulevées concernant :

- Le coût de production des haploïdes.
- L'incapacité de produire facilement un grand nombre de lignées homozygotes par haploïdie.
- La variation délétère parfois exposée à la suite d'allèles récessifs délétères dans le matériau original ou la variation mutationnelle / somaclonale induite à la suite des techniques in vitro.
- La dépendance du génotype du matériau parental utilisé pour influencer la fréquence des haploïdes produits - ce qui signifie souvent que même le matériau le plus désireux que l'éleveur veut utiliser est non réactif et les haploïdes ne sont pas faciles à obtenir.

**PARTIE II : PARTIE
EXPERIMENTALE**

MATERIEL ET METHODES

Notre essai s'est déroulé au niveau de l'Institut National de la Recherche Agronomique d'Alger (INRAA) Mehdi Boualem (Baraki, Alger) qui se situe à 18km du sud-est de la ville Alger. Le centre se situe en région subhumide à une latitude : 36, 68 ; Longitude : 3, 11 ; et altitude : 18m

L'essai s'est déroulé durant la période : 11-2019/08-2020

1. Objectif de l'essai :

L'essai porte sur la caractérisation morpho-phréologique et agronomique de quelques lignées haploïdes doublés d'orge issue de la culture d'anthère, afin d'identifier les plus productives et les plus adaptées pour la zone d'étude.

2. Présentation de l'expérimentation :

Cet essai a été réalisé dans le cadre d'un projet de recherche socio-économique de l'**INRAA**. Financé par le fond national de la recherche (DGRSDT).

3. Matériel végétal :

Le matériel végétal utilisé (8 lignées d'haploïdes doublées et 2 lignées parentales) dans notre essai a été obtenu par l'équipe « **Amélioration génétique de l'orge** » de la **Division Biotechnologique et Amélioration des Plantes (INRAA)**.

4. Dispositif expérimental :

Le dispositif expérimental a été proposé par l'équipe du projet à INRAA, après que nous ayons installé l'essai, son entretien (le désherbage) a été assuré par l'équipe **Amélioration génétique de l'orge INRA**.

L'essai a été installé sur une parcelle de la station expérimentale de l'INRAA, en bloc aléatoire complet à trois répétitions

Chaque bloc contient les 10 génotypes suivants : HD10, HD11, HD14, HD15, HD21, HD26, HD30, HD39, et les deux parents TICHEDRETT et EXPRESS, où chacun de ces génotypes a été semé aléatoirement dans une micro- parcelle de 6 m² (06 lignes de 05 m, 20 cm entre lignes), et 4 lignes linéaires ont été laissées entre chaque micro-parcelle.

(Le plan parcellaire de l'expérimentation est reporté en annexe).

5. Itinéraire technique :

5.1. Précédent cultural :

Le précédent cultural était une culture céréalière (blé).

Date de récolte précédente juin 2019

5.2. Conditions du sol :

Sol argileux.

5.3. Travail du sol

Les opérations culturales ont été effectuées dans l'ordre chronologique suivant :

- **Aout 2019** : déchaumage avec un outil à dent.
- **Septembre 2019** : labour avec un scarificateur.
- **Octobre 2019** : recroisement premier passage avec un cover crop.
- **Novembre 2019** : recroisement deuxième passage avec un cover crop.
- **Avant semis** : préparation de lit de semence par deux passages avec roto herse.

5.4. Semis :

Il a été réalisé du **20 /12/2019** au **24/12/2019** à une densité de 100 graines par m², manuellement (**Figure 13**).



Fig.13. Semis des grains d'orge réalisé à la main (INRAA 2019).

5.5. Fertilisation :

Aucune fertilisation n'a été effectuée.

5.6. Récolte :

La récolte des micros parcelles a été effectuée manuellement, du **01/06/2020**, au **04/02/2020** à raison de 01 m linéaire = 0,2 m²

La récolte a été réalisée aléatoirement au centre de la micro parcelle.



Fig.14. Sacs remplis d'orges récoltés au niveau des micro-parcelles (INRAA2020).

6. Méthodologie d'étude :

6.1. Caractères de la plote :

Ces caractères sont mesurés sur les 10 génotypes, ou chaque génotype est en 3 répétitions.

6.1.1. Les rendements :

- **Rendement en biomasse aérienne**

Après récolte, 30 sacs remplis d'orges ont été pesés après avoir taré le poids du sac (**Figure 15**), Les valeurs obtenues sont exprimées en q/ha.

Ce paramètre peut être aussi déterminé à partir de la formule suivante :

Rdt ba q/ha = rendements en grains + rendements en paille.



Fig.15. Image prise lors de la pesée des sacs d'orges (INRAA 2020).

- **Rendement en paille**

Après avoir déterminé le rendement de la biomasse aérienne, les tiges sont débarrassées de leurs épis puis pesées. Les valeurs sont exprimées en q/ha.

- **Rendement en grains**

Après battage, les grains ont été pesés, et les valeurs obtenues sont exprimées en q/ha.

- **Indice de récolte**

Cet indice est estimé à partir de la formule suivante

Indice de récolte = Rendement en grains de la parcelle/ Poids de la matière

Sèche totale

Cet indice nous permet de connaître la part du rendement en grain d'une variété donnée par rapport à son rendement total en matière sèche pour mieux l'exploiter pour les besoins humains, les besoins du bétail ou les deux à la fois.

6.1.2. Les caractères agronomiques :

- **Nombre de plants**

Le nombre de plants est obtenu après séparation et comptage des plants (**Figure 16**).



Fig.16. Séparation et comptage des plants (INRAA 2020).

- **Nombre d'épis**

Les épis de chaque plant sont coupés et comptés.

6.2. Caractères mesurés sur la plante :

Ces mesures ont été faites sur 150 plantes, soit 15 plantes par géotypes, (5 plantes par blocs). Ces plantes ont été sélectionnées au hasard.

6.2.1. Les rendements :

- **Rendement en biomasse aérienne par plante**

Après récolte, les plants sont sélectionnés au hasard puis pesés (**Figure 17**). Les valeurs obtenues sont exprimées en q/ha.



Fig.17. Détermination du rendement en biomasse aérienne par plant (INRAA 2020).

- **Rendement en paille par plante**

Après avoir déterminé le rendement de la biomasse aérienne, les tiges sont débarrassées de leurs épis puis pesées. Les valeurs sont exprimées en q/ha.

- **Rendement en grains par plante**

Après battage les grains de chaque plante ont été pesés, et les valeurs obtenues sont exprimées en q/ha.

6.2.2. Les caractères agronomiques :

- **Nombre d'épis par plante**

Sur chaque micro-parcelle, nous avons compté le nombre d'épis par plante (**Figure 18**).



Fig.18. Image prise lors du comptage du nombre d'épis par plante (INRAA 2020).

- **Le poids de grains de l'épi par plante**

Les mêmes épis ont été coupés, après égrenage, les grains de ces épis sont pesés.

6.3. Caractères mesurés sur le mètre brin :

6.3.1. Caractères morphologiques :

Ces mesures ont été effectuées sur 150 mètres brins, soit 15 mètres brins pour chaque génotype. Les plants ont été sélectionnés au hasard au niveau de chaque micro-parcelle.

- **Hauteur tige**

La hauteur (cm) est considérée comme étant la longueur depuis le collet jusqu'à la base de l'épi.

- **Longueur de l'épi**

La longueur de l'épi (cm) est mesurée à partir de la base de l'épi jusqu'à son extrémité supérieure (les barbes ne sont pas comprises).

- **Longueur des barbes**

Sur les mêmes épis, nous avons mesuré la longueur des barbes (cm) à partir de l'extrémité supérieure de l'épi jusqu'à celle des barbes.

- **Longueur du dernier entre nœud**

Sur les mêmes tiges, la longueur du dernier entre nœuds (cm) est mesurée à partir de l'avant dernier nœud jusqu'au dernier nœud (espace court entre les nœuds) qui se situe juste avant le collet de l'épi.



Fig.19. Mesure des caractères morphologiques : hauteur tige ; longueur de l'épi ; longueur des barbes et longueur du dernier entre nœud (INRAA 2020).

6.3.2. Caractères agronomiques :

- **Nombre de grains par épi**

Le nombre de grains par épi a été déterminé après égrenage manuel des épis des mètres brins.

6.4. Traitement statistique des données :

Les données collectées ont fait l'objet d'une analyse de la variance ANOVA, à l'aide du STATISTICA (version 8.0, 2007 StatSoft. USA), d'une comparaison des moyennes, et d'une analyse post hoc à partir du test LSD qui permet de déterminer les plus petites différences significatives entre génotypes, à partir duquel les génotypes ont pu être regroupés selon leurs similitudes ou leurs divergences pour chacun des caractères mesurés.

L'effet variable est significatif lorsque la probabilité de l'erreur réellement commise est au seuil de 5 %.

RESULTATS ET DISCUSSION

1. Caractères de la plote :

1.1. Rendements :

- **Rendement en biomasse aérienne (BA) (q/ha) :**

- Les résultats de l'analyse de variance de la biomasse aérienne ne relèvent aucune différence significative entre les génotypes, ou entre les blocs, donc l'hypothèse est nulle

(Le tableau de l'analyse de la variance de la biomasse aérienne est porté en annexe).

- **Rendement en paille (RP) (q/ha) :**

- Les résultats de l'analyse de variance du rendement en paille ne relèvent aucune différence significative entre les génotypes ou entre les blocs, donc l'hypothèse est nulle

(Le tableau de l'analyse de variance du rendement en paille est porté en annexe)

- **Rendement en Grains (RG) (q/ha) :**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du rendement en grain est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du rendement en grains et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 01**.

Tableau1. Valeurs moyennes du rendement en grains calculé des lignées étudiées (q/ha)

Lignées	Rendement moyen en grains (q/ ha)	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD39 F2 TE 2009	73,4000	Groupe A	Effets génotypes : S
EXPRESS	70,0000	Groupe A	
HD21 F2 TE 2009	65,95000	Groupe AB	
HD14 F2 TE 2009	62,76665	Groupe ABC	Effets blocs : NS
HD30 F2 TE 2009	62,41665	Groupe ABC	
HD26 F2 TE 2009	52,96665	Groupe ABC	
HD15 F2 TE 2009	47,58335	Groupe BC	
TICHEDRETT	47,35000	Groupe BC	
HD11 F2 TE 2009	42,78335	Groupe C	
HD10 F2 TE 2009	41,0000	Groupe C	

- Le Test LSD a fait ressortir 05 groupes homogènes :
 - HD39 F2 TE 2009 a eu la plus grande moyenne pour le caractère rendement en grains (146,8000), avec le génotype EXPRESS, ils forment un même groupe (groupe a).
 - HD21 F2 TE 2009 appartient au (groupe ab).
 - HD14 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, appartiennent au (groupe abc).
 - HD15 F2 TE 2009 et TICHEDRETT appartiennent au (groupe bc)
 - HD11 F2 TE 2009 et HD10 F2 TE 2009 ont eu les moyennes les plus faibles, ils appartiennent au (groupe c).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (RG) entre :
 - Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec : le génotype HD21 F2 TE 2009 ($p = 0,029636$) ; le génotype HD39 F2 TE 2009 ($p = 0,006634$) ; et le génotype EXPRES S ($p = 0,013297$).
 - Une autre différence significative signalée pour le génotype HD11 F2 TE 2009 avec : le génotype HD21 F2 TE 2009 ($p = 0,041659$) ; le génotype HD39 F2 TE 2009 ($p = 0,009573$) ; et le génotype EXPRES ($p = 0,019005$).
 - Le génotype HD15 F2 TE 2009 a une différence significative avec le génotype HD39 F2 TE 2009 ($p = 0,025041$) ; et le génotype **EXPRES** ($p = 0,047944$).
 - TICHEDRETT relève une différence significative avec le génotype HD39 F2 TE 2009 ($p = 0,023923$) ; et avec le génotype EXPRESS ($p = 0,045902$).

(Le tableau de l'analyse post hoc du rendement en grains est en annexe).

- **Indice de Récolte (IR)**

- Les résultats de l'analyse de variance de l'indice de récolte ne relèvent aucune différence significative entre les génotypes ou entre les blocs, donc l'hypothèse est nulle

(Le tableau de l'analyse de la variance de l'indice de récolte est porté en annexe).

1.2. Caractères agronomiques :

- **Nombre de plants (NP)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les Géotypes et non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du nombre de plants est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du nombre de plants et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 02**

Tableau 2. Valeurs moyennes du nombre de plants des lignées étudiées

Lignées	Nombre de plants moyen	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
TICHEDRETT	16,33333	Groupe B	Effets géotypes : S
HD39 F2 TE 2009	14,66667	Groupe BC	
HD11 F2 TE 2009	14,33333	Groupe BC	
HD14 F2 TE 2009	14,00000	Groupe BC	
EXPRESS	13,66667	Groupe BC	
HD21 F2 TE 2009	13,33333	Groupe BC	Effets blocs : NS
HD26 F2 TE 2009	12,66667	Groupe ABC	
HD30 F2 TE 2009	11,00000	Groupe AC	
HD10 F2 TE 2009	8,33333	Groupe A	
HD15 F2 TE 2009	8,33333	Groupe A	

- Le Test LSD a fait ressortir 05 groupes homogènes :
 - TICHEDRETT a eu la plus grande moyenne pour le caractère nombre de plants (16,33333), il appartient au (groupe a).
 - HD39 F2 TE 2009, HD11 F2 TE 2009, HD14 F2 TE 2009, EXPRESS, HD21 F2 TE 2009 appartiennent au (groupe bc).
 - HD26 F2 TE 2009 fait partie du (groupe abc).
 - HD30 F2 TE 2009 appartient au (groupe ac).
 - HD10 F2 TE 2009 et HD15 F2 TE 2009 sont classés avant derniers et derniers, ils appartiennent au (groupe a).
- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (NP) entre :
 - Le géotype HD10 F2 TE 2009 avec : le géotype HD11 F2 TE 2009 ($p = 0,010523$) ; le géotype HD14 F2 TE 2009 ($p = 0,014771$) ; le géotype HD21 F2 TE 2009 ($p = 0,028634$) ; le géotype HD39 F2 TE 2009 ($p = 0,007465$) ; le géotype TICHEDRETT ($p = 0,001293$) ; et le géotype EXPRESS ($p = 0,020628$).

- Une différence significative signalée entre le génotype HD15 F2 TE 2009 avec : le génotype HD11 F2 TE 2009($p= 0,010523$) ; le génotype HD14 F2 TE 2009($p= 0,014771$) ; le génotype HD21 F2 TE 2009 ($p=0,028634$) ; le génotype HD39 F2 TE 2009 ($p= 0,007465$) ; le génotype TIHEDRETT ($p= 0,001293$) ; et le génotype EXPRES ($p= 0,020628$).
- Le génotype HD30 F2 TE 2009 a une différence significative avec le génotype TICHEDRETT ($p = 0,020628$).
- TICHEDRETT relève une différence significative avec le génotype HD39 F2 TE 2009 ($p= 0,023923$) ; et avec le génotype EXPRESS ($p = 0,045902$).

(Le tableau de l'analyse post hoc du nombre de plants est apporté en annexe).

- **Nombre d'épis (NE)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et
Non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du nombre d'épis est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du nombre d'épis et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 03**.

Tableau3. Valeurs moyennes du nombre d'épis des Lignées étudiées

Lignées	Nombre d'épis moyen	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD39 F2 TE 2009	135,0000	Groupe C	Effets génotypes : S
EXPRESS	128,6667	Groupe CD	
HD21 F2 TE 2009	122,6667	Groupe CD	
HD30 F2 TE 2009	119,3333	Groupe CD	Effets blocs : NS
TICHEDRETT	110,3333	Groupe BCD	
HD26 F2 TE 2009	105,6667	Groupe BCD	
HD14 F2 TE 2009	101,3333	Groupe ABD	
HD15 F2 TE 2009	97,0000	Groupe ABD	
HD11 F2 TE 2009	80,0000	Groupe AB	
HD10 F2 TE 2009	70,0000	Groupe A	

- Le Test LSD a fait ressortir 06 groupes homogènes :
 - HD39 F2 TE 2009 a eu la plus grande moyenne pour le caractère nombre d'épis (135,0000), il appartient au (groupe c)
 - EXPRESS, HD21 F2 TE 2009 et HD30 F2 TE 2009 Appartiennent au (groupe cd)
 - TICHDRETT ET HD26 F2 TE 2009 font partie du (groupe bcd)
 - HD14 F2 TE 2009 et HD15 F2 TE 2009 appartient au (groupe abd)
 - HD11 F2 TE 2009 appartient au (groupe ab).
 - HD10 F2 TE 2009 avec la moyenne la plus faible (70,0000), fait partie du (groupe a).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (NP) entre :
 - Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes : HD21 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, TICHDRETT, EXPRESS, avec une probabilité de (p = **0,004018**) ; (p= **0,038564**) ; (p = **0,006354**) ; (p=**0,000722**) ; (p=**0,021220**) ; (p= **0,001747**) respectivement.
 - Une différence significative signalée entre l'individu HD11 F2 TE 2009 avec les génotypes suivants : HD21 F2 TE 2009(p= **0,015613**) ; HD30 F2 TE 2009(p= **0,024165**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,002909**) ; Et EXPRES (p= **0,006960**).
 - Le génotype HD39 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD14F2 TE 2009 (p= **0,049425**) ; et HD15F2 TE 2009 (p = **0,028692**).

(Le tableau de l'analyse post hoc du nombre d'épis est apporté en annexe).

2. Caractères mesurés sur la plante :

2.1. Les rendements :

- **Rendement en biomasse aérienne par plante (BA/P) (q/ha)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du rendement en biomasse aérienne par plante est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du rendement en biomasse aérienne par plante et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 04**

Tableau04. Valeurs moyennes du rendement en biomasse aérienne par plante des Lignées étudiées (q/ha)

Lignées	Rendement moyen en biomasse q/ha	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD10 F2 TE 2009	20,833335	Groupe B	Effets génotypes : S
HD15 F2 TE 2009	18,633335	Groupe BC	
HD26 F2 TE 2009	18,533335	Groupe BCD	
HD39 F2 TE 2009	17,300000	Groupe BCD	
HD30 F2 TE 2009	17,200000	Groupe BCD	
EXPRESS	17,166665	Groupe BCD	Effets blocs : NS
HD21 F2 TE 2009	15,966665	Groupe ACD	
HD14 F2 TE 2009	15,333335	Groupe ACD	
TICHEDRETT	14,533335	Groupe AD	
HD11 F2 TE 2009	11,800000	Groupe A	

- Le Test LSD a fait ressortir 06 groupes homogènes :
 - HD10 F2 TE 2009 a eu la plus grande moyenne pour le caractère rendement en biomasse aérienne par plante (20,833335), il appartient au (groupe b).
 - HD15 F2 TE 2009 est classé deuxième, appartient au (groupe bc).
 - HD26 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009 et EXPRESS font partie du (groupe bcd).
 - HD21 F2 TE 2009 et HD14 F2 TE 2009 appartiennent au (groupe acd).
 - TICHEDRETT appartient au groupe (ad).
 - HD11 F2 TE 2009 a eu la moyenne la plus faible (11,800000), il appartient au (groupe a).

- L’analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu’Il existe une différence significative pour le caractère (BA/P) entre :
 - Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes : HD11 F2 TE 2009, HD14F2 TE 2009, HD21 F2 TE 2009, TICHEDRETT, avec une probabilité de (p = **0,000020**) ; (p= **0,008021**) ; (p = **0,018656**) ; (p=**0,002486**) respectivement.
 - Une différence significative signalée entre le génotype HD11 F2 TE 2009 avec les génotypes suivants : HD15 F2 TE 2009(p= **0,001069**) ; HD21 F2 TE 2009(p= **0,043452**) ; HD26 F2 TE 2009 (p=**0,001257**) HD30 F2 TE 2009(p= **0,009210**) ; HD39 F2 TE 2009 (p= **0,008021**) ; Et EXPRES (p= **0,009640**).
 - Le génotype TICHEDRETT a une différence significative avec les génotypes HD14F2 TE 2009 (p= **0,696170**) ; et HD15F2 TE 2009 (p = **0,046867**).

(Le tableau de l’analyse post hoc du nombre d’épis est apporté en annexe).

• **Rendement en paille par plante (RP/P) (q/ha)**

- L’analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et Non significative entre les blocs.

(Le tableau de l’analyse de la variance du rendement en paille par plante est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du rendement en paille par plante et l’interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 05**

Tableau05. Valeurs moyennes du rendement en paille par plante des lignées étudiées (q/ha)

Lignées	Rendement moyen en paille q/ha	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD10 F2 TE 2009	14,323335	Groupe A	Effets génotypes : S
HD15 F2 TE 2009	11,353335	Groupe C	
HD26 F2 TE 2009	10,940000	Groupe C	
EXPRESS	10,023335	Groupe CD	
TICHEDRETT	9,7800000	Groupe CD	Effets blocs : NS
HD21 F2 TE 2009	9,5466650	Groupe CD	
HD30 F2 TE 2009	9,5133350	Groupe CD	
HD39 F2 TE 2009	8,9800000	Groupe CD	
HD14 F2 TE 2009	8,5433350	Groupe CD	
HD11 F2 TE 2009	7,193335	Groupe B	

- Le Test LSD a fait ressortir 04 groupes homogènes :
 - HD10 F2 TE 2009 a eu la plus grande moyenne pour le caractère rendement en paille par plante (14,323335), il appartient au (groupe a)
 - HD15 F2 TE 2009 et HD26 F2 TE 2009, Appartiennent au (groupe c)
 - EXPRESS, TICHDRETT, HD21 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009 et HD14 F2 TE 2009 font partie du (groupe cd).
 - HD11 F2 TE 2009, a eu la plus faible moyenne pour ce caractère (7,193335), il appartient au (groupe b).
- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'Il existe une différence significative pour le caractère (RP/P) entre :
 - Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec tous les autres génotypes. Les probabilités sont comme suit : HD11 F2 TE 2009 (p= **0,000005**) ; **HD14** F2 TE 2009 (p=**0,000177**) ; HD15 F2 TE 2009 (p=**0,049609**) ; HD21 F2 TE 2009 (p=**0,001786**) ; **HD26** F2 TE 2009 (p=**0,001786**) ; **HD30** F2 TE 2009 (p=**0,001663**) ; **HD39** F2 TE 2009 (p=**0,000503**) ; TICHDRET (p= **0,002920**) ; et EXPRESS (p= **0,004784**).
 - Une différence significative signalée entre le génotype HD11 F2 TE 2009 avec le génotype HD15 F2 TE 2009(p= **0,006297**)

(Le tableau de l'analyse post hoc du rendement en paille par plante est apporté en annexe).

- **Rendement en grains par plante (RG/P) (q/ha)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et

Non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du rendement en grains par plante est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du rendement en grains par plante et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 06**.

Tableau06. Valeurs moyennes du rendement en grains par plante des lignées étudiées (q/ha)

Lignées	Rendement moyen en grains q/ha	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD39 F2 TE 2009	8,320000	Groupe C	Effets génotypes : S Effets blocs : NS
HD30 F2 TE 2009	7,686665	Groupe CD	
HD26 F2 TE 2009	7,593335	Groupe CD	
HD15 F2 TE 2009	7,280000	Groupe CD	
EXPRESS	7,143335	Groupe CD	
HD14 F2 TE 2009	6,790000	Groupe CD	
HD10 F2 TE 2009	6,510000	Groupe ACD	
HD21 F2 TE 2009	6,420000	Groupe ABD	
TICHEDRETT	4,753335	Groupe AB	
HD11 F2 TE 2009	4,606665	Groupe B	

- Le Test LSD a fait ressortir 06 groupes homogènes :

- HD39 F2 TE 2009 a eu la plus grande moyenne pour le caractère rendement en grains par plante (8,320000), il appartient au (groupe c)
- HD30 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009, EXPRESS et HD14 F2 TE 2009 Appartiennent au (groupe cd).
- HD10 F2 TE 2009 fait partie du (groupe acd).
- HD21 F2 TE 2009 appartient au groupe (abd).
- TICHEDRETT est dans le groupe (ab).
- En dernière position HD11 F2 TE 2009 avec une moyenne de (4,606665), il appartient au (groupe b).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (RG/P) entre :
- Le génotype HD11 F2 TE 2009 avec les génotypes : HD10 F2 TE 2009, HD14 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, et EXPRESS, avec une probabilité de ($p = 0,041107$) ; ($p = 0,019419$) ; ($p = 0,004398$) ; ($p = 0,001521$) ; ($p = 0,001091$) ; ($p = 0,000094$) ; ($p = 0,006801$) respectivement.
 - Une différence significative existante entre le génotype TICHDRETT 2009 avec les génotypes : HD14 F2 TE 2009($p = 0,029025$) ; HD15 F2 TE 2009($p = 0,007017$) ; HD26 F2 TE 2009($p = 0,002527$) ; HD30 F2 TE 2009($p = 0,001834$) ; et HD39 F2 TE 2009($p = 0,000171$).
 - Le génotype EXPRESS a une différence significative avec les génotypes : HD11 F2 TE 2009 ($p = 0,006801$) et TICHDRETT ($p = 0,010659$).

(Le tableau de l'analyse post hoc du rendement en gains par plante est apporté en annexe)

2.2 Caractères agronomiques :

- **Nombre d'épis par plante (NE/P)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du nombre d'épis par plante est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du nombre d'épis par plante et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 07**.

Tableau07. Valeurs moyennes du nombre d'épis par plante des lignées étudiées.

Lignées	Nombre d'épis par plante	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD30 F2 TE 2009	11,80000	Groupe C	Effets génotypes : S
HD26 F2 TE 2009	11,66667	Groupe C	
EPRESS	11,26667	Groupe C	
HD15 F2 TE 2009	10,86667	Groupe C	
HD39 F2 TE 2009	10,60000	Groupe C	
HD14 F2 TE 2009	8,73333	Groupe B	Effets blocs : NS
HD21 F2 TE 2009	8,66667	Groupe B	
TICHEDRETT	8,13333	Groupe B	
HD10 F2 TE 2009	7,86667	Groupe B	
HD11 F2 TE 2009	6,00000	Groupe A	

- Le Test LSD a fait ressortir 03 groupes homogènes :
 - HD30 F2 TE 2009 avec la plus grande moyenne pour le caractère nombre d'épis par plante (11,80000), suivie par HD26 F2 TE 2009, EXPRESS, HD15 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, ils appartiennent au (groupe c).
 - HD14 F2 TE 2009, HD21 F2 TE 2009, TICHEDRETT et HD10 F2 TE 2009 Appartiennent au (groupe b).
 - HD11 F2 TE 2009 a eu la plus faible moyenne (6,00000), il fait partie du (groupe a).
- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (NE/P) entre :
 - Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes : HD11 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, et EXPRESS, avec

une probabilité de ($p = 0,039677$) ; ($p = 0,001086$) ; ($p = 0,000043$) ; ($p = 0,000024$) ; ($p = 0,002823$) ; ($p = 0,000230$) respectivement.

- Une différence significative est constatée entre le génotype HD11 F2 TE2009 avec les génotypes Suivant : HD14 F2 TE 2009($p = 0,002823$) ; HD15F2 TE 2009($p = 0,000000$) ; HD21 F2 TE 2009($p = 0,003548$) ; HD26 F2 TE 2009($p = 0,000000$) ; HD30 F2 TE 2009($p = 0,000000$) ; HD39 F2 TE 2009($p = 0,000001$) ; et EXPRESS ($p = 0,000000$).
- Le génotype HD14 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD15 F2 TE 2009($p = 0,019001$) ; HD26 F2 TE 2009($p = 0,001387$) ; HD30 F2 TE 2009($p = 0,000847$) ; HD39 F2 TE 2009($p = 0,039677$) ; et EXPRESS ($p = 0,005535$).
- Le génotype HD15 F2 TE 2009 a une différence significative avec HD21 F2 TE 2009($p = 0,015636$) ; et TICHDRETT ($p = 0,002823$).
- Le génotype HD21 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD26 F2 TE 2009($p = 0,001086$) ; HD30 F2 TE 2009($p = 0,000658$) ; HD39 F2 TE 2009($p = 0,033222$) ; et EXPRESS ($p = 0,004440$).
- D'autres différences significatives sont remarquées entre le génotype TICHDRETT et : HD26 F2 TE 2009 ($p = 0,000133$) ; TICHDRETT et HD30 F2 TE 2009 ($p = 0,000076$) ; TICHDRETT et HD39 F2 TE 2009 ($p = 0,006871$) ; et TICHDRETT et EXPRESS ($p = 0,000658$).

(Le tableau de l'analyse post hoc du nombre d'épis par plante est apporté en annexe).

- **Poids des grains de l'épi (PGE) (g)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du poids des grains de l'épi est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du poids des grains de l'épi et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 08**.

Tableau08. Valeurs moyennes du poids des grains de l'épi des lignées étudiées (g)

Lignées	Poids des grains de l'épi (g)	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD10 F2 TE 2009	2,180000	Groupe A	Effets génotypes : S Effets blocs : NS
HD39 F2 TE 2009	2,066667	Groupe AB	
HD11 F2 TE 2009	1,940000	Groupe ABC	
HD21 F2 TE 2009	1,866667	Groupe ABCD	
HD14 F2 TE 2009	1,840000	Groupe ABCDE	
HD15 F2 TE 2009	1,733333	Groupe BCDE	
TICHEDRETT	1,726667	Groupe BCDE	
HD26 F2 TE 2009	1,686667	Groupe CDE	
EXPRESS	1,593333	Groupe DE	
HD30 F2 TE 2009	1,500000	Groupe E	

- Le Test LSD a fait ressortir 09 groupes homogènes :
 - HD10 F2 TE 2009 avec la plus grande moyenne pour le caractère poids des grains de l'épi (2,180000), il appartient au groupe (a).
 - HD39 F2 TE 2009 appartient au groupe (ab).
 - HD11 F2 TE 2009 fait partie du (groupe abc).
 - HD21 F2 TE 2009 fait partie du (groupe abcd).
 - HD14 F2 TE 2009 fait partie du (groupe abcde).
 - HD15 F2 TE 2009 et TICHEDRETT appartiennent au (groupe bcde).
 - HD26 F2 TE 2009 fait partie du (groupe cde).
 - EXPRESS fait partie du (groupe de).
 - HD30 F2 TE 2009 avec la plus faible moyenne (1,500000), il fait partie du (groupe e).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (PGE) entre :
 - Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes : HD15 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, TICHEDRETT, et EXPRESS, avec une probabilité de : ($p = 0,011532$) ; ($p = 0,005384$) ; ($p = 0,000151$) ; ($p = 0,010378$); ($p = 0,000999$) respectivement.
 - Une différence significative est constatée entre le génotype HD30 F2 TE2009 avec les génotypes Suivant : HD11 F2 TE 2009($p = 0,012800$) et HD21 F2 TE 2009($p = 0,037390$).
 - Le génotype HD39 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD15 F2 TE 2009($p = 0,031089$) et HD30 F2 TE 2009($p = 0,001458$)
 - Le génotype EXPRESS a une différence significative avec HD11 F2 TE 2009($p = 0,048887$) ; et HD39 F2 TE 2009 ($p = 0,007513$).

(Le tableau de l'analyse post hoc du poids des grains de l'épi est apporté en annexe).

3. Caractères mesurés sur le mètre brin :

3.1. Caractères morphologiques :

- **Hauteur Tige (HT) (cm)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et Non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance de la hauteur tige est porté en annexe).

Les valeurs moyennes de la hauteur tige et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 09**.

Tableau09. Valeurs moyennes de la hauteur tige des lignées étudiées (cm)

Lignées	Hauteur de tige (cm)	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD39 F2 TE 2009	82,36667	Groupe B	Effets génotypes : S
EXPRESS	78,99333	Groupe BF	
TICHDRETT	77,58667	Groupe BF	
HD26 F2 TE 2009	77,06667	Groupe F	Effets blocs : NS
HD30 F2 TE 2009	76,17333	Groupe CF	
HD21 F2 TE 2009	76,06667	Groupe CDF	
HD10 F2 TE 2009	71,56667	Groupe CDE	
HD14 F2 TE 2009	71,10667	Groupe DE	
HD11 F2 TE 2009	70,32000	Groupe E	
HD15 F2 TE 2009	64,70000	Groupe A	

- Le Test LSD a fait ressortir 09 groupes homogènes :
 - HD39 F2 TE 2009 avec la plus grande moyenne pour le caractère hauteur tige (82,36667), il fait partie du groupe (b).
 - EXPRESS et TICHDRETT appartiennent au groupe (bf).
 - HD26 F2 TE 2009 fait partie du (groupe f).
 - HD30 F2 TE 2009 fait partie du (groupe cf).
 - HD21 F2 TE 2009 fait partie du (groupe cdf).
 - HD10 F2 TE 2009 appartient au (groupe cde).
 - HD14 fait partie du (groupe de).
 - HD11 F2 TE 2009 fait partie du (groupe e).
 - HD15 F2 TE 2009 a eu la moyenne la plus faible pour ce caractère (64,70000), il appartient au groupe (a).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (HT) entre :
- Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes HD15 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, TICHEDRETT, et EXPRESS, avec une probabilité de (p=**0,007020**) ; (p= **0,030047**) ; (p = **0,000032**) ; (p=**0,017758**) ; (p=**0,003622**), respectivement.
 - Une différence significative est signalée entre le génotype HD11 F2 TE2009 avec les génotypes Suivant : HD15 F2 TE 2009(p= **0,026693**) ; HD21 F2 TE 2009(p=**0,023512**) ; HD26 F2 TE 2009 (p=**0,008050**) ; HD30 TE F2 2009 (p=**0,021096**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,000004**) ; TICHEDRETT (p=**0,004393**) ; et EXPRESS (p=**0,000727**).
 - Le génotype HD14 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD15 F2 TE 2009 (p= **0,011751**) HD26 F2 TE 2009 (p=**0,018902**) ; HD30 TE F2 2009 (p=**0,045381**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,000015**) ; TICHEDRETT (p=**0,010844**) ; et EXPRESS (p=**0,002045**).
 - Le génotype HD15 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD21 F2 TE 2009(p= **0,000013**) ; HD26 F2 TE 2009 (p=**0,000002**) ; HD30 TE F2 2009 (p=**0,000011**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,000000**) ; TICHEDRETT (p=**0,000001**) ; et EXPRESS (p=**0,000000**).
 - HD39 F2 TE 2009 a une différence significative avec : le génotype HD21 F2 TE 2009 (p= **0,013193**) ; le génotype HD26 F2 TE 2009 (p=**0,036453**) ; et le génotype HD30 F2 TE 2009 (p=**0,014791**).

(Le tableau de l'analyse post hoc de la hauteur tige est apporté en annexe).

- **Longueur de l'épi (LE) (cm)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance de la longueur de l'épi est porté en annexe).

Les valeurs moyennes de la longueur de l'épi et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 10**.

Tableau10. Valeurs moyennes de la longueur de l'épi des lignées étudiées (cm)

Lignées	Longueur de l'épi (cm)	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD10 F2 TE 2009	8,398000	Groupe A	Effets génotypes : S Effets blocs : NS
HD39 F2 TE 2009	7,653333	Groupe AE	
HD11 F2 TE 2009	7,373333	Groupe E	
HD15 F2 TE 2009	7,266667	Groupe E	
HD21 F2 TE 2009	6,973333	Groupe DE	
HD14 F2 TE 2009	6,966667	Groupe DE	
HD30 F2 TE 2009	6,233333	Groupe BD	
HD26 F2 TE 2009	5,993333	Groupe B	
TICHEDRETT	5,186667	Groupe C	
EXPRESS	5,100000	Groupe C	

- Le Test LSD a fait ressortir 07 groupes homogènes :
 - HD10 F2 TE 2009 avec la plus grande moyenne pour le caractère longueur de l'épi (8,398000), il appartient au groupe (a).
 - HD39 F2 TE 2009 appartient au groupe (ae).
 - HD11 F2 TE 2009 et HD15 F2 TE 2009 font partie du (groupe e).
 - HD21 F2 TE 2009 et HD14 F2 TE 2009 font partie du (groupe de).
 - HD30 F2 TE 2009 fait partie du (groupe bd).
 - HD26 F2 TE 2009 appartient au (groupe b)
 - TICHEDRETT et EXPRESS avec la plus faible moyenne (5,100000), appartiennent au groupe (c).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (LE) entre :
- Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes : HD11 F2 TE 2009, HD14 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009, HD21 F2 TE 2009 ; HD26 F2 TE 2009 ; HD30 F2 TE 2009 ; TICHDRETT, et EXPRESS, avec une probabilité de ($p = 0,012066$) ; ($p=0,000521$) ; ($p = 0,005697$) ; ($p=0,000552$) ; ($p=0,000000$) ; ($p=0,000000$) ; ($p=0,000000$) ; ($p=0,000000$) respectivement.
 - Une différence significative est signalée entre le génotype HD11 F2 TE2009 avec les génotypes Suivants : HD26 F2 TE 2009($p= 0,000807$) ; HD30 F2 TE 2009($p= 0,005348$) ; TICHDRETT ($p=0,000000$) ; et EXPRESS ($p=0,000000$).
 - Le génotype HD14 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD26 F2 TE 2009($p= 0,016982$) ; TICHDRETT ($p=0,000020$) ; et EXPRESS ($p=0,000008$).
 - Le génotype HD15 F2 TE 2009 a une différence significative avec les génotypes : HD26 F2 TE 2009($p= 0,001932$) ; HD30 F2 TE 2009 ($p=0,011375$) ; TICHDRETT ($p=0,000001$) ; et EXPRESS ($p=0,000000$).
 - HD21 F2 TE 2009 a une différence significative avec le génotype HD26 F2 TE 2009 ($p=0,016257$) ; TICHDRETT ($p=0,000019$) ; et EXPRESS ($p=0,000008$).
 - HD30 F2 TE 2009 a une différence significative avec HD39 F2 TE 2009 ($p=0,000575$) ; TICHDRETT ($p=0,010382$) ; et EXPRESS ($p=0,005615$).

(Le tableau de l'analyse post hoc de la longueur de l'épi est apporté en annexe).

- **Longueur des barbes (LB) (cm)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance de la longueur des barbes est porté en annexe).

Les valeurs moyennes de la longueur des barbes et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 11**.

Tableau11. Valeurs moyennes de la longueur des barbes des lignées étudiées (cm)

Lignées	Longueur des barbes (cm)	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
EXPRESS	15,76000	Groupe A	Effets génotypes : S Effets blocs : NS
TICHEDRETT	15,26000	Groupe AB	
HD26 F2 TE 2009	14,52000	Groupe BC	
HD15 F2 TE 2009	14,07333	Groupe CD	
HD14 F2 TE 2009	13,66667	Groupe CDE	
HD39 F2 TE 2009	13,57333	Groupe CDE	
HD30 F2 TE 2009	13,47333	Groupe CDE	
HD11 F2 TE 2009	13,04667	Groupe DE	
HD21 F2 TE 2009	12,87333	Groupe E	
HD10 F2 TE 2009	12,85467	Groupe E	

- Le Test LSD a fait ressortir 07 groupes homogènes :
 - EXPRESS a eu la plus grande moyenne pour le caractère longueur des barbes (15,76000), il appartient au groupe (a)
 - TICHEDRETT appartient au groupe (ab).
 - HD26 F2 TE 2009 fait partie du (groupe bc).
 - HD15 F2 TE 2009 fait partie du (groupe cd).
 - HD14 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, et HD30 F2 TE 2009 font partie du (groupe cde).
 - HD11 F2 TE 2009 appartient au (groupe de).
 - HD21 F2 TE 2009 et en dernier HD10 F2 TE 2009(12,85467) appartiennent au groupe (e).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (LB) entre :
- Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes HD15 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009 ; TICHDRETT, et EXPRESS, avec une probabilité de ($p = 0,030464$) ; ($p= 0,003326$) ; ($p = 0,000030$) ; ($p=0,000001$), respectivement.
 - Une différence significative est signalée entre le génotype HD11 F2 TE2009 avec les génotypes Suivants : HD26 F2 TE 2009($p= 0,009157$) ; TICHDRETT ($p=0,000115$) ; et EXPRESS ($p=0,000003$).
 - Le génotype TICHDRETT a plusieurs différences significatives avec les génotypes : HD14 F2 TE 2009($p= 0,004914$) ; HD15 F2 TE 2009 ($p=0,035023$) ; HD21 F2 TE 2009 ($p=0,000034$) ; HD30 F2 TE 2009 ($p=0,001675$) ; HD309 F2 TE 2009 ($p=0,002955$).
 - Le génotype EXPRESS a une différence significative avec les génotypes : HD14 F2 TE 2009($p= 0,000254$) ; HD15 F2 TE 2009 ($p=0,002955$) ; HD21 F2 TE 2009 ($p=0,000001$) ; et HD26 F2 TE 2009 ($p=0,027720$) ; HD30 F2 TE 2009 ($p=0,000069$) ; et HD39 F2 TE 2009 ($p=0,000137$).

(Le tableau de l'analyse post hoc de la longueur des barbes est apporté en annexe).

- **Longueur du dernier entre nœud (LDEN) (cm)**

➤ L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et

Non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance de la longueur du dernier entre nœud est porté en annexe).

Les valeurs moyennes de la longueur du dernier entre nœud et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 12**.

Tableau12. Valeurs moyennes de la longueur du dernier entre nœud des lignées étudiées (cm)

Lignées	Longueur du dernier entre nœud (cm)	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD26 F2 TE 2009	16,90000	Groupe A	Effets génotypes : S
HD39 F2 TE 2009	16,07333	Groupe AB	
TICHEDRETT	15,48667	Groupe AB	
HD10 F2 TE 2009	15,29333	Groupe BC	Effets blocs : NS
HD30 F2 TE 2009	15,25333	Groupe BC	
HD21 F2 TE 2009	14,66000	Groupe BCD	
HD11 F2 TE 2009	13,92000	Groupe CD	
HD15 F2 TE 2009	13,86667	Groupe CD	
HD14 F2 TE 2009	13,73333	Groupe D	
EXPRESS	13,44667	Groupe D	

➤ Le Test LSD a fait ressortir 06 groupes homogènes :

- HD26 F2 TE 2009 a eu la plus grande moyenne pour le caractère longueur du dernier entre nœud (16,90000), il appartient au groupe (a)
- HD39 F2 TE 2009 et TICHEDRETT appartiennent au groupe (ab).
- HD10 F2 TE 2009 et HD30 F2 TE 2009 font partie du (groupe bc).
- HD21 F2 TE 2009 fait partie du (groupe bcd).
- HD11 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009 font partie du (groupe cd).
- HD14 F2 TE 2009 et EXPRESS avec la plus faible moyenne pour ce caractère (13,44667), appartiennent au (groupe d).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (LDEN) entre :
- Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes HD14 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009 et EXPRESS, avec une probabilité de : (p **0,040323**) ; (p= **0,034790**) ; (p = **0,015525**) respectivement.
 - Une différence significative est signalée entre le génotype HD11 F2 TE2009 avec les génotypes Suivants : HD26 F2 TE 2009(p= **0,000122**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,004936**) et TICHEDRETT (p=**0,039489**).
 - Le génotype HD14 F2 TE 2009 a plusieurs différences significatives avec les génotypes : HD26 F2 TE 2009(p= **0,000047**) ; HD30 F2 TE 2009 (p=**0,045650**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,002310**) ; et TICHEDRETT (p=0,021450).
 - Le génotype HD15 F2 TE 2009 a des différences significatives avec les génotypes : HD26 F2 TE 2009(p= **0,000094**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,003992**) ; et TICHEDRETT (p=**0,033335**).
 - HD21 F2 TE 2009 et HD26 F2 TE 2009 ont une différence significative avec une probabilité de (p=**0,003490**).
 - HD26 F2 TE 2009 et HD30 F2 TE 2009 ont une différence significative de (p=**0,030582**).
 - EXPRESS a plusieurs différences significatives avec les génotypes : HD26 F2 TE 2009 (p=**0,000010**) ; HD30 F2 TE 2009 (p=**0,017858**) ; HD39 F2 TE 2009 (p=**0,000659**) et TICHEDRETT (p=**0,007651**).

(Le tableau de l'analyse post hoc de la longueur du dernier entre nœud est apporté en annexe).

3.2. Caractères agronomiques :

- **Nombre de grains par épi (NGE)**

- L'analyse de la variance révèle une différence significative entre les génotypes et Non significative entre les blocs.

(Le tableau de l'analyse de la variance du nombre de grains par épi est porté en annexe).

Les valeurs moyennes du nombre de grains par épi et l'interprétation statistique des résultats sont consignées dans le **tableau 13**.

Tableau13. Valeurs moyennes du nombre de grains par épi des lignées étudiées.

Lignées	Nombre de grains par épi	Groupes Homogènes	Interprétation statistique
HD10 F2 TE 2009	49,40000	Groupe A	Effets génotypes : S Effets blocs : NS
HD14 F2 TE 2009	44,33333	Groupe AB	
HD11 F2 TE 2009	42,53333	Groupe BC	
HD39 F2 TE 2009	42,40000	Groupe BCD	
HD15 F2 TE 2009	40,53333	Groupe BCDE	
HD21 F2 TE 2009	39,40000	Groupe BCDEF	
HD26 F2 TE 2009	38,33333	Groupe CDEF	
TICHEDRETT	36,66667	Groupe DEF	
EXPRESS	35,13333	Groupe DE	
HD30 F2 TE 2009	33,60000	Groupe F	

- Le Test LSD a fait ressortir 10 groupes homogènes :
 - HD10 F2 TE 2009 a eu la plus grande moyenne pour le caractère nombre de grains par épi (49,40000), il appartient au groupe (a)
 - HD14 F2 TE 2009 appartient au groupe (ab).
 - HD11 F2 TE 2009 appartient au groupe (bc).
 - HD39 F2 TE 2009 fait partie du (groupe bcd).
 - HD15 F2 TE 2009 fait partie du (groupe bcde).
 - HD21 F2 TE 2009 fait partie du (groupe bcdef).
 - HD26 F2 TE 2009 appartient au groupe (cdef).
 - TICHEDRETT appartient au groupe (def)
 - EXPRESS fait partie du (groupe de).
 - HD30 F2 TE 2009 a eu la moyenne la plus faible pour ce caractère (33,60000), il fait partie du groupe (f).

- L'analyse Post hoc faite par le test LSD a montré qu'il existe une différence significative pour le caractère (NG/E) entre :
- Le génotype HD10 F2 TE 2009 avec les génotypes HD11 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009, HD21 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, TICHDRETT et EXPRESS avec une probabilité de ($p=0,021877$) ; ($p= 0,003263$) ; ($p = 0,000953$) ; ($p=0,000272$) ; ($p=0,000000$) ; ($p=0,019483$) ; ($p=0,000032$) ; ($p=0,000004$), respectivement.
 - Une différence significative est signalée entre le génotype HD11 F2 TE2009 avec les génotypes Suivants : HD30 F2 TE 2009($p= 0,003044$) ; TICHDRETT ($p=0,049570$) et EXPRESS ($p=0,013632$).
 - Le génotype HD14 F2 TE 2009 a plusieurs différences significatives avec les génotypes : HD21 F2 TE 2009($p=0,098000$) ; HD26 F2 TE 2009 ($p=0,044681$) ; HD30 F2 TE 2009 ($p=0,000406$) ; TICHDRETT ($p=0,010660$) et EXPRESS ($p=0,002297$).
 - HD15 F2 TE 2009 et HD30 F2 TE 2009 ont une différence significative avec une probabilité de ($p=0,020650$).
 - HD30 F2 TE 2009 et HD39 F2 TE 2009 ont une différence significative de ($p=0,020650$).
 - EXPRESS a une différence significative avec le génotype HD39 F2 TE 2009 ($p=0,015380$).

(Le tableau de l'analyse post hoc du nombre de grains par épi est apporté en annexe).

DISCUSSION GENERALE

1. Caractères morphologiques :

- **Longueur de l'épi**

Les épis ont une EUE plus élevée que les feuilles et contribuent à 40% de la fixation totale du carbone sous stress hydrique (Evans et *al.*, 1972), alors que la longueur de l'épi est un caractère de tolérance à la sécheresse (Reynolds et *al.*, 2000). Cela veut dire que les variétés avec les épis les plus longs sont les plus tolérantes à la sécheresse.

Dans notre essai, il s'agit des génotypes : HD10 F2 TE 2009 et HD39 G2 TE 2009. Quant aux parents TICHEDRETT et EXPRESS, sont ceux avec les épis les plus courts.

- **Longueur des barbes**

Les barbes contribuent à la photosynthèse des épis et les barbes les plus longues sont un critère de sélection possible (Reynolds et *al.*, 2000). Selon El Felah et Bensalem (1993), la longueur des barbes est un caractère d'adaptation de l'orge aux milieux arides.

Dans notre essai les génotypes avec les barbes les plus longues sont : les lignées parentales EXPRESS et TICHEDRETT, suivies par HD26 F2 TE 2009 et HD15 F2 TE 2009.

- **Hauteur Tige**

D'après (Akrib et *al.*, 2006) Les plantes de taille élevée ont beaucoup plus de réserves en eau que les plantes de taille courte par conséquent, elles supportent mieux le stress hydrique par une grande capacité à utiliser leurs réserves en période de remplissage des grains.

Dans notre essai il s'agit des lignées : HD39 F2 TE 2009, les lignées parentales TICHEDRETT et EXPRESS, et HD26 F2 TE 2009.

- **Longueur du dernier entre nœud**

La longueur de l'entre-nœud est d'une grande importance pour la hauteur de la plante, qui peut être réduite par le raccourcissement de tous l'entre nœuds, surtout le dernier et le troisième entre nœud, la priorité étant donnée à la brièveté des entre-nœuds inférieurs pour augmenter la résistance de la tige et, par conséquent, résistance à la verse (Madić et *al.*, 2016).

Dans notre essai les génotypes ayant une LDEN la plus grande sont : HD26 F2 TE 2009, HD39 F2 TE, le parent TICHEDRETT. Quant au parent EXPRESS, il est dernier du classement.

2. Caractères agronomiques :

- **Nombre de grains par épi**

Selon Auriou et al. (1992), le NGE est l'une des trois principales composantes du rendement en grains.

Les variétés caractérisées par un nombre de grains par épi élevé ont tendance à avoir une faible biomasse (Bouzerzour et al., 1997).

Dans notre essai les lignées avec un NGE élevé sont : HD10 F2 TE, HD14 F2 TE 2009, HD11 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009.

Les deux lignées parentales TICHDRETT et EXPRESS sont parmi les génotypes avec un faible nombre de grains par épi.

- **Nombre d'épis**

Le nombre d'épis par plante dépend tout d'abord du facteur génétique, de la densité de semis, la puissance du tallage, la nutrition azotée, et l'alimentation hydrique de la plante pendant la période de tallage (Zair, 1994).

Dans notre essai les lignées ayant un NE/P le plus élevé sont : HD30 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009, EXPRESS, quant au deuxième lignée parentale TICHDRETT, elle se caractérise par un nombre d'épi par plante faible.

Quant aux génotypes qui ont un NE le plus élevé sur toute la plote sont : HD39 F2 TE 2009, EXPRESS, HD 21 F2 TE 2009.

- **Poids de grains par épi**

Le déterminisme du poids d'un grain, définit comme le produit de 2 variables, vitesse et durée de remplissage, ces derniers sont influencés par les hautes températures qui diminuent le remplissage de grains (Triboi, 1990).

Dans notre essai les génotypes ayant un PGE élevé sont : HD10 F2 TE 2009, HD39 F2 TE 2009, HD11 F2 TE 2009. Contrairement aux lignées parentales TICHDRETT et EXPRESS, qui ont un PGE très faible.

- **Nombre de plants**

Le nombre de plants de la plote dépend de plusieurs facteurs. Dans notre essai les lignées ayant le plus de plants sont : les lignées parentales EXPRESS et TICHDRETT, suivie par HD39 F2 TE 2009 et HD30 F2 TE 2009.

3. Les rendements :

- **Rendement en biomasse aérienne**

Selon Bouzerzour et *al.* (1998), le rendement en biomasse est résultant de différents caractères comme le nombre d'épis, la hauteur des plantes, et le PMG, qui prennent des valeurs variables en fonction des conditions climatiques qui ont lieu au cours de leurs formations.

Dans notre essai, les lignées ayant une biomasse aérienne par plante (BA/P) la plus haute sont : HD10 F2 TE 2009, HD 15 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009.

La lignée parentale EXPRESS, a un rendement en BA/P moyen par rapport aux lignées qui ont un rendement en BA/P élevé, tandis qu'à la lignée parentale TICHDRETT, son rendement en BA/P est très faible.

- **Rendement en grains**

D'après Bouzerzour et *al.* (1998), le rendement en grains est influencé par les conditions climatiques surtout la chaleur, il rajoute que dans des milieux variables il faut assurer une production de biomasse aérienne suffisante pour garantir un rendement en grain acceptable.

Dans notre essai les lignées ayant un haut RG/P sont : HD39 F2 TE 2009, HD30 F2 TE 2009, HD26 F2 TE 2009 ET HD15 F2 TE 2009, suivie par la lignée parentale EXPRESS.

La lignée parentale TICHDRETT a un rendement en grains très faible.

Quant au rendement en grains de la plote, les lignées avec les RG les plus élevés sont : HD39 F2 TE 2009, EXPRESS, HD21 F2 TE 2009, HD14 F2 TE 2009, et HD30 F2 TE 2009.

Tandis qu'à la lignée parentale TICHDRETT, son RG reste relativement faible.

On constate que la lignée HD15 F2 TE 2009 et HD26 F2 TE 2009 ont un RG/P élevé, et un RG relativement faible cela est sûrement dû au fait que les plants des différents génotypes ont été choisis par hasard lors de la détermination du rendement en grains par plante.

- **Rendement en paille**

Une bonne production en paille est l'une des caractéristiques recherchées par les agriculteurs (Ceccarelli *et al.*, 1992)

Dans notre essai les lignées avec le RP/P le plus important sont : HD10 F2 TE 2009, HD15 F2 TE 2009, et HD26 F2 TE 2009, suivie par les deux lignées parentales EXPRESS et TICHEDRETT.

- **Indice de récolte**

Selon Bouzerzour et Djekoune (1996), l'indice de récolte indique le degré de reconversion d'une partie de la biomasse aérienne produite en grain. En effet, un indice de récolte élevé contribue favorablement dans l'accroissement du rendement (Monneveux, 1991).

4. Tableau des géotypes avec les valeurs moyennes les plus élevées de chaque caractère :

Dans ce tableau, on trouve les géotypes ayant les moyennes les plus élevées des caractères étudiés.

Tableau14. Les valeurs moyennes les plus élevées des caractères étudiés

Caractère	Géotype	Valeurs moyenne
HT (cm)	HD39 F2 TE 2009	82,36667
LE (cm)	HD10 F2 TE 2009	8,398000
LB (cm)	EXPRESS	15,76000
LDEN (cm)	HD26 F2 TE 2009	16,90000
NGE	HD10 F2 TE 2009	49,40000
NE	HD39 F2 TE 2009	135,0000
NE/P	HD30 F2 TE 2009	11,80000
PGE (g)	HD10 F2 TE 2009	2,180000
NP	TICHEDRETT	16,33333
BA/P (q/ha)	HD10 F2 TE 2009	20,833335
RG (q/ha)	HD39 F2 TE 2009	73,4000
RG/P (q/ha)	HD39 F2 TE 2009	8,320000
RP/P (q/ha)	HD10 F2 TE 2009	14,323335

5. Tableau récapitulatif des résultats :

Ce tableau contient les principaux résultats des lignées qui se distinguent par rapport aux caractères étudiés et qui sont jugées intéressantes.

Tableau15. Récapitulatif des principaux résultats.

Lignées	Caractères morphologiques	Caractères agronomiques	Rendement
	HD39 F2 TE 2009	HD39 F2 TE 2009	HD 39 F2 TE 2009
	HD26 F2 TE 2009	HD10 F2 TE 2009	HD 10 F2 TE 2009
	EXPRESS	HD 11 F2 TE 2009	HD 30 F2 TE 2009
	TICHEDRETT	HD 14 F2 TE 2009	HD 15 F2 TE 2009
	HD15 F2 TE 2009	EXPRESS	HD 26 F2 TE 2009

CONCLUSION

CONCLUSION

L'étude réalisée durant la campagne 2019/2020 qui a porté sur l'évaluation de huit lignées d'haploïdes doublées d'orge issues de la culture d'anthère In vitro, et deux variétés parentales, afin d'évaluer le potentiel génétique de ces lignées, et identifier celles qui sont les plus performantes avec les caractères agronomiques les plus intéressants.

Tenant compte des conditions climatiques, des conditions édaphiques de la zone d'étude, et de la diversité génétique des deux parents. L'approche méthodologique ci-après a été utilisée :

Dans une première étape, des différentes mesures biométriques ont été faites sur le matériel végétal.

Dans une seconde étape plusieurs analyses statistiques de ces données ont été effectuées afin d'aboutir à des résultats.

Dans une troisième étape une interprétation de ces résultats a été réalisée, afin de déterminer les lignées ayant les caractères les plus intéressants et une comparaison entre ces lignées haploïdes F2 et leurs parents.

L'étude et l'analyse de l'ensemble des paramètres a montré des différences significatives entre les géotypes concernant les différents caractères et a fait ressortir un certain nombre de géotypes exprimant des caractères intéressants, ce qui nous a permis d'en tirer les conclusions suivantes :

Concernant les caractères morphologiques : HD39 F2 TE est le meilleur pour la hauteur de la tige ; HD10 F2 TE 2009 pour la longueur de l'épi ; EXPRESS se distingue pour la longueur des barbes et HD26 F2 TE 2009 se distingue pour la longueur du dernier entre nœud.

En revanche pour les caractères agronomiques : HD10 F2 TE 2009 est meilleur pour les caractères poids des grains de l'épi et nombre de grains par épi ; HD39 F2 TE 2009 se distingue pour le nombre d'épis et HD30 F2 TE 2009 pour le nombre d'épis par plant, TICHEDRETT est le meilleur pour le nombre de plant.

Quant au rendement : HD10 F2 TE 2009 est le meilleur pour les caractères Biomasse aérienne par plante et rendement en paille par plante et HD39 F2 TE 2009 est le meilleur pour le rendement en grains et le rendement en grains par plante.

Cependant il faut noter que les résultats de cette étude sont seulement valables pour la zone subhumide où l'étude a été faite (station Mehdi Boualem, Baraki), et que d'éventuelles essais dans différentes régions du pays pourront être réalisés pour voir le comportement de ces lignées et peut être aboutir à un meilleur résultat de performance et d'adaptabilité de ces lignées.

REFERENCES
BIBLIOGRAPHIQUES

- **Aberg E, et Wiebe G.A., 1948** -Taxonomic value of characters in cultivated barley. United States. Department of Agriculture. Tech. Bull Washington, 942. [En ligne]. Disponible sur <<http://doi.org/10.1104/pp.106.082040>> (consulté le 26/08/2020)

- **Aberg E, et Wiebe G.A., 1946** - Classification of barley varieties grown in the United States and Canada in 1945. United States. Department of Agriculture.tech. Bull, 907

- **Acquaah G., 2007** - *principles of plant genetics and breeding*. Ed. Oxford: Willey-Blackwell, 740 p

- **Akar T, Avci M, et Dusunceli F., 2004** - *Barley. Post-harvest operations*. [En ligne]. Disponible sur <http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/inpho/docs/post_Harvest_compendium_-_BARLEY.pdf> (consulté le 26/08/2020)

- **Akrib K, Arslane S, et Hachi I., 2006** - *caractérisation de la proline, indicateur de stress hydrique chez le blé dur en zone méditerranéenne*. Université Med Boudiaf. Msila, 19p

- **Anderson M. K, et Reinbergs E., 1985** - Barley breeding. In: (D.C. Rasmusson, ed). *Barley. Agronomy Monograph 26*. American Society of Agronomy, Madison, WI, pp 231-268

- **Asada K., 2006** - production of Reactive oxygen Species in Chloroplasts and Their Functions. *Plant physiology*, Vol 141 (2) :391-396. [En ligne]. Disponible sur <<http://doi.org/10.1104/pp.106.082040>> (consulté le 26/08/2020)

- **Asselin de Beauville M., 1980** - Obtention d'haploïdes in vitro à partir d'ovaires non fécondés de riz, *Oryza sativa L. C. R. Acad. Sc. Paris*, pp 489-492

- **Auriau P, Doussinault G, Jahier J, Lecompte C, Pierre J, Pluchard P, Rousset M, Saur L, et Trottet M., 1992** - le blé tendre. In : *Amélioration des espèces végétales cultivées*. Eds. INRA, A Gallais et H Bannerot, pp 22-38

- **Badr A, Muller K, Schafer-Pregl R, El Rabey H, Effgen S, Ibrahim H.H, Pozzi C, Rohde W, et Salamini F., 2000** - on the Origin and Domestication History of Barley (*Hordeum vulgare*). *Mol Biol Evol*, Vol 17 (4): 499-510

- **Baik B.K, et Ullrich S.E., 2008** -Barley for food: characteristics, improvement and renewed interest. *J Cereal Sci*, 48 : 233-242 [en ligne]. Disponible sur <<http://www-sciencedirect-com.wwwsndll.arn.dz/science/article/pii/S0733521008000283>> (consulté le 26/08/2020)

- **Bänziger M, Edmeades G.O, et Lafitte H.R., 1999** – Selection for drought tolerance increases maize yields over a range of N levels. *Crop Sci*, 39: 1035-1040

- **Baum M, Grando S, Backes G, Jahoor A, Sabbagh A, et Ceccarelli S., 2003** - QTLs for agronomic traits in the Mediterranean environment identified in recombinant inbred lines of the cross 'Arta'× *H. spontaneum* 41–1. *Theor Appl Genet*, Vol 107 (7): 1215–1225

- **Benmahammed A., 2005** – *Hétérosis, Transgressions et efficacité de la sélection précoce et retardée de la biomasse, du nombre d'épis et utilisation des indices chez l'orge (Hordeum vulgare L)*. Thèse de doctorat d'état en biologie végétale, option, génétique et amélioration des plantes, Université de Constantine, 125p

- **Bhatnagar- Mathur P, Vadez V, et Sharma K.K., 2008** - Transgenic approach for abiotic stress tolerance in plants. *Plant Cell Rep* 27: 411- 424

- **Blakeslee A.F, Belling J, Famham M.E, et Bergner A.D., 1922** - A haploid mutants in the jimson weed *Datura stramonium*. *Science*, 55: No 1433

- **Bohanec B., 2009** - Doubled haploids via Gynogenesis. In: Advances in Haploid production in Higher Plants. Eds. A Touraev et al, pp 35-46

- **Bonjean A, et Picard E 1990** - *Les céréales à paille : Origine, histoire, économie, sélection*. Paris, Ed : Soft Word. PP : 29-41.

- **Bonjean A., 1995** – l’orge revisitée. *Biofutur*.147 : 28-32

- **Bourgin J.P, et Nitsch J.P., 1967** - Obtention de Nicotiana haploïdes à partir d’étamines cultivées in vitro. *Ann Physiol.Veg*, 9 : 377-382

- **Bouzerzour H, Benmahammed A, et Hassous K.L., 1997** – variabilité génétique, héritabilité et corrélation entre caractères mesures sur orge en milieu semi-aride. *Céréaliculture*, 30 pp 11-15

- **Bouzerzour H, Djekoune A, Benmahammed A, et Hassous L., 1998** – Contribution de la biomasse aérienne de l’indice de récolte et de la préciosité au rendement en grain de l’orge (*H.vulgare L*) en zone semi- aride d’altitude. *Cahiers Agricultures*, 7 : 307-17

- **Bouzerzour H, et Djekoune A., 1996** – Etude de l’interaction génotype x lieu du rendement de l’orge en semi-aride. *Rev.Sci.techn. Université de Constantine* 12 : 11-14.

- **Bouziane R.H., 2015** - l’orge en Algérie : passé, présent et importance pour la sécurité alimentaire, face aux nouveaux défis. *Institut National de la Recherche Agronomique d’Algérie*, pp 1-19. [En ligne]. Disponible sur
<http://www.researchgate.net/publication/322696179> > (consulté le 26/08/2020)

- **Breusegem F.V, Vranova E, Dat J.F, et Inze D., 2001** - The role of active oxygen species in plant signal transduction. *Plant Sci*, 161: 405–414

- **Brown J, et Caligari P.D.S., 2008** -*An introduction to plant breeding*, Blackwell, Oxford, 216p.

- **Cagnet-Sitb M., 1980** - Production of haploid *Gerbera jamesonii* plants by culture of unfertilized ovules. *Agronomie*, 1980, 1: 807-812
- **Castro A. J., Capettini F, Corey A. E, Filichkina T, Hayes P.M, kleinhofs A, Kudrna D, Richardson K, Sandoval-Islas S, Rossi C, et Vivar H., 2003** - Mapping and pyramiding of qualitative and quantitative resistance to strip rust .in barley. *Theor Appl Genet*, Vol 107 (15), 922-930
- **Ceccarelli S, Grando S, Hamblin J., 1992** – Relationship between barley grain yields measured in low and high yielding environment. *Euphytica* 64: 49-58
- **Chen X-W, Cistué L, Munoz-Amatriam M., 2007** - Genetic markers for doubled haploid response in barley. *Euphytica*, 158: 287–294
- **Curry A., 2008** - The gladiator diet. *Archaeology*, 61 :6. [en ligne]. Disponible sur <<http://www.archaeology.org/0811/abstracts/gladiator.html>> (consulté le 26/08/2020)
- **De Buyser J, Henry., 2014** - utilisation des haploïdes doubles en sélection. *Bulletin de la société Botanique de France. Actualités Botanique*, Vol 133 (4) : 51-57. [En ligne]. Disponible sur <<http://doi.org/10.1080/01811789.1986.10826798>> (consulté le 26/08/2020)
- **Demarly Y, et Sibi M., 1996** – *Amélioration des plantes et biotechnologies*. Ed. Montrouge : J. Libbey Eurotext, 151 p. [en ligne]. Disponible sur <http://www.bibliotheque.auf.org/doc_num.php?> (consulté le 26/08/2020)
- **Dill-Mackey R, Ress R.G, et Boyd WRJ., 1992** - sources of resistance to stem rust in barley. *Plant Dis*, 76 (2): 212

- **Djermoun A., 2009** – la production céréalière en Algérie : les principales caractéristiques. *Revue Nature et Technologie*, 1 : 45-53
- **Dreiseitl A, et Dinooor A., 2004** - phenotypic diversity of barley powdery mildew resistance sources. *Genet Resour Crop. Evol*, Vol 51(3), pp 251- 257
- **El Felah M, Bensalem M., 1993** - Adaptation de l'orge aux zone arides en comparaison a diverses espèces céréalières in: *the agrometeorology of Rainfed Barley based farming systems*. Proceedings of an international symposium. Eds. Jones M Marthyrs, G Rijks D, pp 97-109.
- **Ellis R.P., 2002** - Wild barley as a source of genes for crop improvement. In: *Barley Science: Recent Advances from Molecular Biology to Agronomy of Yield and Quality*. Eds. G. A Slafer, J. L Molina-Cano, R Savin, J.L Araus, et I Romagosa, Haworth Press, Binghamton, NY, .pp 65-83
- **Evans L.T, Bingham J, Jackson P, et Sutherland J., 1972** - Effect of awns and drought on the supply of photosynthate and its distribution within wheat ears. *Ann.appl. Biol*, 70: 67-76
- **FAOSTAT., 2018** – Food and agriculture organization of the United Nations. [en ligne]. Disponible sur <<http://faostat.fao.org>. >
- **FAOSTAT., 2017** - Food and agriculture organization of the United Nations. [en ligne]. Disponible sur <<http://faostat.fao.org>. >
- **Fedak G., 1985** - Wide crosses in *Hordeum*. In: *Barley. Agronomy Monograph 26*. D. C. Ed. Rasmusson, American Society of Agronomy, Crop Science Society of America, and Soil Science Society of America, Madison, WI.

- **Fedak G., 1992** -Intergeneric hybrids with *Hordeum*. In: *Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology*. Ed. P. R. Shewry, C.A.B.
- **Fox G.P, Panozzo J.F, Li C.D, Lance R.C.M, Inkerman P.A, et Henry R.J., 2003** - Molecular basis of barley quality. *Australian journal of Agricultural Research*, Vol 54(12) : 1081-1101. [En ligne]. Disponible sur <<http://doi.org/10.1071/AR02237>> (consulté le 26/08/2020)
- **Fregeau-Reid J, Choo T.M, Ho K.M, Martin R.A, et Konishi T., 2001**- Comparisons of two-row and six-row barley for chemical composition using doubled haploid lines. *Crop Sci* 41:1737–1743
- **Gains E.F, et Aase H.C., 1926** - A haploid wheat plant. *Am. Bot*, 13 : 373-385
- **Gallais A, et Bannerot H., 1992** – *Amélioration des espèces végétales cultivées : Objectifs et critères de sélection*. Ed. INRA, pp 243-260
- **Germana M., 2006** - Doubled haploid production in fruit crops. *Plant Cell Tiss Org Cult* 146, 86: 131
- **Goulden C.H., 1939** – problems in plant selection. In: *proc Seventh Genet*.Ed. Cambridge University press, pp 132-133
- **Grassini P, Eskridge K.M, et Cassman K.G., 2013** -Distinguishing between yield advances and yield plateaus in historical crop production trends. *Nature communications*, 4 : 2918 [en ligne]. Disponible sur <<http://www.nature.com/articles/ncomms3918>> (consulté le 26/08/2020).

- **Grossi M, Giorni E, Rizza F, Stanca A.M, et Cattivelli L., 1998** - Wild and cultivated barleys show differences in the expression pattern of a cold-regulated gene family under different light and temperature conditions. *Plant Mol Biol*, Vol 38(6):1061–1069

- **Guha S, et Maheshwari S.C., 1964** - In vitro production of embryos from anthers of *Datura*. *Nature*: 204-497

- **Gyawali S, Otte M.L, Chao S, Abderazek J, Jacob D.L, Amezrou R, et Verma R.P.S., 2017** - Genome wide association studies (GWAS) of element contents in grain with a special focus on zinc and iron in a world collection of barley (*Hordeum vulgare L.*). *J Cereal Sci* 77: 266–274

- **Gyawali S, Verma R.P.S, Kumar S, Bhardwaj S.C, Gangwar O.P, Selvakumar R, Shekhawat P.S, Rehman S, et Sharma-Poudyal D., 2018** - Seedling and adult-plant stage resistance of a world collection of barley genotypes to stripe rust. *J Phytopathol*, Vol, 166(1)18–27

- **Hagberg A, et Hagberg G., 1980** - High Frequencies of spontaneous haploids in the progeny of an induced mutation in barley. *Hereditas*, 93: 341-343

- **Hakimi M., 1937** - in : Bouziane R.H., **2015** - l'orge en Algérie : passé, présent et importance pour la sécurité alimentaire, face aux nouveaux défis. *Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie*, pp 1-19. [En ligne]. Disponible sur <<http://www.researchgate.net/publication/322696179>> (consulté le 26/08/2020)

- **Hallauer A.R, et Carena M.J., 2009** - Maize breeding. In: Carena M.J (ed) *Cereals handbook of plant breeding*, 1st ed. Springer, Heidelberg, pp 3-98

- **Hanifi L., 1999** – contribution à l'étude de l'hétérosis et de l'intérêt des F1, F2 et lignées Haploïdes doublées chez l'orge. Thèse de doctorat d'état, université des sciences et technologies de Lille, 177 p.
- **Harlan J.R., 1922-** *origins and processes of domestication Grass evolution and domestication* .Ed. G.P Chapman, pp 159-175.
- **Harwood Wendy A., 2016** -barley as a cereal model for biotechnology applications. In: Jones H.D (Ed). *Biotechnology of major cereals*. CABI, Wallingford, pp 80- 87.
- **Harwood Wendy A., 2019** - *Barley methods and products*. [En ligne]. Disponible sur <http://doi.org/10.1007/978-1-4939-8944-7> (consulté sur le 26/08/2020)
- **Hu H., 1997** - In vitro induced haploids in wheat. In: *In vitro haploid production in higher plants*. Eds. Springer Netherlands, Dordrecht, Jain S.M, Sopory S.K, Veilleux R.E, Springer pp 73–97
- **Ishii T, Karimi-Ashtiyani R, et Houben A., 2016** - Haploidisation via chromosome elimination: means and mechanisms. *Annu Rev Plant Biol*, 67: 421-38
- **Jacquard C, Nolin F, Hecart C et al., 2009** - Microspore embryogenesis and programmed cell death in barley: effects of copper on albinism in recalcitrant cultivars. *Plant Cell Rep* 28:1329–1339
- **Johnson R., 1981-** Durable disease resistance. In: (Jenkyn J.F, plumb R.T eds) *strategies for control of cereal disease*. Blackwell, oxford, p 5563
- **Jin Y, Steffenson B.J, et Miller J.D., 1994** - Inheritance of resistance to pathotypes QCC and MCC of *Puccinia graminis f. sp. Tritici* in barley line Q21861 and temperature effects on the expression of resistance. *Phytopathol* 84:452–455

- **Johnson T.A, Sohn J, Inman W.D, Bjeldanes L.F, et Rayburn K., 2013** -Lipophilic stinging nettle extracts possess potent anti-inflammatory activity, are not cytotoxic and may be superior to traditional tinctures for treating inflammatory disorders. *Phytomed*, Vol 20(2):143–147
- **Kasha K. J, Kao K.N., 1970** - High frequency haploid production in barley (*Hordeum vulgare* L.) and utilization in barley breeding. *Nature*, 225 : 874-876.
- **Kellil H., 2010** - in : Bouziane R.H., **2015** - l'orge en Algérie : passé, présent et importance pour la sécurité alimentaire, face aux nouveaux défis. *Institut National de la Recherche Agronomique d'Algérie*, pp 1-19. [En ligne]. Disponible sur <<http://www.researchgate.net/publication/322696179>> (consulté le 26/08/2020)
- **Kimber G, et Riley R., 1963** - Haploid Angiosperms. *Bot.Rev*, 29: 480-531.
- **Kling J., 2004** - An introduction to barley. Notes from css 330 world foods class. [En ligne]. Disponible sur <<http://oregonstate.edu/instruct/css/330/five/BarleyOverview.htm>> (consulté le 26/08/2020)
- **Knežević D, Pržulj N, Zečević V et al., 2004** -Breeding strategies for barley quality improvement and wide adaptation. *Kragujevac J Sci* 26: 75–84
- **Koebner R., 2003** - MAS in cereals: green for wheat and barley in: *Proceeding of FAO workshop Marker assisted selection: a fast track to increase genetic gain in plant and animal breeding?* [En ligne]. Disponible sur <<http://www.fao.org/biotech/docs/koebner.pdf>> (consulté le 26/08/2020)
- **Lazaridou T, Sistanis I, Lithourgidis A et al., 2011** - Response to in-vitro anther culture of F 3 families originating from high and low yielding F 2 barley (*Hordeum vulgare* L.) plants. *Aust J Crop Sci*, 5: 265–270

- **Li H, et Devaux P., 2005** - Isolated microspore culture overperforms anther culture for green plant regeneration in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Acta Physiol Plant*, 27:611–619
- **Longin C.F.H, Muehleisen J, Maurer H.P, Zhang H, Gowda M, et Reif J.C., 2012** - Hybrid breeding in autogamous cereals. *Theor Appl Genet* 125:1087–1096
- **Luckett D.J, et Darvey N.L., 1992** - Utilization of microspore culture in wheat and Barley improvement. *Aust. J. Bot.* 40:807–828
- **Lupton F.G.H, et Whitehouse R.N.H., 1957** - Studies on the breeding of self-pollinating cereals. I. Selection methods in breeding for yield. *Euphytica*, 6: 169-184
- **Madić M, Knežević D, Paunović A, et Durović D., 2016** – Plant height and internodes length as components of lodging resistance in barley. *Acta Agriculture Serbica*, Vol xxl, 42 : 99-106. Disponible sur <<http://www.researchgate.net/publication/312262412>> (consulté le 26/08/2020)
- **Makowska K, Oleszczuk S, Zimny A et al., 2015** - Androgenic capability among genotypes of winter and spring barley. *Plant Breed* 134:668–674
- **Miedaner T, Wilde F, Steiner B et al., 2006** -Stacking quantitative trait loci (QTL) for Fusarium head blight resistance from non-adapted sources in an European elite spring wheat background and assessing their effects on deoxynivalenol (DON) content and disease severity. *Theor Appl Genet* 112: 562–569
- **Mittler R., 2002** - Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends Plant Sci* 7 :405–410

- **Monneveux P., 1991** - quelles stratégies pour l'amélioration génétique de la tolérance au déficit hydrique des céréales d'hiver .in : l'amélioration des plantes pour l'adaptation au milieu arides. Ed. Aupelf- Uref, John Libbey. Eurotest, pp165-186.
- **Moral L, Del F.G, Miralles D. J, et Slafer G. A., 2002** - Initiation and appearance of Vegetative and reproductive structures throughout barley development. In: *Barley Science: Recent Advances from Molecular Biology to Agronomy of Yield and Quality*. Eds. Haworth Press, Binghamton, NY, G. A. Slafer, J. L. Molina-Cano, R. Savin, J. L. Araus, and I. Romagosa, pp 243-268
- **Morran S, Eini O, Pyvovarenko T et al., 2011** - Improvement of stress tolerance of wheat and barley by modulation of expression of DREB/CBF factors. *Plant BiotechJ*, 9:230–249
- **Mukhambetzhonov S.K., 1997** - culture of nonfertilized female gametophytes in vitro. *Plant Cell Tiss Org Cult*, 48: 111-119.
- **Najimi B, El jaafari S, Jlibene M, et Jacquemin J.M., 2003** - Application des marqueurs moléculaires dans l'amélioration du blé tendre pour la résistance aux maladies et aux insectes. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ*, Vol 7(1): 17-35.
- **Nevo E., 2013** - Evolution of Wild Barley and Barley Improvement. In: *Advances in Barley Sciences*. Eds. Australia, Zhang G, Li C, Liu X, 465p
- **Newman C.W, et Newman R.K., 2006** -A brief History of Barley Foods. *Cereal foods World*, Vol 51(1) : 4-7. [En ligne]. Disponible sur <http://new.westerntrailsfood.com/docs/barley_history_newmans.pdf> (consulté le 26/08/2020).

- **Newman R.K, et Newman C.W., 1991** - barley as a food grain. *Cereal food World*, Vol 36(9), pp 800-805. [En ligne]. Disponible sur <<http://pascalfrancis.inist.fr/vibad/index.php?action=getRecordDetail&idt=5381059>>consulté (le 26/08/2020)

- **Newman R.K, et Newman, W.C., 2008** - barley for food and health science, technology, and products [Livre] New jersey: John Wiley, Sons, Inc, 22 p.

- **Ohnoutkova L, Tomas V, et Mentewab A., 2019** – barley anther culture. In: *Barley methods and products*. Eds. Norwich, Wendy A. Harwood, 316p

- **Patrick H, et Alfonso C.M., 2013** - new and renewed breeding methodology .in: advances in barley sciences: proceedings of 11th international barley genetics symposium. Eds. Zhejiang University press and Springer. Dordrecht, Zhang G, Li G, and Liu X, PP 349-357

- **Picard E., 1995** - Histoire des méthodes d'haplodiploïdisation. In : Petitprez M. *HAPLODIPLOIDISATION*. Toulouse, pp 9-19

- **Pickering R. A, Johnston P.A., 2005** - Recent progress in barley improvement using species of Hordeum. *Cytogenet. And Genome Res*, 109: 344-349

- **Rao H. S, Basha O.P, Singh N.K, Sato K, et Dhaliwal H. S., 2007** - Frequency distributions and composite interval mapping for QTL analysis in 'Steptoe' × 'Morex' barley mapping population. *Barley. Genet. Newsl.* 37 : 520. [En ligne]. Disponible sur <<http://www.wheat.pw.usda.gov/ggpages/bgn>> (consulté le 26/08/2020).

- **Řepková J, Dreiseitl A, Lízal P, Kyjovská Z, Teturová K, Psočková R, et Jahoor A., 2006** -Identification of resistance genes against powdery mildew in four accessions of *Hordeum vulgare* ssp. spontaneum. *Euphytica*, Vol 151(1):23–30.

- **Reynolds M.P, Skovmand B, Trethowan R, et Pfeiffer W., 2000** - Evaluating a conceptual model for drought tolerance. In: *Molecular approaches for the improvement of cereals for stable production in water-limited environments*. Eds. A strategic planning workshop, Ribaut J.M, et Poland D, pp 49-53
- **Roy S.J, Huang W, Wang X.J et al., 2013** - A novel protein kinase involved in Na (+) exclusion revealed from positional cloning. *Plant Cell Environ* 36:553–568
- **Saicho D, et Takeda K., 2011** -Barley: Emergence as a New Research Materiel of Crop Science.*Plant and physiology*, Vol 52 (5) pp 724-727. [En ligne]. Disponible sur <<http://doi.org/10.1093/pcp/pcr049>> (consulté le 26/08/2020)
- **San Noem L.H., 1976** - Haploïdes d'*Hordeum vulgare L* par culture in vitro d'ovules non fécondés. *Ann. Amélioration. Plantes*, 26: 751-754
- **Sandhu K.S, Forrest K.L, Kong S, Bansal U.K, Singh D, Hayden M.J, et park R.F., 2012** - inheritance and molecular mapping of a gene conferring seedling resistance against puccinia hordei in the barley cultivar picardo. *Theor Appl Genet*, Vol 125(7):1403-1411
- **Shepherd K.W, et Islam A.K.M.R., 1992** – progress in the production of wheat-barley addition and recombination lines and their use in mapping the barley genome. In: *Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology*. Ed. C.A.B international, Wallingford, P.R Shewry, pp 99-114
- **Shewry P.R, et Ullrich S.E., 2014** - *Barley Chemistry and Technology*. Eds. Pullman, Washington, U.S.A, AACC International, 321p

- **Singh R.K, Kumar S, Choudhury A.K, et Tiwari M.K., 2006** - Lean tool selection in a die casting unit: a fuzzy-based decision support heuristic. *International Journal of Production Research*, Vol 44 (7) : 1399-1429 [en ligne]. Disponible sur <<http://doi.org/10.1080/00207540500272980>> (consulté le 26/08/2020)
- **Soltész A, Vágújfalvi A, Rizza F et al., 2012** - The rice Osmyb4 gene enhances tolerance to frost and improves germination under unfavorable conditions in transgenic barley plants. *J Appl Genet* 53:133–143
- **Stein N, Muehlbauer G.J., 2018** - *the barley genome*. [En ligne]. Disponible sur <<http://doi.org/10.1007/978-3-319-92528-8>> (consulté le 26/08/2020)
- **Tiwari J.K, Munshi A.D, Kumar R, Pandey R.N, Arora A, Bhat J.S, et Sureja A.K., 2010** - Effect of salt stress on cucumber: Na⁺/K⁺ ratio, osmolyte concentration, phenols and chlorophyll content. *Acta Physiol Plant*, 32:103–114
- **Toojinda T, Broers L.H, Chen X.M, Hayers P.M, Kleinhofs A, Korte J, Kudrna D, Leung H, Line R.F, Powell W, et Ramsay L., 2000** - Mapping quantitative and qualitative disease resistance genes in a doubled haploid population of barley (*Hordeum vulgare*). *Theor Appl Genet*, Vol 101(4) pp 580-589
- **Tourte Y., 2005** – *Genetic Engineering and Biotechnology: Concepts, Methods and Agronomic Applications*. Science publishers, Enfield NH, 199 p
- **Triboi E., 1990** – Modèle d'élaboration du poids du grain chez le blé tendre (*Triticum aestivum* em thell). *Agronomie, EDP Science*, Vol 10(3) : 191-200. [en ligne]. Disponible sur <<http://hal.archives-ouvertes.fr/hal-00885281>> (consulté le 26/08/2020)

- **Verstegen H, Koneke O, Korzun V, et Von Broock R., 2014** - The World Importance of Barley and Challenges to Further Improvements. In: *Biotechnological Approaches to barley improvement*. Eds. Germany Kumlehn, et N Stein, 431p

- **Von Bothmer R, et Jacobson N., 1985** - origin, taxonomy, and related species. In: *Barley*. Ed. America, Madison, Wisconsin, D.C Rasmusson, PP 19-56

- **Von Bothmer R, Sato K, Komatsuda K, Yasuda S, et Fischbeck G., (Von Bothmer R, Jacobsen N) 2003** - The domestication of cultivated barley. In: *Diversity in barley (Hordeum vulgare)*. Eds. Elsevier, Amsterdam the Netherlands, Von Bothmer R, Van Hintum T, Knüpffer H, et Sato K, pp 9-27

- **Von Bothmer R., 1992** - The wild species of *Hordeum*: relationships and potential use for improvement of cultivated barley. In: *Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology*. Ed. P.R Shewry. C.A.B. International, Wallingford, UK, pp 3-18

- **Wang C.C, Kuang B.J., 1981** - Induction of haploid plants from female gametophyte *Hordeum vulgare L.* Acta Botanica Sinica., 23: 329-330.

- **Wang W, Vinocur B, et Altman A., 2003** - Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta* 218:1–14

- **Wang Y, Ren X, Sun D, et Sun G., 2015** - origin of worldwide cultivated barley revealed by NAM-1 gene and grain protein content. *Front plant Sci*, 6 : 803. [En ligne]. Disponible sur <<http://www.doi.org/10.3389/fpls.2015.00803>> (consulté le 26/08/2020)

- **Weyen J., 2009** – Barley and wheat doubled haploids in breeding. in: *Advances in Haploid production in Higher plants*.Eds. Springer, Dordrecht, The Netherlands, A Tourae, B.P Forster, et S.M Jain, pp 179-187

- **Wiebe, G.A., 1978** - breeding. In: *Barley: Origin, Botany, Culture, Winter Hardiness, Genetics, Utilization, Pests*. Agriculture Handbook 338. U.S. Department of Agriculture, Washington, DC. pp 117-127
- **Wu B. J, et Chen K.C., 1982** - Cytological and embryological studies on haploid plant production from cultured unpollinated ovaries of *Nicotiana tabacum L.* *Acta Bot.Sin*, 24: 125-129.
- **Yang H.Y, Zhou C., 1982** - in vitro induction of haploid plants from unpollinated ovaries and ovules. (*Revue Theor. Appl. Genet.*, 63 : 97-104
- **Zahour A., 1992** - *éléments d'amélioration génétique des plantes*. Ed. Rabat, Maroc : Actes, 230 P
- **Zair M., 1994**. L'irrigation d'appoint et la fertilisation azotée du blé dur. *Céréaliculture*, 24 : 1-7.
- **Zhang G, Li C, et Liu X., 2013**- *Advances in Barley Sciences*. [En ligne]. Disponible sur<<http://doi.org/10.1007/978-94-007-4682-4>> (consulté le 26/08/2020)
- **Zhang G, et Li C., 2009**- Genetics and improvement of barley malt quality. Zhejiang university press. Springer, Hangzhou/Berlin
- **Zhu Z.C, et Wu H.S., 1979**- in vitro induction of haploid plantlets from the inpollinated ovaries of *Triticum aestivum* and *Nicotiana tabacum*. *Acta.Genet.Sin*, 6: 181-183
- **Zhu Z.C, Wu H.S, A Q.K, et Liu Z.Y., 1981**- Induction of haploid plantlets from unpollinated ovaries of *Triticum aestivum* cultured in vitro. *Acta.Genet.Sin*, 8: 386-390.

ANNEXES

Annexe01 : tableau des Principales variétés d'orge cultivées en Algérie et leurs caractéristiques.

Variétés	Tichedrett	SAIDA 183	RIHANE 03
Caractéristiques morphologiques	Épi compact jaune	Épi compact blanc	Épi compact blanc
Caractéristiques culturales	<ul style="list-style-type: none"> •Cycle végétatif : tardif •Tallage : moyen •Resistance : Au froid et à la sécheresse :(+++) A la verse : (+) 	Semi-précoce Moyen (+++) (-)	Précoce Fort (++) (+++)
Productivité (Rendement en grain)	Optimal : 25qx/ha	Optimal : 30qx/ha	Optimal : 45qx/ha
Caractéristiques qualificatives	•PMG : Moyen	Elevé	Moyen
Zone d'adaptation	•Plaines intérieurs et hauts plateaux	•Plaines intérieurs et hauts plateaux	•Plaines intérieurs
Comportements vis-à-vis des maladies	<ul style="list-style-type: none"> •Rouille : Jaunes, Helminthosporiose, piétin verse :(-) • Rouille Brune Oïdium échaudage : (+++) Noir : (++) •Fusariose :(+) 	Rouille : Jaune, Rhynchosporiose : (-), piétin verse :(+++) rouille brune : (+++) noire, Septoriose, Charbon :(-)	Helminthosporiose, Rhynchosporiose : (++) Piétin verse : (+++) Rouille brune :(++) piétin échaudage, oïdium : (+++)
(++++) résistante (++) tolérante (+) moyennement (-) sensible Résistante			

Variétés	NAILA	EL FOUARA
Caractéristiques morphologiques	Épi compact blanc	Épi compact blanc
Caractéristiques culturales	<ul style="list-style-type: none"> •Cycle végétatif : précoce •Tallage : moyen •Resistance : Au froid : (-) A la sécheresse : (++) A la verse : (+++) 	Tardif Fort Au froid et à la sécheresses : (++) (+++)
Productivité (Rendement en grain)	Optimal : 40qx/ha	Optimal : 30qx/ha
Caractéristiques qualificatives	•PMG : Moyen	Elevé
Zone d'adaptation	•Plaines intérieurs et hauts plateaux	•hauts plateaux
Comportements vis-à-vis des maladies	<ul style="list-style-type: none"> •Rouille Jaune, piétin verse : (+++) , Helminthosporiose, Rhyncosporiose, oïdium : (-) • Rouille brune : (-) Rouille noire, Piétin échaudage, Fusariose, Septoriose : (+++) 	Helminthosporiose, charbon : (+++) Rhyncosporiose : (++)
(+++) résistante (++) tolérante (+) moyennement (-) sensible Résistante		

Annexe02. Plan parcellaire

BLOC 1	BLOC 2	BLOC 3
HD14	EXPRESS	HD15
HD10	HD11	EXPRESS
TICHDRETT	HD39	HD21
HD30	HD26	HD10
EXPRESS	HD10	TICHDRETT
HD39	HD15	HD11
HD15	HD30	HD26
HD26	TICHDRETT	HD30
HD21	HD21	HD39
HD11	HD14	HD14

Annexe03 : Analyse de la variance de la biomasse aérienne BA

Effet	SS	Degre. Of Freedom	MS	F	P
Intercept	3480041,5	0,5	3480041,5	394,6575	0,000000
Génotype	52600	4,5	5844,5	0,6628	0,1455055
Bloc	11089,5	1	5544,5	0,6288	0,154077
Error	79361	9	4409		

Annexe04 : Analyse de la variance du nombre de plants NP

Effet	SS	Degre. Of Freedom	MS	F	P
Intercept	4813,333	1	4813,333	726,4394	0,000000
Génotype	191,333	9	21,259	3,2085	0,016889
Bloc	0,067	2	0,033	0,0050	0,994983
Error	119,267	18	6,626		

Annexe05 : Analyse post hoc faite par le test LSD du nombre de plants

LSD test; variable NP (Données caractères plots HD20) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 6,6259, df = 18,000											
	GENOTYPE	{1} - 8,3333	{2} - 14,333	{3} - 14,000	{4} - 8,3333	{5} - 13,333	{6} - 12,667	{7} - 11,000	{8} - 14,667	{9} - 16,333	{10} - 13,667
1	HD10 F2 TE 2009		0,010523	0,014771	1,000000	0,028634	0,053970	0,220678	0,007465	0,001293	0,020628
2	HD11 F2 TE 2009	0,010523		0,875750	0,010523	0,639942	0,438108	0,130152	0,875750	0,353906	0,754743
3	HD14 F2 TE 2009	0,014771	0,875750		0,014771	0,754743	0,533802	0,170585	0,754743	0,281527	0,875750
4	HD15 F2 TE 2009	1,000000	0,010523	0,014771		0,028634	0,053970	0,220678	0,007465	0,001293	0,020628
5	HD21 F2 TE 2009	0,028634	0,639942	0,754743	0,028634		0,754743	0,281527	0,533802	0,170585	0,875750
6	HD26 F2 TE 2009	0,053970	0,438108	0,533802	0,053970	0,754743		0,438108	0,353906	0,098106	0,639942
7	HD30 F2 TE 2009	0,220678	0,130152	0,170585	0,220678	0,281527	0,438108		0,098106	0,020628	0,220678
8	HD39 F2 TE 2009	0,007465	0,875750	0,754743	0,007465	0,533802	0,353906	0,098106		0,438108	0,639942
9	TICHEDRET	0,001293	0,353906	0,281527	0,001293	0,170585	0,098106	0,020628	0,438108		0,220678
10	EXPRESS	0,020628	0,754743	0,875750	0,020628	0,875750	0,639942	0,220678	0,639942	0,220678	

Annexe06 : Analyse de la variance du nombre d'épis NE

Effet	SS	Degr. of Freedom	MS	F	P
Intercept	343470,0	1	343470,0	896,7105	0,000000
Génotype	11682,0	9	1298,0	3,3887	0,013203
Bloc	1015,4	2	507,7	1,3255	0,290398
Error	6894,6	18	383,0		

Annexe07 : Analyse post hoc faite par le test LSD du nombre d'épis

LSD test; variable NE (Données caractères plotes HD20) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 383,03, df = 18,000										
GENOTYPE	{1} - 70,000	{2} - 80,000	{3} - 101,33	{4} - 97,000	{5} - 122,67	{6} - 105,67	{7} - 119,33	{8} - 135,00	{9} - 110,33	{10} - 128,67
1 HD10 F2 TE 2009		0,539308	0,065563	0,108345	0,004018	0,038564	0,006354	0,000722	0,021220	0,001747
2 HD11 F2 TE 2009	0,539308		0,198512	0,301465	0,015613	0,125632	0,024165	0,002909	0,073821	0,006960
3 HD14 F2 TE 2009	0,065563	0,198512		0,789342	0,198512	0,789342	0,274782	0,049425	0,580241	0,104356
4 HD15 F2 TE 2009	0,108345	0,301465	0,789342		0,125632	0,594229	0,179224	0,028692	0,415001	0,063000
5 HD21 F2 TE 2009	0,004018	0,015613	0,198512	0,125632		0,301465	0,837106	0,450244	0,450244	0,711697
6 HD26 F2 TE 2009	0,038564	0,125632	0,789342	0,594229	0,301465		0,403657	0,082987	0,773599	0,167226
7 HD30 F2 TE 2009	0,006354	0,024165	0,274782	0,179224	0,837106	0,403657		0,339882	0,580241	0,566422
8 HD39 F2 TE 2009	0,000722	0,002909	0,049425	0,028692	0,450244	0,082987	0,339882		0,140081	0,696519
9 TICHDRET T	0,021220	0,073821	0,580241	0,415001	0,450244	0,773599	0,580241	0,140081		0,266288
10 EXPRESS	0,001747	0,006960	0,104356	0,063000	0,711697	0,167226	0,566422	0,696519	0,266288	

Annexe08 : Analyse de la variance du rendement en grains RG

Univariate Tests of Significance for RG (g) (Données caractères plotes HD20) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of Freedom	MS	F	p
Intercept	192360,8	0,5	192360,8	287,36985	0,000000
GENOTYPE	7412,4	4,5	823,6	1,2304	0,0248315
BLOC	488,15	1	244,05	0,3646	0,2479985
Error	6024,45	9	334,7		

Annexe09 : Analyse post hoc faite par le test LSD du rendement en grains

LSD test; variable RG (g) (Données caractères plots HD20) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 669,38, df = 18,000										
GENOTYPE	{1} - 82,000	{2} - 85,567	{3} - 125,53	{4} - 95,167	{5} - 131,90	{6} - 105,93	{7} - 124,83	{8} - 146,80	{9} - 94,700	{10} - 140,00
1 HD10 F2 TE 2009		0,867807	0,054077	0,540918	0,029636	0,272101	0,057666	0,006634	0,555210	0,013297
2 HD11 F2 TE 2009	0,867807		0,074700	0,654943	0,041659	0,347764	0,079485	0,009573	0,670621	0,019005
3 HD14 F2 TE 2009	0,054077	0,074700		0,167736	0,766576	0,365776	0,973930	0,327413	0,161638	0,502181
4 HD15 F2 TE 2009	0,540918	0,654943	0,167736		0,099131	0,616475	0,177234	0,025041	0,982618	0,047944
5 HD21 F2 TE 2009	0,029636	0,041659	0,766576	0,099131		0,234822	0,741853	0,489631	0,095223	0,705888
6 HD26 F2 TE 2009	0,272101	0,347764	0,365776	0,616475	0,234822		0,382764	0,068923	0,601393	0,124217
7 HD30 F2 TE 2009	0,057666	0,079485	0,973930	0,177234	0,741853	0,382764		0,312175	0,170855	0,481999
8 HD39 F2 TE 2009	0,006634	0,009573	0,327413	0,025041	0,489631	0,068923	0,312175		0,023923	0,751239
9 TICHDRET T	0,555210	0,670621	0,161638	0,982618	0,095223	0,601393	0,170855	0,023923		0,045902
10 EXPRESS	0,013297	0,019005	0,502181	0,047944	0,705888	0,124217	0,481999	0,751239	0,045902	

Annexe10: Analyse de la variance du rendement en paille RP

Univariate Tests of Significance for RP (g) (Données caractères plots HD20) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. Of - Freedom	MS	F	p
Intercept	2036036,5	0,5	2036036,5	307,35185	0,000000
GENOTYPE	23802	4,5	2644,5	0,39925	0,311332
BLOC	8258	1	4129	0,6233	0,155572
Error	59620	9	3312		

Annexe11 : Analyse de la variance de l'indice de récolte IR.

Univariate Tests of Significance for IR (Données caractères plots HD20) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	1,662196	1	1,662196	872,6654	0,000000
GENOTYPE	0,014626	9	0,001625	0,8532	0,580191
BLOC	0,002758	2	0,001379	0,7239	0,498439
Error	0,034285	18	0,001905		

Annexe12 : Analyse de variance de la biomasse aérienne par plante BA/P

	SS	Degr. Of - Freedom	MS	F	p
Intercept	167935,7	1	167935,7	1339,336	0,000000
Génotype	3366,7	9	374,1	2,983	0,002817
Bloc	53,1	2	26,5	0,212	0,809499
Error	17303,5	138	125,4		

Annexe13 : Analyse post hoc faite par le test LSD de la biomasse aérienne par plante

Gén otyp e	{1} - 41,66 7	{2} - 23,60 0	{3} - 30,66 7	{4} - 37,26 7	{5} - 31,93 3	{6} - 37,06 7	{7} - 34,40 0	{8} - 34,60 0	{9} - 29,06 7	{10} - 34,33 3
1 HD10 F2 TE 2009		0,000020	0,008021	0,283756	0,018656	0,262532	0,077736	0,086172	0,002486	0,075080
2 HD11 F2 TE 2009	0,000020		0,086172	0,001069	0,043452	0,001257	0,009210	0,008021	0,183427	0,009640
3 HD14 F2 TE 2009	0,008021	0,086172		0,108776	0,757189	0,119815	0,362802	0,337744	0,696170	0,371410
4 HD15 F2 TE 2009	0,283756	0,001069	0,108776		0,194277	0,961059	0,484420	0,515365	0,046867	0,474336
5 HD21 F2 TE 2009	0,018656	0,043452	0,757189	0,194277		0,211433	0,547317	0,515365	0,484420	0,558184
6 HD26 F2 TE 2009	0,262532	0,001257	0,119815	0,961059	0,211433		0,515365	0,547317	0,052418	0,504936
7 HD30 F2 TE 2009	0,077736	0,009210	0,362802	0,484420	0,547317	0,515365		0,961059	0,194277	0,987015
8 HD39 F2 TE 2009	0,086172	0,008021	0,337744	0,515365	0,515365	0,547317	0,961059		0,178176	0,948094
9 TICHED RETT	0,002486	0,183427	0,696170	0,046867	0,484420	0,052418	0,194277	0,178176		0,199877
10 EXPRE SS	0,075080	0,009640	0,371410	0,474336	0,558184	0,504936	0,987015	0,948094	0,199877	

Annexe14 : Analyse de variance du rendement en paille par plante RP/P.

Univariate Tests of Significance for RP/P (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	60236,23	1	60236,23	893,0552	0,000000
Génotype	1976,00	9	219,56	3,2551	0,001284
Bloc	62,91	2	31,45	0,4663	0,628292
Error	9308,05	138	67,45		

Annexe15 : Analyse post hoc faite par le test LSD du rendement en paille par plante

LSD test; variable RP/P (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 67,450, df = 138,00											
	Génotype	{1} - 28,647	{2} - 14,387	{3} - 17,087	{4} - 22,707	{5} - 19,093	{6} - 21,880	{7} - 19,027	{8} - 17,960	{9} - 19,560	{10} - 20,047
1	HD10 F2 TE 2009		0,000005	0,000177	0,049609	0,001786	0,025618	0,001663	0,000503	0,002920	0,004784
2	HD11 F2 TE 2009	0,000005		0,369510	0,006297	0,118827	0,013638	0,124095	0,235481	0,086750	0,061210
3	HD14 F2 TE 2009	0,000177	0,369510		0,063040	0,504525	0,112247	0,518766	0,771320	0,410936	0,325353
4	HD15 F2 TE 2009	0,049609	0,006297	0,063040		0,230306	0,783223	0,221865	0,115753	0,295883	0,376623
5	HD21 F2 TE 2009	0,001786	0,118827	0,504525	0,230306		0,354389	0,982296	0,706072	0,876565	0,751044
6	HD26 F2 TE 2009	0,025618	0,013638	0,112247	0,783223	0,354389		0,343031	0,193334	0,440478	0,541981
7	HD30 F2 TE 2009	0,001663	0,124095	0,518766	0,221865	0,982296	0,343031		0,722617	0,859106	0,734278
8	HD39 F2 TE 2009	0,000503	0,235481	0,771320	0,115753	0,706072	0,193334	0,722617		0,594523	0,487715
9	TICHDRET T	0,002920	0,086750	0,410936	0,295883	0,876565	0,440478	0,859106	0,594523		0,871321
10	EXPRESS	0,004784	0,061210	0,325353	0,376623	0,751044	0,541981	0,734278	0,487715	0,871321	

Annexe16 : Analyse de variance du rendement en grains par plante RG/P

Univariate Tests of Significance for RG/P (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	27017,14	1	27017,14	1056,729	0,000000
Génotype	793,32	9	88,15	3,448	0,000733
Bloc	47,11	2	23,56	0,921	0,400398
Error	3528,21	138	25,57		

Annexe17 : Analyse post hoc faite par le LSD test du rendement en grains par plante.

LSD test; variable RG/P (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 25,567, df = 138,00										
Génotype	{1} - 13,020	{2} - 9,2133	{3} - 13,580	{4} - 14,560	{5} - 12,840	{6} - 15,187	{7} - 15,373	{8} - 16,640	{9} - 9,5067	{10} - 14,287
1 HD10 F2 TE 2009		0,041107	0,762114	0,405671	0,922478	0,242615	0,204590	0,051933	0,059139	0,493833
2 HD11 F2 TE 2009	0,041107		0,019419	0,004398	0,051509	0,001521	0,001091	0,000094	0,874000	0,006801
3 HD14 F2 TE 2009	0,762114	0,019419		0,596421	0,689189	0,385703	0,333098	0,099720	0,029025	0,702499
4 HD15 F2 TE 2009	0,405671	0,004398	0,596421		0,353179	0,734814	0,660253	0,261882	0,007017	0,882526
5 HD21 F2 TE 2009	0,922478	0,051509	0,689189	0,353179		0,205868	0,172259	0,041458	0,073193	0,434653
6 HD26 F2 TE 2009	0,242615	0,001521	0,385703	0,734814	0,205868		0,919616	0,432543	0,002527	0,626709
7 HD30 F2 TE 2009	0,204590	0,001091	0,333098	0,660253	0,172259	0,919616		0,493833	0,001834	0,557120
8 HD39 F2 TE 2009	0,051933	0,000094	0,099720	0,261882	0,041458	0,432543	0,493833		0,000171	0,204590
9 TICHDRET T	0,059139	0,874000	0,029025	0,007017	0,073193	0,002527	0,001834	0,000171		0,010659
10 EXPRESS	0,493833	0,006801	0,702499	0,882526	0,434653	0,626709	0,557120	0,204590	0,010659	

Annexe18 : Analyse de variance du nombre d'épis par plante NE/P.

Univariate Tests of Significance for NE/P (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	13709,04	1	13709,04	2262,506	0,000000
Génotype	513,23	9	57,03	9,411	0,000000
Bloc	23,56	2	11,78	1,944	0,147010
Error	836,17	138	6,06		

Annexe19 : Analyse post hoc faire par le test LSD de nombre d'épis par plante.

LSD test; variable NE/P (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 6,0592, df = 138,00										
Génotype	{1} - 7,8667	{2} - 6,0000	{3} - 8,7333	{4} - 10,867	{5} - 8,6667	{6} - 11,667	{7} - 11,800	{8} - 10,600	{9} - 8,1333	{10} - 11,267
1 HD10 F2 TE 2009		0,039677	0,336625	0,001086	0,374991	0,000043	0,000024	0,002823	0,767156	0,000230
2 HD11 F2 TE 2009	0,039677		0,002823	0,000000	0,003548	0,000000	0,000000	0,000001	0,019001	0,000000
3 HD14 F2 TE 2009	0,336625	0,002823		0,019001	0,940982	0,001387	0,000847	0,039677	0,505546	0,005535
4 HD15 F2 TE 2009	0,001086	0,000000	0,019001		0,015636	0,374991	0,300906	0,767156	0,002823	0,657001
5 HD21 F2 TE 2009	0,374991	0,003548	0,940982	0,015636		0,001086	0,000658	0,033222	0,553909	0,004440
6 HD26 F2 TE 2009	0,000043	0,000000	0,001387	0,374991	0,001086		0,882290	0,237374	0,000133	0,657001
7 HD30 F2 TE 2009	0,000024	0,000000	0,000847	0,300906	0,000658	0,882290		0,184052	0,000076	0,553909
8 HD39 F2 TE 2009	0,002823	0,000001	0,039677	0,767156	0,033222	0,237374	0,184052		0,006871	0,459527
9 TICHEDRET T	0,767156	0,019001	0,505546	0,002823	0,553909	0,000133	0,000076	0,006871		0,000658
10 EXPRESS	0,000230	0,000000	0,005535	0,657001	0,004440	0,657001	0,553909	0,459527	0,000658	

Annexe20 : Analyse de variance du poids de grains par épi PGE

Univariate Tests of Significance for PGE (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	493,2267	1	493,2267	2160,812	0,000000
Génotype	5,9213	9	0,6579	2,882	0,003765
Bloc	0,2521	2	0,1261	0,552	0,576895
Error	31,4999	138	0,2283		

Annexe21 : Analyse post hoc faite par le test LSD du poids de grains par épi.

LSD test; variable PGE (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = ,22826, df = 138,00										
Génotype	{1} - 2,1800	{2} - 1,9400	{3} - 1,8400	{4} - 1,7333	{5} - 1,8667	{6} - 1,6867	{7} - 1,5000	{8} - 2,0667	{9} - 1,7267	{10} - 1,5933
1 HD10 F2 TE 2009		0,171140	0,053333	0,011532	0,074672	0,005384	0,000151	0,517004	0,010378	0,000999
2 HD11 F2 TE 2009	0,171140		0,567434	0,238196	0,674879	0,148733	0,012800	0,469026	0,223469	0,048887
3 HD14 F2 TE 2009	0,053333	0,567434		0,541923	0,878735	0,380969	0,053333	0,196014	0,517004	0,159636
4 HD15 F2 TE 2009	0,011532	0,238196	0,541923		0,446003	0,789484	0,183261	0,058116	0,969572	0,423645
5 HD21 F2 TE 2009	0,074672	0,674879	0,878735	0,446003		0,303979	0,037390	0,253603	0,423645	0,119456
6 HD26 F2 TE 2009	0,005384	0,148733	0,380969	0,789484	0,303979		0,286489	0,031089	0,818987	0,593512
7 HD30 F2 TE 2009	0,000151	0,012800	0,053333	0,183261	0,037390	0,286489		0,001458	0,196014	0,593512
8 HD39 F2 TE 2009	0,517004	0,469026	0,196014	0,058116	0,253603	0,031089	0,001458		0,053333	0,007513
9 TICHEDRET T	0,010378	0,223469	0,517004	0,969572	0,423645	0,818987	0,196014	0,053333		0,446003
10 EXPRESS	0,000999	0,048887	0,159636	0,423645	0,119456	0,593512	0,593512	0,007513	0,446003	

Annexe22 : Analyse de variance de la hauteur tige HT

Univariate Tests of Significance for HT (cm) (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	834654,6	1	834654,6	17678,69	0,000000
Génotype	3554,8	9	395,0	8,37	0,000000
Bloc	144,9	2	72,5	1,53	0,219205
Error	6515,3	138	47,2		

Annexe23 : Analyse post hoc faite par le test LSD de la hauteur tige

LSD test; variable HT (cm) (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 47,212, df = 138,00										
Génotype	{1} - 71,567	{2} - 70,320	{3} - 71,107	{4} - 64,700	{5} - 76,067	{6} - 77,067	{7} - 76,173	{8} - 82,367	{9} - 77,587	{10} - 78,993
1 HD10 F2 TE 2009		0,620063	0,854799	0,007020	0,075074	0,030047	0,068500	0,000032	0,017758	0,003622
2 HD11 F2 TE 2009	0,620063		0,754344	0,026693	0,023512	0,008050	0,021096	0,000004	0,004393	0,000727
3 HD14 F2 TE 2009	0,854799	0,754344		0,011751	0,050047	0,018902	0,045381	0,000015	0,010844	0,002045
4 HD15 F2 TE 2009	0,007020	0,026693	0,011751		0,000013	0,000002	0,000011	0,000000	0,000001	0,000000
5 HD21 F2 TE 2009	0,075074	0,023512	0,050047	0,000013		0,690828	0,966150	0,013193	0,545627	0,245434
6 HD26 F2 TE 2009	0,030047	0,008050	0,018902	0,000002	0,690828		0,722344	0,036453	0,836116	0,443854
7 HD30 F2 TE 2009	0,068500	0,021096	0,045381	0,000011	0,966150	0,722344		0,014791	0,574138	0,262981
8 HD39 F2 TE 2009	0,000032	0,000004	0,000015	0,000000	0,013193	0,036453	0,014791		0,058840	0,180992
9 TICHEDRET T	0,017758	0,004393	0,010844	0,000001	0,545627	0,836116	0,574138	0,058840		0,575944
10 EXPRESS	0,003622	0,000727	0,002045	0,000000	0,245434	0,443854	0,262981	0,180992	0,575944	

Annexe24 : Analyse de variance de la longueur de l'épi LE

Univariate Tests of Significance for LE (cm) (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	6762,609	1	6762,609	5557,321	0,000000
Génotype	154,164	9	17,129	14,076	0,000000
Bloc	0,570	2	0,285	0,234	0,791622
Error	167,930	138	1,217		

Annexe25 : Analyse post hoc faite par le test LSD de la longueur de l'épi.

LSD test; variable LE (cm) (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 1,2169, df = 138,00										
Génotype	{1} - 8,3980	{2} - 7,3733	{3} - 6,9667	{4} - 7,2667	{5} - 6,9733	{6} - 5,9933	{7} - 6,2333	{8} - 7,6533	{9} - 5,1867	{10} - 5,1000
1 HD10 F2 TE 2009		0,012066	0,000521	0,005697	0,000552	0,000000	0,000000	0,066640	0,000000	0,000000
2 HD11 F2 TE 2009	0,012066		0,314459	0,791551	0,322429	0,000807	0,005348	0,488144	0,000000	0,000000
3 HD14 F2 TE 2009	0,000521	0,314459		0,457672	0,986819	0,016982	0,070839	0,090498	0,000020	0,000008
4 HD15 F2 TE 2009	0,005697	0,791551	0,457672		0,467708	0,001932	0,011375	0,338766	0,000001	0,000000
5 HD21 F2 TE 2009	0,000552	0,322429	0,986819	0,467708		0,016257	0,068343	0,093638	0,000019	0,000008
6 HD26 F2 TE 2009	0,000000	0,000807	0,016982	0,001932	0,016257		0,552269	0,000065	0,047176	0,028204
7 HD30 F2 TE 2009	0,000000	0,005348	0,070839	0,011375	0,068343	0,552269		0,000575	0,010382	0,005615
8 HD39 F2 TE 2009	0,066640	0,488144	0,090498	0,338766	0,093638	0,000065	0,000575		0,000000	0,000000
9 TICHDRET T	0,000000	0,000000	0,000020	0,000001	0,000019	0,047176	0,010382	0,000000		0,829961
10 EXPRESS	0,000000	0,000000	0,000008	0,000000	0,000008	0,028204	0,005615	0,000000	0,829961	

Annexe26 : Analyse de variance de la longueur des barbes LB.

Univariate Tests of Significance for LB (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	29023,77	1	29023,77	12457,25	0,000000
Génotype	134,11	9	14,90	6,40	0,000000
Bloc	2,18	2	1,09	0,47	0,627665
Error	321,52	138	2,33		

Annexe27 : Analyse post hoc faite par le test LSD de la longueur des barbes.

LSD test; variable LB (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 2,3299, df = 138,00										
Génotype	{1} - 12,855	{2} - 13,047	{3} - 13,667	{4} - 14,073	{5} - 12,873	{6} - 14,520	{7} - 13,473	{8} - 13,573	{9} - 15,260	{10} - 15,760
1 HD10 F2 TE 2009		0,731009	0,147424	0,030464	0,973331	0,003326	0,268931	0,199411	0,000030	0,000001
2 HD11 F2 TE 2009	0,731009		0,267905	0,067619	0,756277	0,009157	0,445272	0,346345	0,000115	0,000003
3 HD14 F2 TE 2009	0,147424	0,267905		0,466852	0,156883	0,128051	0,729214	0,867256	0,004914	0,000254
4 HD15 F2 TE 2009	0,030464	0,067619	0,466852		0,033056	0,424279	0,283580	0,371235	0,035023	0,002955
5 HD21 F2 TE 2009	0,973331	0,756277	0,156883	0,033056		0,003684	0,283580	0,211266	0,000034	0,000001
6 HD26 F2 TE 2009	0,003326	0,009157	0,128051	0,424279	0,003684		0,062505	0,091670	0,186473	0,027720
7 HD30 F2 TE 2009	0,268931	0,445272	0,729214	0,283580	0,283580	0,062505		0,857873	0,001675	0,000069
8 HD39 F2 TE 2009	0,199411	0,346345	0,867256	0,371235	0,211266	0,091670	0,857873		0,002955	0,000137
9 TICHEDRET	0,000030	0,000115	0,004914	0,035023	0,000034	0,186473	0,001675	0,002955		0,371235
10 EXPRESS	0,000001	0,000003	0,000254	0,002955	0,000001	0,027720	0,000069	0,000137	0,371235	

Annexe28 : Analyse de variance de la longueur du dernier entre nœud LDEN.

Univariate Tests of Significance for LDEN (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	33137,80	1	33137,80	7779,054	0,000000
Génotype	173,19	9	19,24	4,517	0,000032
Bloc	14,21	2	7,11	1,668	0,192325
Error	587,86	138	4,26		

Annexe29 : Analyse post hoc faite par le test LSD de la longueur de dernier entre nœud.

LSD test; variable LDEN (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 4,2599, df = 138,00										
Génotype	{1} - 15,293	{2} - 13,920	{3} - 13,733	{4} - 13,867	{5} - 14,660	{6} - 16,900	{7} - 15,253	{8} - 16,073	{9} - 15,487	{10} - 13,447
1 HD10 F2 TE 2009		0,070582	0,040323	0,060449	0,402161	0,034790	0,957749	0,302494	0,797923	0,015525
2 HD11 F2 TE 2009	0,070582		0,804747	0,943686	0,327871	0,000122	0,079074	0,004936	0,039489	0,531004
3 HD14 F2 TE 2009	0,040323	0,804747		0,859833	0,220948	0,000047	0,045650	0,002310	0,021450	0,704254
4 HD15 F2 TE 2009	0,060449	0,943686	0,859833		0,294337	0,000094	0,067925	0,003992	0,033335	0,578232
5 HD21 F2 TE 2009	0,402161	0,327871	0,220948	0,294337		0,003490	0,432466	0,062861	0,274600	0,109694
6 HD26 F2 TE 2009	0,034790	0,000122	0,000047	0,000094	0,003490		0,030582	0,274600	0,062861	0,000010
7 HD30 F2 TE 2009	0,957749	0,079074	0,045650	0,067925	0,432466	0,030582		0,278473	0,757328	0,017858
8 HD39 F2 TE 2009	0,302494	0,004936	0,002310	0,003992	0,062861	0,274600	0,278473		0,437644	0,000659
9 TICHDRET T	0,797923	0,039489	0,021450	0,033335	0,274600	0,062861	0,757328	0,437644		0,007651
10 EXPRESS	0,015525	0,531004	0,704254	0,578232	0,109694	0,000010	0,017858	0,000659	0,007651	

Annexe30 : Analyse de variance du nombre de grains par épi NG/E.

Univariate Tests of Significance for NGE (Données HD PLANTES ET MB) Sigma-restricted parameterization Effective hypothesis decomposition					
	SS	Degr. of - Freedom	MS	F	p
Intercept	242808,2	1	242808,2	3691,677	0,000000
Génotype	2969,2	9	329,9	5,016	0,000008
Bloc	255,1	2	127,5	1,939	0,147714
Error	9076,5	138	65,8		

Annexe31 : Analyse post hoc faite par le test LSD du nombre de grains par épi.

LSD test; variable NGE (Données HD PLANTES ET MB) Probabilities for Post Hoc Tests Error: Between MS = 65,772, df = 138,00										
Génotype	{1} - 49,400	{2} - 42,533	{3} - 44,333	{4} - 40,533	{5} - 39,400	{6} - 38,333	{7} - 33,600	{8} - 42,400	{9} - 36,667	{10} - 35,133
1 HD10 F2 TE 2009		0,021877	0,089340	0,003263	0,000953	0,000272	0,000000	0,019483	0,000032	0,000004
2 HD11 F2 TE 2009	0,021877		0,544298	0,500572	0,291869	0,158365	0,003044	0,964153	0,049570	0,013632
3 HD14 F2 TE 2009	0,089340	0,544298		0,201573	0,098000	0,044681	0,000406	0,514935	0,010660	0,002297
4 HD15 F2 TE 2009	0,003263	0,500572	0,201573		0,702524	0,458802	0,020650	0,529512	0,193823	0,070392
5 HD21 F2 TE 2009	0,000953	0,291869	0,098000	0,702524		0,719251	0,052180	0,312808	0,357616	0,151910
6 HD26 F2 TE 2009	0,000272	0,158365	0,044681	0,458802	0,719251		0,112247	0,171902	0,574479	0,281765
7 HD30 F2 TE 2009	0,000000	0,003044	0,000406	0,020650	0,052180	0,112247		0,003496	0,302216	0,605439
8 HD39 F2 TE 2009	0,019483	0,964153	0,514935	0,529512	0,312808	0,171902	0,003496		0,054905	0,015380
9 TICHDRET T	0,000032	0,049570	0,010660	0,193823	0,357616	0,574479	0,302216	0,054905		0,605439
10 EXPRESS	0,000004	0,013632	0,002297	0,070392	0,151910	0,281765	0,605439	0,015380	0,605439	

TABLE DES MATIERES

TABLE DES MATIERES

INTRODUCTION

PARTIE I : SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

CHAPITRE I : Généralités sur l'orge

1. Origine et histoire.....	3
2. Classification et description botanique.....	7
3. Croissance et développement de l'orge.....	8
4. La culture de l'orge à l'échelle mondiale.....	9
5. La culture de l'orge en Algérie.....	11
6. Utilisation de l'orge.....	13

CHAPITRE II Amélioration de l'orge

1. Objectifs.....	16
1.1. Amélioration de l'orge pour l'alimentation animale et humaine.....	16
1.2. Amélioration de la tolérance aux stress biotiques.....	17
1.3. Amélioration de la tolérance aux stress abiotiques.....	20
2. Les Méthodes d'amélioration de l'orge.....	22
2.1. Méthodes Conventionnelles.....	22
2.2. Méthodes Nouvelles.....	24
3. Haplodiploïdisation.....	25
3.1. Définition.....	25
3.2. Les premiers haploïdes observés.....	25
3.3. Techniques d'obtention de plantes Haploïdes.....	26
3.3.1. Gynogenèse.....	26
3.3.2. Androgenèse.....	27
3.3.3. Les croisements interspécifiques ou intergénériques.....	28
3.4. Avantages de l'haplodiploïdisation.....	29
3.5. Limite de l'haplodiploïdisation.....	30

PARTIE II : PARTIE EXPERIMENTALE

MATERIEL ET METHODES

1. Objectif de l'essai.....	31
2. Présentation de l'expérimentation.....	31
3. Matériel végétal.....	31
4. Dispositif expérimental.....	31
5. Itinéraire technique.....	32
5.1. Précédent culturel.....	32
5.2. Conditions du sol.....	32
5.3. Travail du sol.....	32
5.4. Semis.....	32
5.5. Fertilisation.....	33
5.6. Récolte.....	33
6. Méthodologie d'étude.....	33
6.1. Caractères de la plote.....	33
6.1.1. Les Rendements.....	33
6.1.2. Les caractères agronomiques.....	35
6.2. Caractères mesurés sur la plante.....	35
6.2.1. Les rendements.....	35
6.2.2. Les caractères agronomiques.....	36
6.3. Caractères mesurés sur le mètre brin.....	37
6.3.1. Caractères morphologiques.....	37
6.3.2. Caractères agronomiques.....	38
6.4. Traitement statistique des données.....	38

RESULATS ET DISCUSSION

1. Caractères de la plote.....	39
1.1. Rendements.....	39
1.2. Caractères agronomiques.....	41
2. Caractères mesurés sur la plante.....	44
2.1. Les rendements.....	44
2.2 Caractères agronomiques.....	49
3. Caractères mesurés sur le mètre brin.....	51
3.1. Caractères morphologiques.....	51
3.2. Caractères agronomiques.....	61

DISCUSSION GENERALE

1. Caractères morphologiques.....	63
2. Caractères agronomiques.....	64
3. Les rendements.....	65
4. Tableau des géotypes avec les valeurs moyennes les plus élevées de chaque caractères.....	66
5. Tableau récapitulatif des résultats.....	67

CONCLUSION.....	68
------------------------	-----------

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES**ANNEXES**