

BURKINA FASO  
.....  
UNITE-PROGRES-JUSTICE  
.....  
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR, DE LA RECHERCHE  
SCIENTIFIQUE ET DE L'INNOVATION  
.....  
UNIVERSITE POLYTECHNIQUE DE BOBO-DIOULASSO  
.....  
INSTITUT DU DEVELOPPEMENT RURAL



## MEMOIRE DE FIN DE CYCLE

Présenté en vue de l'obtention du diplôme d'ingénieur du développement rural

Option : Agronomie

### THEME

« *Amélioration variétale du maïs au Burkina Faso : Evaluation de la variabilité génétique des caractères agro-morphologiques des descendants de croisement entre un hybride simple de maïs sucré (VMHI) avec une lignée fixée (FBML10) et une variété composite résistante à la sécheresse (Wari) ».*

Présenté par KOURAOGO Issouf

Directeur de mémoire : Dr SANGARE Sheick Khalil

Maître de stage : Dr SANOU Jacob

Co-Maître de stage : Dr DAO Abdalla

Décembre 2016

## Résumé

L'intensification de la production du maïs en vue de réduire le déficit alimentaire et de faire face à la démographie galopante, nécessite une accélération de la création de nouvelles variétés plus performantes et mieux adaptées. Ce processus passe par une évaluation des matériaux de base (lignées) qui serviront à la constitution de nouvelles variétés. Pour ce faire, les travaux d'extraction de nouvelles lignées dans la variété Wari à l'aide d'un hybride simple de maïs sucré (VMHI) et dans la variété VMHI à l'aide d'une lignée fixée FBML10 (Farako-Bâ Maize Line 10) ont été entrepris par l'équipe de la sélection maïs.

La présente étude a été menée sur le site de la station expérimentale de Farako-Bâ d'août 2015 à juin 2016. Elle a pour objectif global de contribuer à la création et à l'évaluation de variétés en vue de la diversification de l'offre variétale du maïs au Burkina Faso. Plus précisément, elle vise la création et l'évaluation des lignées candidates S1 issues des croisements susmentionnés.

Deux types de dispositifs ont été utilisés : les blocs non randomisés pour le premier essai et la collection testée pour le deuxième essai.

L'analyse agro-morphologique a révélé des différences de variances phénotypiques au sein des lignées obtenues tandis que l'estimation de l'effet de l'environnement à travers le dispositif de collection testée a identifié des lignées fixées pour des variables données. En plus les analyses ont montré que les plantes ayant la hauteur d'insertion de l'épi (HIE en moyenne égale à  $58,7 \pm 14,2$  cm) et la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP en moyenne égale à  $2,1 \pm 2,2$  cm) plus longues et de NGT élevé ( $160 \pm 114$  grains) sont hétérozygotes tandis que les homozygotes sont courtes pour ces variables avec respectivement  $57,4 \pm 12,3$  cm ;  $1,7 \pm 2,0$  cm et  $126 \pm 108$  grains. Aussi, 61,76 % des lignées homogènes sont fixées pour tous les dix-sept caractères étudiés et aucune lignée ne varie pour tous les caractères étudiés.

Les résultats de notre étude serviront de base pour la suite de l'extraction des lignées non totalement fixées jusqu'à leur fixation totale, ce qui permettra à la création d'hybrides simples ou composites de maïs plus performants et plus rentables.

**Mots clés :** maïs, lignées fixées, hybrides simples, variabilité génétique, Burkina Faso.

## Abstract

Intensification of corn production in order to reduce the food deficit and cope with rapid population growth, requires an acceleration of the creation of new varieties with high yielding potential and good adaptability to a wide range of environment. This process involves an assessment of basic materials (lines) to be used in the creation of new varieties. To reach our goal, the extraction of new lines from Wari using a simple sweet corn hybrid (VMHI) and from VMHI with a fixed inbred line (FBML10) were undertaken since 2014 by the maize breeding .

This study was conducted on the experimental station of Farako-Bâ from August 2015 to June 2016. The main objective is to contribute to the creation and assessment of varieties in order to diversify varietal offer of maize in Burkina Faso. Specifically, it aimed at creating and evaluating candidates S1 lines derived from the above mentioned intersections.

Two types of dispositive were used: blocs without randomization for the first test and the tested collection for the second.

The analysis revealed phenotypic differences between lines obtained while estimating the effect of the environment through the tested collection device identified inbred lines for variable data. In addition the analysis showed that plants with important height of insertion of ear (HIE on the average equal  $58,7 \pm 14,2$  cm) and the length of the strand to panicle (LBMP on the average equal  $2,1 \pm 2,2$  cm) are heterozygous while plants with less estimation of these variables are homozygous with respectively  $57,4 \pm 12,3$  cm ;  $1,7 \pm 2,0$  cm and  $126 \pm 108$  seeds on average.

These data provide the basis to pursuit the extraction of inbred lines until the end of the procedure, and then to facilitate the creation of simple hybrids corn that are more efficient and more profitable.

Keywords: corn inbred lines, simple hybrids, genetic variability, Burkina Faso

## **Dédicace**

**JE DEDIE CE MEMOIRE A TOUTE MA FAMILLE**

## Remerciements

Au terme de notre stage, il nous est important d'adresser nos sincères remerciements à :

- Docteur SANOU Jacob, Directeur Régional des Recherches Environnementales et Agricoles de l'Ouest, chef de la section maïs, notre maître de stage, qui a bien voulu nous accueillir au sein de sa structure. Nous lui exprimons notre profonde gratitude pour avoir accepté de nous encadrer malgré son emploi du temps chargé. Sa compréhension, son sens d'organisation, sa rigueur dans le travail, et surtout ses conseils nous ont beaucoup servi dans l'aboutissement de notre mémoire. Nous gardons de lui l'image d'un homme rigoureux, sociable et qui a l'amour du travail bien fait ;
- Dr DAO Abdalla, notre Co-maître de stage dont les conseils nous ont été beaucoup utiles tout au long de notre stage ;
- Dr SANGARE Khalil notre Directeur de mémoire, pour sa disponibilité pour l'encadrement, le suivi et les conseils administrés ;
- Dr NEYA Adama pour ses conseils et son encouragement lors de notre parcours ;
- Dr Nofou OUEDRAOGO pour l'encadrement technique, ses conseils et encouragements ;
- M. PARE Pascal, chef de service du matériel et technicien à la section maïs ;
- Mme SIB Jeanne KABORE technicienne et assistante administrative pour la contribution utile qu'ils nous ont apportée ;
- M. COULYBALI Saturnin pour sa disponibilité et sa serviabilité ;
- Mon Co-stagiaire M. SAVADOGO Boukary pour ses conseils et appuis multiformes ;
- Tous les enseignants de l'école primaire publique de Minissia de la session 1992 – 1997 pour l'éducation de base fournie ;
- Tous les enseignants du Lycée Provincial Mollo Sanou pour la formation de base solide secondaire administrée ;
- Tous le personnel enseignant, administratif de l'IDR et ainsi qu'à tous les chefs de département notamment de l'option agronomie pour leur encadrement pédagogique académique au cours de notre formation au sein de cet institut ;
- Toute l'équipe technique du programme Céréales Traditionnelles dont la contribution et l'ambiance ont été un réconfort indispensable ;
- Tous les enseignants de l'UPB pour la formation apportée à notre égard depuis notre arrivée sur le site de l'université ;

- Mon neveu NANAN Marcel pour l'appui sur le terrain de récolte et de traitement de données ;
- Tous les camarades stagiaires de la section maïs et de toutes les autres sections de l'INERA Farako-Bâ, pour tout le soutien moral et divers;
- Tous les camarades de l'ANEB Bobo pour leur soutien et leur esprit de solidarité ;
- Mon neveu M. Ouindinmi Bernard NACOULMA pour ses conseils et encouragements ;
- M. Issouf ZEBBA pour sa solidarité et ses appuis divers ;
- Tous mes camarades de classe pour leur esprit de partage et de convivialité ;
- Tout le personnel de l'INERA Farako-Bâ, pour l'accueil et la solidarité au sein de cette structure ;
- L'équipe Farako-Bâ Science pour le soutien technique et conseils pratiques ;
- Tous les camarades de l'UPB pour leur soutien inestimable apporté à notre égard pour la réussite du stage ;
- Tous mes oncles pour leurs appuis multiformes ;
- Tous ceux dont les noms n'ont pu être cités, qu'ils reçoivent par cette occasion nos reconnaissance et distinguée considération.

## Table des matières

Résumé .....	i
Abstract.....	ii
Dédicace .....	iii
Remerciements .....	iv
Liste des tableaux.....	x
Liste des figures.....	xi
Sigles et abréviations .....	xii
INTRODUCTION .....	1
PREMIERE PARTIE : SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE .....	3
1. Généralités sur le maïs.....	4
2. Génétique du maïs .....	4
3. Les différents types de variétés de maïs .....	4
3.1. Les variétés populations .....	4
3.2. Les variétés lignées .....	5
3.3. Les variétés hybrides .....	5
3.4. Les variétés synthétiques .....	5
4. Méthodes d'amélioration et de fixation des variétés .....	6
4.1. La sélection généalogique .....	6
4.2. La Filiation unipare ou single seed descent (SSD). .....	6
4.3. Les back-cross .....	7
4.4. La sélection massale .....	7
4.5. La sélection récurrente.....	7
5. La variabilité génétique des caractères agro-morphologiques des espèces variétales .....	7
5.1. Hétérosis et dépression de consanguinité .....	8
5.1.1. Variation de l'hétérosis selon le système naturel de reproduction des espèces .....	8
5.1.2. Variation de l'hétérosis selon les caractères agro-morphologiques .....	8
5.1.3. Variation de l'hétérosis selon le milieu de culture .....	9
5.1.4. Variation de l'hétérosis selon la distance génétique entre les parents .....	9
5.2. Epistasie et Homéostasie .....	10
5.2.1. Epistasie .....	10
5.2.2. L'homéostasie .....	10
6. L'épigénétique.....	10
7. Méthodes d'évaluation de la variabilité et de la fixation génétique des plantes .....	11

7.1. Evaluation de la variabilité génétique .....	11
7.2. Evaluation de la fixation génétique .....	11
DEUXIEME PARTIE : EVALUATION DES DESCENDANTS DE CROISEMENT ENTRE VMHI x FBML10.....	13
I. Contexte et objectifs de l'étude .....	14
1.1. Contexte de l'étude .....	14
1.2. Objectifs de l'étude .....	14
1.3. Hypothèses à vérifier .....	15
1.4. Présentation du site d'expérimentation.....	15
II. Essai 1 : Evaluation de 8 familles au niveau agro-morphologique.....	18
2.1. Evaluation des paramètres d'identification de l'homogénéité et de l'hétérogénéité intra familles S1 du croisement FBML10 x VMHI .....	18
2.1.1. Matériel et méthodes .....	18
2.1.1.1. Matériel végétal .....	18
2.1.1.2. Méthodologie.....	18
2.1.1.2.1. Dispositif expérimental.....	18
2.1.1.2.2. Conduite de l'essai.....	18
2.1.1.2.3. Manipulation.....	19
2.1.1.2.4. Variables étudiées .....	20
2.1.1.2.5. Analyses réalisées .....	20
2.2. Evaluation des caractéristiques agro-morphologiques des sources de lignées candidates .....	20
2.2.1. Variables étudiées .....	20
2.2.2. Analyses réalisées .....	22
3. Résultat .....	24
3.1. Résultat du pronostic sur l'état d'homogénéité ou d'hétérogénéité des plantes à la montaison.....	24
3.2. Evaluation des caractéristiques agro-morphologiques des sources de lignées candidates .....	25
3.2.1. Etude descriptive des génotypes. ....	25
3.2.2. Analyse des variations intra familles .....	27
3.2.3. Analyse de la matrice de corrélation.....	32
3.2.4. Structuration de la diversité des familles avec l'ACP .....	34
3.2.5. Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) du matériel .....	35



3.2.6. Identification des familles homogènes et hétérogènes à l'aide des variables pertinentes retenues.....	37
2.3. Discussion.....	39
Conclusion partielle.....	40
TROISIEME PARTIE : EVALUATION DES DESCENDANTS DE CROISEMENT ENTRE VMHI x WARI.....	41
III. Essai 2 : Création des familles S2 dans les familles S1 sources de lignées candidates .....	42
3.1. Evaluation de la variabilité génétique des caractères agro-morphologiques intra famille S1 de 95 lignées de croisement Wari x VMHI .....	42
3.1.1. Matériel et méthode.....	42
3.1.1.1. Matériel végétal.....	42
3.1.1.2. Méthodologie.....	42
3.1.1.2.1. Dispositif expérimental.....	42
3.1.1.2.2. Conduite de l'essai.....	43
3.1.1.2.3. Variables étudiées.....	43
3.1.1.2.4. Analyses réalisées.....	45
3.1.2. Résultats et discussion.....	49
3.1.2.1. Résultats .....	49
3.1.2.1.1. Evaluation agro-morphologique et génétique de toutes les 95 lignées.....	49
3.1.2.1.1.1. Description générale du matériel végétal.....	49
3.1.2.1.1.2. Evaluation de la variabilité agro morphologique des 95 lignées .....	51
3.1.2.1.1.2.1. Evaluation des variables architecturales.....	51
3.1.2.1.1.2.2. Evaluation des composantes de rendement .....	51
3.1.2.1.1.3. Evaluation de la variabilité agro-morphologique et génétique des 95 lignées.....	52
3.1.2.1.1.3.1. Evaluation pour l'ensemble des caractères.....	52
3.1.2.1.1.3.2. Evaluation pour cinq (5) composantes de rendement.....	53
3.1.2.1.1.4. Classification des 95 lignées par l'ACP .....	53
3.1.2.1.1.5. Regroupement des 95 lignées en classes homogènes.....	54
3.1.2.1.2. Evaluation des lignées (homozygotes et hétérozygotes) issues des autofécondations réalisées .....	55

3.1.2.1.2.1. Evaluation des paramètres d'identification de l'homogénéité et de l'hétérogénéité intra famille .....	55
3.1.2.1.2.1.1. Les familles homozygotes .....	55
3.1.2.1.2.1.2. Les familles hétérozygotes .....	59
3.1.2.1.2.1.3. Etude comparative des deux familles (homozygotes et hétérozygotes).....	62
3.1.2.1.3. Evaluation de la variabilité génétique des lignées homogènes aux épis normaux .....	63
3.1.2.1.4. Evaluation du niveau de fixation des lignées .....	64
3.1.2.1.5. Classification des lignées.....	64
3.1.2.1.5.1. Résultat de l'analyse en composante principale (ACP) .....	64
3.1.2.1.5.2. Résultat de la classification ascendante hiérarchique (CAH) .....	66
3.1.2.2. Discussion.....	68
Conclusion partielle .....	70
CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES .....	71
Références bibliographiques .....	72
Annexes .....	I

## Liste des tableaux

Tableau I : Liste du matériel végétal de l'essai I .....	18
Tableau II: Résultat du pronostic .....	25
Tableau III: Moyennes, minima, maxima, coefficients de variation, écart-types des variables de l'ensemble du matériel végétal.....	26
Tableau IV: Répartition des variables par famille en fonction des coefficients de variation...	28
Tableau V: coefficients de variation (CV) des variables.....	29
Tableau VI: moyennes et écart types des variables par famille .....	31
Tableau VII : ½ plan de la matrice de corrélation de Pearson à 5 % .....	33
Tableau VIII : valeurs propres des composantes principales et les scores des variables (%) dans la contribution à la formation des quatre premiers axes .....	34
Tableau IX: Caractéristiques des 5 variables pertinentes (moyennes ± écarts types).....	36
Tableau X : Coefficients de variation des cinq variables pertinentes .....	38
Tableau XI: Description générale du matériel végétal .....	50
Tableau XII Evaluation des variables architecturales .....	51
Tableau XIII: Evaluation des composantes de rendement par rapport au témoin .....	52
Tableau XIV: Répartition des cinq composantes de rendement en fonction du nombre de lignées variant (ETgm supérieur à zéro (0)).....	53
Tableau XV : Moyennes et écarts-types des variables architecturales des lignées homogènes .....	57
Tableau XVI : Moyennes et écart-types des variables du rendement des lignées homogènes	58
Tableau XVII: Moyennes, écart-type des variables architecturales des hétérozygotes .....	59
Tableau XVIII: Moyennes et écart-types des variables de rendement des hétérozygotes .....	61
Tableau XIX: Moyennes et écart-types générales des deux types de matériels homozygotes (Ho) et hétérozygotes (Ht).....	63
Tableau XX: Proportions générales des lignées en fonction du coefficient de variation génétique (CVg) .....	64
Tableau XXI: Proportions générales des lignées en fonction du nombre de caractères variant .....	64
Tableau XXII : Contribution des variables, valeur propres et cumulatives des axes. ....	65

## Liste des figures

Figure 1: Evolution des moyennes des températures annuelles de 2007 à 2015 à la station expérimentale de Farako-Bâ .....	16
Figure 2: Evolution du cumul pluviométrique annuel de 2007 à 2015 à la station expérimentale de Farako-Bâ .....	16
Figure 3 : Précipitations, températures minimales et maximales d'octobre 2015 à mars 2016	17
Figure 4: Distribution des familles suivant les variables dans le plan $\frac{1}{2}$ de l'ACP .....	35
Figure 5: Dendrogramme de la classification des huit familles .....	37
Figure 6: répartition des lignées dans le plan demi de l'ACP .....	54
Figure 7: Regroupement des lignées par classe homogène .....	55
Figure 8: Répartition des variables et les lignées sur les différents axes de l'ACP .....	66
Figure 9 : Regroupement des lignées en classes homogènes .....	67

## **Sigles et abréviations**

**APG** : Angiosperms Phylogeny Group

**CAM** : Crassulescent Acid Metabolism

**CIMMYT**: Centro Internacional De Mejoramiento de Maiz Y Trigo (Centre International pour l'amélioration du maïs et du blé)

**CIRAD**: Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement

**CAH** : Classification Ascendante Hiérarchique

**CT**: Céréales Traditionnelles

**CVg** : Coefficient de Variation génétique

**DGPER**: Direction Générale de la Promotion de l'Economie Rurale

**DRREA/O** : Direction Régionale de Recherches Environnementales et Agricoles de l'Ouest.

**ETgm** : Ecart-Type génétique du matériel

**ERL**: Extraction Rapide de Lignée

**FAO**: Organisation des Nations unies pour l'alimentation et l'agriculture

**FAOSTAT**: Food Agriculture Organisation Statistics

**IDR**: Institut du Développement Rural

**IITA**: International Institute of Tropical Agriculture

**INERA**: Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles

**IRAT**: Institut des Recherches Agronomiques et des Cultures Vivrières

**MAHRH**: Ministère de l'Agriculture, de l'Hydraulique et des Ressources Halieutiques

**MSV**: Maize Streak Virus

**Jas**: jours après semis

**MASA**: Ministère de l'Agriculture et de la Sécurité Alimentaire

**SPAAA** : Suivi des Politiques Agricoles et Alimentaires en Afrique

**PPAAO** : Programme de Productivité Agricole en Afrique de l'Ouest

**SVRPG**: Sélection et Valorisation des Ressources Phylogénétiques

**S1** : 1ère génération d'autofécondation; **S2**: 2ème génération d'autofécondation

**UPB** : Université Polytechnique de Bobo-Dioulasso

**OMS** : Organisation Mondiale de la Santé

## INTRODUCTION

Le maïs (*Zea mays* L.) est une plante herbacée tropicale annuelle appartenant à la famille des *poacées*, à la Sous-famille des *Panicoideae* et à l'Ordre des *Cyperales* selon la Classification de Conquist (1981) mais il appartient à l'ordre des *Poales* selon la Classification APG III (Angiosperms Phylogeny Group) (2009). Première céréale produite au monde aussi bien sur le plan de la superficie que de la production de matière sèche (FAOSTAT, 2011) devant le riz et le blé, il est reconnu pour ses utilités diverses notamment en alimentation humaine, animale et aussi sur le plan agro-industriel. Selon OMS (2003), la production du maïs en Afrique Subsaharienne est largement destinée à la consommation humaine (85% de la production) et sa part de production régionale en Afrique de l'Ouest est estimée à 25% de toutes les céréales confondues (Blein et Goura, 2008).

Au Burkina Faso, de nombreuses politiques agricoles ont été initiées pour répondre aux problèmes alimentaires et de malnutrition que rencontrent les populations. Mais force est de reconnaître que ces politiques demeurent toujours insuffisantes et doivent être renforcées. Cependant, l'application du Programme d'Ajustement Structurel (PAS) en 1990 au niveau du secteur agricole, dénommé PASA (SPAAA/RPAAB 2013) a impacté négativement ce dernier. C'est ainsi que de nos jours la plupart des politiques agricoles visent essentiellement à garantir la sécurité alimentaire. Il est à noter que les plus grandes superficies consacrées à la culture du maïs se retrouvent dans la région Ouest du pays. La forte prévalence du maïs dans cette zone est surtout due aux conditions agro climatiques et du fait que la culture est utilisée pour la rotation coton-maïs. En effet la région des Hauts Bassins détient le record en termes de superficies emblavées (185281 ha) ; il est suivi de la Boucle du Mouhoun (111338 ha) (DPSAA/DGPER, 2012). Mais dans un monde de plus en plus soumis à une instabilité climatique se traduisant par un changement ou variation climatique et s'exprimant très souvent par des poches de sécheresse pendant la période hivernale, il s'avère important et nécessaire, de mettre à la disposition des producteurs de la filière agricole des semences améliorées et résistantes aux différents stress (biotiques et abiotiques). C'est ainsi qu'au plan national, de nombreuses études sont menées sur le maïs, deuxième céréale cultivée après le sorgho et devant le mil (DPSAA/DGPER, 2012) par le programme Céréale Traditionnel de l'INERA Farako-Bâ en vue d'améliorer sa productivité et de contribuer ainsi à résorber la précarité alimentaire au Burkina Faso. Mais la mise en place de ces semences améliorées se veut au préalable, une caractérisation succincte des matériels génétiques de base pour la création des variétés hybrides et/ou composites résistantes aux stress environnementaux. Dès

lors, des variétés résistantes non seulement à la sécheresse, mais aussi à certaines maladies courantes du maïs comme la striure (MSV), l'helminthosporiose, la curvulariose ont été créées et mises à la disposition des producteurs dans le cadre de la vulgarisation agricole au Burkina Faso (SANOU 2003). Il s'agit entre autres des variétés Espoir, Wari, SR21, Bondofa, FBC6, Barka. Ainsi, doit-on poursuivre cette sélection afin d'augmenter l'offre variétale mais aussi de renforcer les performances de celles déjà existantes dans le but de mieux s'adapter et de résister aux aléas climatiques afin d'aboutir à une intensification de la production agricole d'où le thème de notre étude : « *Amélioration variétale du maïs au Burkina Faso : Evaluation de la variabilité génétique des caractères agro-morphologiques des descendants de croisement entre un hybride simple de maïs sucré (VMHI) avec une lignée fixée (FBML10) et une variété composite résistante à la sécheresse (Wari)* ».

Pour mener à bout ce sujet, une première partie a été consacrée à la synthèse bibliographique sur le maïs où nous présenterons le maïs, les différentes variétés en amélioration des plantes, et quelques notions sur la variabilité génétique des plantes. Une deuxième partie s'est intéressée à l'étude de l'évaluation des descendants de croisement entre VMHI et FBML10 et une troisième partie sur l'évaluation des descendants de croisement entre VMHI et Wari et enfin une conclusion générale et des perspectives.

# **PREMIERE PARTIE : SYNTHESE**

## **BIBLIOGRAPHIQUE**





## **1. Généralités sur le maïs**

D'origine mal connue car objet de nombreuses discussions, le maïs est une plante herbacée annuelle monoïque dicline de taille variable. Moins haut chez les variétés lignées, dû à la dépression de consanguinité, il peut atteindre quatre mètres chez les hybrides (grâce à l'hétérosis) couramment cultivés. Physiologiquement, son développement se traduit par une phase végétative et une reproductive dont le passage du stade juvénile vers le stade adulte est marqué par la transition florale, correspondant à la transformation du méristème végétatif en un méristème reproducteur (Hay et Walker, 1989).

Botaniquement le maïs appartient à la famille des graminées qui est divisée en deux sous-familles dont les panicoidées et les poacoïdées (FAO 1987).

## **2. Génétique du maïs**

Chez le maïs, le nombre de chromosomes diploïdes typiques est de  $2n = 20$ . On peut rencontrer des variations pour certaines variétés avec des plantes de 21 à 28 chromosomes comme l'a souligné Carlson (1977). Selon LE CONTE (1950) quatre-vingt-six (86) gènes du maïs ont pu être situés exactement sur les chromosomes tandis que 108 ont été repérés.

Les 10 chromosomes de la garniture normale ont reçu un numéro d'ordre dans le sens des longueurs décroissantes. Le chromosome n° 9 a la particularité d'offrir un bouton chromosomique terminal à l'extrémité du bras long. La longueur du chromosome peut être souvent le reflet de dysfonctionnement mitotique (Sarr 1975).

## **3. Les différents types de variétés de maïs**

En amélioration des plantes, une variété est le résultat de la sélection dite « créatrice », c'est à dire de la mise en œuvre de méthodes et d'outils de sélection à partir d'un matériel de départ. Du point de vue génétique, elle peut être définie comme une population artificielle à base génétique plus ou moins étroite, voire réduite à un génotype, de caractéristiques agronomiques bien définies, et reproductible. Ainsi, on distingue quatre types de variétés en amélioration des plantes (Gallais 2011)

### **3.1. Les variétés populations**

Ce sont des variétés formées par la multiplication en masse, avec ou sans sélection, d'une population naturelle (écotype) ou artificielle. Elles sont donc formées chacune par un grand nombre de génotypes différents (on dit que leur base génétique est large), et ne permettent évidemment pas les performances maximales (Gallais 2011).

### **3.2. Les variétés lignées**

Les lignées pures correspondent à un ensemble d'individus formés en théorie d'un seul génotype homozygote à tous les loci; par reproduction intra variétale, elles donnent des descendants tous homozygotes, identiques entre eux et identiques à la génération précédente. En pratique il peut cependant y avoir un certain résidu d'hétérozygotie. L'avantage des variétés lignées est de permettre d'avoir des variétés très homogènes, avec des performances maximales dans un milieu donné. De plus, elles sont en théorie reproductibles par l'utilisateur (Gallais 2011).

### **3.3. Les variétés hybrides**

On distingue des hybrides contrôlés qui sont des variétés hybrides, au sens classique du terme, résultant du croisement contrôlé de deux constituants (parents) qui peuvent être de nature variée telle que des clones comme chez l'asperge, des lignées comme chez le maïs où des familles plus ou moins complexes, voire des populations, comme chez la betterave. Elles sont réalisées dans le but d'utiliser la variabilité génétique du phénomène d'hétérosis. La base génétique la plus étroite possible est représentée par le croisement de deux lignées homozygotes, puisqu'elle correspond à la production d'un seul génotype. Dans ce cas on parle le plus souvent d'hybride simple (HS) ou hybride F1. Le croisement d'un hybride avec une lignée donne un hybride trois-voies (HTV) et il y a les variétés composites hybrides- lignées ou hybrides-hybrides qui ont plus de deux caractères différents. Par rapport aux variétés lignées ou aux variétés synthétiques, du point de vue des performances des variétés, les hybrides possèdent des avantages génétiques et agronomiques qui pourraient se justifier en ces termes :

- la possibilité de sélectionner des variétés performantes même si la dépression de consanguinité est forte ;
- l'utilisation des différents mécanismes de l'hétérosis et la rapidité de réunion dans un même génotype de gènes dominants favorables ;
- l'homéostasie des variétés ;
- l'homogénéité et la reproductibilité des variétés (Gallais 2011).

### **3.4. Les variétés synthétiques**

Une variété synthétique est une population artificielle résultant de la multiplication sexuée, pendant un nombre déterminé de générations, de la tendance en fécondation libre, d'un nombre limité de constituants (clones, lignées...) sélectionnés pour leur valeur propre et ou leur valeur en combinaison. C'est donc toujours la même génération qui est commercialisée.

La multiplication se fait sans sélection artificielle. Les constituants ou fondateurs d'une variété synthétique peuvent être de nature assez variée, il peut s'agir d'individus de clones (lorsque la multiplication végétative est possible) ; de famille plus ou moins consanguines, voire des lignées, ou des hybrides ; ou de populations (on parle aussi dans ce cas de variétés composites).

Il faut aussi noter que dans le cas des plantes où la multiplication végétative est possible, on développe des variétés clones (Gallais 2011).

#### **4. Méthodes d'amélioration et de fixation des variétés**

Chez les espèces allogames, l'hétérozygotie est la règle en raison du brassage allélique favorisé à chaque génération de croisements. Ces espèces sont mal adaptées aux régimes consanguins, la sélection naturelle ne pouvant éliminer les gènes récessifs défavorables qu'à l'état homozygote. Une bonne variété doit donc optimiser l'hétérosis mais être également facilement reproductible à l'identique : c'est le rôle des variétés hybrides (Gallais 2011).

##### **4.1. La sélection généalogique**

Elle consiste, à partir d'un croisement dirigé initial, à observer et sélectionner les individus des générations successives obtenues par autofécondation, jusqu'à la fixation complète en lignée. La sélection généalogique est la méthode la plus largement utilisée pour le développement des lignées. Elle consiste essentiellement à autoféconder, pendant plusieurs générations, des plantes individuelles dans des descendances semées en épi-ligne. Quelquefois, on croise entre elles plusieurs plantes à l'intérieur d'une même famille pour éviter une baisse trop rapide de vigueur et pour augmenter la variabilité. Ces croisements frères-sœurs permettent la recombinaison et la ségrégation des loci qui présentent plus d'un allèle dans la descendance. Ce procédé augmente les possibilités de sélectionner les caractères recherchés (Strinfield 1974). Le nombre de générations d'autofécondations (et de croisement frères-sœurs) nécessaires à la création d'une lignée variée et se situe entre quatre et dix. La méthodologie et le succès d'un programme de développement des lignées dépendent de l'habileté du sélectionneur, des ressources disponibles, du testage et de l'évaluation des lignées (Hallauer *et al*, 1988).

##### **4.2. La Filiation unipare ou single seed descent (SSD).**

On réalise 8 à 10 générations d'autofécondations à partir d'un seul individu pris au hasard dans chaque descendance. Cette méthode peut être utilisée comme méthode de sélection ou comme méthode de production de lignées recombinantes à partir de deux parents pour différentes

études génétiques. Avec cette méthode, à la durée importante de fixation des lignées, s'ajoute un inconvénient majeur: il subsiste un certain pourcentage d'hétérozygotie résiduelle. De plus le mode de production de lignées SSD peut être la source de biais de sélections involontaires.

#### **4.3. Les back-cross**

Ce mode de sélection est particulièrement adapté à l'introduction d'un caractère simple dans une variété d'espèce autogame ou dans une lignée. Il consiste à croiser la variété à améliorer avec un individu présentant le caractère intéressant, puis à rétro croiser pendant plusieurs générations les descendants possédant ce caractère avec cette variété. À chaque génération, le taux d'homozygotie augmente et le génotype se rapproche progressivement de celui de la variété d'origine, excepté pour le caractère introduit.

#### **4.4. La sélection massale**

C'est la sélection empirique pratiquée depuis des milliers d'années. Les individus qui participeront à la génération suivante sont choisis phénotypiquement. On réalise facilement que l'efficacité de cette sélection massale est liée à la corrélation entre phénotype et génotype et donc à l'héritabilité des caractères. Si la variance phénotypique est très supérieure à la variance génotypique, le choix sera sans effet sur le gain génétique à la génération suivante. Ce type de sélection est très proche de la sélection naturelle. Il est cependant totalement inefficace si les caractères sélectionnés sont négativement corrélés. C'est donc une méthode simple mais sommaire, d'autant plus efficace qu'elle s'adresse à des critères en nombre limité, en corrélation positive et à forte héritabilité (Gardner 1961).

#### **4.5. La sélection récurrente**

La sélection récurrente est un perfectionnement des méthodes classiques de sélection caractérisée par la succession de cycles comprenant une phase de brassage, favorisant les recombinaisons, et une phase de fixation et sélection. Elle présente l'avantage d'améliorer progressivement des populations, en favorisant la mise en place d'arrangements alléliques complexes et plus performants, et ainsi d'exploiter au mieux la variabilité génétique disponible. Il est à noter aussi que l'amélioration en parallèle de sous-populations les unes par rapport aux autres permet d'aboutir à la sélection de variétés hybrides.

### **5. La variabilité génétique des caractères agro-morphologiques des espèces variétales**

La variabilité génétique des caractères désigne la dynamique de modification des caractères génétiques d'une espèce. Cela est tributaire de l'espèce variétale à travers son mode de

reproduction (hétérosis et dépression de consanguinité) (Gallais 2009), ou à travers l'environnement physique ou biologique dans lequel l'espèce est en contact.

### **5.1. Hétérosis et dépression de consanguinité**

La consanguinité ou inbreeding en anglais est un régime de reproduction où les unions se font entre individus apparentés. Un individu est dit consanguin si ses deux parents sont apparentés, c'est-à-dire s'ils ont un ou plusieurs ancêtres en commun. La conséquence de la reproduction en consanguinité est souvent une diminution de vigueur plus ou moins marquée par rapport aux individus non consanguins. C'est ce que l'on appelle la dépression de consanguinité ou encore la dépression consanguine ou même l'effet d'inbreeding. Chez les espèces diploïdes, le croisement d'individus consanguins avec d'autres individus consanguins non apparentés restaure la vigueur dans la descendance : on observe de l'hétérosis parent-moyen c'est-à-dire où la moyenne des croisements est supérieure à la moyenne des parents. Inversement, si un croisement entre deux lignées non apparentées donne un hybride hétérotique (manifestant de l'hétérosis), l'autofécondation de cet hybride s'accompagnera d'une baisse de vigueur. Si l'hétérosis est fort, la dépression de consanguinité est forte également. Dépression de consanguinité et hétérosis apparaissent donc, à ce niveau, comme les deux expressions d'un même phénomène.

#### **5.1.1. Variation de l'hétérosis selon le système naturel de reproduction des espèces**

L'hétérosis et son corollaire, la dépression de consanguinité, sont des phénomènes très répandus. Ils sont observés chez pratiquement toutes les espèces de plantes et d'animaux où ils ont été étudiés. Comme exemple, chez le maïs pour le rendement en grains, chez la luzerne pour le rendement en fourrage, chez le porc pour la production de viande, chez le ver à soie pour la production de soie. Toutefois, l'hétérosis pour ces caractères de production est d'importance inégale, selon les espèces, en fonction de leur système de reproduction. Chez les plantes allogames il est très important. Ainsi, le rendement des hybrides de maïs excède celui des lignées parentales couramment de plus de 150% et jusqu'à 300 % ce qui représente une dépression de consanguinité maximale de 60 à 75 % (Hallauer et Miranda, 1981 ; Leity, 1986).

#### **5.1.2. Variation de l'hétérosis selon les caractères agro-morphologiques**

L'hétérosis et la dépression de consanguinité affectent un grand nombre de caractères quantitatifs. Chez le maïs, par rapport aux lignées, les plantes des hybrides sont plus hautes, avec des feuilles plus longues et plus larges, des épis plus longs, des grains plus nombreux et

souvent plus gros, il en résulte des rendements supérieurs en biomasse et en grain. Ainsi, chez le maïs, le rendement en grain est toujours plus affecté par l'hétérosis et la consanguinité que la hauteur des plantes, elle-même plus affectée que la largeur des feuilles. De même, le nombre de grains est bien plus affecté que le poids de mille grains. Le poids d'un grain est peu hétérotique, voire avec une hétérosis négative, puisque les lignées étant peu fertiles, elles tendent à donner des grains plus gros. Le nombre de feuilles et le nombre de rangs par épi sont aussi des caractères peu affectés par la consanguinité (Coque et Gallais, 2008).

De façon générale, l'hétérosis est plus importante pour des caractères complexes (rendement en grains ou en biomasse) que pour des caractères à déterminisme génétique plus simple, tels que la longueur ou la largeur des feuilles et elle paraît plus marquée pour les caractères les plus fortement liés à la valeur sélective comme la fertilité et le nombre de grains.

### **5.1.3. Variation de l'hétérosis selon le milieu de culture**

L'hétérosis est plus élevée en conditions défavorables. D'une façon assez générale, l'hétérosis apparaît plus importante en milieu limitant ou défavorable à la croissance. Ainsi, Zaidi et *al.* (2007) indiquent qu'en situation d'humidité excessive, les hybrides de maïs sont mieux adaptés car plus tolérants à l'asphyxie racinaire. De même, Weltker et *al.* (2005) observent pour des croisements entre populations tropicales une hétérosis moyenne plus forte en sols acides (défavorables) qu'en sols non acides. Toujours chez le maïs, Uzarawska et *al.* (2007) montrent une hétérosis pour la hauteur qui est plus forte au champ (milieu défavorable) qu'en serre (milieu favorable). En effet, les lignées sont de hauteur plus faible au champ qu'en serre car elles souffrent des conditions défavorables du champ alors que les hybrides montrent de plus faibles différences de hauteur entre les deux milieux.

### **5.1.4. Variation de l'hétérosis selon la distance génétique entre les parents**

Dans une population panmictique, de grande taille, la moyenne de tous les croisements entre plantes prises au hasard (non apparentées) est égale à la moyenne de la population. En revanche, avec des croisements entre plantes apparentées, il apparaît une perte de vigueur par rapport à cette moyenne qui représente la dépression de consanguinité. Cette perte de vigueur est d'autant plus forte que les parents des croisements sont plus apparentés : il existe une relation entre la valeur des croisements et la distance génétique entre parents, mesurée par leur apparentement. Nous verrons que c'est ce que traduit la perte de vigueur moyenne au cours des générations d'autofécondation.

## **5.2. Epistasie et Homéostasie**

### **5.2.1. Epistasie**

En génétique l'épistasie désigne l'interaction qui a lieu entre deux gènes (ou plus) pour contrôler un caractère ou un phénotype. On distingue l'épistasie dominante dans laquelle un gène dominant va prendre le pas sur un autre (le caractère qu'il code s'exprimera obligatoirement d'une génération à l'autre) et l'épistasie récessive dans laquelle c'est un gène récessif qui codera le caractère (avec la possibilité qu'il ne s'exprime pas d'une génération à l'autre) (Horde 2015).

### **5.2.2. L'homéostasie**

Par définition, "Homéostasie" signifie équilibre entre milieu intérieur et milieu extérieur. Elle est la capacité d'autorégulation d'un système biologique lorsque varient les conditions du milieu : il y a donc stabilité du milieu intérieur. Elle consiste au maintien de la constance des paramètres physiologiques en dépit des variations extérieures. L'homéostasie des hybrides est une facette importante de l'hétérosis. Par rapport aux lignées, les variétés hybrides possèdent en général une plus grande stabilité de performances vis-à-vis des milieux, et présentent une supériorité relative encore plus nette lorsque les conditions sont défavorables (Gallais 2009). Il est remarquable que cette homéostasie des hybrides s'observe aussi bien chez les plantes allogames que chez les plantes autogames

## **6. L'épigénétique**

Le mot "épigénétique" apparaît en 1942 et on le doit au généticien anglais Conrad Waddington, qui s'attache à comprendre le rôle des gènes dans le développement des espèces c'est-à-dire la façon dont s'opère le passage du génotype (l'ensemble des gènes) au phénotype (l'ensemble des caractères d'un individu). L'épigénétique est d'abord cette idée que tout n'est pas inscrit dans la séquence d'ADN du génome. C'est un concept qui dément en partie la "fatalité" des gènes, relevée par Michel MORANGE professeur de biologie à l'Ecole Normale Supérieure (ENS) à Paris. Plus précisément, "l'épigénétique" est l'étude des changements d'activité des gènes, donc des changements de caractères qui sont transmis au fil des divisions cellulaires ou des générations sans faire appel à des mutations de l'ADN, explique Vincent Colot, spécialiste de l'épigénétique des végétaux à l'Institut de biologie de l'Ecole Normale Supérieure (ENS-CNRS-Inserm, Paris). Elle jette le soupçon sur l'environnement qui pourrait moduler l'activité de certains de nos gènes pour modifier nos caractères. L'épi génome pourrait donc permettre aux individus d'explorer rapidement une adaptation à une

modification de l'environnement, sans pour autant graver ce changement adaptatif dans le génome.

## 7. Méthodes d'évaluation de la variabilité et de la fixation génétique des plantes

### 7.1. Evaluation de la variabilité génétique

Falconer (1974) établit que la variance phénotypique ( $V_p$ ) est égale à la somme de la variance génétique ( $V_g$ ) et celle de l'environnement ( $V_e$ ) ( $V_p = V_g + V_e$ ). Partant donc de là, la variance génétique ( $V_g$ ) est déduite de celle de la variance phénotypique ( $V_p$ ) du témoin considérée comme celle de l'environnement ( $V_e$ ). Pour cela, la variance de l'environnement est assimilée à la variance phénotypique ( $V_p$ ) du témoin considéré puisqu'il est génétiquement fixé et par conséquent sa variation génétique est nulle. Ce qui donne la formule suivante:  $V_g = V_p - V_e$ .

L'écart-type étant la racine carrée de la variance, l'écart-type génétique du matériel (ET<sub>gm</sub>) est l'amplitude de la variance génétique. Il s'exprime dans la même unité que la moyenne phénotypique. On obtient ainsi l'écart-type génétique (ET<sub>gm</sub>) par la différence de l'écart-type phénotypique (ET<sub>pm</sub>) et celui de l'environnement (ET<sub>em</sub>) avec  $m$  qui représente la moyenne de l'échantillon considéré d'où la formule :  $ET_{gm} = ET_{pm} - ET_{em}$ .

### 7.2. Evaluation de la fixation génétique

Une lignée fixée au sens strict par définition est une lignée qui est homogène et ne variant plus pour l'ensemble de ses caractères agro-morphologiques donnés. Autrement dit, une lignée qui est stable. Mais LE Conte (1950) note qu'une lignée stable n'est pas parfaitement homozygote pour tous les caractères mais pour leur grande majorité. Le coefficient de fixation génétique (CV<sub>g</sub>) indique le niveau de fixation d'une lignée pour des caractères donnés. Il s'obtient par la relation suivante :  $CV_g + CF_g = 1$  ce qui implique que  $CF_g = 1 - CV_g$ .

Le coefficient de variation génétique décrit la variabilité intra d'un caractère donné dans un cultivar (variété, lignée, hybride, population, etc.) dont on observe le phénotype. Il s'obtient en considérant la moyenne phénotypique du caractère ( $m_p$ ) et l'écart-type génétique (ET<sub>gm</sub>) de ce caractère. Sa formule s'écrit :  $CV_g = ET_{gm}/m_p$ . La valeur de CV<sub>g</sub> varie entre 0 et 1. CV<sub>g</sub> = 1 correspond à un matériel végétal totalement hétérogène pour le caractère phénotypique observé et dont l'ET<sub>gm</sub> entre ses individus est très élevé. CV<sub>g</sub> = 0 correspond à une variété totalement homogène génétiquement pour le caractère phénotypique observé. Le coefficient de fixation génétique (CF<sub>g</sub>) donnant :  $CF_g = 1 - CV_g = 1 - (ET_{gm}/m_p)$ , il varie entre 0 et 1. CF<sub>g</sub> = 0 correspond à une totale ségrégation pour le caractère phénotypique



observé et  $CF_g = 1$  explique une variété totalement fixée génétiquement pour le caractère phénotypique observé (Falconer et Mackay 1996).

**DEUXIEME PARTIE : EVALUATION DES  
DESCENDANTS DE CROISEMENT ENTRE  
VMHI x FBML10**



## I. Contexte et objectifs de l'étude

### 1.1. Contexte de l'étude

Le thème « *Amélioration variétale du maïs au Burkina Faso : Evaluation de la variabilité génétique de caractères agro-morphologiques des descendants de croisement entre VMHI x FBML10 et VMHI x Wari* » est une chaîne d'un processus de sélection généalogique d'extraction rapide de lignées performantes pouvant servir à la création d'hybrides simples plus performants afin de faire face aux différents stress biotiques et abiotiques que rencontre la culture du maïs au Burkina Faso. A la DRREA-Ouest, le laboratoire de génétique et d'amélioration variétale du maïs a entrepris d'extraire des lignées de la variété Wari à l'aide de VMHI (Variété de Maïs Hybride Indien) et séparer aussi les matériels génétiques de VMHI à l'aide de la lignée FBML10 (Farako-Bâ Maïs Lignée n°10). Cela se tient dans un contexte mondial de plus en plus marqué par des variabilités et des changements climatiques entraînant de poches de sécheresse plus ou moins sévères et aussi de stress biotiques freinant ainsi le développement de la culture du maïs. Pour cela, la prise en compte de ces facteurs dans le processus de création des lignées représente un aspect très important et incontournable pour faire face à cette situation. C'est ainsi que Coulibali et Sanou en 2014 ont réalisé la première génération d'autofécondation (ou S1 qui correspond à F2 en Français) après l'obtention de la F1 en saison sèche 2013. Le présent travail s'intéresse à l'évaluation de variabilité génétique des caractères agro-morphologiques des lignées S1 issues de ces croisements.

### 1.2. Objectifs de l'étude

Cette étude avait pour objectif général global de contribuer à la création et à l'évaluation de variétés en vue de la diversification de l'offre variétale de maïs au Burkina Faso, et de faire face à l'insécurité alimentaire. L'atteinte de cet objectif général passe par les objectifs spécifiques suivants :

- évaluer les paramètres d'identification de l'homogénéité et de l'hétérogénéité intra familles S1 du croisement entre VMHI x FBML10 ;
- caractériser les familles S1 de ce croisement afin de connaître les caractéristiques agro-morphologiques des sources de lignées candidates ;
- créer les familles S2 d'autofécondation du croisement Wari x VMHI ;
- identifier les caractères agro-morphologiques marqueurs génotypiques des familles S1 ;
- identifier les lignées candidates aux épis homogènes de graines normales ;
- évaluer la variabilité génétique intra familles des caractères agro-morphologiques des lignées candidates aux épis homogènes de graines normales du croisement VMHI x Wari.

### **1.3. Hypothèses à vérifier**

Les hypothèses suivantes ont été formulées :

- ✓ Les plantes hétérozygotes peuvent être identifiées en se basant sur la vigueur hybride de l'hétérosis.
- ✓ Les plantes homozygotes peuvent être identifiées sur la base de la dépression de consanguinité.
- ✓ La hauteur des plantes (HP) est un caractère marqueur génotypique des plantes.
- ✓ La variabilité génétique au sein des lignées est identique car elles proviennent des mêmes parents.
- ✓ Il y a au moins une lignée qui présente une variabilité différente par rapport aux autres lignées.

### **1.4. Présentation du site d'expérimentation**

Les travaux ont été menés à la station de recherche de Farako-Bâ située à une dizaine de kilomètres de Bobo-Dioulasso sur l'axe Bobo-Dioulasso - Banfora. D'altitude 405 m au-dessus du niveau de la mer, elle s'étend sur 375 hectares et ses coordonnées géographiques sont les suivantes : 11°06' latitude Nord et 04°20' longitude Ouest. La station de Farako-Bâ présente un climat de type soudano-guinéen selon GUINKO (1984), avec une longue saison sèche de Novembre à Mai et une saison humide moyenne de Mai à Octobre. La station météorologique de Farako-Bâ a enregistré pour la saison agricole humide 2015 une pluviométrie de 1043,8 mm. La variation annuelle de la température est faible avec cependant des températures de l'air relativement élevées en saison sèche. En saison pluvieuse, l'amplitude diurne des températures est également faible. L'évapotranspiration varie suivant l'ensoleillement et les mouvements de l'air. Elle a des sols faiblement ferrallitiques de couleur brun clair dans les horizons superficiels, brune dans les horizons médians, jaune rougeâtre en profondeur. Les sols possèdent une texture sablo-limoneuse en surface et argilo-sableuse en profondeur avec un pH acide variant de 5 à 5,5 MORANT (1984).

La figure 1 représente les moyennes des variations annuelles des températures au cours de ces dix dernières années tandis que la figure II décrit la pluviométrie annuelle (de 2007 à 2016)

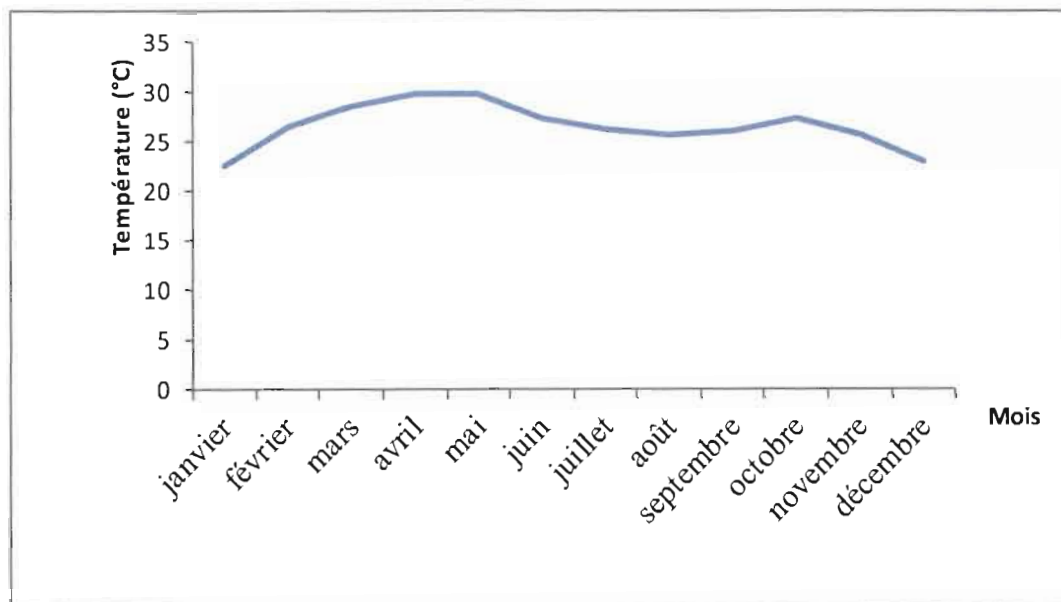


Figure 1: Evolution des moyennes des températures annuelles de 2007 à 2015 à la station expérimentale de Farako-Bâ

Source : Station météorologique de la DRREA-O/ Farako-Bâ

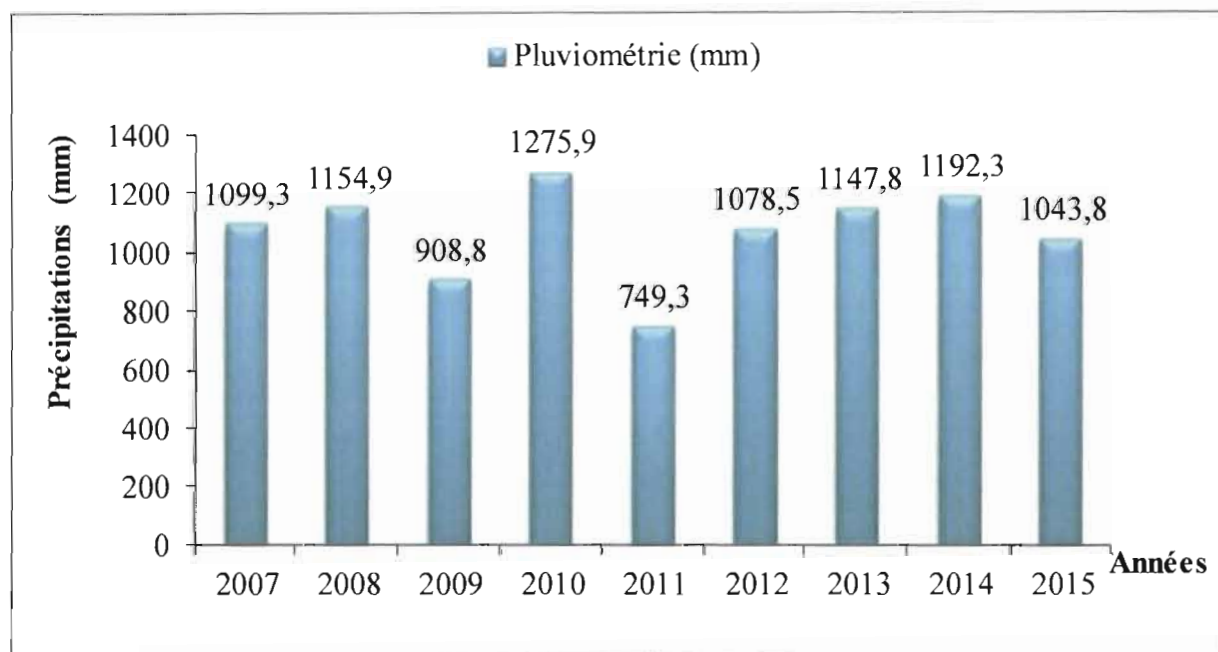


Figure 2: Evolution du cumul pluviométrique annuel de 2007 à 2015 à la station expérimentale de Farako-Bâ

Source : Station météorologique de la DRREA-O/ Farako-Bâ

L'essai (1) a été implanté le 14 octobre 2015. Les températures minimales ont varié entre de 13,2 °C et 27,99 °C avec une moyenne de 15,24 °C et les températures maximales de 32 °C à 36 °C avec une moyenne 33,99 °C. Cette période froide de la saison sèche a connu une

humidité de l'air sèche impliquant une évapotranspiration importante et une demande en eau élevée des plantes. Il n'a été enregistré que seulement 84,3 mm en octobre et 13 mm en novembre comme précipitations. La figure 3 résume les données climatiques au cours de l'expérimentation.

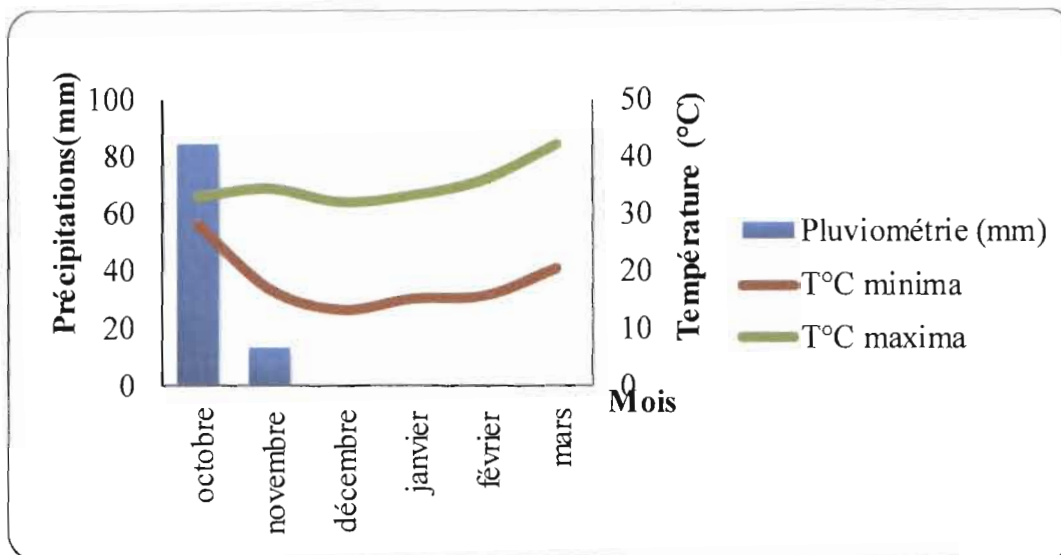


Figure 3 : Précipitations, températures minimales et maximales d'octobre 2015 à mars 2016

**Source** : Station météorologique de la DRREA-O/ Farako-Bâ

Ce premier grand point concernera l'évaluation des paramètres d'identification de l'homogénéité et d'hétérogénéité intra familles S1 du croisement VMHI x FBML10 où nous établirons d'abord un tableau résumant le résultat du pronostic. Ensuite nous ferons une description générale des paramètres du matériel d'étude, une évaluation phénotypique et intra famille de chaque lignée, une étude de corrélation entre les variables, l'analyse en composantes principales pour déterminer les variables principales à l'issue de laquelle des intervalles de confiance (amplitudes) seront établis pour retenir les variables pertinentes. Cela nous permettra de déterminer les familles homogènes entre elles et nous terminerons cette partie par une discussion et une conclusion partielle avant d'aborder le deuxième grand point.

## II. Essai 1 : Evaluation de 8 familles au niveau agro-morphologique

### 2.1. Evaluation des paramètres d'identification de l'homogénéité et de l'hétérogénéité intra familles S1 du croisement FBML10 x VMHI

#### 2.1.1. Matériel et méthodes

##### 2.1.1.1. Matériel végétal

Il est constitué de 8 familles S1 et chaque famille S1 est représentée par 1 S1 issue de l'autofécondation du croisement FBML10 x VMHI. Un total de 8 S1 compose le matériel d'évaluation. Le tableau suivant regroupe le matériel d'étude.

Tableau I : Liste du matériel végétal de l'essai 1

Familles	Codification du matériel
1	ERL8-24-3
2	ERL8-23-2
3	ERL8-22-1
4	ERL8-20-10
5	ERL8-18-16
6	ERL8-21-1
7	ERL8-19-1
8	ERL8-17-6

##### 2.1.1.2. Méthodologie

###### 2.1.1.2.1. Dispositif expérimental

Le dispositif utilisé était un bloc de 8 parcelles sans randomisation dont chacune d'elles représente une famille (génotype). Il est implanté avec une irrigation d'appoint goutte à goutte. La parcelle élémentaire équivaut à la parcelle utile et comporte 5 lignes. Chaque ligne mesure 5 m et porte 26 plantes. Chaque parcelle compte au total 130 plantes.

###### 2.1.1.2.2. Conduite de l'essai

- Le semis a été effectué à 1 grain/poquet aux écartements de 0,8 m x 0,2 m soit une densité de 62500 plantes/ha. Les dimensions de l'essai étaient de 23 m de longueur sur 7,2 m de largeur soit une superficie nécessaire de 165,6 m<sup>2</sup>.
- La fertilisation comprenait 200 kg/ha de NPK (14-23-14) appliquée au 14<sup>e</sup> jour après semis et 150 kg/ha d'urée en deux fractions appliquées au 28<sup>e</sup> jour (100 kg/ha) et au 45<sup>e</sup> (50 kg/ha). Un sarclage manuel et un épandage de fumure organique (5 tonnes/ha) ont contribué à

- l'ameublissement du sol avant le semis. Un buttage a été fait au 45<sup>e</sup> jour à l'application de la deuxième fraction d'urée. Les dates des opérations culturales sont présentées dans l'annexe I
- Les mesures étaient faites après la floraison sur toutes les plantes. Un pronostic a été fait sur toutes les plantes à la montaison. Les unes étaient marquées à la montaison Ht pour désigner les plantes hétérozygotes pour leur vigueur et les autres Ho qui précise les plantes homozygotes pour leur faible vigueur. L'état réel de la plante est révélé à la récolte grâce à l'épi. Cet état confirme ou infirme le pronostic fait à la montaison.
  - L'irrigation était faite chaque jour pendant au moins deux heures de temps dans la matinée au moyen du goutte à goutte (annexe III). Les goutteurs avaient pour écartement 0,40 m sur la ligne et 1m entre les lignes.

### **2.1.1.2.3. Manipulation**

Une autofécondation est réalisée sur toutes les plantes marquées et mesurées. A la récolte, les épis de chaque famille sont évalués séparément et codés selon leur généalogie. La présence ou l'absence de graines sucrées est notée. La procédure est la suivante :

- Les épis sont recouverts d'enveloppes petit-format, au moment de leur initiation avant l'apparition des soies ;
- un sachet grand format est placé sur la panicule émettant du pollen pour récolter le pollen très tôt le matin ;
- le pollen est récupéré deux à trois heures après, en secouant pendant quelques secondes le sachet recouvrant la panicule ;
- ce pollen est saupoudré sur les soies bien apparentes des épis. On prend soin de les coiffer avec une paire ciseaux afin d'homogénéiser leur taille et de faciliter l'adhérence des grains de pollen grâce à la libération d'eau y consécutive. Cette opération doit se faire aussi rapidement que possible afin de limiter les risques de pollution par du pollen d'autres plantes ;
- on place les deux enveloppes uniquement cette fois-ci sur les épis ainsi autofécondés ;
- on marque enfin la grande enveloppe à l'extérieur du symbole de l'autofécondation, le code de l'essai, le code du matériel végétal et le numéro de la plante en utilisant un marqueur indélébile pour éviter que cela ne soit effacé en cas de pluie ;
- l'essai a duré pendant quatre mois du semis à la récolte



#### 2.1.1.2.4. Variables étudiées

- **Ho** : signifie homozygote et désigne le pronostic fait sur la plante dès la phase de montaison et qui sera confirmé ou infirmé à la récolte. Cette marque est affectée aux plantes de petite taille en se basant sur la dépression de consanguinité.
- **Ht** : signifie hétérozygote et désigne également le pronostic fait sur la plante dès la phase de montaison et qui sera aussi confirmé ou infirmé à la récolte. Cette marque est affectée sur les plantes exubérantes et de grande taille en se basant sur l'hétérosis.
- **Pronostic** : c'est la prévision faite sur l'état d'homozygotie ou d'hétérozygotie des plantes à la phase de montaison en portant des étiquettes (Ht ou Ho) sur chaque plante jusqu'à la récolte.

#### 2.1.1.2.5. Analyses réalisées

Les données brutes collectées ont été saisies et filtrées dans le tableur Excel 2007. Des calculs statistiques simples des proportions des pronostics faits ont été également réalisés et ont permis de déduire le taux de succès et celui des échecs pour chacune des 8 familles.

### 2.2. Evaluation des caractéristiques agro-morphologiques des sources de lignées candidates

#### 2.2.1. Variables étudiées

**Densité à la levée (DL)** : elle s'obtient par comptage du nombre de plantes ayant poussé. Elle donne potentiellement une idée sur le nombre effectif de plantes sur lesquelles seront basées les observations. Elle est faite une semaine après semis.

**Hauteur des plantes (HP)** : c'est la mesure en centimètres de la hauteur des plantes, du sol jusqu'à la base de la panicule. Cette mesure est faite sur toutes les plantes à l'aide de la règle de longueur 1 m. Cette mesure se fait après l'arrêt de croissance des plantes (la floraison) alors qu'elles restent encore turgescentes.

**Hauteur d'insertion de l'épi (HIE)** : elle correspond à la mesure en centimètre de la hauteur d'insertion de l'épi depuis la base de la plante jusqu'au nœud d'insertion de l'épi principal. Elle est également évaluée avec la règle d'enseignant (de longueur 1 m).

**Nombre total de feuilles (NTF)** : c'est le comptage du nombre de feuilles des plantes en tenant compte des feuilles situées à la base (souvent tombées). Ce comptage est couplé aussi à la hauteur des plantes car elles n'émettent plus de nouvelles feuilles après la floraison.

**Nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE)**: c'est le comptage du nombre de feuilles insérées au-dessus de l'épi. Il est réalisé en même temps que le nombre total des feuilles.

**Longueur de la feuille (LngF):** elle est la mesure (en cm) à partir de la base de la feuille au-dessus de l'épi principal jusqu'à la partie terminale de la même feuille à l'aide d'une règle.

**Largeur de la feuille (LrgF) :** c'est la mesure (en cm) de la partie la plus large de la feuille au-dessus de l'épi principal

**Diamètre de la tige (DT):** c'est la section de la tige. Il est mesuré au niveau de la base de la tige en dessous du nœud le plus bas, à l'aide d'un pied à coulisse électronique.

**Longueur du brin mètre de la panicule (LBMP) :** c'est la mesure en cm du pédoncule à partir de la dernière feuille (feuille drapeau) jusqu'à la base de la panicule.

**Nombre de ramifications de la panicule (NRP) :** c'est le nombre de branches primaires qui forment la panicule

**Longueur de la panicule (LongP):** c'est la mesure en cm à partir de la base du brin mètre jusqu'au sommet de la panicule.

**Proliféricité :** elle indique la capacité que possède la plante à former plusieurs épis utiles (ayant des grains). Le nombre d'épis portés est noté à la maturité des plantes.

**Floraison mâle (FM) :** elle traduit le cycle du matériel d'étude en nombre de jours après semis pour atteindre la pleine floraison mâle (50% des plantes de la parcelle utile émettant du pollen). Il est à noter qu'un seul sac pollinique ouvert est comptabilisé. Elle est définie en suivant la dynamique de floraison depuis la 1<sup>ère</sup> plante fleurie sur la parcelle utile jusqu'à atteindre leur moitié.

**La maturité (MAT):** c'est la durée en nombre de jours écoulée entre le semis et le jour où toutes les spathes des épis sont sèches.

**HEHPM :** Hypothèse sur l'état d'homozygotie ou d'hétérozygotie de la plante à la montaison. C'est le pronostic fait à la montaison qui vise à marquer Ho les plantes supposées homozygotes et Ht celles supposées hétérozygotes.

**EHER :** Etat d'homogénéité ou d'hétérogénéité de l'épi à la récolte. C'est l'état qui confirme ou infirme l'hypothèse faite sur la plante après récolte.

**NR :** c'est le comptage du nombre de rangées de grains que compte l'épi.

**NGR :** c'est le nombre de grains que compte chaque rangée de grains.

**SME :** c'est la mesure en cm de la section (diamètre) de la partie moyenne de l'épi, à l'aide d'un pied à coulisse électronique.

**SMR :** c'est la mesure en cm de la section (diamètre) de la partie moyenne de la rafle, à l'aide d'un pied à coulisse électronique.

**LE :** c'est la mesure en cm, à l'aide d'un double décimètre, de la longueur de l'épi, de la base au sommet.

**PE** : c'est le poids en grammes de l'épi. Il est déterminé à l'aide d'une balance électronique de précision.

**P10G** : c'est le poids en grammes de 10 graines de chaque épi. Il est déterminé à l'aide d'une balance électronique de précision.

**NGT** : c'est le comptage du nombre total de grains que comporte l'épi.

**NGS** : c'est le comptage du nombre de grains sucrés présents sur l'épi.

**NGN** : c'est le comptage du nombre de grains normaux présents sur l'épi.

**PR** : c'est la mesure prise en gramme du poids de la rafle. Elle est faite à l'aide d'une balance électronique de précision.

**LarG** : c'est la largeur de la graine en cm. Elle est déterminée en mesurant les largeurs cumulatives de 10 graines situées à la section moyenne de l'épi que l'on divise par 10.

**CircE** : c'est la circonférence de l'épi. Elle est le produit de SME et de pi ( $\text{CircE} = \text{SME} \times \pi (3,14)$ ).

**CircR** : c'est la circonférence de la rafle ( $\text{CircR} = \text{SMR} \times \pi (3,14)$ ).

**LG** : c'est la longueur des graines en cm. Elle est obtenue en faisant le rapport de la circonférence de l'épi par le nombre de rangées de graines que compte l'épi ( $\text{LG} = \text{CircE} / \text{NR}$ ).

**HG** : c'est la hauteur de la graine en cm. Elle est obtenue en faisant la différence entre la SME et la SMR ( $\text{HG} = \text{SME} - \text{SMR}$ ).

### 2.2.2. Analyses réalisées

#### ➤ Statistique élémentaire

Les données brutes collectées ont été saisies dans le tableur Excel 2007 et leur traitement par filtrage. Ainsi les caractéristiques de position et de dispersion de la Statistique élémentaire ont été calculées (moyennes, écart-types simples, coefficients de variation (CV), minima et maxima des variables) à l'aide du logiciel SAS version 9.3.

- Les moyennes expriment les tendances centrales phénotypiques au sein de chaque lignée.
- Les maxima et les minima donnent les tendances extrêmes des plantes au sein de chaque lignée.
- L'écart type (ET) donne une précision sur la dispersion entre les plantes autour de la moyenne. Plus il est grand, plus les plantes sont dispersées autour de la moyenne et
- inversement.

- Le coefficient de variation (CV) donne une précision sur la variabilité des plantes pour les caractères étudiés. Les faibles valeurs du CV expliquent une faible variabilité au sein du matériel pour des caractères donnés et des faibles erreurs sur les mesures réalisées. Les valeurs élevées du CV traduisent une forte variabilité au sein du matériel pour des caractères donnés et une marge d'erreur élevée des mesures.

➤ **Analyses multidimensionnelles**

- **Corrélation** : des calculs des matrices de corrélation de Pearson sont réalisés entre les variables étudiées pour éliminer les variables redondantes. Le choix entre les variables fortement corrélées est orienté par la précision des variables sur leur faible valeur du coefficient de variation CV et des conditions d'expérimentation.
- **Analyse en composantes principales (ACP)** : l'ACP a été réalisée avec les variables retenues de la matrice de corrélation. Elle permet de structurer les variables principales pour regrouper les lignées autour des axes principaux par rapport à leur contribution pour la formation de ces axes. En d'autres termes, elle permet d'expliquer le mieux les différences qui existent entre les lignées à travers les variables principales.
- **Classification ascendante hiérarchique (CAH)** : elle permet de constituer des groupes homogènes au sein de l'ensemble des lignées. Le classement résulte de regroupements successifs des individus au moyen d'indices de similarité : on obtient un arbre de classification ou dendrogramme.

### 3. Résultat

#### 3.1. Résultat du pronostic sur l'état d'homogénéité ou d'hétérogénéité des plantes à la montaison

Un pronostic a été fait sur les plantes en phase de montaison. Certaines ont été marquées Ht pour leur vigueur et les autres Ho pour leur faible vigueur. Il faut rappeler que toutes les plantes pronostiquées ont été autofécondées. A la récolte les plantes pronostiquées homozygotes et dont les épis sont homogènes confirment le pronostic et celles qui ne le sont pas l'infirmement. Il en est de même pour les plantes pronostiquées hétérozygotes. Les plantes pronostiquées Ho ou Ht et n'ayant pas bouclé leur cycle ne sont pas pris en compte.

Le tableau II présente les résultats du pronostic. La première colonne liste les 8 familles étudiées. La deuxième colonne représente le total des plantes ayant donné des épis à grains pour chaque famille. La colonne désignée pronostic représente le nombre de plantes pronostiquées hétérozygotes et homozygotes pour chaque famille. Quant à la colonne résultat, elle synthétise le nombre de plantes révélées hétérozygotes et homozygotes à la récolte tandis que les pourcentages désignent les proportions des hétérozygotes et des homozygotes par rapport au nombre total de plantes pour chaque famille respectivement pour le pronostic et le résultat. Des deux proportions (pronostic et résultat), le taux d'échec des hétérozygotes est déduit ( $\% \text{ pronostic} - \% \text{ résultat}$ ). Connaissant le taux d'échec, celui de succès est déduit à son tour de 100.

Du tableau, il ressort que le pronostic se confirme de 68 à 100 % en faveur des plantes hétérozygotes mais très faible pour les homozygotes. L'objectif étant d'identifier les deux types de plantes (hétérozygotes et homozygotes) pour n'autoféconder que les homozygotes, mais en identifiant les hétérozygotes avec un taux élevé, cela permet de les écarter lors des autofécondations pour ne féconder que les autres plantes qui sont censées être des homozygotes. Notre intérêt pour plantes hétérozygotes s'explique par le fait que ces dernières sont faciles à identifier grâce à l'effet d'hétérosis qu'elles incarnent et qui les distingue nettement par leur vigueur.

Tableau II: Résultat du pronostic

Familles	total	pronostic		Résultat		% pronostic		% Résultat		Echec	Succès
		Ht	Ho	Ht	Ho	Ht	Ho	Ht	Ho	Ht	Ht
1	18	14	4	13	5	77,78	22,22	72,22	27,78	5,56	94,44
2	19	14	5	14	5	73,68	26,32	73,68	26,32	0,00	100,00
3	39	35	4	29	10	89,74	10,26	74,36	25,64	15,38	84,62
4	72	63	9	50	22	87,50	12,50	69,44	30,56	18,06	81,94
5	66	56	10	37	29	84,85	15,15	56,06	43,94	28,79	71,21
6	72	64	8	53	19	88,89	11,11	73,61	26,39	15,28	84,72
7	65	50	15	39	26	76,92	23,08	60,00	40,00	16,92	83,08
8	66	61	5	40	26	92,42	7,58	60,61	39,39	31,82	68,18

- Ho : homozygote, Ht : hétérozygote.

- **Pronostic** : ce sont les hypothèses faites sur les plantes dès la phase de montaison sur leur nature (homozygotes ou hétérozygotes).

- **Résultat** : le nombre d'épis effectif récolté de chaque type de plante (Ho ou Ht).

- **Total** : c'est le nombre total de plantes autofécondées récoltées pour chaque famille

Les données obtenues de cet essai ont servi également d'étude d'évaluation de la variabilité intra familles au sein du matériel végétal afin de le caractériser.

- **% pronostic** : il correspond à la proportion des plantes pronostiquées Ho ou Ht par rapport au total des plantes

- **% Résultat** : il correspond à la proportion des plantes avérées Ho ou Ht à la récolte par rapport aux plantes pronostiquées.

### 3.2. Evaluation des caractéristiques agro-morphologiques des sources de lignées candidates

#### 3.2.1. Etude descriptive des génotypes.

Une analyse des tendances centrales révèle qu'il existe des variations entre les valeurs minimales et maximales des variables qui définissent l'architecture des plantes que sont la longueur des feuilles (**LngF**), largeur des feuilles (**LrgF**), la hauteur des plantes (**HP**), la longueur de la panicule (**LongP**), le diamètre de la tige (**DT**); pour les caractéristiques biométriques de l'épi à savoir la longueur de l'épi (**LE**), le nombre de rangées (**NR**), le nombre de graines par rangée (**NGR**), la section moyenne de l'épi (**SME**) et aussi pour les paramètres contribuant à la productivité et au cycle ( la floraison mâle (**FM**), la maturité (**MAT**), la prolificité (**Pro**), le poids de l'épi (**PE**), le poids de 10 grains (**P10G**), le nombre de graines totales de l'épi (**NGT**), etc.). Le tableau 3 récapitule l'ensemble des moyennes, des

minima, des maxima, les coefficients de variation (CV) et les écart-types de l'ensemble du matériel d'étude.

Il en ressort que les 8 familles sont hétérogènes pour les caractères LBMP, le PE, le NGS, le NGT, le NGN, le PR, le NGR car ayant les coefficients de variation (CV) les plus élevés (supérieur à 40). Les résultats sont indiqués dans le tableau III.

**Tableau III: Moyennes, minima, maxima, coefficients de variation, écart-types des variables de l'ensemble du matériel végétal**

Variables	Minimum	Maximum	Moyenne	CV(%)	Ecart-type
LngF	24,00	88,00	60,38	17,06	10,30
LrgF	3,40	12,50	7,64	16,84	1,29
NTF	11,00	24,00	16,57	13,25	2,20
NFSE	4,00	13,00	6,56	20,72	1,36
HIE	10,00	97,50	47,72	34,10	16,27
HP	28,50	178,00	99,13	25,27	25,05
DT	0,40	2,70	1,46	24,89	0,36
LongP	8,40	47,00	28,21	19,87	5,60
LBMP	0,00	8,30	0,98	158,75	1,56
NRP	2,00	40,00	17,22	39,57	6,81
Pro	0,00	2,00	1,12	29,10	0,32
FM	59,00	65,00	61,13	3,78	2,31
MAT	105,00	114,00	108,82	3,02	3,29
LE	5,00	19,00	10,99	21,26	2,34
PE	2,09	236,00	40,80	66,91	27,30
NGT	0,00	495,00	129,81	79,16	102,75
NGS	0,00	247,00	20,68	133,74	27,65
NGN	0,00	401,00	109,24	79,11	86,42
PR	1,90	31,80	11,26	47,62	5,36
larG	0,20	0,85	0,44	20,63	0,09
HG	0,11	1,57	1,08	26,93	0,29
P10G	0,70	3,70	2,17	23,26	0,51
CircE	6,28	15,39	10,95	14,41	1,58
CircR	4,71	11,94	7,39	16,06	1,19
SMR	1,50	3,80	2,36	16,10	0,38
SME	2,00	4,90	3,49	14,40	0,50
NR	10,00	20,00	13,76	14,36	1,98
NGR	2,00	46,00	14,70	46,34	6,81

La longueur de la feuille (LngF), la largeur de la feuille (LrgF), le nombre total de feuilles (NTF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), la hauteur de la plante (HP), le diamètre de la tige (DT), la densité à la levée (DL), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de graines sucrées (NGS), le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10 Graines (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la section moyenne de la rafle (SMR), la longueur de la graine (LG), la hauteur de la graine (HG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (LongP), le nombre de ramification de la panicule (NRP), le poids de l'épi (PE), le poids de la rafle (PR), la floraison mâle à 50 % (FM) la longueur de l'épi (LE), la maturité (MAT), le nombre de rangées (NR).

### 3.2.2. Analyse des variations intra familles

La variabilité aperçue au sein des familles est fonction de la valeur du coefficient de variation (CV) du paramètre étudié. Dans une famille, si les CV sont faibles pour des caractères ( $< 16$ ), alors cette famille présente des tendances homogènes pour ces caractères car varient faiblement tandis que les CV élevés ( $> 25$ ) caractérisent une variation importante des caractères au sein de cette famille. Le tableau 4 synthétise la classification des variables par famille en fonction du niveau des coefficients de variation (CV). Le tableau V présente les coefficients de variation ayant servi pour cette classification. Selon ce tableau, toutes les huit familles présentent un CV très élevé ( $> 25\%$ ) pour la LBMP, le NRP, le PE, le NGT, le NGS, le NGN, le PR et le NGR mais ce coefficient est moyen à faible pour le reste des variables.



**Tableau IV: Répartition des variables par famille en fonction des coefficients de variation**

Valeur du coefficient de variation			
	$0 \leq CV < 16$	$16 \leq CV < 26$	$CV > 25$
Appréciation	Faible	Moyen	Elevé
Familles	Variables		
1	LngF, LrgF, NTF, LG, NFSE, FM, MAT,	HP, DT, LongP, Pro, LE, larG, P10G, CircE, CircR, SME, SMR, NR.	HIE, LBMP, NRP, PE, NGT, NGS, NGN, PR, HG, NGR
2	LngF, LrgF, NTF, Pro, FM, , MAT SMR, CircR, CircE, SME, NR.	NFSE, HP, DT, LongP, LE, larG, HG, LG, P10G, HIE.	LBMP, NRP, PE, NGT, NGS, NGN, PR, NGR.
3	LngF, LrgF, NTF, NR, NFSE, FM, MAT, CircE, CircR, SME, SMR,	HP, DT, LongP, larG, HG, P10G	LBMP, NRP, Pro, NGS, NGN, PR, NGT, PE, NGR, HIE.
4	LngF, LrgF, NTF, LEFM, MAT, LongP, LG, CircR, SME, SMR, CircE, LG, NR.	NFSE, HP, DT, LE, larG, P10G, HIE.	LBMP, NRP, Pro, PE, NGT, NGS, NGN, PE, PR, HG, NGR.
5	LngF, LrgF, NTF, FM, MAT, NR, LG, CircE, CircR, CircR, SME, SMR,	NFSE, HP, DT, LongP, LE, larG, HG, P10G.	NGT, NGS, NGN, Pro, PE, PR, HIE, LBMP, NGR.
6	LngF, LrgF, NTF, LongP, FM, MAT, CircR, SME, SMR, CircE, NR, LG.	NFSE, HP, DT, LE, larG, P10G, Pro.	HIE, PR, HG, NGR, LBMP, NRP, PE, NGT, NGS, NGN,
7	FM, MAT, LG, NTF, CircR, SME, SMR, CircE, NFSE, NR.	LngF, LrgF, P10G, LE, larG,	HIE, HP, DT, NGT, NGS, NGN, LBMP, NRP, PE, PR, LongP, Pro, LE, HG, NGR.
8	Long, NTF, FM, LG, MAT, CircE, SME, NR, MAT,	LrgF, NFSE, HIE, HP, DT, LongP, SMR, LE, larG, P10G, CircR,	Pro, LBMP, NRP, PE, NGT, NGS, NGN, PR, NGR.

La longueur de la feuille (**LngF**), la largeur de la feuille (**LrgF**), le nombre total de feuilles (**NTF**), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (**NFSE**) la hauteur d'insertion de l'épi (**HIE**), la hauteur de la plante (**HP**), le diamètre de la tige (**DT**), la densité à la levée (**DL**), le nombre de graines totales (**NGT**), le nombre de graines sucrées (**NGS**), le nombre de graines normales (**NGN**), le poids de 10 Graines (**P10G**), la prolificité (**Pro**), la section moyenne de l'épi (**SME**), la section moyenne de la rafle (**SMR**), la longueur de la graine (**LG**), la hauteur de la graine (**HG**), la longueur du brin mètre de la panicule (**LBMP**), la longueur de la panicule (**LongP**), le nombre de ramification de la panicule (**NRP**), le poids de l'épi (**PE**), le poids de la rafle (**PR**), la floraison mâle à 50 % (**FM**) la longueur de l'épi (**LE**), la maturité (**MAT**), le nombre de rangées (**NR**).

Le tableau V est celui des coefficients de variation ayant permis la répartition des variables selon leur variabilité au sein du matériel.

**Tableau V: coefficients de variation (CV) des variables**

variables	Familles							
	1	2	3	4	5	6	7	8
LngF	15,17	12,37	12,65	14,07	14,85	14,41	21,14	15,34
LrgF	13,67	11,94	15,07	14,30	14,37	12,80	18,50	16,81
NTF	10,80	12,74	9,38	9,69	11,05	11,08	9,85	10,35
NFSE	13,82	16,66	15,07	16,02	20,70	16,11	15,38	20,41
HIE	37,75	25,06	29,19	24,92	28,08	28,85	37,83	24,92
HP	22,79	18,79	21,85	17,32	22,31	20,68	29,73	17,83
DT	19,79	17,84	24,07	21,99	20,01	20,91	27,57	22,89
LongP	19,28	16,61	17,45	15,51	19,41	15,48	26,59	19,62
LBMP	97,06	195,61	123,43	175,16	392,56	96,11	180,83	176,66
NRP	38,40	52,77	40,39	28,44	29,81	39,16	31,07	33,99
Pro	25,87	0,00	29,08	31,12	33,20	20,18	33,43	26,30
FM	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
MAT	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
LE	22,01	17,05	15,29	18,48	18,51	19,30	22,64	21,79
PE	67,95	51,12	51,44	60,35	86,95	54,95	61,73	79,92
NGT	105,94	72,58	56,06	80,11	81,86	63,75	79,16	93,49
NGS	144,30	111,59	106,04	110,63	193,57	98,15	142,39	153,19
NGN	103,43	76,52	58,94	78,31	81,44	63,18	78,90	96,39
PR	49,38	32,40	36,37	40,22	45,22	46,94	46,37	55,72
larG	21,37	22,95	19,23	20,68	18,08	19,85	21,58	16,14
HG	39,91	24,71	25,72	27,88	24,91	27,33	27,25	24,77
LG	10,33	18,88	11,01	14,68	11,17	12,95	14,84	14,75
P10G	20,32	18,06	19,62	25,87	21,34	18,22	23,26	25,27
CircE	17,57	13,25	13,56	14,07	13,30	13,70	15,84	15,02
CircR	18,22	14,13	15,31	12,70	14,30	15,83	15,75	19,55
SMR	18,22	14,13	15,69	12,92	14,30	15,83	15,75	19,55
SME	17,57	13,25	13,56	14,07	13,30	13,62	15,84	15,02
NR	19,22	10,56	14,00	10,11	14,65	12,70	14,99	13,66
NGR	53,18	45,18	33,69	47,62	50,28	45,29	39,76	50,29

La longueur de la feuille (LngF), la largeur de la feuille (LrgF), le nombre total de feuille (NTF), le nombre de feuille supérieur à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), la hauteur de la plante (HP), le diamètre de la tige (DT), la densité à la levée (DL), le nombre de grain total (NGT), le nombre de grain sucré (NGS), le nombre de grain normal (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la section moyenne de la rafle (SMR), la longueur de la graine (LG), la hauteur de la graine (HG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramification de la panicule (NRP), le poids de l'épi (PE), le poids de la rafle (PR), la floraison male à 50 % (FM) la longueur de l'épi (LE), la maturité (MAT), le nombre de rangées (NR).

Le tableau VI des moyennes et des écart-types permettent d'appréhender la diversité qui existe dans les familles. Sur le plan morphologique, les plantes présentent une taille moyenne variant de  $72,44 \pm 16,51$  cm (famille 1) à  $116,74 \pm 20,81$  cm (famille 8). La hauteur d'insertion de la feuille est plus basse chez les plantes des familles 1, 2 et 7 où elle n'atteint pas en moyenne 40 cm. Par contre elle dépasse 50 cm chez les familles 3, 5 et 8. Les tiges ont des sections minces. Ce diamètre est inférieur à 2 cm pour l'ensemble des familles. Les plus faibles valeurs moyennes du diamètre de la tige sont observées chez les familles 2 et 6 avec respectivement  $1,13 \pm 0,29$  cm et  $1,24 \pm 0,26$  cm. Tandis que les plus grandes sont obtenues avec les familles 5 et 8 qui ont respectivement  $1,64 \pm 0,33$  cm et  $1,64 \pm 0,38$  cm. La prolificité est en moyenne environ un épi par plante.

**Tableau VI: moyennes et écart types des variables par famille**

Var	Familles															
	1		2		3		4		5		6		7		8	
	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET
LngF	56,4	8,6	50,3	6,2	59,3	7,5	68,3	9,6	59,7	8,9	57,1	8,2	57,9	12,3	63,8	9,8
LrgF	7,7	1,1	6,4	0,8	7,9	1,2	7,4	1,1	8,0	1,1	6,9	0,9	7,8	1,4	8,3	1,4
NTF	15,3	1,7	14,2	1,8	15,8	1,5	16,5	1,6	18,9	2,1	15,7	1,7	15,4	1,5	17,7	1,8
NFSE	6,1	0,8	5,2	0,9	5,9	0,9	6,7	1,1	7,7	1,6	6,0	1,0	6,2	1,0	7,2	1,5
HIE	26,7	10,1	35,3	8,8	41,6	12,2	54,4	13,5	51,6	14,5	47,9	13,8	38,6	14,6	59,7	14,9
HP	72,4	16,5	87,1	16,4	83,0	18,1	113,7	19,7	96,3	21,5	105,1	21,7	86,1	25,6	116,7	20,8
DT	1,5	0,3	1,1	0,2	1,4	0,3	1,4	0,3	1,6	0,3	1,2	0,3	1,5	0,4	1,6	0,4
LongP	28,5	5,5	28,7	4,8	29,0	5,1	29,2	4,5	25,1	4,9	30,1	4,7	28,5	7,6	27,4	5,4
LBMP	2,3	2,2	0,8	1,5	1,2	1,5	0,8	1,4	0,1	0,4	1,8	1,7	0,8	1,5	0,9	1,5
NRP	14,1	5,4	12,8	6,8	16,7	6,7	18,4	5,2	23,3	7,0	13,4	5,2	14,3	4,4	19,0	6,5
Pro	1,1	0,3	1,0	0,0	1,1	0,3	1,2	0,4	1,2	0,4	1,1	0,2	1,2	0,4	1,1	0,3
FM	65,0	0,0	65,0	0,0	60,0	0,0	60,0	0,0	59,0	0,0	65,0	0,0	60,0	0,0	60,0	0,0
MAT	109,0	0,0	109,0	0,0	111,0	0,0	105,0	0,0	105,0	0,0	111,0	0,0	107,0	0,0	114,0	0,0
LE	11,6	2,6	11,0	1,9	11,4	1,7	11,6	2,1	10,1	1,9	10,5	2,0	12,5	2,8	10,0	2,2
PE	41,8	28,4	40,2	20,5	47,0	24,2	43,2	26,1	40,1	34,9	41,3	22,7	46,9	28,9	29,8	23,8
NGT	127,8	135,4	109,1	79,2	179,3	100,5	141,2	113,1	120,0	98,3	138,2	88,1	139,1	110,2	92,2	86,2
NGS	22,2	32,1	19,5	21,8	26,4	27,9	27,3	30,2	18,3	35,4	23,5	23,1	19,8	28,2	11,2	17,1
NGN	105,5	109,1	89,6	68,6	151,7	89,4	114,1	89,4	103,4	84,2	115,6	73,0	119,5	94,3	79,8	77,0
PR	14,1	6,9	10,8	3,5	11,9	4,3	12,0	4,8	10,4	4,7	10,2	4,8	14,0	6,5	9,1	5,1
LarG	0,5	0,1	0,5	0,1	0,4	0,1	0,4	0,1	0,5	0,1	0,4	0,1	0,4	0,1	0,5	0,1
HG	0,9	0,4	1,2	0,3	1,1	0,3	1,1	0,3	1,1	0,3	1,1	0,3	1,1	0,3	1,1	0,3
LG	0,8	0,1	0,9	0,2	0,8	0,1	0,9	0,1	0,8	0,1	0,8	0,1	0,8	0,1	0,8	0,1

Suite																
P10G	2,1	0,4	2,5	0,5	1,9	0,4	2,0	0,5	2,4	0,5	2,3	0,4	2,2	0,5	2,1	0,5
CircE	10,7	1,9	10,9	1,5	10,8	1,5	10,8	1,5	11,3	1,5	10,9	1,5	11,3	1,8	10,8	1,6
CircR	7,5	1,4	7,2	1,0	7,3	1,1	7,3	0,9	7,7	1,1	7,3	1,2	7,8	1,2	7,0	1,4
SMR	2,4	0,4	2,3	0,3	2,3	0,4	2,3	0,3	2,5	0,4	2,3	0,4	2,5	0,4	2,2	0,4
SME	3,4	0,6	3,5	0,5	3,4	0,5	3,5	0,5	3,6	0,5	3,5	0,5	3,6	0,6	3,4	0,5
NR	13,5	2,6	12,7	1,3	14,3	2,0	12,8	1,3	14,0	2,1	13,4	1,7	14,6	2,2	14,4	2,0
NGR	14,8	7,9	14,2	6,4	17,2	5,8	15,5	7,4	12,6	6,3	15,8	7,2	15,7	6,3	12,1	6,1

La longueur de la feuille (LngF), la largeur de la feuille (LrgF), le nombre total de feuille (NTF), le nombre de feuille supérieur à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), la hauteur de la plante (HP), le diamètre de la tige (DT), la densité à la levée (DL), le nombre de grain total (NGT), le nombre de grain sucré (NGS), le nombre de grain normal (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la section moyenne de la rafle (SMR), la longueur de la graine (LG), la hauteur de la graine (HG), la longueur du brin mère de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramification de la panicule (NRP), le poids de l'épi (PE), le poids de la rafle (PR), la floraison mâle à 50 % (FM) la longueur de l'épi (LE), la maturité (MAT), le nombre de rangées (NR).

### 3.2.3. Analyse de la matrice de corrélation

Les résultats du test de corrélation de Pearson à 5 % sont consignés dans le tableau VII. Les variables redondantes sont écartées pour la suite de l'étude. En effet, la LngF, la HIE, le DT, le NGS, le NGN, la HG, le PE ont été éliminés du fait de leur redondance. Mais le NTG de l'épi a été retenu malgré son CV élevé car c'est l'un des principaux facteurs de rendement grain du maïs. Les fortes corrélations sont mises en évidence dans le tableau VII.

**Tableau VII : ½ plan de la matrice de corrélation de Pearson à 5 %**

	LngF	LrgF	NTF	NFSE	HIE	HP	DT	LongP	LBMP	NRP	Pro	FM	MAT	LE	PE	NGT	NGS	NGN	PR	HG	LG	P10G	SMR	SME	NR	NGR	
LngF	1,00																										
LrgF	0,56	1,00																									
NTF	0,60	0,68	1,00																								
NFSE	0,66	0,71	0,97	1,00																							
HIE	0,73	0,35	0,74	0,69	1,00																						
HP	0,68	0,11	0,52	0,51	0,93	1,00																					
DT	0,62	0,93	0,82	0,88	0,44	0,23	1,00																				
LongP	-0,09	-0,53	-0,75	-0,73	-0,26	-0,03	-0,69	1,00																			
LBMP	-0,23	-0,18	-0,53	-0,48	-0,54	-0,38	-0,32	0,63	1,00																		
NRP	0,60	0,64	0,95	0,90	0,67	0,42	0,78	-0,79	-0,66	1,00																	
Pro	0,58	0,64	0,43	0,54	0,22	0,04	0,67	-0,30	-0,36	0,47	1,00																
FM	-0,68	-0,73	-0,69	-0,69	-0,60	-0,35	-0,73	0,52	0,71	-0,77	-0,80	1,00															
MAT	-0,14	0,15	-0,14	-0,23	0,09	0,12	-0,09	0,29	0,40	-0,30	-0,51	0,26	1,00														
LE	-0,08	-0,11	-0,62	-0,48	-0,59	-0,53	-0,20	0,45	0,24	-0,50	0,42	0,02	-0,35	1,00													
PE	-0,17	-0,22	-0,44	-0,42	-0,51	-0,57	-0,33	0,37	0,13	-0,31	0,39	-0,02	-0,51	0,75	1,00												
NGT	0,09	0,02	-0,25	-0,30	-0,24	-0,35	-0,19	0,44	0,23	-0,15	0,35	-0,16	-0,17	0,51	0,85	1,00											
NGS	0,08	-0,35	-0,41	-0,41	-0,31	-0,28	-0,42	0,58	0,31	-0,28	0,16	0,12	-0,42	0,56	0,84	0,85	1,00										
NGN	0,10	0,09	-0,19	-0,25	-0,20	-0,35	-0,13	0,38	0,18	-0,10	0,40	-0,22	-0,15	0,49	0,83	0,99	0,79	1,00									
PR	-0,13	0,03	-0,47	-0,31	-0,72	-0,70	-0,02	0,23	0,38	-0,38	0,44	0,09	-0,42	0,90	0,71	0,45	0,51	0,43	1,00								
HG	-0,17	-0,40	-0,03	-0,17	0,39	0,38	-0,41	0,03	-0,63	0,03	-0,22	-0,16	0,04	-0,27	-0,04	-0,05	-0,10	-0,04	-0,58	1,00							
LG	-0,26	-0,85	-0,34	-0,35	-0,13	0,06	-0,64	0,18	-0,14	-0,21	-0,43	0,44	-0,50	0,02	0,12	-0,16	0,32	-0,24	-0,07	0,35	1,00						
P10G	-0,66	-0,51	-0,07	-0,09	-0,18	-0,12	-0,31	-0,34	-0,30	-0,12	-0,37	0,36	-0,22	-0,27	-0,17	-0,55	-0,40	-0,55	-0,23	0,39	0,49	1,00					
SMR	-0,12	0,17	0,16	0,24	-0,29	-0,44	0,26	-0,36	-0,21	0,18	0,66	-0,28	-0,70	0,40	0,60	0,29	0,22	0,33	0,56	-0,20	-0,07	0,26	1,00				
SME	-0,15	0,06	0,26	0,30	0,05	-0,08	0,19	-0,48	-0,62	0,26	0,53	-0,40	-0,58	0,13	0,29	-0,05	-0,13	0,01	0,13	0,32	0,04	0,56	0,81	1,00			
NR	0,18	0,82	0,39	0,41	0,16	-0,08	0,66	-0,35	-0,15	0,29	0,58	-0,59	0,29	0,04	-0,03	0,13	-0,37	0,22	0,08	-0,14	-0,93	-0,27	0,31	0,31	1,00		
NGR	-0,06	-0,27	-0,60	-0,60	-0,39	-0,36	-0,48	0,76	0,43	-0,53	0,14	0,15	-0,08	0,67	0,84	0,90	0,88	0,87	0,54	-0,04	0,02	-0,46	0,14	-0,15	-0,08	1,00	

La longueur de la feuille (LngF), la largeur de la feuille (LrgF), le nombre total de feuilles (NTF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), la hauteur de la plante (HP), le diamètre de la tige (DT), la densité à la levée (DL), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de graines sucrées (NGS), le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la section moyenne de la rafle (SMR), la longueur de la graine (LG), la hauteur de la graine (HG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (LongP), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le poids de l'épi (PE), le poids de la rafle (PR), la floraison mâle à 50 % (FM) la longueur de l'épi (LE), la maturité (MAT), le nombre de rangées (NR).

### 3.2.4. Structuration de la diversité des familles avec l'ACP

L'ACP des variables non redondantes indique que le plan  $\frac{1}{2}$  représenté par les axes 1 et 2 explique 63,80 % de la variabilité observée au sein du matériel. L'axe 1 est caractérisé par une forte contribution des variables de 37,55 % et le 2<sup>e</sup> axe contribue pour 26,24 %. L'axe 1 est représenté surtout par les variables caractérisant l'architecture de la plante dont les principales sont : le NFSE (14,02 %), le NRP (13,30). Le 2<sup>e</sup> axe est formé principalement par les variables du rendement qui sont le NGT (17,06 %), le P10G (13,52 %), le NGR (13,49 %). Ces cinq (5) variables ont été retenues comme variables pertinentes car ce sont ces variables qui contribuent le plus à la formation des deux principaux axes qui expliquent la variabilité au sein des différentes familles. Le tableau ci-après présente les valeurs propres des composantes principales, de même que les scores des variables qui participent à la formation des principaux axes.

**Tableau VIII : valeurs propres des composantes principales et les scores des variables (%) dans la contribution à la formation des quatre premiers axes**

Axes	F1	F2	F3	F4
Valeur propre	6	4,2	2,26	1,85
Variabilité (%)	37,55	26,24	14,14	11,56
Cumulée (%)	37,55	63,8	77,94	89,49
LrgF	10,422	3,842	8,800	0,263
NFSE	14,017	0,105	0,082	2,106
HP	2,427	1,032	0,350	32,630
LongP	11,447	2,929	0,134	4,580
LBMP	7,397	0,685	16,910	0,156
NRP	13,296	0,054	0,476	3,864
Pro	5,955	10,231	3,309	1,277
FM	11,564	4,446	2,402	1,096
LE	2,642	9,426	2,656	7,923
NGT	1,310	17,058	1,517	0,170
larG	0,256	11,893	12,809	8,675
LG	3,764	6,100	17,237	2,548
P10G	0,033	13,519	7,079	11,183
SME	3,129	0,001	19,923	14,882
NR	6,106	5,191	4,959	8,603
NGR	6,237	13,489	1,356	0,044

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de graines totales (NGT), , le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (LongP), le nombre de ramification de la panicule (NRP), la floraison mâle à 50 % (FM), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR)

La figure 4 représente la distribution des familles dans le plan 1/2 de l'ACP en fonction des variables non redondantes retenues.

Selon le graphique, on retient la répartition suivante :

La famille 7 est caractérisée par une prolificité et un NR de l'épi plus élevés et un cycle court ;

Les familles 8 et 5 ont un NFSE, un NRP, une SME élevés et un cycle court ainsi que des facteurs de rendement (NGT, NGR, P10G, LE) faibles ;

Par contre, les familles 1, 2 et 6 présentent un cycle tardif et des facteurs de rendement élevés ;

Quant aux familles 3 et 4, elles se distinguent par le NGT, la LE, le NR plus important ainsi que la LongP tandis que leur cycle est plus court.

Ces variables retenues ont par la suite servi à la constitution des groupes homogènes à travers une analyse ascendante hiérarchique (CAH).

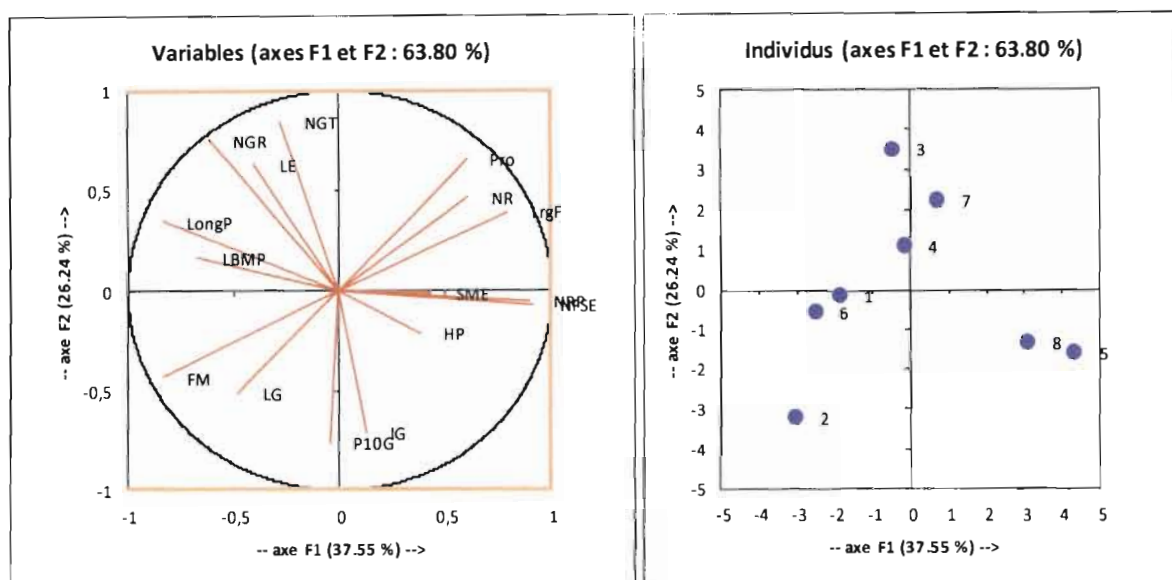


Figure 4: Distribution des familles suivant les variables dans le plan 1/2 de l'ACP

### 3.2.5. Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) du matériel.

La Classification Ascendante Hiérarchique (CAH) permet de voir l'homogénéité des individus au sein des groupes créés en rapport avec les variables pertinentes. Le tableau VII résume les caractéristiques de ces variables pertinentes. Le dendrogramme obtenu avec la méthode d'agrégation de Ward (minimisation de la variance intra classe) fait apparaître trois (3) classes distinctes (figure 5). La troisième classe représentée par la famille 3 ayant des moyennes de NGT et de NGR les plus élevées que les autres avec respectivement  $179,28 \pm 100,5$  et  $17,18 \pm 5,79$ . La deuxième est représentée par la famille 8 qui est caractérisée par un



NRP le plus élevé ( $18,97 \pm 6,45$ ) et dont les NGT et NGR sont les plus bas avec respectivement  $92,21 \pm 86,20$  et  $12,08 \pm 6,08$ . La première classe comporte deux sous-groupes. Le 1<sup>er</sup> sous-groupe est constitué par les familles 5 et 2 dont les épis produisent similairement un NGT et un NRP assez bas, mais leur différence réside dans le fait que les plantes de la famille 2 présentent un NFSE et un NRP les plus bas et celles de la famille 5 ont les valeurs les plus élevées du NFSE et du NRP. Le 2<sup>e</sup> sous-groupe ramifié dont une branche représente la famille 1 et l'autre est subdivisé formant la branche de la famille 4 et celle des familles 6 et 7. Ces deux dernières familles (6 et 7) sont plus similaires car les plantes qui les constituent ont les mêmes caractéristiques : elles ont sensiblement le même NFSE, leurs panicules se ramifient de la même manière, et leurs épis produisent les mêmes NGT. Quant aux familles 1 et 4, elles ont sensiblement le même NFSE (respectivement  $6,03 \pm 0,84$  et  $6,67 \pm 1,67$ ) avec un NRP et un NGT élevés. Ces deux familles sont caractérisées par une fluctuation très importante du NGT révélée par leurs écart-types (135 graines pour la famille 1 et 113 graines pour la famille 4).

**Tableau IX: Caractéristiques des 5 variables pertinentes (moyennes  $\pm$  écarts types)**

Familles	NFSE	NRP	NGT	P10G	NGR
1	<b>6,08 <math>\pm</math> 0,84</b>	14,11 $\pm$ 5,42	127,76 $\pm$ 135,35	<b>2,12 <math>\pm</math> 0,43</b>	<b>14,82 <math>\pm</math> 7,88</b>
2	5,18 $\pm$ 0,86	12,82 $\pm$ 6,77	109,14 $\pm$ 79,21	<b>2,47 <math>\pm</math> 0,45</b>	<b>14,15 <math>\pm</math> 6,39</b>
3	5,87 $\pm$ 0,88	16,67 $\pm$ 6,73	179,28 $\pm$ 100,50	1,91 $\pm$ 0,37	17,18 $\pm$ 5,79
4	<b>6,67 <math>\pm</math> 1,07</b>	18,35 $\pm$ 5,22	141,20 $\pm$ 113,12	1,99 $\pm$ 0,51	<b>15,51 <math>\pm</math> 7,38</b>
5	7,67 $\pm$ 1,59	23,31 $\pm$ 6,95	120,04 $\pm$ 98,27	<b>2,38 <math>\pm</math> 0,51</b>	12,58 $\pm$ 6,32
6	<b>6,03 <math>\pm</math> 2,97</b>	<b>13,36 <math>\pm</math> 5,23</b>	138,24 $\pm$ 88,13	<b>2,26 <math>\pm</math> 0,41</b>	<b>15,84 <math>\pm</math> 7,17</b>
7	<b>6,24 <math>\pm</math> 0,96</b>	<b>14,30 <math>\pm</math> 4,44</b>	139,14 $\pm$ 110,15	<b>2,24 <math>\pm</math> 0,52</b>	<b>15,73 <math>\pm</math> 6,25</b>
8	7,16 $\pm$ 1,46	18,97 $\pm$ 6,45	92,21 $\pm$ 86,20	2,10 $\pm$ 0,53	12,08 $\pm$ 6,08

Le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), le nombre de grains par rangée (NGR), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le poids des 10 grains (P10G).

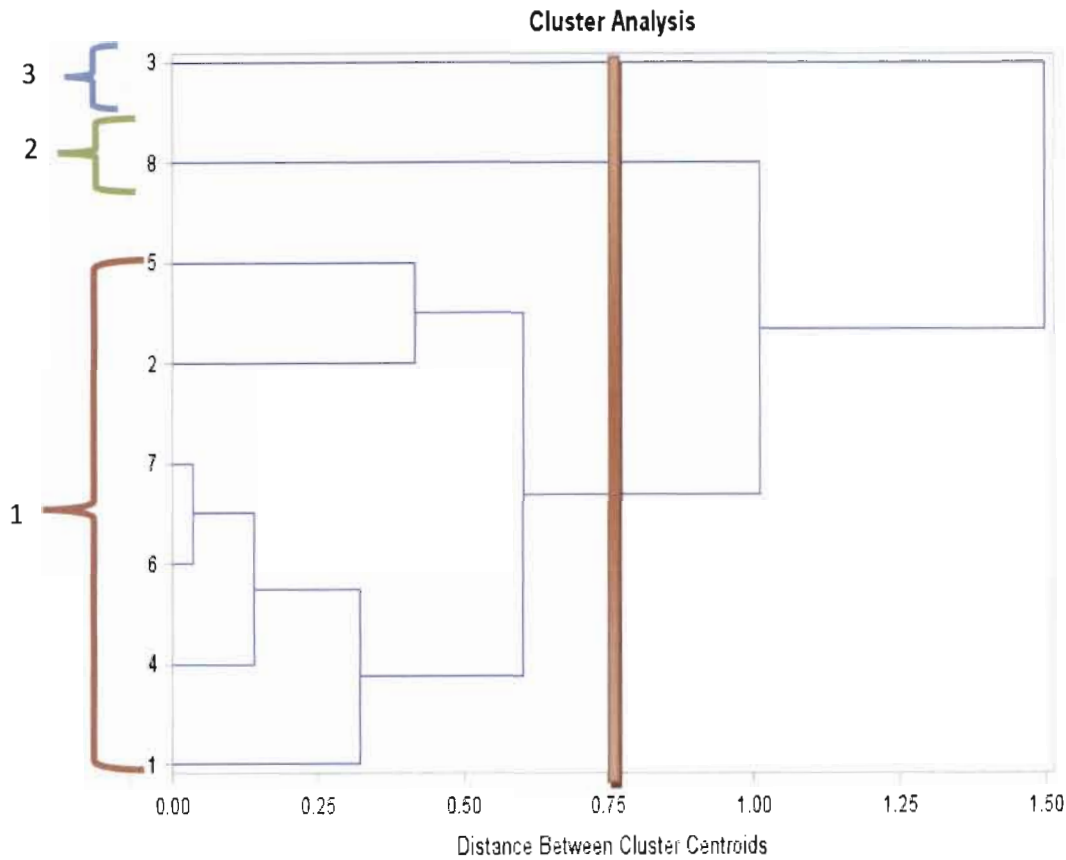


Figure 5: Dendrogramme de la classification des huit familles

### 3.2.6. Identification des familles homogènes et hétérogènes à l'aide des variables pertinentes retenues

L'annexe IV représente les intervalles de confiance des variables pertinentes par famille. Il nous a servi de calculer les amplitudes entre les bornes de chaque variable. Ces amplitudes nous ont donné une précision sur la variabilité des individus par caractère au sein de chaque famille tandis que le tableau VIII précise le coefficient de variation des plantes au sein de chaque famille des cinq (5) variables pertinentes. Il indique que seules les familles 1, 3 et 7 ont leur coefficient de variation faible (inférieur à 16) pour le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE). Par rapport à la précision des comptages et les conditions d'évaluation des variables sur le terrain et aussi en tenant compte du fait que, le NGT et le NGR, le P10G sont des caractères post-récolte auxquels l'on ne peut pas se baser pour juger l'état d'homozygotie ou d'hétérozygotie des plantes à un stade de développement végétatif donné, alors que le NFSE et le NRP sont des caractères pré-floraux qui le permettent, ces deux (2) derniers ont été retenus comme caractères pertinents.

**Tableau X : Coefficients de variation des cinq variables pertinentes**

Familles	NFSE	NRP	NGT	P10G	NGR
1	<b>13,82</b>	38,40	105,94	20,32	53,18
2	16,66	52,77	72,58	18,06	45,18
3	<b>15,07</b>	40,39	56,06	19,62	33,69
4	16,02	28,44	80,11	25,87	47,62
5	20,70	29,81	81,86	21,34	50,28
6	16,11	39,16	63,75	18,22	45,29
7	<b>15,38</b>	31,07	79,16	23,26	39,76
8	20,41	33,99	93,49	25,27	50,29

Le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), le nombre de graines par rangée (NGR), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le poids des 10 graines (P10G)

### 2.3. Discussion

Les résultats du pronostic fait sur l'état d'homozygotie ou d'hétérozygotie de la plante à la montaison sont révélés dans le tableau 2. Ces résultats montrent à la récolte que les plantes hétérozygotes confirment le pronostic avec une proportion de succès élevée. A la montaison, la hauteur des plantes a été considérée comme caractère d'identification de l'homogénéité ou de l'hétérogénéité des plantes à travers leur forte ou faible vigueur. Mais, de l'analyse en composante principale (ACP), il ressort que le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE) et le nombre de ramifications de la panicule (NRP) sont les variables pertinentes architecturales des plantes. En outre, de l'étude de corrélation, le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE) est corrélé à plus de 60 % à la hauteur des plantes (HP). Cela veut dire que ces deux variables apportent des informations génétiques presque similaires sur l'état de la plante. Mais le faible taux de succès du pronostic en faveur des plantes homozygotes s'expliquerait par le fait que les génotypes qui représentent le matériel végétal sont des lignées toujours en ségrégation. En effet le matériel végétal est à la première auto fécondation (S1) d'où l'effet d'inbreeding serait très faible pour l'identification des plantes homozygotes parce que pour avoir des lignées fixées (purement homogènes), il faut une succession de 7 à (8) autofécondations (Falconer et *al* 1996). Il est donc difficile de les identifier à cette étape et par conséquent certaines plantes de petite taille observées seraient donc liées à l'hétérogénéité du milieu de culture (Ouédraogo 2008).

Par contre le fort taux de succès sur le pronostic en faveur des plantes hétérozygotes confirme leur état de vigueur bien mis en évidence et qui se distinguent nettement des plantes homozygotes qui sont chétives. En effet, les plantes hétérozygotes peuvent incorporer plusieurs gènes favorables à des caractères donnés et cela pourrait se traduire par leur expression sur ces caractères. Cela est en accord avec Gallais (2009) qui mettait en évidence la vigueur hybride à travers le phénomène de l'hétérosis et la dépression de consanguinité.

De l'étude descriptive des variables des différentes familles, il ressort qu'il existe une variabilité d'ordre morphologique au sein des familles de maïs tandis que d'autres partagent certains liens communs entre eux. Ainsi informe le tableau IV.

Enfin, le regroupement des familles 5 et 2 d'une part et les familles 6 et 7 d'autres présenté par le dendrogramme en classification ascendante hiérarchique (CAH) confirme l'héritage de ces familles de certains gènes de caractères parentaux communs susmentionnés.

### **Conclusion partielle**

L'étude menée pour évaluer les paramètres d'identification de l'homogénéité et de l'hétérogénéité intra familles révèle que l'effet d'hétérosis est important chez les plantes hybrides. Cela permet d'identifier ces dernières avec un nombre de chances élevé par rapport aux plantes homozygotes. On peut donc identifier les plantes hétérozygotes avec un taux de chance élevé mais cela est difficile avec les plantes homozygotes. Il ressort que le NFSE est la variable architecturale la plus pertinente qui explique le mieux la variabilité au sein des 8 familles de plantes. De ce fait, les familles 1, 3 et 7 ont une tendance plus homogène pour le NFSE du fait de leur faible CV et les familles 2, 4, 5, 6 et 8 sont celles qui sont plus hétérogènes. Ces variables seront confirmées dans l'étude séparée des plantes homozygotes et hétérozygotes après l'évaluation de la variabilité génétique au sein des familles. Cette première partie nous permet de recadrer la suite de notre étude pour nous focaliser que sur l'essentiel des paramètres à évaluer.

# TROISIEME PARTIE : EVALUATION DES DESCENDANTS DE CROISEMENT ENTRE VMHI x WARI



### **III. Essai 2 : Création des familles S2 dans les familles S1 sources de lignées candidates**

#### **3.1. Evaluation de la variabilité génétique des caractères agro-morphologiques intra famille S1 de 95 lignées de croisement Wari x VMHI**

##### **3.1.1. Matériel et méthode**

###### **3.1.1.1. Matériel végétal**

Le matériel végétal est constitué de 95 familles S1 issues de l'autofécondation du croisement Wari x VMHI. Ces deux géniteurs ont les caractéristiques suivantes :

- **Wari** est une composite créée au Burkina Faso à la station de recherche de Farako-Bâ. Il résulte du brassage de 10 lignées résistantes à la sécheresse extraites de FBC6 qui est aussi une variété composite. Il est caractérisé par la couleur jaune de ses grains et une texture cornée. La variété résiste à la sécheresse et à certaines maladies telles que l'Helminthosporiose, la rouille, la Striure du maïs. Son cycle est de 91 jours
- **VMHI** : Variété de Maïs Hybride Indien. C'est un hybride simple de maïs sucré à graines ratatinées importé.
- **FBML10** (Farako-Bâ Maïs Lignée n°10): c'est une lignée de référence dont les grains sont de couleur jaune-orangée. Elle est homogène et tolérante aux maladies et à la sécheresse. Elle est utilisée comme témoin

Un total de 95 S1 et 1 témoin composent le matériel d'évaluation. L'annexe V représente l'ensemble du matériel végétal utilisé. Cet essai a été conduit sur le même site que le premier essai (Farako-Bâ). Le matériel de travail utilisé est décrit en même temps avec les manipulations faites au champ et au laboratoire.

##### **3.1.1.2. Méthodologie**

###### **3.1.1.2.1. Dispositif expérimental**

Le dispositif expérimental est une collection testée. La collection testée est un dispositif pouvant contenir plus de 50 entrées. Il comporte au moins un témoin connu. Celui-ci doit être génétiquement homogène (hybride simple de lignées stable, lignées stable ou pure) : il est répété systématiquement à intervalle régulier dans le dispositif. Chaque témoin est noté  $T_{i,j}$  (i étant le numéro du témoin dans la collection et j le nombre de fois que ce témoin apparaît dans la collection (Sanou 1996). Dans le cas présent FBML10 a été utilisé comme témoin noté  $T_{i,j}$  à chaque 10 lignées pour évaluer l'homogénéité apparente du sol. Le témoin et les entrées en test sont implantés sur une superficie homogène et l'environnement de chaque

matériel est noté E et numéroté de 1 à n. L'activité s'est déroulée sur une parcelle de sélection sans répétition. Le dispositif est implanté avec une irrigation d'appoint goutte à goutte. La parcelle élémentaire qui correspond à la parcelle utile comporte 1 ligne ; chaque ligne mesure 5m et comporte 26 plantes. Le semis est effectué à 1 grain/poquet aux écartements de 0,8 m x 0,2 m soit une densité de 62500 plantes/ha. Les dimensions de l'essai sont de 25 m de longueur sur 25 m de largeur soit une superficie totale de 625 m<sup>2</sup>.

#### **3.1.1.2.2. Conduite de l'essai**

La fertilisation comprend 200kg/ha de NPK appliquée à 14 jas et 150kg/ha d'urée apportée en deux fractions à 30 jas et à 45 jas. Les variables agro morphologiques sont étudiées sur toutes les plantes. Les variables étudiées et observées, les manipulations et la conduite de l'essai sont les mêmes pour le deuxième essai que pour le premier.

#### **3.1.1.2.3. Variables étudiées**

**Densité à la levée (DL) :** elle s'obtient par comptage du nombre de plantes ayant poussé. Elle donne potentiellement une idée sur le nombre effectif de plantes sur lesquelles seront basées les observations. Elle est faite une semaine après semis.

**Hauteur des plantes (HP) :** c'est la mesure en centimètres de la hauteur des plantes, du sol jusqu'à la base de la panicule. Cette mesure est faite sur toutes les plantes à l'aide de la règle de longueur 1 m. Cette mesure se fait après l'arrêt de croissance des plantes (la floraison) alors qu'elles restent encore turgescentes.

**Hauteur d'insertion de l'épi (HIE) :** elle correspond à la mesure en centimètres de la hauteur d'insertion de l'épi depuis la base de la plante jusqu'au nœud d'insertion de l'épi principal. Elle est également évaluée avec la règle d'enseignant.

**Nombre total de feuilles (NTF) :** c'est le comptage du nombre de feuilles des plantes en tenant compte des feuilles situées à la base (souvent tombées). Ce comptage est couplé aussi à la hauteur des plantes car elles n'émettent plus de nouvelles feuilles après la floraison.

**Nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE):** c'est le comptage du nombre de feuilles insérées au-dessus de l'épi. Il est réalisé en même temps que le nombre total des feuilles.

**Longueur de la feuille (LngF):** elle est la mesure (en cm) à partir de la base de la feuille au-dessus de l'épi principal jusqu'à la partie terminale de la même feuille à l'aide d'une règle.

**Largeur de la feuille (LrgF) :** c'est la mesure (en cm) de la partie la plus large de la feuille au-dessus de l'épi principal avec la règle d'enseignant (de mesure 1 m)

**Diamètre de la tige (DT):** c'est la section de la tige. Il est mesuré au niveau de la base de la tige en dessous du nœud le plus bas, à l'aide d'un pied à coulisse électronique.



**Longueur du brin mètre de la panicule (LBMP) :** c'est la mesure en cm du pédoncule à partir de la dernière feuille (feuille drapeau) jusqu'à la base de la panicule.

**Nombre de ramifications de la panicule (NRP) :** c'est le nombre de branches primaires qui forment la panicule.

**Longueur de la panicule (LongP):** c'est la mesure en cm à partir de la base du brin mètre jusqu'au sommet de la panicule.

**Prolificté :** elle indique la capacité que possède la plante à former plusieurs épis utiles (ayant des grains). Le nombre d'épis portés est noté à la maturité des plantes.

**Floraison mâle (FM) :** elle traduit le cycle du matériel d'étude en nombre de jours après semis pour atteindre la pleine floraison mâle (50% des plantes de la parcelle utile émettant du pollen). Il est à noter qu'un seul sac pollinique ouvert est comptabilisé. Elle est définie en suivant la dynamique de floraison depuis la 1<sup>ère</sup> plante fleurie sur la parcelle utile jusqu'à atteindre leur moitié.

**La maturité (MAT):** c'est la durée en nombre de jours écoulée entre le semis et le jour où toutes les spathes des épis sont sèches.

**HEHPM :** Hypothèse sur l'état d'homozygotie ou d'hétérozygotie de la plante à la montaison. C'est le pronostic fait à la montaison qui vise à marquer Ho les plantes supposées homozygotes et Ht celles supposées hétérozygotes.

**EHER :** Etat d'homogénéité ou d'hétérogénéité de l'épi à la récolte. C'est l'état qui confirme ou infirme l'hypothèse faite sur la plante après récolte.

**NR :** c'est le comptage du nombre de rangées de grains que compte l'épi.

**NGR :** c'est le nombre de grains que compte chaque rangée de grains.

**SME :** c'est la mesure en cm de la section (diamètre) de la partie moyenne de l'épi, à l'aide d'un pied à coulisse électronique.

**SMR :** c'est la mesure en cm de la section (diamètre) de la partie moyenne de la rafle, à l'aide d'un pied à coulisse électronique.

**LE :** c'est la mesure en cm, à l'aide d'un double décimètre, de la longueur de l'épi, de la base au sommet.

**PE :** c'est le poids en grammes de l'épi. Il est déterminé à l'aide d'une balance électronique de précision.

**P10G :** c'est le poids en grammes de 10 graines de chaque épi. Il est déterminé à l'aide d'une balance électronique de précision.

**NGT :** c'est le comptage du nombre total de grains que comporte l'épi.

**NGS :** c'est le comptage du nombre de grains sucrés présents sur l'épi.

**NGN** : c'est le comptage du nombre de grains normaux présents sur l'épi.

**PR** : c'est la mesure prise en gramme du poids de la rafle. Elle est faite à l'aide d'une balance électronique de précision.

**LarG** : c'est la largeur de la graine en cm. Elle est déterminée en mesurant les largeurs cumulatives de 10 graines situées à la section moyenne de l'épi que l'on divise par 10.

**CircE** : c'est la circonférence de l'épi. Elle est le produit de SME et de pi (**CircE = SME x  $\pi$  (3,14)**).

**CircR** : c'est la circonférence de la rafle (**CircR = SMR x  $\pi$  (3,14)**).

**LG** : c'est la longueur des graines en cm. Elle est obtenue en faisant le rapport de la circonférence de l'épi par le nombre de rangées de graines que compte l'épi (**LG= CircE /NR**).

**HG** : c'est la hauteur de la graine en cm. Elle est obtenue en faisant la différence entre la SME et la SMR (**HG= SME - SMR**).

#### 3.1.1.2.4. Analyses réalisées

##### ➤ Statistique élémentaire

Les données brutes collectées ont été saisies dans le tableur Excel 2007 et leur traitement s'est fait par filtrage. Ainsi les caractéristiques de position et de dispersion de la Statistique élémentaire ont été calculées (moyennes, écart-types simples, coefficients de variation (CV), minima et maxima des variables) à l'aide du logiciel SAS version 9.3.

- Les moyennes expriment les tendances centrales phénotypiques au sein de chaque lignée.
- Les maxima et les minima donnent les tendances extrêmes des plantes au sein de chaque lignée.
- L'écart type (ET) donne une précision sur la dispersion entre les plantes autour de la moyenne. Plus il est grand, plus les plantes sont dispersées autour de la moyenne et inversement.
- Le coefficient de variation (CV) donne une précision sur la variabilité des plantes pour les caractères étudiés. Les faibles valeurs du CV expliquent une faible variabilité au sein du matériel pour des caractères donnés et des faibles erreurs sur les mesures réalisées. Les valeurs élevées du CV traduisent une forte variabilité au sein du matériel pour des caractères donnés et une marge d'erreur élevée des mesures.

➤ **Analyses multidimensionnelles**

- **Corrélation** : des calculs des matrices de corrélation de Pearson sont réalisés entre les variables étudiées pour éliminer les variables redondantes. Le choix entre les variables fortement corrélées est orienté par la précision des variables sur leur faible valeur du coefficient de variation CV et des conditions d'expérimentation.
- **Analyse en composantes principales (ACP)** : l'ACP a été réalisée avec les variables retenues de la matrice de corrélation. Elle permet de structurer les variables principales pour regrouper les lignées autour des axes principaux par rapport à leur contribution pour la formation de ces axes. En d'autres termes, elle permet d'expliquer le mieux les différences qui existent entre les lignées à travers les variables principales.
- **Classification ascendante hiérarchique (CAH)** : elle permet de constituer des groupes homogènes au sein de l'ensemble des lignées. Le classement résulte de regroupements successifs des individus au moyen d'indices de similarité : on obtient un arbre de classification ou dendrogramme.

En plus des analyses statistiques élémentaires et les analyses multidimensionnelles (ACP et CAH) réalisées, la variabilité génétique des caractères agro-morphologiques intra familles des 95 lignées a été évaluée.

➤ **Evaluation de la variabilité génétique des lignées**

FBML10 a été utilisé dans le dispositif pour évaluer la variance environnementale existant sur le terrain. Pour cela, la lignée fixée a été insérée à chaque intervalle de 10 lignes.

En partant de la relation  $V_p = V_g + V_e$  (Falconer, 1974), la variance génétique ( $V_g$ ) est déduite de celle de la variance phénotypique ( $V_p$ ) du témoin considéré comme celle de l'environnement ( $V_e$ ) puisqu'elle est génétiquement fixée.

L'écart-type étant dans la même unité de mesure des variables, l'ensemble de nos calculs a été faits avec cette donnée. L'écart-type génétique du témoin est nul par conséquent. Puis, on part de l'écart-type phénotypique observé après mesures des variables sur les plantes pour estimer l'écart-type génétique moyen (ETgm) des matériels testés. Ainsi, nous avons calculé les écart-types génétiques et le coefficient de variation génétique (CVg) de chaque génotype des variables étudiées. L'intérêt des déterminants génétiques a été élucidé par les travaux de Wright (1931) sur l'indice de fixation F qu'il avait nommé coefficient de consanguinité. Si l'on peut atteindre un coefficient de consanguinité de 1 (lignées pures), chacune des lignées aura perdu tout

son polymorphisme (variance intra-lignée nulle). Ces travaux ont été repris par Sanou *et al.* (1999) et Sanou (2012b) et adaptés à l'expérimentation du maïs.

L'écart-type génétique du matériel (ETgm) est l'amplitude de la variance génétique. Il s'exprime dans la même unité que la moyenne phénotypique. Lorsque l'ETgm est négatif, nous admettons l'hypothèse selon laquelle  $V_g = 0$ . Plus la valeur de l'ETgm est grande, plus la variance génétique ( $V_g$ ) est élevée et plus le caractère qu'il apprécie présente des variantes. Le sélectionneur aura donc la chance de réaliser une sélection à l'intérieur du matériel testé pour la variante qui l'intéresse.

Le coefficient de variation génétique décrit la variabilité intra d'un caractère donné dans un cultivar (variété, lignée, hybride, population, etc.) dont on observe le phénotype. Il s'obtient en considérant la moyenne phénotypique du caractère ( $m_p$ ) et l'écart-type génétique moyen (ETgm) de ce caractère. Sa formule s'écrit  $CVg = ETgm/m_p \cdot 100$ . La valeur de CVg élevée correspond à un matériel végétal totalement hétérogène pour le caractère phénotypique observé et dont l'ETgm entre ses individus est très élevé et inversement.

Les résultats de l'analyse seront présentés en trois (3) grandes parties :

Une première partie sur l'évaluation agro-morphologique et génétique de toutes les 95 lignées ; une deuxième partie sur l'évaluation des lignées (homozygotes et hétérozygotes) issues des autofécondations réalisées et la troisième partie sur l'évaluation de la variabilité génétique des lignées homogènes aux épis normaux.

La première partie sera organisée ainsi qu'il suit :

Après une description générale du matériel végétal en étude, nous évaluerons la variabilité agro-morphologique des 95 lignées par rapport au témoin FBML10 où, cas par cas les variables architecturales et les composantes de rendement seront étudiées ; ensuite une évaluation agro-morphologique et génétique sera consacrée aux 95 lignées pour l'ensemble des caractères d'une part et d'autre part pour 5 composantes de rendement. Enfin une analyse en composantes principales (ACP) et une classification (CAH) par un dendrogramme des 95 lignées seront réalisées.

Pour la deuxième partie, une étude agro-morphologique séparée de chaque groupes de lignées homozygotes et hétérozygotes issues de l'autofécondation du deuxième essai sera réalisée, où tour à tour les variables architecturales et celles liées au rendement seront étudiées dans chaque cas et enfin une étude comparative des deux (2) types de lignées (homozygotes et hétérozygotes) bouclera cette deuxième partie.

Quant à la troisième grande partie, elle s'intéressera à l'évaluation de la variabilité génétique des lignées homogènes aux épis normaux créées à l'issue des opérations d'autofécondation des descendants du croisement Wari x VMHI et une classification de ces lignées.

A la fin de ces présentations, nous mènerons la discussion qui s'impose suite aux résultats obtenus et nous ferons une synthèse avant de clôturer par une conclusion générale afin de dégager des perspectives.

## **3.1.2. Résultats et discussion**

### **3.1.2.1. Résultats**

#### **3.1.2.1.1. Evaluation agro-morphologique et génétique de toutes les 95 lignées**

##### **3.1.2.1.1.1. Description générale du matériel végétal**

Il faut d'abord noter que 400 lignées réparties en 42 familles S1 homozygotes et 67 familles S1 hétérozygotes soit un total de 109 familles (annexe VII) ont été obtenues par sélection généalogique. Ce sont ces lignées qui seront évaluées séparément dans la deuxième partie susmentionnée dont le but est d'identifier les caractères agro-morphologiques marqueurs phénotypiques des lignées. Ces lignées pourront également servir de base S2 pour poursuivre la sélection pendant les saisons suivantes.

Le tableau XI présente la description générale de l'ensemble du matériel végétal sur les caractères agro morphologiques. On constate que les variables suivantes : la LngF, la HIE, la HP, la LongP, le NRP, la FM (50 %), la LE, le NGT, le NGS, la CircE, la CircR présentent des valeurs supérieures à celles du témoin FBML10 en terme de moyenne. En plus, le coefficient de variation est élevé pour chaque variable (supérieur à 15) sauf la FM et la MAT où il n'est que respectivement 3,64 et 4,41. Cela s'explique par le fait que les écarts types sont aussi élevés. Par contre, il est moyen à faible au niveau du témoin sauf pour la LBMP, le PE, le NGT, le NGS, la CircE, le NGN, le PR et la HG où il est élevé et peut atteindre 110 (CircE). Cela pourrait être lié au milieu. Il faut noter qu'une étude de corrélation a été faite avec le logiciel XLSTAT dans l'optique d'éliminer les variables redondantes et ne retenir que celles pertinentes. Pour la suite des analyses, ces variables ne seront donc pas considérées. Le tableau de la matrice corrélation est présenté en annexe VI.

**Tableau XI: Description générale du matériel végétal**

Variable	Parcelles utiles					Témoïn (FBML10)				
	Min	Max	Mean	CV	ET	Min	Max	Mean	CV	ET
<b>LngF</b>	21	95	64,06	17,74	11,36	35,00	67,00	52,84	12,46	6,59
<b>LrgF</b>	3,4	11,5	7,44	18,52	1,38	4,50	8,50	6,62	13,00	0,86
<b>NTF</b>	9	22	14,42	12,91	1,86	10,00	16,00	13,34	10,58	1,41
<b>NFSE</b>	1	12	6,06	17,89	1,08	3,00	7,00	4,66	16,12	0,75
<b>HIE</b>	5	115	49,44	30,91	15,28	40,00	78,00	45,18	37,13	16,77
<b>HP</b>	11	195	107,2	24,8	26,59	50,00	115,00	77,87	26,46	20,61
<b>DT</b>	0,6	2,7	1,51	23,49	0,35	1,00	1,90	1,23	23,71	0,29
<b>LongP</b>	5	49	28,23	21,58	6,09	7,00	33,00	24,84	19,31	4,80
<b>LBMP</b>	0	10,5	1,86	117,3	2,19	0,00	4,00	0,97	125,14	1,21
<b>NRP</b>	1	40	15,17	38,82	5,89	1,00	22,00	12,26	35,49	4,35
<b>Pro</b>	1	2	1,07	23,83	0,25	1,00	2,00	1,03	15,86	0,16
<b>FM</b>	62	76	68,31	3,64	2,48	62,00	68,00	64,44	2,75	1,77
<b>MAT</b>	103	121	107,2	4,41	4,72	103,00	118,00	110,78	3,95	4,38
<b>LE</b>	4	20	11,46	22,72	2,6	5,00	13,00	9,43	20,98	1,98
<b>PE</b>	1,8	268	41,09	65,37	26,86	2,00	102,00	40,30	87,52	35,27
<b>NGT</b>	1	597	149,7	80,73	120,9	5,00	317,00	119,64	65,06	77,84
<b>NGS</b>	0	330	29,28	123,4	36,14	0,00	0,00	0,00	0,00	
<b>NGN</b>	0	540	122,4	82,13	100,5	5,00	317,00	120,44	64,29	77,43
<b>PR</b>	1,6	36,2	12,15	48,61	5,91	4,00	22,00	9,98	40,17	4,01
<b>larG</b>	0,2	0,8	0,42	23,19	0,1	0,35	0,70	0,46	19,68	0,09
<b>HG</b>	0	2,98	1,06	41,07	0,44	0,28	1,43	1,11	108,30	0,29
<b>LG</b>	0,4	1,53	0,8	16,69	0,13	0,49	1,30	0,77	29,67	0,23
<b>P10G</b>	0,6	3,5	1,96	21,23	0,42	1,00	3,10	2,26	20,12	0,46
<b>CircE</b>	0	15,08	10,24	21,38	2,19	6,90	13,00	4,60	110,91	5,10
<b>CircR</b>	0	342,4	7,16	132,1	9,46	3,33	8,70	3,40	102,23	3,47
<b>SME</b>	2,5	4,8	3,32	15,9	0,53	2,19	4,15	3,17	15,69	0,50
<b>SMR</b>	2	223	2,51	276,9	6,94	1,06	6,00	2,11	23,74	0,50
<b>NR</b>	8	24	13,31	15,58	2,07	8,00	16,00	12,41	12,07	1,50
<b>NGR</b>	1	39	12,33	65,88	8,12	1,00	30,00	11,56	57,72	6,67

La longueur de la feuille (LngF), la largeur de la feuille (LrgF), le nombre total de feuille (NTF), le nombre de feuille supérieur à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), la hauteur de la plante (HP), le diamètre de la tige (DT), la densité à la levée (DL), le nombre de grain total (NGT), le nombre de grain sucré (NGS), le nombre de grain normal (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la section moyenne de la rafle (SMR), la longueur de la graine (LG), la hauteur de la graine (HG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramification de la panicule (NRP), le poids de l'épi (PE), le poids de la rafle (PR), la floraison mâle à 50 % (FM) la longueur de l'épi (LE), la maturité (MAT), le nombre de rangées (NR).

### 3.1.2.1.1.2. Evaluation de la variabilité agro morphologique des 95 lignées

#### 3.1.2.1.1.2.1. Evaluation des variables architecturales

Une évaluation des variables rendant compte de l'architecture des plantes des 95 familles a été effectuée. Le tableau XII traduit les proportions des familles en rapport avec le témoin FBML10. Les tableaux des moyennes et de l'écart-types sont consignés en annexe VIII et IX. D'une manière générale, les lignées présentent en majorité une moyenne supérieure à celle du témoin. En effet les lignés expriment des caractères architecturaux plus importants que le témoin dans des proportions allant de 56,84 à 98,95% .Aucune lignée n'a présenté une moyenne similaire au témoin (FBML10).

**Tableau XII Evaluation des variables architecturales**

Désignation Variables	Inférieure		Supérieure	
	Nombre de géno	(%)	Nombre de géno	(%)
LrgF	34	35,79	61	64,21
NFSE	1	1,05	94	98,95
HIE	41	43,16	54	56,84
HP	11	11,58	84	88,42
DT	11	11,58	84	88,42
LongP	22	23,16	73	76,84
LBMP	22	23,16	73	76,84
NRP	22	23,16	73	76,84

La largeur de la feuille (**LrgF**), nombre de feuilles supérieures à l'épi (**NFSE**) la hauteur d'insertion de l'épi (**HIE**), la hauteur de la plante (**HP**), le diamètre de la tige (**DT**), longueur du brin mètre de la panicule (**LBMP**), la longueur de la panicule (**Long P**), le nombre de ramifications de la panicule (**NRP**).

#### 3.1.2.1.1.2.2. Evaluation des composantes de rendement

Une évaluation a porté également sur les variables qui expliquent le mieux le rendement. Le tableau XIII expose les proportions des différentes lignées sur le matériel végétal total par rapport au témoin. Il y ressort que le P10G, le PE, le NGR, la larG et la HG du témoin sont supérieurs à la majorité des 95 lignés. De même il n'y a pas de similitude entre les deux matériels végétaux.



**Tableau XIII: Evaluation des composantes de rendement par rapport au témoin**

Désignation	Inférieure		Supérieure	
	Variables	Nombre de géno	(%)	Nombre de géno
LE	3	3,16	92	96,84
PE	55	57,89	40	42,11
NGT	41	43,16	54	56,84
P10G	88	92,63	7	7,37
SME	32	33,68	63	66,32
NR	23	24,21	72	75,79
NGR	52	54,74	43	45,26
larG	74	77,89	21	22,11
HG	53	55,79	42	44,21
LG	44	46,32	51	53,68

Le nombre de graines totales (NGT), le poids de 10G (P10G), section moyenne de l'épi (SME), la hauteur de la graine (HG le poids de l'épi (PE), la longueur de l'épi (LE), le nombre de graines par ranger (NGR), la largeur de la graine (LarG)

### 3.1.2.1.1.3. Evaluation de la variabilité agro-morphologique et génétique des 95 lignées

#### 3.1.2.1.1.3.1. Evaluation pour l'ensemble des caractères

Sur le plan de l'architecture des plantes, on constate une variation moyenne entre les lignées de famille pour les caractères HP, LBMP, LongP, NRP, HIE et DT. Par contre la variabilité est faible entre les lignées pour les caractères LrgF, NFSE qui varient respectivement de  $5,5 \pm 0,00$  (génotype 62) à  $9,19 \pm 0,17$  (génotype 90) sauf le génotype 25 qui enregistre  $4,73 \pm 0,12$  ; et de  $5,10 \pm 0,68$  cm (génotype 65) à  $7,93 \pm 0,41$  (génotype 40). Pour les facteurs de rendement, on constate une variation très élevée entre les lignées pour le NGT de 2 et 337 grains avec des écarts-types aussi bien élevé et le PE dont la variation se situe entre 8,2 et 70,3. Elle est moyenne pour le NGR avec une variation de 1 à 20,5 grains par rangée. Par contre, la différence est très faible entre les lignées pour les caractères LE, la SME, le P10G, le NR, la larG, la LG et la HG (annexe X).

L'annexe XII présente le tableau de l'écart type génétique moyen (ETgm) calculé pour chaque variable de toutes les lignées. Il est à noter que les ETgm sont présentés en deux volets. Un volet lié à l'architecture des plantes et l'autre selon les variables qui rendent compte du rendement. Aussi dans les tableaux, des valeurs négatives s'y trouvent. Celles-ci sont considérées comme étant nulles. Par conséquent le CVg dérivé est aussi nul puis qu'il est le quotient de l'écart type génétique moyen et la moyenne. Ainsi, pour les variables liées à l'architecture des plantes, varie l'écart type génétique moyen pour la plupart des lignées entre 0 et 1cm tandis que des valeurs supérieures à 1cm sont observées pour quelques lignées

domées. Par contre, pour les variables liées au rendement, la fluctuation n'est importante que pour le nombre de grains total (NGT) et qui atteint 138,65 (génotype 53). Le coefficient de variation génétique croît ainsi dans le même ordre.

### 3.1.2.1.1.3.2. Evaluation pour cinq (5) composantes de rendement

L'évaluation de la variance génétique de quatre composantes de rendement a été réalisée pour préciser le niveau de variation génétique au sein des lignées pour ces composantes. En partant sur la base de l'écart-type génétique moyen (ETgm) qui est égal à la racine carré de la variance génétique (Vg), lorsque cette dernière est nulle, alors, sa racine carrée est nulle et par conséquent l'ETgm est nul. Le tableau XIV présente la répartition des cinq composantes de rendement en fonction du nombre de lignées variant (ayant un ETgm supérieur à 0) ainsi que la moyenne du matériel génétique variant pour les cinq composantes de rendement. On constate dans ce tableau que 63 lignées sur les 95 soit 66,31 % sont variables pour les cinq composantes de rendement. La plus grande proportion de lignées variables s'observe pour le NR (75,78 %) tandis que c'est le contraire qui se présente pour la SME (40 %).

**Tableau XIV: Répartition des cinq composantes de rendement en fonction du nombre de lignées variant (ETgm supérieur à zéro (0))**

variables	LE	SME	NR	NGR	PE	moyenne
Nombre de lignées	65	38	72	71	69	<b>63</b>
% des lignées	68,42	40	75,78	74,73	72,63	<b>66,31</b>

Section moyenne de l'épi (SME), le poids de l'épi (PE), la longueur de l'épi (LE), le nombre de graines par rangée (NGR).

### 3.1.2.1.1.4. Classification des 95 lignées par l'ACP

La figure 6 détaille la répartition des différentes lignées en fonction des composantes principales dans le plan ½ de l'ACP régentées par les quatre axes qui expliquent la majeure partie de la variabilité au sein des lignées. L'annexe XIII présente la proportion des axes tandis que l'annexe XIV donne la contribution des variables à la formation des axes. Cette dernière informe que les variables contribuant le plus aux quatre axes sont la LrgF, la HP, le P10G, le NGR, le NGT, la LBMP, le NFSE, la LG, la larG.

Selon la figure 6, on constate deux niveaux de répartition : les lignées 69 et 35 d'une part qui sont fortement liées par le NGT, le PE, le NR, le NGR et le reste des lignées d'autre part qui sont définies par le reste des variables utilisées pour l'ACP.

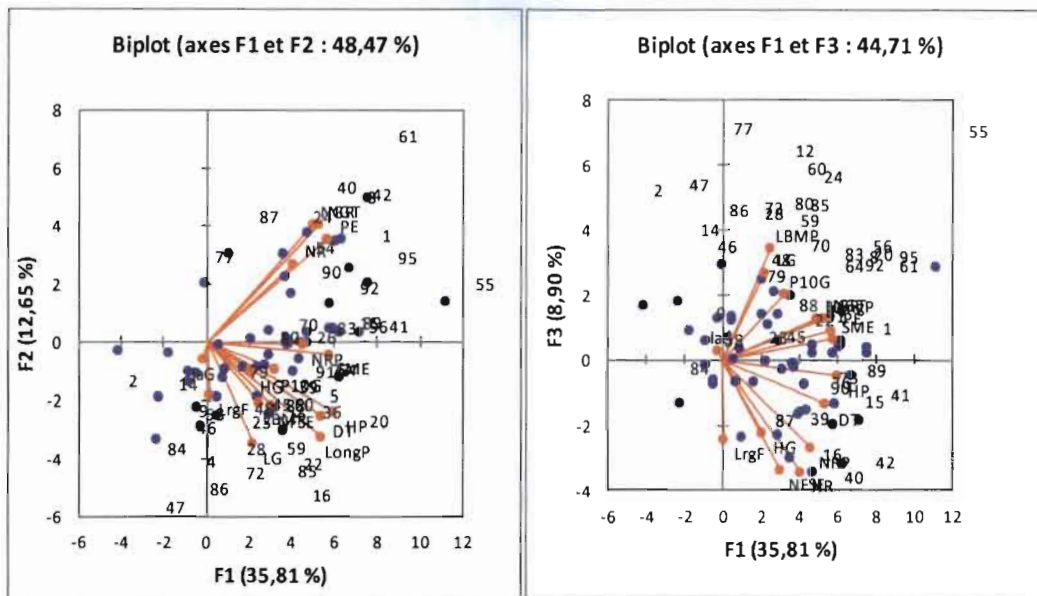


Figure 6: répartition des lignées dans le plan demi de l'ACP

### 3.1.2.1.1.5. Regroupement des 95 lignées en classes homogènes

La figure 7 désigne la répartition des lignées en classe de groupes homogènes. Trois classes se distinguent :

La première est caractérisée par des lignées dont le NFSE est environ 6 feuilles et la HP se situe entre 56 et 120 cm sont moyens. Par contre que le NGT (< 52 grains) et le P10G (< 1,8 gramme) de cette classe sont les plus faibles.

La deuxième classe se définit par des lignées de NFSE (entre 6 et 7 feuilles) les plus élevés, des HP (comprises entre 86 et 128 cm) et le P10G (variant entre 1,63 et 2,18 g) mais de NGT (77 et 200 grains) moyens.

La troisième classe présente les lignées ayant le NFSE variant entre 5 et 6 feuilles, de HP située entre 100 et 127 cm et le P10G situé entre 1,61 et 2,04 g. Par contre le NGT (entre 237 et 338 grains) des lignées de cette classe est le plus élevé.

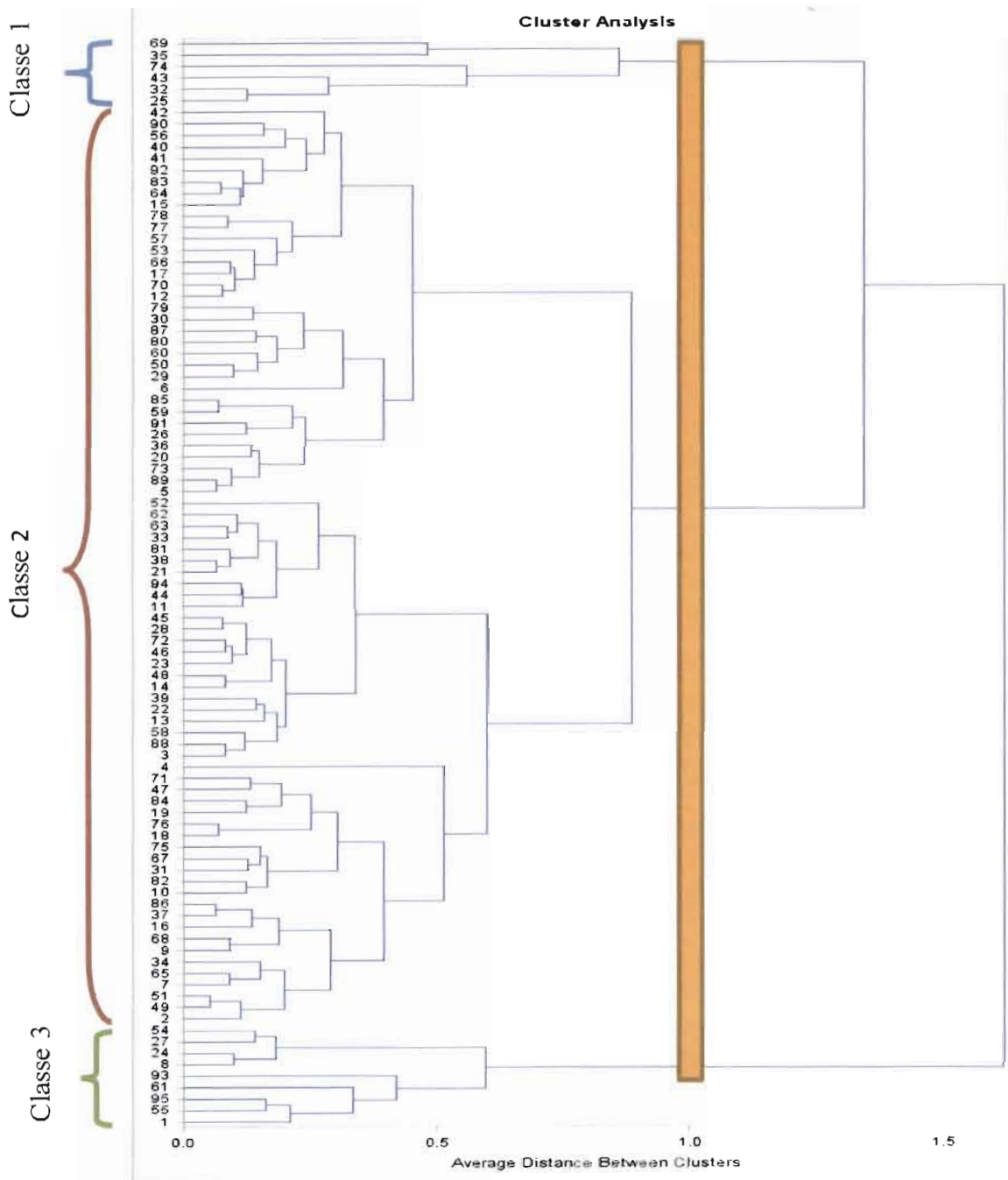


Figure 7: Regroupement des lignées par classe homogène

### 3.1.2.1.2. Evaluation des lignées (homozygotes et hétérozygotes) issues des autofécondations réalisées

#### 3.1.2.1.2.1. Evaluation des paramètres d'identification de l'homogénéité et de l'hétérogénéité intra famille

##### 3.1.2.1.2.1.1. Les familles homozygotes

Le tableau XV regroupe les moyennes pour les variables architecturales. Ces moyennes varient de  $6,6 \pm 1,5$  à  $9,5 \pm 0,6$  cm pour la LrgF et de  $5,0 \pm 0,0$  à  $8,0 \pm 0,8$  cm pour le NFSE.

Par contre pour la HIE, elle varie de 31,0 à 80,0  $\pm$  0,8 cm tandis que la LBMP est en moyenne entre 0 et 5,0 cm et les plantes ramifient de 1,9  $\pm$  0,0 à 28,8  $\pm$  0,1 en nombre. Il est à remarquer une faible valeur de l'écart-type au sein de toutes les variables. Ce qui explique une homogénéité au sein des génotypes.

**Tableau XV : Moyennes et écarts-types des variables architecturales des lignées homogènes**

Variables Geno	LrgF		NFSE		HIE		LBMP		NRP	
	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET
4	8,1	0,0	6,0	0,0	60,0	0,0	5,0	0,0	11,0	0,0
5	8,7	1,3	6,7	0,6	65,0	2,0	2,0	1,6	20,3	0,1
8	8,1	0,0	6,0	1,4	49,0	0,7	0,5	0,5	15,0	0,0
9	8,5	0,7	6,5	0,7	62,5	0,7	1,5	0,5	20,0	0,1
15	8,1	0,0	6,0	0,0	67,0	0,0	1,7	0,0	17,2	0,0
16	9,5	0,6	8,0	0,8	51,5	0,5	0,3	0,4	28,8	0,1
20	8,1	0,0	6,0	0,0	54,0	0,0	6,0	0,0	20,0	0,0
26	8,1	0,0	6,0	0,0	59,0	0,0	2,0	0,0	23,0	0,0
28	7,0	1,4	6,0	1,4	64,0	0,0	2,0	0,0	17,5	0,0
30	6,7	0,0	8,0	0,0	39,0	0,0	0,0	0,0	7,0	0,0
33	8,2	0,0	5,5	0,7	39,0	0,0	1,0	0,0	13,0	0,1
34	8,1	0,0	6,0	0,0	51,0	0,0	2,5	0,0	9,0	0,0
36	8,0	0,0	6,0	0,0	80,0	0,0	0,0	0,0	18,0	0,2
37	8,1	0,0	6,0	0,0	61,0	0,0	0,0	0,0	23,0	0,0
40	7,0	0,0	7,0	0,0	52,0	0,0	0,0	0,0	8,0	0,0
41	7,3	1,1	5,3	0,6	71,0	3,8	2,2	3,1	17,3	0,1
42	9,3	1,1	5,5	0,7	52,5	2,8	3,0	2,0	30,0	0,0
45	7,8	0,0	6,0	0,0	60,0	0,0	0,0	0,0	13,0	0,0
50	8,1	0,0	5,0	0,0	60,0	0,0	2,5	0,0	17,0	0,0
55	6,6	1,5	6,0	1,0	46,7	2,0	5,2	1,6	16,3	0,0
60	9,2	0,0	6,0	0,0	31,0	0,0	1,7	0,0	17,2	0,0
61	8,1	0,0	6,0	0,0	51,0	0,0	3,5	0,0	25,0	0,0
64	8,7	0,0	7,5	0,7	67,5	0,0	0,0	0,0	17,5	0,3
68	8,0	0,0	6,0	0,0	55,0	0,0	1,0	0,0	12,0	0,0
71	8,1	0,0	6,0	0,0	40,0	0,0	4,0	0,0	16,0	0,0
72	9,0	0,0	6,0	0,0	54,0	0,0	3,0	0,0	22,0	0,0
76	8,1	0,0	6,0	0,0	64,0	0,0	1,0	0,0	17,0	0,0
77	8,1	0,0	6,0	0,0	55,0	0,0	0,0	0,0	11,0	0,0
80	7,0	0,0	6,0	0,0	53,0	0,0	0,0	0,0	6,0	0,0
85	8,4	0,0	6,0	0,0	80,0	0,0	0,0	0,0	17,0	0,0
86	9,4	0,0	6,5	0,6	59,8	0,6	1,8	0,6	14,5	0,0
87	9,0	0,0	7,0	0,0	48,0	0,0	0,0	0,0	24,0	0,0
88	7,0	0,7	6,5	0,7	61,0	0,0	0,0	0,0	25,0	0,0
91	8,1	0,0	7,0	0,0	60,0	0,0	3,0	0,0	16,0	0,0

Nombre de ramifications de la panicule (NRP), largeur de la feuille (LrgF), nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), moyenne (Moy), écart- type (ET), génotype. (Geno).

Les analyses de moyenne ont été également faites pour les variables de rendement. Comparativement aux variables architecturales, celles du rendement expriment une grande variabilité entre les génotypes en nombre total de grains (NGT) (10 à 376 grains) et un faible écart type (0 à 0,2 grain). Le NGR varie moyennement ( $3 \pm 0,0$  à  $26 \pm 4,7$  grains) pendant que la larG, la LG, le P10G varient très peu entre les génotypes en moyenne. Le tableau XVI présente les détails des variables de rendement.

Tableau XVI : Moyennes et écart-types des variables du rendement des lignées homogènes

Variables Geno	NGT		larG		LG		P10G		NR		NGR	
	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET
4	14,0	0,1	0,4	0,4			1,7	12,7	12,0	0,4	4,0	0,6
5	50,7	0,1	0,4	0,1	0,8	12,7	2,6	7,8	14,0	0,1	3,3	12,7
8	216,0	0,2	0,4	0,6	0,8	7,8	2,0	0,0	15,0	0,6	16,0	7,8
9	64,5	0,0	0,5	0,0	0,7	0,0	2,2	8,7	14,0	0,0	7,5	0,0
15	244,0	0,1	0,5	0,0	0,6	8,7	1,9	0,0	16,0	0,0	20,0	8,7
16	125,3	0,0	0,5	0,0	0,8	0,0	2,3	0,0	13,5	0,0	11,5	0,0
20	20,0	0,0	0,6	0,0			2,6	0,7	12,0	0,0	2,0	0,0
26	70,0	0,0	0,6	0,6	0,8	0,7			12,0	0,6	10,0	0,7
28	126,5	0,0	0,4	0,0	0,9	0,0	1,8	2,1	12,0	0,0	10,5	0,0
30	254,0	0,1	0,4	0,1	0,9	2,1	2,5	0,0	14,0	0,1	19,0	2,1
33	41,0	0,0	0,6	0,0	0,7	0,0	2,1	2,8	14,0	0,0	3,5	0,0
34	84,0	0,1	0,4	0,0	0,8	2,8	1,6	0,0	12,0	0,0	19,0	2,8
36	265,0	0,0	0,7	0,0	0,6	0,0	1,7	0,0	12,0	0,0	3,0	0,0
37	15,0	0,0	0,4	0,0	0,7	0,0	2,5	5,8	14,0	0,0	7,0	0,0
40	86,0	0,1	0,4	0,1			1,9	0,0				
41	67,0	0,0	0,5	0,4	0,8	0,0	2,2	4,2	14,7	0,4	5,3	0,0
42	160,0	0,1	0,4	0,3	0,8	4,2	1,9	0,0	16,0	0,3	26,0	4,2
45	200,0	0,0	0,4	0,0	0,7	0,0	2,0	6,4	15,0	0,0	13,0	0,0
50	29,0	0,1	0,4	0,3	0,6	6,4	1,0	0,0	12,0	0,3	5,0	6,4
55	376,7	0,0	0,4	0,0	0,8	0,0	1,9	0,0	16,0	0,0	24,7	0,0
60	176,0	0,0	0,5	0,0	0,9	0,0	2,1	6,4	14,0	0,0	13,0	0,0
61	11,0	0,1	0,3	0,5	0,6	6,4	0,6	0,0	14,0	0,5	3,0	6,4
64	270,0	0,0	0,5	0,0	0,7	0,0	1,5	0,0	14,0	0,0	19,5	0,0
68	154,0	0,0	0,3	0,0	0,8	0,0	2,1	0,0	12,0	0,0	15,0	0,0
71	16,0	0,0	0,5	0,0		0,0	1,2	0,0	14,0	0,0	3,0	0,0
72	318,0	0,0	0,5	0,0	0,9	0,0	2,3	0,0	12,0	0,0	31,0	0,0
76	90,0	0,0	0,3	0,0	0,7	0,0	0,6	0,0	14,0	0,0	9,0	0,0
77	171,0	0,0	0,4	0,0	0,8	0,0	1,9	2,8	12,0	0,0	13,0	0,0
80	137,0	0,1	0,5	0,1	0,7	2,8	2,2	1,9	16,0	0,1	10,0	2,8
85	66,5	0,1	0,4	0,3	0,8	1,9	2,0	0,0	12,0	0,3	7,0	1,9
86	43,8	0,0	0,5	0,0	0,8	0,0	2,4	5,7	13,0	0,0	5,8	0,0
87	57,0	0,1	0,5	0,6	0,9	5,7	2,1	0,0	12,0	0,6	5,0	5,7
88	82,5	0,1	0,5	0,0	0,8	0,0	2,2	8,0	13,0	0,0	10,0	0,0
91	90,0	0,1	0,4	0,0	0,6	0,0	1,9	0,0	16,0	0,0	17,0	0,0

Nombre de graines par rangée (NGR), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le poids des 10 graines (P10G), nombre de rangées (NR), moyenne (Moy), écart type (ET).

### 3.1.2.1.2. Les familles hétérozygotes

L'analyse du tableau XVII des moyennes renseigne qu'il existe une faible différence entre les génotypes pour les variables LrgF, NFSE et la LBMP ainsi qu'au sein de chaque génotype (écart-type faible). Par contre une variabilité importante s'observe entre les génotypes ( $31,5 \pm 6$  à  $75,5 \pm 2,5$  cm) pour la HIE et le NRP ( $5,5 \pm 4,9$  à  $29,0 \pm 14,7$  ramifications) avec une forte hétérogénéité au sein de chaque génotype (écart-type élevé) pendant que la moyenne de tous les génotypes est de  $16,9 \pm 5,9$  ramifications pour la panicule.

Tableau XVII: Moyennes, écart-type des variables architecturales des hétérozygotes

Variables Génotypes	LrgF		NFSE		HIE		LBMP		NRP	
	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET
1	8,6	1,4	6,2	0,8	55,0	4,1	2,8	2,1	19,5	3,0
2			5,5	2,1	44,5	18,5	0,0	0,0	17,0	8,5
3	8,0	0,0	6,3	0,6	58,3	2,4	2,0	1,4	21,7	7,5
4	9,2	1,0	6,3	0,6	69,3	6,1	4,2	0,8	12,3	2,5
5	8,7	1,6	6,9	0,6	61,3	16,1	1,4	1,7	20,9	7,0
8			5,3	0,6	54,0	15,6	3,0	2,8	13,0	6,1
9	8,0	0,0	7,0	0,0	65,0	0,0	2,0	0,0	23,0	0,0
12	7,0	0,0	5,5	0,7	53,0	1,0	2,5	3,5	19,5	4,9
13	7,5	0,0	6,3	0,6	58,3	6,1	1,2	1,0	24,3	1,2
15	8,7	1,4	6,9	0,7	65,6	18,5	1,0	1,9	13,3	3,9
16	8,9	0,6	7,0	0,8	51,3	9,8	1,8	1,0	26,7	4,2
20	7,7	1,2	5,9	0,7	60,1	14,7	2,4	2,6	17,1	6,2
21			5,5	2,1	34,0	2,0	4,5	3,5	10,0	4,2
22	8,0	1,4	6,4	0,9	55,8	10,1	1,0	2,0	12,3	1,4
23	7,0	1,0	7,0	0,0	64,8	11,2	0,4	0,8	17,8	6,3
24			6,8	0,8	42,8	5,0	2,4	2,2	18,2	7,3
26			6,8	0,4	63,2	8,5	1,0	1,4	19,6	3,0
27			7,5	1,3	49,3	10,5	0,8	1,0	19,0	3,6
28	7,2	0,6	5,1	0,7	60,4	13,7	2,7	3,3	17,4	5,4
30	9,0	0,0	7,0	0,0	39,0	0,0	3,0	0,0	17,0	0,0
33	7,5	0,0	5,8	1,5	40,0	8,7	1,8	1,7	13,0	0,0
34			6,5	0,7	54,0	11,0	2,0	2,8	12,0	2,8
36	9,2	0,7	6,0	1,4	77,0	10,8	0,2	0,4	27,4	3,0
37	9,8	0,4	6,3	0,6	56,7	6,0	1,3	2,3	19,0	5,2
39	6,4	0,8	6,2	0,4	58,4	16,1	0,2	0,4	20,2	6,4
40			7,5	0,7	70,0	0,0	2,0	0,0	15,5	2,1
41	8,0	0,0	6,1	0,7	73,9	6,3	0,9	1,2	19,9	7,4
42	10,5	0,0	6,3	0,6	53,0	6,2	0,7	1,2	29,0	14,7
45	7,8	1,1	5,9	0,9	60,8	8,3	3,4	2,5	19,9	3,5
46	8,8	0,5	6,3	0,6	68,0	7,0	3,1	2,7	13,7	2,3



Suite

Génotypes	LrgF		NFSE		HIE		LBMP		NRP	
	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET
48			7,1	0,7	65,4	8,0	0,5	0,8	15,7	7,7
50			6,0	0,0	58,5	6,5	3,8	0,4	18,5	3,5
53			5,5	0,7	59,5	0,5	1,0	1,4	17,5	2,1
54	8,6	0,4	6,0	1,0	56,7	3,1	1,0	1,0	10,0	4,6
55	7,7	1,2	5,6	0,5	49,7	8,0	6,6	3,0	18,4	5,3
56	8,7	0,8	5,9	0,5	61,3	16,1	2,3	1,9	13,0	3,6
57			6,0	0,0	50,0	0,0	7,0	0,0	12,0	0,0
58	8,0	1,4	7,0	0,0	44,3	7,0	3,0	2,0	27,0	3,5
59	7,8	0,4	5,9	0,8	69,6	14,4	3,2	2,0	16,5	4,4
60	9,1	1,0	5,9	0,7	41,0	9,5	1,9	2,3	11,0	3,3
61			5,0	0,0	41,0	0,0	1,0	0,0	13,0	0,0
64	7,9	0,9	6,4	1,6	66,0	7,4	2,5	1,7	17,7	4,6
65	6,5	1,7	5,0	0,0	31,5	6,5	4,0	0,0	7,5	4,9
66	7,0	0,0	5,0	0,0	56,0	6,0	2,5	3,5	11,0	4,2
68			6,0	0,0	33,0	0,0	3,0	0,0	8,0	0,0
69	6,6	0,6								
70			6,5	1,0	57,0	8,4	1,8	1,5	14,8	4,1
71			6,0	0,0	40,0	0,0	0,0	0,0	13,0	0,0
72	7,8	0,3	6,5	0,6	60,8	10,6	3,9	1,7	17,5	3,4
73	9,6	1,5	7,3	1,7	54,3	3,8	1,3	2,5	18,0	6,2
74	7,1	0,1	6,3	1,3	61,0	12,0	3,3	2,5	18,0	7,1
75			6,0	0,0	27,0	0,0	0,0	0,0	14,0	0,0
77			5,5	0,7	53,0	12,0	2,0	2,8	5,5	4,9
79	9,5	1,0	5,7	0,9	53,9	11,3	0,6	1,1	17,6	4,6
80	8,5	2,1	5,8	0,4	50,4	10,3	2,0	1,4	14,2	3,6
83	8,0	1,1	5,8	1,0	60,3	6,8	2,5	0,5	12,7	4,5
84	8,0	0,0	6,0	1,4	52,5	2,5	0,0	0,0	20,0	1,4
85	9,1	1,1	5,8	0,7	69,2	7,2	3,9	2,9	16,0	3,0
86	9,3	0,0	6,0	0,7	60,4	9,3	4,1	3,0	13,2	2,2
87	8,5	1,1	5,8	0,7	45,5	8,2	1,3	1,6	17,2	2,6
88	9,0	0,0	6,0	1,0	66,0	8,8	0,8	0,8	12,7	5,0
89	7,3	1,4	6,2	0,8	60,4	11,1	1,6	1,8	19,8	5,1
90	10,0	0,0	6,3	0,5	66,3	13,1	0,1	0,3	14,0	2,2
91	8,3	1,1	6,4	1,3	71,2	17,4	1,0	1,7	16,2	3,4
92			5,0	1,8	68,2	4,7	1,2	1,1	20,4	6,4
93	8,5	0,0	6,7	0,6	65,3	10,3	0,8	1,3	16,0	3,6
95	8,6	0,8	5,0	0,0	75,5	2,5	3,3	1,1	19,0	5,7
Total	8,3	1,2	6,1	1,0	58,7	14,2	2,1	2,2	16,9	5,9

Nombre de ramification de la panicule (NRP), largeur de la feuille (LrgF), nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), le nombre de ramifications de la panicule (NRP).

Une grande variabilité n'existe entre les génotypes et au sein de chaque génotype que pour le nombre de grains total (NGT) parmi les variables du rendement. De fluctuations significatives ne s'observent au niveau des autres variables. Le tableau XVIII est celui qui donne des éclaircissements pour cet aspect.

Tableau XVIII: Moyennes et écart-types des variables de rendement des hétérozygotes

Variables Géno	NGT		larG		LG		P10G		NR		NGR	
	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET
2	30,5	37,5	0,4	0,0	0,5	0,0	1,6	0,0	13,0	1,4	3,5	2,1
3	218,0	200,7	0,4	0,1	0,7	0,1	1,3	0,6	13,3	1,2	16,0	8,5
4	110,0	134,4	0,5	0,1	0,8	0,0	2,2	0,1	12,7	1,2	7,0	4,6
5	223,0	125,3	0,5	0,1	0,7	0,1	2,3	0,3	13,8	1,3	16,6	8,6
8	290,0	142,8	0,4	0,0	0,8	0,0	1,8	0,0	16,0	2,0	16,5	9,2
9	5,0	0,0	0,5	0,0	0,6	0,0			14,0	0,0	2,0	0,0
12	105,0	91,9	0,5	0,1	0,8	0,0	2,2	0,2	11,0	1,4	10,5	9,2
13	138,3	106,3	0,3	0,0	0,8	0,0	2,3	0,2	14,7	1,2	8,7	5,5
15	205,4	101,3	0,4	0,1	0,7	0,1	2,2	0,4	14,0	2,3	14,3	5,7
16	86,3	57,6	0,5	0,1	0,8	0,1	2,3	0,2	14,5	1,9	7,5	3,9
20	189,6	151,3	0,4	0,1	0,8	0,0	2,0	0,5	15,6	2,1	13,7	9,0
21	90,0	32,5	0,3	0,0	0,7	0,1	2,1	0,7	13,0	1,4	13,5	2,1
22	214,0	89,0	0,4	0,1	0,8	0,1	1,7	0,2	12,7	1,6	12,4	5,6
23	47,0	36,6	0,4	0,1	0,8	0,1	2,1	0,3	14,0	1,6	3,8	1,9
24	230,2	84,4	0,4	0,0	0,8	0,1	1,9	0,2	13,2	1,1	16,6	6,3
26	140,7	117,7	0,5	0,1	0,8	0,1	2,0	0,2	15,0	1,7	9,5	8,0
27	329,0	158,3	0,3	0,1	0,8	0,1	2,0	0,6	16,0	2,8	18,3	9,7
28	143,4	55,4	0,5	0,1	0,8	0,0	1,9	0,4	10,9	2,0	12,9	4,2
30	30,0	0,0	0,2	0,0	0,6	0,0	1,3	0,0	14,0	0,0	5,0	0,0
33	109,3	56,0	0,5	0,1	0,8	0,1	2,0	0,4	12,5	1,0	7,3	3,0
34	163,5	194,5	0,4	0,1	0,7	0,0	1,2	0,1	14,0	2,8	15,0	7,1
36	155,0	97,5	0,4	0,1	0,7	0,1	2,4	0,2	14,4	1,7	10,0	6,0
37	80,3	62,3			0,8	0,1	2,0	0,7	12,7	1,2	6,0	4,6
39	66,8	68,3	0,5	0,1	0,8	0,0	1,3	0,0	14,8	2,3	6,0	4,4
40	168,5	43,1	0,4	0,0	0,7	0,0	2,4	1,1	15,0	1,4	22,0	4,2
41	253,6	67,5	0,4	0,1	0,8	0,1	1,9	0,2	16,3	1,8	16,7	5,5
42	241,7	180,1	0,4	0,1	0,8	0,1	1,9	0,5	16,0	3,5	18,3	6,7
45	104,2	78,3	0,4	0,1	0,8	0,1	1,8	0,2	14,7	1,7	9,6	5,5
46	38,5	30,4	0,4	0,1	0,5	0,0	1,5	0,0	15,3	1,2	3,7	2,9
48	99,7	64,6	0,4	0,1	0,8	0,1	2,0	0,6	12,3	1,8	9,9	4,7
50	31,5	23,3	0,5	0,1	0,7	0,1	1,4	0,0	13,0	1,4	4,0	1,4
53	95,5	96,9	0,3	0,0	0,6	0,2			16,0	0,0	4,0	2,8
54	172,7	114,6	0,4	0,1	0,7	0,1	1,7	0,1	15,3	2,3	16,0	8,5
55	247,0	104,3	0,3	0,1	0,8	0,1	1,8	0,3	13,8	2,0	18,8	4,9
56	224,2	130,7	0,4	0,1	0,8	0,1	2,0	0,4	14,5	2,0	15,6	6,3
57	44,0	0,0	0,4	0,0	0,8	0,0	1,8	0,0	12,0	0,0	17,0	0,0
58	196,0	108,7	0,4	0,0	0,8	0,1	1,8	0,2	12,0	0,0	11,3	4,9
59	108,5	94,5	0,5	0,1	0,7	0,1	2,2	0,4	12,7	2,0	8,9	5,3

Suite

Variables Géno	NGT		larG		LG		P10G		NR		NGR	
	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET	Moy	ET
60	190,8	114,6	0,4	0,1	0,9	0,0	2,3	0,3	12,6	1,6	15,7	5,7
61	284,0	0,0	0,3	0,0	0,8	0,0	1,3	0,0	14,0	0,0	30,0	0,0
64	207,0	107,4	0,4	0,1	0,8	0,1	2,0	0,2	13,5	1,7	18,0	5,5
65	84,0	87,7	0,5	0,1	0,7	0,0	2,0	0,3	14,0	2,8	4,0	2,8
66	103,0	2,8	0,5	0,1	0,7	0,0	1,9	0,1	12,0	0,0	8,5	3,5
68	143,0	0,0	0,4	0,0	0,7	0,0	1,8	0,0	16,0	0,0	6,0	0,0
69	85,0	74,7	0,4	0,1	0,7	0,2	1,8	0,3	12,0	0,0	11,0	8,5
70	156,5	111,0	0,4	0,0	0,8	0,1	1,6	0,1	14,0	0,0	14,8	8,2
71	73,0	0,0	0,5	0,0	0,8	0,0	2,0	0,0	12,0	0,0	6,0	0,0
72	105,0	75,6	0,5	0,1	0,8	0,1	2,0	0,4	12,0	1,6	6,5	4,2
73	143,0	97,9	0,4	0,1	0,8	0,0	1,9	0,5	15,0	1,2	11,3	6,9
74			0,4	0,1	0,8	0,1			12,8	2,4	8,9	5,8
75	15,0	0,0	0,6	0,0	0,7	0,0	1,8	0,0	14,0	0,0	3,0	0,0
77	80,0	55,2	0,5	0,1	0,8	0,0	2,0	0,1	10,0	0,0	10,5	3,5
79	157,1	103,6	0,4	0,1	0,8	0,1	2,0	0,2	13,6	1,7	11,8	6,7
80	101,4	85,8	0,4	0,0	0,7	0,1	2,1	0,4	13,6	0,9	11,4	6,6
83	180,8	88,4	0,4	0,1	0,8	0,1	2,0	0,2	14,0	1,6	14,8	5,0
84	150,0	195,2	0,4	0,0	0,7	0,2	1,6	0,0	13,0	1,4	10,5	10,6
85	128,0	58,8	0,4	0,1	0,7	0,1	2,1	0,4	12,0	1,0	11,3	5,3
86	52,8	32,8	0,5	0,1	0,8	0,1	2,2	0,2	12,8	1,1	7,0	3,5
87	178,5	105,9	0,4	0,0	0,7	0,1	1,8	0,2	15,0	1,5	13,1	6,6
88	104,0	44,6	0,4	0,1	0,7	0,0	1,9	0,4	15,3	1,2	9,3	3,1
89	108,8	57,9	0,3	0,1	0,8	0,1	2,2	0,3	14,4	1,7	10,8	3,1
90	246,2	200,0	0,4	0,1	0,7	0,1	1,7	0,4	16,8	1,8	17,2	9,0
91	153,0	107,3	0,4	0,1	0,8	0,1	2,5	0,5	15,0	2,0	12,3	6,8
92	169,6	138,7	0,4	0,1	0,7	0,1	1,8	0,2	15,4	2,2	12,3	9,6
93	262,0	177,8	0,4	0,1	0,8	0,1	1,8	0,4	14,0	2,0	20,7	5,1
95	252,0	289,9	0,4	0,1	0,8	0,1	2,0	0,2	13,0	1,4	19,0	17,0
Total	160,2	114,3	0,4	0,1	0,8	0,1	2,0	0,4	13,8	2,1	12,3	7,0

Nombre de ramifications de la panicule (NRP), largeur de la feuille (LrgF), nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE) la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), moyenne (Moy), écart-type (ET), génotype. (Geno)

### 3.1.2.1.2.1.3. Etude comparative des deux familles (homozygotes et hétérozygotes)

En résumé, les valeurs moyennes des familles hétérozygotes (Ht) sont supérieures à celles des familles homozygotes (Ho) d'une part pour certaines variables à savoir la LrgF, la HIE, la LBMP, le NGT, le NR et le NGR mais d'autres part ces valeurs sont inférieures à savoir le NFSE, le NRP, la larG. Néanmoins, une égalité inter-génotype s'observe pour certaines

variables. Il s'agit de la longueur de la graine (LG) et le poids des 10 graines (P10G). Le tableau XIX fait la synthèse de la diversité inter génétique entre les deux groupes de famille. Il faut aussi noter que l'écart type est très faible au niveau des homozygotes que chez les hétérozygotes. Cela traduit une faible variabilité en leur sein.

La longueur de la graine (LG) et le poids des 10 graines (P10G) ne peuvent donc pas être un critère de distinction des homozygotes aux hétérozygotes du fait de leur similitude. En revanche le NRP et la LBMP seraient les critères les plus appropriés pour une distinction des plantes homozygotes de celles hétérozygotes.

Tableau XIX: Moyennes et écart-types générales des deux types de matériels homozygotes (Ho) et hétérozygotes (Ht)

Variables	Ht		Ho	
	moyenne	Ecart type	moyenne	Ecart type
LrgF	8,3	1,2	8,1	1,2
NFSE	6,1	1,0	6,3	0,9
HIE	58,7	14,2	57,4	12,3
LBMP	2,1	2,2	1,7	2,0
NRP	16,9	5,9	18,2	6,2
NGT	160,2	114,3	125,7	107,8
larG	0,4	0,1	0,5	0,1
<b>LG</b>	<b>0,8</b>	<b>0,1</b>	<b>0,8</b>	<b>0,1</b>
<b>P10G</b>	<b>2,0</b>	<b>0,4</b>	<b>2,0</b>	<b>0,5</b>
NR	13,8	2,1	13,6	1,7
NGR	12,3	7,0	10,7	8,0

Ht : hétérozygote, Ho : homozygote, Nombre de graines par rangée (NGR), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le poids des 10 graines (P10G), nombre de rangée (NR), moyenne (Moy), écart type (ET).

### 3.1.2.1.3. Evaluation de la variabilité génétique des lignées homogènes aux épis normaux

L'évaluation de la variabilité génétique des lignées homogènes aux épis normaux concerne les épis récoltés aux grains normaux homogènes issus des autofécondations des familles S1. Rappelons que 34 lignées homogènes ont été créées par sélection généalogique et qui font l'objet de cette étude.

L'évaluation globale de tous les caractères révèle que 52,94 % de lignées ont un coefficient de variation génétique (CVg) nul pendant que 11,76 % présentent un CVg supérieur à 0,26. Cependant 8,82 % ont un CVg compris entre 0 et 0,125 ainsi que 26,47 % présentent un CVg situant entre 0,125 et 0,25. Ces résultats sont consignés dans le tableau XX.

Tableau XX: Proportions générales des lignées en fonction du coefficient de variation génétique (CVg)

CVg	0	0 ; 0,125	0,125 ; 0,25	0,26 et +
Nombre de lignées	18	3	9	4
Proportion (%)	52,94	8,82	26,47	11,76

CVg : coefficient de variation génétique

Quant au tableau XXI, il récapitule les proportions générales des lignées en fonction des caractères à variance supérieur à 0 (ayant un coefficient de variation génétique > 0). En effet 52,94 % des lignées présentent une variance nulle car ayant un CVg nul donc un écart-type génétique nul. Aussi 32,35 % des lignées varient pour 1 à 3 variables et 14,71 % varient pour au moins 4 variables. Par contre aucune lignée n'est variable pour toutes les variables.

Tableau XXI: Proportions générales des lignées en fonction du nombre de caractères variant

	Nombre de variables ayant un CVg > 0			
Nombre de variables	0	1 à 3	4 à 7	7 à 10
Nombre de lignées	18	11	5	0
Proportion (%)	52,94	32,35	14,71	0,00

CVg : coefficient de variation génétique

#### 3.1.2.1.4. Evaluation du niveau de fixation des lignées

En considérant le tableau XX qui donne les proportions générales des lignées en fonction du coefficient de variation, 52,94 % des lignées ont un coefficient de variation génétique (CVg) nul c'est-à-dire ne variant plus pour tous les caractères étudiés. En plus, 8,82 % des lignées ont un CVg compris entre 0 et 0,125. Le coefficient de fixation génétique (CFg) se définissant par la formule  $CFg = 1 - CVg$ , on considère qu'une lignée est fixée lorsque son CFg est égal à 1 ou presque égal à 1 c'est-à-dire supérieur ou égal à 0,875 ce qui veut dire que la lignée sera considérée homogènes si elle a un CVg compris entre 0 et 0,125 (Falconer et Mackay 1996). De ce fait, 61,76 % (52,94 % + 8,82 %) des lignées sont donc considérées comme fixées et doivent être arrêtées pour la sélection. Les tableaux des CVg et des CFg généraux sont consignés en annexes XVI et XVII

#### 3.1.2.1.5. Classification des lignées

##### 3.1.2.1.5.1. Résultat de l'analyse en composante principale (ACP)

Le tableau XXII donne les valeurs propres des axes et la contribution des variables à la formation de ces axes ainsi que les valeurs cumulatives. Les variables qui contribuent le plus à la formation des trois premiers axes sont : pour le premier axe on a le PE (12,67 %), la SME

(14,30 %), le NGT (13,28 %), le NGR (12,95 %) tandis que le DT (21,29 %) et le NR (14,03 %) contribuent plus à la formation du deuxième. Quant au troisième axe la LongP (21 %) et la LBMP (16 %) le définissent. La figure 8 donne la répartition des variables dans le ½ plan de l'ACP ainsi que la disposition des lignées dans ce ½ plan.

Tableau XXII : Contribution des variables, valeur propres et cumulatives des axes

Axes	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7
Valeur propre	4,371	2,437	2,103	1,975	1,570	1,483	1,046
Variabilité (%)	23,004	12,827	11,068	10,395	8,263	7,803	5,507
% cumulé	23,004	35,830	46,899	57,293	65,557	73,360	78,867
LrgF	0,688	8,713	0,861	9,293	12,787	5,738	1,546
NTF	1,363	6,225	5,502	13,404	1,168	4,799	6,659
NFSE	3,742	2,703	2,124	0,138	1,106	3,419	26,384
HIE	3,469	1,374	0,572	9,534	34,930	0,167	0,305
HP	5,935	0,029	6,133	13,256	11,198	0,657	3,355
DT	0,118	<b>21,287</b>	0,322	0,243	0,399	4,690	9,323
LongP	6,104	1,165	<b>21,255</b>	0,437	0,106	0,210	0,428
LBMP	1,152	7,622	<b>16,351</b>	0,687	2,323	9,787	0,152
NRP	0,943	4,956	0,216	10,730	4,720	9,597	9,533
PE	<b>12,674</b>	3,716	0,001	6,950	1,805	2,637	0,678
NGT	<b>13,287</b>	0,487	0,306	6,100	2,741	0,642	9,996
P10G	4,812	8,435	7,907	0,316	1,269	3,380	11,837
SME	<b>14,295</b>	0,030	8,274	0,393	0,015	1,000	1,093
NR	3,493	<b>14,025</b>	0,955	3,660	0,691	1,510	10,353
NGR	<b>12,954</b>	1,439	0,328	2,748	0,481	13,410	0,756
larG	0,043	4,046	11,074	4,463	0,130	23,882	2,463
HG	8,682	1,227	12,185	0,069	3,389	0,204	2,162
LG	5,957	7,062	4,739	8,361	0,480	6,351	0,093
Pro	0,290	5,460	0,895	9,219	20,259	7,919	2,883

La longueur de la feuille (LrgF), Var (variable), moyenne (Moy ), écart-type (ET ), la largeur de la feuille (LrgF), le nombre total de feuilles (NTF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur d'insertion de l'épi (HIE), la hauteur de la plante (HP), le diamètre de la tige (DT), la densité à la levée (DL), le nombre de grains total (NGT), le nombre de grains sucrés (NGS), le nombre de grains normaux (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la section moyenne de la rafle (SMR), la longueur de la graine (LG), la hauteur de la graine (HG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le poids de l'épi (PE), le poids de la rafle (PR), la floraison mâle à 50 % (FM) la longueur de l'épi (LE), la maturité (MAT), le nombre de rangées (NR).

La figure 8 permet d'appréhender la disposition des variables et la répartition des lignées par rapport aux trois premiers axes F1, F2 et F3. En effet, les lignées disposées auprès de l'axe F1 sont grandes de taille, de nombreux grains, de grosse SME et de PE élevé tandis que les

lignées disposées auprès de l'axe F2 présentent des caractéristiques contraires pour ces variables.

Aussi, les lignées disposées auprès de l'axe F2 se définissent par un NR élevé, de gros diamètre de tige et sont plus longues en brin mètre de panicule tandis que les lignées proches de l'axe F1 sont petites en diamètre de tige et de NR bas.

Quant aux lignées réparties autour de l'axe F3 elles ont la LongP et la LBMP élevées mais de courte taille avec des composantes de rendement faibles.

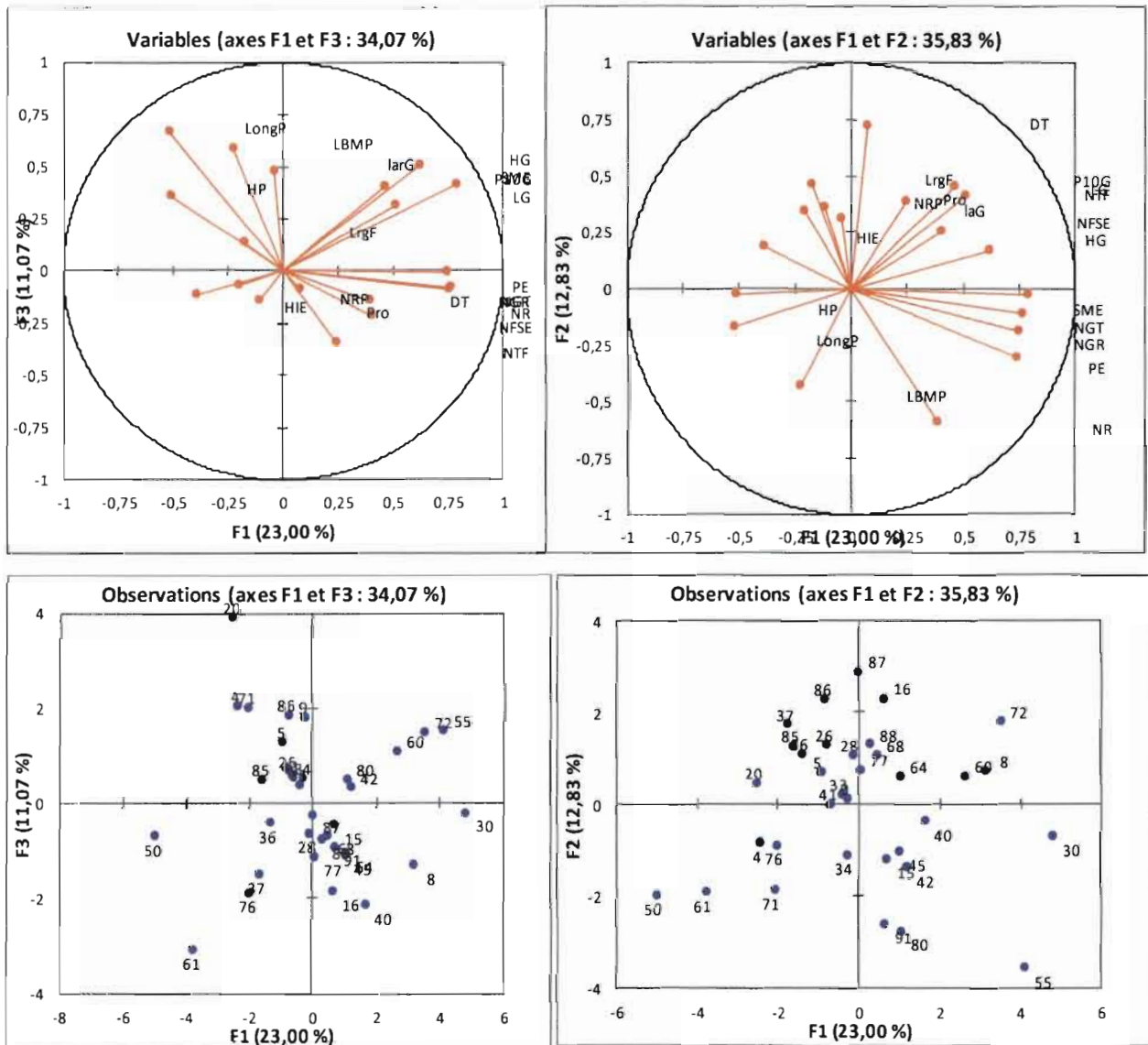


Figure 8: Répartition des variables et les lignées sur les différents axes de l'ACP

### 3.1.2.1.5.2. Résultat de la classification ascendante hiérarchique (CAH)

Le regroupement en classes homogènes fait apparaître deux (2) classes pour un même niveau de section que la figure 7 (niveau de section 1 du dendrogramme). La classe 1 qui se subdivise en deux sous classes dont la première se subdivise aussi en 2 autres sous classes

dont l'une compte 7 lignées qui se caractérisent par un NGT très faible ( $< 42$  gains) tandis que l'autre comporte 12 lignées et présente une SME un NGT moyens (entre 50 et 86 grains autour de 3 cm pour la SME). La deuxième sous classe se subdivise aussi en 2 autres sous classes dont la première est constituée de quatre lignées de NGT élevé (entre 170 et 216 grains) et la deuxième compte cinq lignées de NGT inférieur par rapport à la précédente (entre 125 et 160 grains). Quant à la classe 2 elle compte seulement 6 lignées en deux ramifications dont la première ramification comprend 4 lignées ayant le NGT très élevé (situé entre 240 et 300 grains) et la deuxième a 2 lignées ayant le NGT ( $> 300$  grains) et la SME ( $> 3,50$  cm) les plus élevés de toutes les lignées.

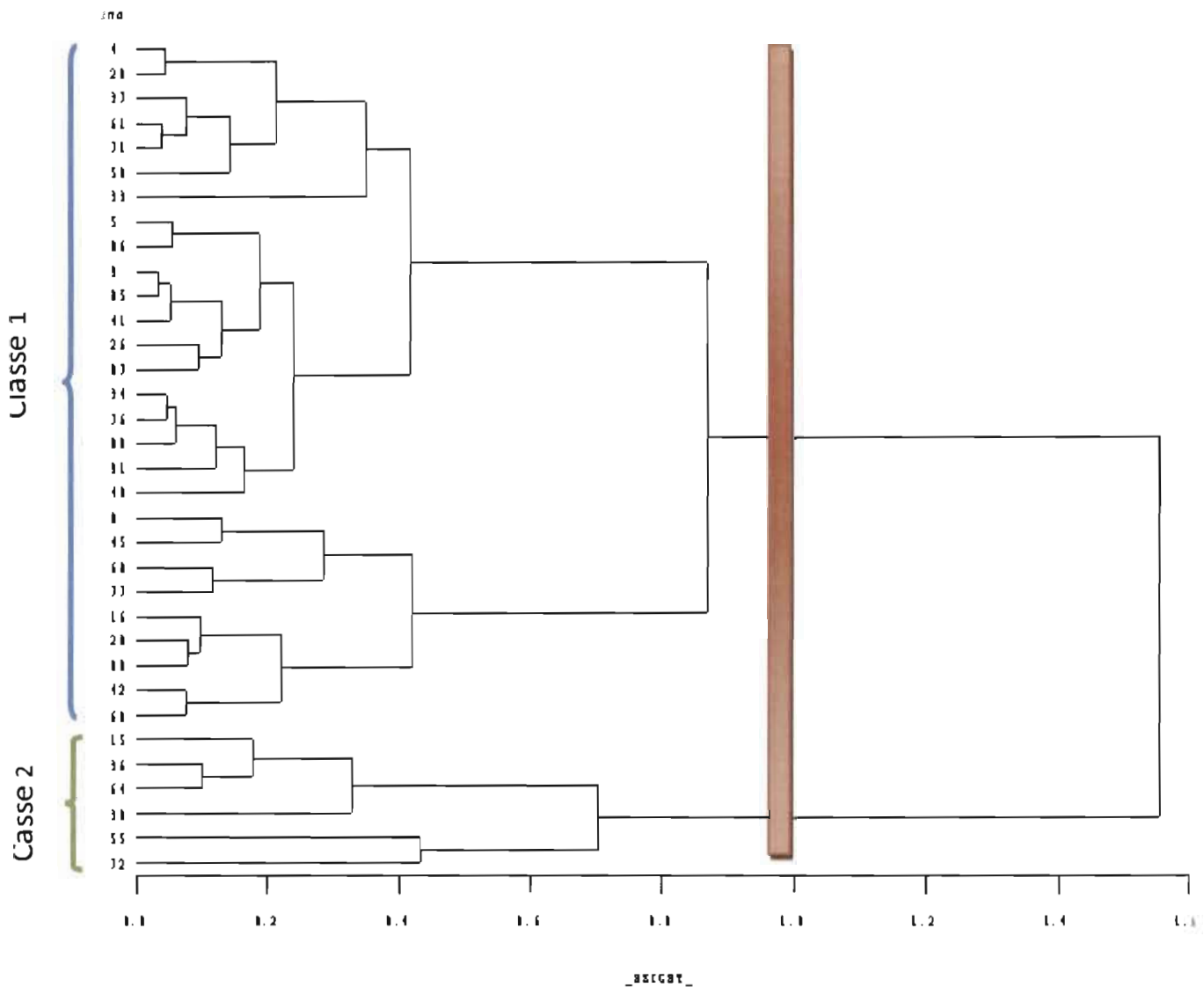


Figure 9 : Regroupement des lignées en classes homogènes



### 3.1.2.2. Discussion

De l'évaluation des 95 familles au niveau agro-morphologique, l'analyse a montré que les valeurs moyennes des lignées sont pour la plupart supérieures à celles du témoin FBML10 ainsi que le coefficient de variation sauf pour la FM et la MAT. Les moyennes supérieures s'expliqueraient par l'effet d'hétérosis où la vigueur hybride s'exprime au sein des lignées (Gallais 2009).

Le coefficient de variation élevé s'explique par une hétérogénéité du matériel végétal tandis que cela est faible pour FBML10 et signifierait une tendance d'homogénéisation de ce matériel. En effet ce dernier étant une lignée fixée, la variation génétique serait nulle et celle observée serait due à l'environnement d'étude (Falconer 1974). Mais le coefficient de variation faible pour la FM et la MAT s'explique par le fait que c'étaient des valeurs moyennes par parcelle qui étaient prises lors de la récolte des données.

De l'évaluation de la variabilité par lignée et par variable, les proportions se confirment pour les variables architecturales dont 57 à 99% des lignées expriment une moyenne supérieure au témoin pour les variables principales considérées. Le contraire observé pour les variables des composantes de rendement à savoir le PE, le P10G, le NGR, la larG, et la HG, où en moyenne c'est FBML10 qui est supérieur serait lié aux conditions de poches de sécheresse que les essais ont traversé. En effet, FBML10 est résistant à la sécheresse et les gènes responsables de ce caractère se sont exprimés lors des conditions de culture contrairement aux autres lignées qui seraient dépourvues de ces gènes favorables (Ouattar et al. 1987).

Quant à l'évaluation agro-morphologique et génétique par lignée et par variable des 95 lignées, il ressort des différences à des degrés divers entre les lignées. Cela s'observe également au sein de certaines lignées pour des caractères donnés et des similitudes pour d'autres caractères. La détermination de l'écart-type génétique des variables a permis d'identifier celles qui étaient liées à l'environnement afin de tirer des conclusions. A cet effet les valeurs nulles de l'écart-type génétique moyen (E<sub>gm</sub>) d'une variable donnée signifierait que la lignée est fixée pour cette variable. Sanou (1996) indique que si l'écart-type génétique d'une composante est nul alors celle-ci est fixée et sa variation est nulle. Les faibles valeurs expliqueraient donc une faible variation de la lignée pour les variables données.

Par contre les valeurs élevées de l'écart type génétique d'une variable donnée explique une hétérogénéité élevée de la lignée pour ce caractère. Le phénomène de l'hétérosis serait important au sein de cette lignée pour ce caractère et la dépression de consanguinité à l'opposé aussi élevée (Gallais 2009).

Aussi, l'évaluation de la variabilité génétique des cinq composantes de rendement a montré que 66,31 % des lignées en étude varient pour toutes ces cinq composantes de rendement. De ce fait, Sanou et *al.* 1999 ont montré que seulement 1,63 % des lignées S4 à S7 extraites de la variété MAKKA ont varié pour ces cinq composantes de rendement. Ce taux élevé (66,31 %) des lignées variant s'expliquerait d'une part par la précocité du matériel en évaluation (S1), donc toujours très variable et d'autre part cela est dû au fait que le matériel n'a pas été séparé des épis qui contiennent un mélange de grains sucrés pour l'évaluation génétique. Ainsi cela offre toujours au sélectionneur beaucoup de possibilités d'intervention sur le gène de la lignée à modifier. On pourrait donc dire que plus l'écart type génétique d'un caractère est élevé, plus cette lignée est hétérogène pour ce caractère et les possibilités d'intervention d'amélioration du sélectionneur sont multiples.

De l'analyse séparée des groupes homozygotes et ceux hétérozygotes, les différences de moyennes de l'évaluation agro-morphologiques observées entre le groupe des homozygotes et celui des hétérozygotes sur certaines variables signifient que ces dernières sont les « clés » de distinction des plantes homozygotes de celles hétérozygotes. En effet, chaque variable est caractéristique du groupe auquel elle apporte des précisions contrairement aux variables qui donnent des valeurs égales pour les deux groupes de plantes.

De l'analyse de la variabilité génétique des épis homogènes aux grains normaux, une évaluation séparée des caractères architecturaux et des composantes de rendement a été menée avant de faire une évaluation combinatoire de l'ensemble de tous les caractères. L'analyse séparée a montré que 76,47 % et 64,71 % des lignées ont un coefficient de variation génétique nul pour respectivement tous les caractères architecturaux et les composantes de rendement et aucune des lignées n'est variable pour tous les caractères considérés. Quant à l'évaluation globale de tous les caractères (17), 52,94 % des lignées ont un coefficient de variation génétique (CVg) nul c'est-à-dire ne variant plus pour tous les caractères étudiés. La sélection doit être arrêtée au sein de ces lignées pour être utilisée dans des combinaisons pour la création variétale. En plus, 8,82 % des lignées ont un CVg compris entre 0 et 0,125. Ce qui explique une variabilité très faible au sein de ces lignées et par conséquent ces lignées peuvent être considérées comme étant homogènes (Falconer et Mackay 1996). On note donc un niveau de fixation génétique global de 61,76 % des lignées homogènes étudiées. Par ailleurs ce niveau de fixation génétique est légèrement inférieur à celui rapporté par Nour 2013 pour cinq caractères des lignées S2 issues de l'autofécondation entre Obatanpa et SR21. Cela paraît normal compte tenu du niveau de sélection du matériel en étude (S1) par rapport à celui comparé. Par contre Sanou et *al.* 1999 avaient montré que 31,14 % des lignées S4 à S7

extraites de la variété MAKKA ne variaient plus pour cinq composantes de rendement. Cela serait lié aux sources des lignées qui sont des composites et qui peuvent différer du nombre de caractères utilisés dans le brassage lors de leur création.

En plus, dans cette étude, aucune lignée ne varie pour tous les caractères. Dans cette logique, Nour en 2013 a montré que les lignées S2 extraites de SR 21 et Obatanpa non totalement fixées ne variaient que pour un seul caractère des cinq caractères étudiés. Dans le même sens Sanou et *al.* 1999 ont trouvé que 41,62% des lignées S4 à S7 extraites de la variété MAKKA ont varié pour un à deux caractères; 26,21% pour au moins trois composantes et 1,63% pour les cinq composantes étudiées.

De l'étude de classification des lignées, à un même niveau de section du dendrogramme, le premier donne trois classes homogènes tandis que le deuxième révèle deux classes homogènes. Cette différence de niveau de classe montre que le matériel du deuxième est plus homogène que celui du premier. Cela signifie que beaucoup de lignée partagent les mêmes caractères au sein du matériel et par conséquent représente une répétition au sein de ce matériel et doivent être éliminées en cas création variétale.

### **Conclusion partielle**

A l'issue de l'étude comparative entre les groupes des plantes homozygotes et celles hétérozygotes il se révèle que la LngF, la HIE, la LBMP, le NGT, le NR, NGR, NFSE, le NRP et la larG se distinguent des plantes homozygotes à celles hétérozygotes. Ces caractères sont donc les caractères agro-morphologiques marqueurs génotypiques des lignées.

La détermination de l'écart type génétique a permis de noter que des lignées bien qu'hétérozygotes sont fixées pour certains caractères. Aussi les plantes homozygotes d'une part et celles hétérozygotes d'autre part présentent des caractères agro-morphologiques similaires. En plus, 61,76 % des lignées homogènes sont fixées pour tous les caractères et aucune lignée n'est variable pour tous les caractères étudiés.

## CONCLUSION GENERALE ET PERSPECTIVES

Au terme de la présente étude qui a porté sur les activités d'évaluation de la variabilité génétique des caractères agro-morphologiques des descendants de croisement entre un hybride simple de maïs sucré avec une lignée fixée et une variété composite résistante à la sécheresse, il est important de noter que :

- Les plantes hétérozygotes peuvent être identifiées en phase de montaison avec un niveau de probabilités élevées à travers l'effet d'hétérosis des hybrides, mais difficile pour les plantes homozygotes.
- Il existe des variables agro-morphologiques marqueurs phénotypiques de l'état d'homozygotie ou d'hétérozygotie intra-familles S1 des croisements VMHI x FBML10 et VMHI x Wari.
- Les descendants d'un même croisement présentent des caractéristiques agro morphologiques similaires d'une part pour des variables données et d'autre part sont différentes vis-à-vis d'autres variables.
- Soixante un virgule soixante-onze pour cent (61,71 %) des lignées homogènes ne varient plus pour tous les caractères considérés étudiés à l'issue du calcul des déterminants génétiques à savoir l'écart-type génétique moyen (ETgm) et le coefficient de variation génétique (CVg).
- Trente-huit virgule vingt-neuf pour cent (38,29 %) des lignées présentent encore une variabilité et nécessite la poursuite de la sélection.
- Certaines lignées sont fixées au stade S1 pour des caractères donnés tandis que d'autres présentent une variabilité élevée pour des caractères bien précis.

En perspectives, il serait important de :

- Evaluer les lignées obtenues vis-à-vis de la sécheresse et des maladies ;
- Régénérer les lignées homogènes après leur évaluation pour constituer des bases de création d'hybrides simples.
- Continuer l'activité d'autofécondation avec les lignées non encore fixées jusqu'à leur fixation totale ;
- Reprendre l'estimation de la variabilité génétique des caractères avec le même dispositif mais en réduisant l'écart d'emplacement du témoin afin d'estimer le mieux l'effet de l'environnement mais aussi avec au moins deux (2) témoins différents.

## Références bibliographiques

- APG III, 2009. Classification du maïs (*Zea mays* L.) selon le type Angiosperms Phylogeny Group III, sp.
- ANDERSON E. 1945, What is the *Zea mays*? A report of progress. *Chron. Bot.* 9 , 88-92.
- BOUDA S. K. , 2014. Evaluation sous stress hydrique du comportement de lignées de maïs de PINER. Master Professionnel en Sélection et valorisation des Ressources Phylogénétiques, UFR/SVT. 59p.
- CARLSON R. W., 1977: The cytogenetics of corn in *Corn and corn improvement*, Sprague G. F., Number 18 In the series AGRONOMY, American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin, USA, 225-293p.
- CIMMYT, 1994. 1993/1994 world maize facts and trends. Mexico, DF.
- CIMMYT, 1985. Managing trials and reporting data for CIMMYT's international maize testing program. Mexico: Mexique.
- CRUIZIAT P., TYREE M.T., 1990. La montée de la sève dans les arbres. *La Recherche*. Vol 21, n° 220, pp 406-414.
- DABIRE F., 2000. Sélection inter et intra variétale pour la résistance à la sécheresse en cours de culture chez le maïs (*Zea mays* L.), Mémoire de fin de cycle, IDR, UPB, Bobo Dioulasso, Burkina Faso, 79p.
- DGPER, 2012. Résultats définitifs des campagnes agropastorales 2011/2012. DGPER /DPSAA, Burkina Faso.
- DGPER, 2013. Résultats définitifs de la campagne agricole et de la situation alimentaire et nutritionnelle 2012/2013. MASA, Burkina Faso
- DGPSA, 2008. Rapport résultats définitifs de la campagne agricole 2007/2008. Burkina Faso.
- DGPSA, 2009. Rapport sur les conditions de vie des ménages au Burkina Faso.
- DPSAA/DGPER, 2010. Résultats définitifs de la campagne agricole et de la situation alimentaire et nutritionnelle 2010-2011. DGPER/MAHRH, Ouagadougou, Burkina Faso.
- DPSAA/DGPER, 2012. Résultats définitifs de la campagne agricole et de la situation alimentaire et nutritionnelle 2011/2012. Ministère de l'Agriculture, de l'Hydraulique et des Ressources Halieutiques. 56p.
- DE LEON, 1984: Maladie du maïs, guide d'identification au champ, CIMMYT, Mexico, 114p.
- FALCONER D.S. , 1974. Introduction à la génétique quantitative. Paris : Masson et CIE, 284p.

FAO, 1980 : Réponse des rendements à l'eau. Bulletin FAO d'irrigation et de drainage, n°33 (A C\* E F), Rome, Italy, 193p.

FAO, 01 Février 2011, Statistiques agricoles. Monde.

GALLAIS A., 1984: An analysis of heterosis versus inbreeding effects with an autotetraploid cross fertilized plant, *Medicago sativa* L. *Genetics*, pp 123-137.

GALLAIS A., 2009: Hétérosis et variétés hybrides en amélioration des plantes, 356p.

GALLAIS A., 2011 : Méthodes de création de variétés en amélioration des plantes, 278p.

GUINKO S. 1984. Végétation de Haute-Volta. Thèse de doctorat. Tome I. Université de Bordeaux III. France, 313p.

HALLAUER A.R., MIRANDA J.B. ,1988. Quantitative genetics in maize breeding. 2nd edition. Ames.IA.USA: Iowa State University Press.

HIEMA C.S. , 2005. Caractérisation et classification des lignées de maïs (*Zea mays* L). Mémoire de fin d'étude. Institut du Développement Rural , Université Polytechnique de Bobo : Bobo Dioulasso, Burkina Faso, 70p.

JONES D.F. , 1918. The effects on inbreeding and cross-breeding upon development. *Conn. Agric. Exp. Sta. Bull.*, 207:5-100.

JOHNSON L. A., HARDY C.L., BAUMEL C.P., YU T.H. & SELL J.L., 2001: Identifying valuable corn quality traits for livestock feed. *Cereal Foods World* 46: 472-481.

LE CLECH, B., 2000 : agronomie, des bases aux nouvelles orientations, Ecole Nationale d'ingénieurs des travaux Agricoles de Bordeaux, 339p.

LE CONTE J., 1950. Le maïs hybride aux Etats-unis d'Amérique. Archives de l'Institut des recherches agronomiques de l'Indochine. 187p.

MAHRH., 2006: Résultats définitifs de la campagne agricole et de la situation alimentaire.

MASA, 2013. Situation de référence des principales filières agricoles au Burkina Faso.

MORANT P., 1984. Situation géographique de la station de Farako-Bâ. 6p.

NOUR M, 2013. Sélection généalogique de lignées homogènes dans les variétés de maïs (*Zea mays* L.) SR21 et Obatanpa de cycle intermédiaire vulgarisé au Burkina Faso. Master Professionnel en Protection Et Amélioration des Plantes UFR/SVT. 62p.

OUATTARA J.A., SANOU J. & DAO A., 2012: Espoir, solution pour une bonne alimentation, la preuve par les lapins. INERA/CT, 1p.

OUEDRAOGO N., 2008. Amélioration variétale de la résistance à la sécheresse en cours de culture de quatre variétés de maïs riches en protéine : cas de Espoir, Obatanpa, QPM1 et QPM2. Mémoire de fin de cycle d'ingénieur du développement rural, IDR /UPB, Burkina Faso, 43p.

- ROUANET G., 1984. Le maïs : Le technicien d'Agriculture tropicale. Édition Maisonneuve et Larose, Paris, France, 142p.
- SANOUE J., 1989 : création d'un composite jaune demi-précoce : FBC6
- SANOUE J., 2012. Variétés de maïs vulgarisées au Burkina Faso, réactualisation 2009. INERA/CT, Bobo Dioulasso, 2p.
- SANOUE J., 1991. Sélection du maïs (*Zea mays* L.) pour la résistance à la sécheresse. Synthèse bibliographique, ENSA Montpellier. 17p.
- SANOUE J., 2011. Fiches techniques sur le maïs. Rapport INERA station de Farako-Bâ.
- SANOUE J., 2012b. Déterminants génétiques de la variabilité génétique en amélioration variétale du maïs. INERA/DPV/CT , 5p.
- SANOUE J., 2012a. Fiche de présentation d'un thème de stage. INERA/CNRST, 1p.
- SANOUE J., 2009. Variétés de maïs vulgarisées au Burkina Faso. INERA/CT, 2p.
- SANOUE J., OUATTARA D., CUTTIER B. & SOME K. (1999). La collection d'évaluation de base : un dispositif simple pour une évaluation préliminaire de la variance génétique des caractères quantitatifs chez le maïs. Dans F. M. BADU-APRAKOU B., Impact, challenges and prospects of maize research and development in West and Central Africa (pp. 163-173).
- SARR B., KAFANDO L, ATTA S., 2011. Identification des risques climatiques de la culture du maïs au Burkina Faso. In: International Journal of Biological and Chemical Sciences. Vol 5, n°4.
- SARR A., 1975. Model d'étude d'une structure de population : Analyse de la variabilité génétique de populations "naturelles" de maïs (*Zea mays* L.) du Sénégal. Thèse de Docteur-Ingénieur. Université de Paris-Sud. 155p.
- SPRAGUE G.F., 1946. Early testing of inbred lines of corn. J. Am. Soc. Agron. 38, 108-117.
- STRINFIELD G.H., 1974. Developing heterozygous parent stocks for maize hybrids. Dekalb. Il. USA: Dekalb Ag. Research.
- TRAORE C. O., 2013. Evaluation des caractéristiques agro-morphologiques et nutritionnelles des lignées de maïs (*Zea mays* L) extraites de deux variétés de maïs vulgarisées (ESPOIR ET FBC6). Mémoire de fin de cycle de Master Professionnel en Protection Et Amélioration des Plantes UFR/SVT. 58p.
- WHO., 2003. Micronutrient Deficiency: Combating Vitamin A Deficiency. Geneva: World Health Organization.
- WRIGHT L.I., TREGENZA T. & HOSKEN D.J., 2008. Inbreeding, inbreeding depression and extinction. Conservation Genetics, 9,833-843.

ZOMA W. O., 2010. Amélioration de la variété Espoir de maïs en vue de l'intensification de sa culture. Mémoire de fin de cycle, IDR, UPB, Bobo Dioulasso, Burkina Faso, 51P.



## Annexes

### Annexe I : Calendrier cultural de la conduite des essais

N° pte	Code	Labour	Composte	Semis	NPK	Urée1	Urée2+Butage	Récolte
1	FB15C1-1	27/08/2015	14/10/2015	30/09/2015	14/10/2015	29/10/2015	13/11/2015	
2	FB15C1-2	27/08/2015	17/10/2015	17/10/2015	01/11/2015	16/11/2015	30/11/2015	
1'	FB15C1-1'	30/01/2016	05/02/2016	05/02/2016	05/02/2016	06/03/2016	20/03/2016	

### Annexe II : Liste du matériel Végétal de l'essai 2

Geno	Codification du matériel	Geno	Codification du matériel	Geno	Codification du matériel	Geno	Codification du matériel
1	ERL8-29-1	26	ERL8-34-1	51	ERL8-39-2	76	ERL8-44-1
2	ERL8-29-13	27	ERL8-34-3	52	ERL8-39-3	77	ERL8-44-7
3	ERL8-29-7	28	ERL8-34-14	53	ERL8-39-6	78	ERL8-44-8
4	ERL8-29-15	29	ERL8-34-12	54	ERL8-39-4	79	ERL8-44-6
5	ERL8-29-5	30	ERL8-34-10	55	ERL8-39-1	80	ERL8-44-4
6	ERL8-30-1	31	ERL8-35-1	56	ERL8-40-9	81	ERL8-45-10
7	ERL8-30-10	32	ERL8-35-10	57	ERL8-40-4	82	ERL8-45-9
8	ERL8-30-8	33	ERL8-35-9	58	ERL8-40-11	83	ERL8-45-5
9	ERL8-30-12	34	ERL8-35-2	59	ERL8-40-10	84	ERL8-45-8
10	ERL8-30-11	35	ERL8-35-7	60	ERL8-40-2	85	ERL8-45-4
11	ERL8-31-5	36	ERL8-36-2	61	ERL8-41-6	86	ERL8-46-14
12	ERL8-31-4	37	ERL8-36-7	62	ERL8-41-5	87	ERL8-46-2
13	ERL8-31-1	38	ERL8-36-3	63	ERL8-41-3	88	ERL8-46-19
14	ERL8-31-2	39	ERL8-36-5	64	ERL8-41-12	89	ERL8-46-11
15	ERL8-31-12	40	ERL8-36-4	65	ERL8-41-7	90	ERL8-46-7
16	ERL8-32-1	41	ERL8-37-4	66	ERL8-42-6	91	ERL8-47-5
17	ERL8-32-11	42	ERL8-37-2	67	ERL8-42-7	92	ERL8-47-1
18	ERL8-32-2	43	ERL8-37-6	68	ERL8-42-2	93	ERL8-47-6
19	ERL8-32-3	44	ERL8-37-5	69	ERL8-42-5	94	ERL8-47-2
20	ERL8-32-6	45	ERL8-37-11	70	ERL8-42-4	95	ERL8-47-7
21	ERL8-33-9	46	ERL8-38-3	71	ERL8-43-7		
22	ERL8-33-2	47	ERL8-38-8	72	ERL8-43-5		
23	ERL8-33-12	48	ERL8-38-6	73	ERL8-43-9		
24	ERL8-33-5	49	ERL8-38-9	74	ERL8-43-10		
25	ERL8-33-14	50	ERL8-38-5	75	ERL8-43-4		

Annexe III : Calendrier d'irrigation des essais

Octobre							Novembre						
Lun	Mar	Mer	Jeu	Ven	Sam	Dim	Lun	Mar	Mer	Jeu	Ven	Sam	Dim
			1	2	3	4							1
5	6	7	8	9	10	11	2	3	4	5	6	7	8
12	13	14	15	16	17	18	9	10	11	12	13	14	15
19	20	21	22	23	24	25	16	17	18	19	20	21	22
26	27	28	29	30	31		23	24	25	26	27	28	29
							30						

Décembre							Janvier						
Lun	Mar	Mer	Jeu	Ven	Sam	Dim	Lun	Mar	Mer	Jeu	Ven	Sam	Dim
	1	2	3	4	5	6					1	2	3
7	8	9	10	11	12	13	4	5	6	7	8	9	10
14	15	16	17	18	19	20	11	12	13	14	15	16	17
21	22	23	24	25	26	27	18	19	20	21	22	23	24
28	29	30	31				25	26	27	28	29	30	31

Février						
Lun	Mar	Mer	Jeu	Ven	Sam	Dim
1	2	3	4	5	6	7
8	9	10	11	12	13	14
15	16	17	18	19	20	21
22	23	24	25	26	27	28
29						

Annexe IV : valeurs propres des composantes principales et les scores des variables (%) dans la contribution à la formation des quatre premiers axes

Axes	F1	F2	F3	F4
Valeur propre	6	4,2	2,26	1,85
Variabilité (%)	37,55	26,24	14,14	11,56
Cumulée (%)	37,55	63,8	77,94	89,49
LrgF	10,422	3,842	8,800	0,263
NFSE	14,017	0,105	0,082	2,106
HP	2,427	1,032	0,350	32,630
LongP	11,447	2,929	0,134	4,580
LBMP	7,397	0,685	16,910	0,156
NRP	13,296	0,054	0,476	3,864
Pro	5,955	10,231	3,309	1,277
FM	11,564	4,446	2,402	1,096
LE	2,642	9,426	2,656	7,923
NGT	1,310	17,058	1,517	0,170
larG	0,256	11,893	12,809	8,675
LG	3,764	6,100	17,237	2,548
P10G	0,033	13,519	7,079	11,183
SME	3,129	0,001	19,923	14,882
NR	6,106	5,191	4,959	8,603
NGR	6,237	13,489	1,356	0,044

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de graines totales (NGT), , le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (LongP), le nombre de ramification de la panicule (NRP), la floraison mâle à 50 % (FM), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR)

Annexe V : Intervalles de confiance

IC	Entry	1	2	3	4	5	6	7	8
	Borne inf	6,6	5,6	6,7	6,3	6,8	6,0	6,3	6,9
LrgF	Borne sup	8,7	7,1	9,1	8,4	9,1	7,7	9,2	9,7
	Borne inf	5,2	4,3	5,0	5,6	6,1	5,1	5,3	5,7
NFSE	Borne sup	6,9	6,0	6,8	7,7	9,3	7,0	7,2	8,6
	Borne inf	8,7	6,1	9,9	13,1	16,4	8,1	9,9	12,5
NRP	Borne sup	19,5	19,6	23,4	23,6	30,3	18,6	18,7	25,4
	Borne inf	0,8	1,0	0,8	0,8	0,8	0,8	0,8	0,8
Pro	Borne sup	1,4	1,0	1,4	1,5	1,5	1,3	1,6	1,4
	Borne inf	-7,6	29,9	78,8	28,1	21,8	50,1	29,0	6,0
NGT	Borne sup	263,1	188,3	279,8	254,3	218,3	226,4	249,3	178,4
	Borne inf	10,9	11,4	12,3	11,5	11,9	11,7	12,4	12,5
NR	Borne sup	16,1	14,0	16,3	14,1	16,0	15,1	16,8	16,4
	Borne inf	9,1	9,2	9,7	9,4	8,2	8,4	9,6	7,8
LE	Borne sup	14,2	12,9	13,1	13,7	11,9	12,5	15,3	12,2
	Borne inf	6,9	7,8	11,4	8,1	6,3	8,7	9,5	6,0
NGR	Borne sup	22,7	20,5	23,0	22,9	18,9	23,0	22,0	18,2

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuille supérieur à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de grain total (NGT), , le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (LongP), le nombre de ramification de la panicule (NRP), la floraison mâle à 50 % (FM), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).

Annexe VI : Matrice de corrélation de l'essai 2

	LngF	LrgF	NTF	NFSE	HIE	HP	DT	LongP	LBMP	NRP	LE	PE	NGT	NGS	NGN	P10G	SME	NR	NGR	PR	laG	HG	CircE	CirR	LG	
<b>LngF</b>	1,00																									
<b>LrgF</b>	<b>0,69</b>	1,00																								
<b>NTF</b>	<b>0,40</b>	<b>0,38</b>	1,00																							
<b>NFSE</b>	<b>0,29</b>	0,16	<b>0,62</b>	1,00																						
<b>HIE</b>	<b>0,59</b>	<b>0,56</b>	<b>0,61</b>	0,21	1,00																					
<b>HP</b>	<b>0,64</b>	<b>0,52</b>	<b>0,57</b>	<b>0,24</b>	<b>0,92</b>	1,00																				
<b>DT</b>	<b>0,70</b>	<b>0,65</b>	<b>0,47</b>	<b>0,24</b>	<b>0,79</b>	<b>0,72</b>	1,00																			
<b>LongP</b>	<b>0,49</b>	<b>0,39</b>	0,09	-0,10	<b>0,46</b>	<b>0,67</b>	<b>0,38</b>	1,00																		
<b>LBMP</b>	0,20	0,08	-0,03	<b>-0,26</b>	0,18	<b>0,35</b>	0,06	<b>0,62</b>	1,00																	
<b>NRP</b>	<b>0,43</b>	<b>0,43</b>	<b>0,39</b>	<b>0,27</b>	<b>0,62</b>	<b>0,59</b>	<b>0,56</b>	0,20	-0,01	1,00																
<b>LE</b>	<b>0,26</b>	<b>0,37</b>	0,03	0,07	0,17	0,20	<b>0,34</b>	0,21	-0,10	<b>0,33</b>	1,00															
<b>PE</b>	<b>0,37</b>	<b>0,45</b>	<b>0,27</b>	0,01	<b>0,53</b>	<b>0,55</b>	<b>0,40</b>	<b>0,49</b>	<b>0,27</b>	<b>0,33</b>	<b>0,30</b>	1,00														
<b>NGT</b>	<b>0,33</b>	<b>0,45</b>	<b>0,30</b>	-0,05	<b>0,52</b>	<b>0,48</b>	<b>0,43</b>	<b>0,41</b>	<b>0,27</b>	<b>0,28</b>	0,21	<b>0,90</b>	1,00													
<b>NGS</b>	<b>0,39</b>	<b>0,48</b>	0,20	-0,07	<b>0,45</b>	<b>0,35</b>	<b>0,40</b>	0,20	0,06	<b>0,30</b>	<b>0,32</b>	<b>0,60</b>	<b>0,72</b>	1,00												
<b>NGN</b>	<b>0,29</b>	<b>0,40</b>	<b>0,30</b>	-0,02	<b>0,49</b>	<b>0,48</b>	<b>0,42</b>	<b>0,43</b>	<b>0,31</b>	0,23	0,16	<b>0,89</b>	<b>0,96</b>	<b>0,53</b>	1,00											
<b>P10G</b>	<b>0,31</b>	0,13	0,00	0,17	0,18	<b>0,26</b>	0,10	0,23	0,11	0,17	-0,08	<b>0,26</b>	0,07	0,06	0,09	1,00										
<b>SME</b>	<b>0,30</b>	<b>0,27</b>	0,22	0,12	<b>0,35</b>	<b>0,42</b>	<b>0,35</b>	<b>0,42</b>	0,18	<b>0,26</b>	<b>0,33</b>	<b>0,66</b>	<b>0,48</b>	<b>0,41</b>	<b>0,44</b>	0,17	1,00									
<b>NR</b>	<b>0,28</b>	<b>0,40</b>	<b>0,32</b>	<b>0,29</b>	<b>0,36</b>	<b>0,38</b>	<b>0,37</b>	0,22	-0,02	<b>0,35</b>	<b>0,33</b>	<b>0,51</b>	<b>0,47</b>	<b>0,52</b>	<b>0,40</b>	-0,01	<b>0,63</b>	1,00								
<b>NGR</b>	0,23	<b>0,37</b>	<b>0,26</b>	-0,08	<b>0,44</b>	<b>0,39</b>	<b>0,35</b>	<b>0,35</b>	<b>0,25</b>	0,18	0,10	<b>0,86</b>	<b>0,95</b>	<b>0,63</b>	<b>0,94</b>	0,04	<b>0,44</b>	<b>0,36</b>	1,00							
<b>PR</b>	<b>0,36</b>	<b>0,36</b>	0,02	0,01	0,19	<b>0,28</b>	<b>0,33</b>	<b>0,35</b>	0,08	0,21	<b>0,59</b>	<b>0,60</b>	<b>0,47</b>	<b>0,39</b>	<b>0,49</b>	0,11	<b>0,50</b>	<b>0,42</b>	<b>0,38</b>	1,00						
<b>laG</b>	0,09	-0,13	-0,02	0,05	-0,06	0,04	-0,03	-0,02	-0,06	0,02	-0,06	<b>-0,27</b>	<b>-0,34</b>	<b>-0,38</b>	<b>-0,28</b>	<b>0,26</b>	<b>-0,27</b>	<b>-0,36</b>	<b>-0,37</b>	-0,07	1,00					
<b>HG</b>	-0,11	0,12	0,03	0,09	-0,04	-0,01	0,00	0,02	0,00	0,03	0,23	-0,02	-0,06	-0,06	-0,07	-0,15	<b>0,38</b>	<b>0,26</b>	-0,04	-0,10	-0,15	1,00			<b>0,39</b>	
<b>CircE</b>	<b>0,32</b>	<b>0,31</b>	0,24	0,14	<b>0,39</b>	<b>0,47</b>	<b>0,36</b>	<b>0,44</b>	0,19	<b>0,30</b>	<b>0,35</b>	<b>0,68</b>	<b>0,50</b>	<b>0,41</b>	<b>0,45</b>	0,19	<b>0,99</b>	<b>0,62</b>	<b>0,45</b>	<b>0,52</b>	<b>-0,26</b>	<b>0,39</b>	1,00			
<b>CirR</b>	0,18	-0,03	0,15	0,06	0,20	0,18	0,10	0,09	0,07	0,07	-0,08	0,10	0,11	0,13	0,10	0,10	0,22	0,22	0,06	0,09	-0,14	-0,01	0,23	1,00		
<b>LG</b>	-0,04	-0,07	-0,11	-0,24	-0,03	0,03	-0,04	0,13	<b>0,30</b>	-0,09	0,06	0,07	-0,06	-0,18	-0,04	0,03	<b>0,32</b>	<b>-0,41</b>	0,04	-0,03	0,09	<b>0,35</b>	<b>0,34</b>	-0,02	1,00	

En gras, valeurs significatives (hors diagonale) au seuil alpha=0,050 (test bilatéral)

La longueur de la feuille (**LngF**), la largeur de la feuille (**LrgF**), le nombre total de feuille (**NTF**), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (**NFSE**) la hauteur d'insertion de l'épi (**HIE**), la hauteur de la plante (**HP**), le diamètre de la tige (**DT**), le nombre de graines totales (**NGT**), le nombre de graines sucrées (**NGS**), le nombre de graines normales (**NGN**), le poids de 10G (**P10G**), la prolificité (**Pro**), la section moyenne de l'épi (**SME**), la longueur de la graine (**LG**), la hauteur de la graine (**HG**), la longueur du brin mètre de la panicule (**LBMP**), la longueur de la panicule (**LongP**), le nombre de ramifications de la panicule (**NRP**), le poids de l'épi (**PE**), le poids de la rafle (**P**), la longueur de l'épi (**LE**), la maturité (**MAT**), le nombre de rangées (**NR**).

Annexe VII : Matériel végétal de l'essai 2 (Ho, Ht)

Ht				Ho	
Geno	Code	Geno	Code	Geno	Code
46	ERL8-38-3	61	ERL8-41-6	80	ERL8-44-4
90	ERL8-46-7	48	ERL8-38-6	91	ERL8-47-5
80	ERL8-44-4	39	ERL8-36-5	86	ERL8-46-14
91	ERL8-47-5	70	ERL8-42-4	45	ERL8-37-11
95	ERL8-47-7	8	ERL8-30-8	72	ERL8-43-5
89	ERL8-46-11	26	ERL8-34-1	85	ERL8-45-4
83	ERL8-45-5	42	ERL8-37-2	15	ERL8-31-12
23	ERL8-33-12	22	ERL8-33-2	87	ERL8-46-2
86	ERL8-46-14	73	ERL8-43-9	4	ERL8-29-15
54	ERL8-39-4	92	ERL8-47-1	5	ERL8-29-5
45	ERL8-37-11	58	ERL8-40-11	28	ERL8-34-14
1	ERL8-29-1	2	ERL8-29-13	9	ERL8-30-12
72	ERL8-43-5	24	ERL8-33-5	36	ERL8-36-2
85	ERL8-45-4	77	ERL8-44-7	60	ERL8-40-2
15	ERL8-31-12	27	ERL8-34-3	64	ERL8-41-12
87	ERL8-46-2	66	ERL8-42-6	41	ERL8-37-4
4	ERL8-29-15	34	ERL8-35-2	20	ERL8-32-6
5	ERL8-29-5	50	ERL8-38-5	55	ERL8-39-1
59	ERL8-40-10	74	ERL8-43-10	88	ERL8-46-19
56	ERL8-40-9	57	ERL8-40-4	16	ERL8-32-1
28	ERL8-34-14	93	ERL8-47-6	40	ERL8-36-4
79	ERL8-44-6	37	ERL8-36-7	61	ERL8-41-6
9	ERL8-30-12	68	ERL8-42-2	8	ERL8-30-8
12	ERL8-31-4	53	ERL8-39-6	26	ERL8-34-1
84	ERL8-45-8	13	ERL8-31-1	42	ERL8-37-2
36	ERL8-36-2	21	ERL8-33-9	77	ERL8-44-7
60	ERL8-40-2	30	ERL8-34-10	34	ERL8-35-2
64	ERL8-41-12	3	ERL8-29-7	50	ERL8-38-5
41	ERL8-37-4	75	ERL8-43-4	37	ERL8-36-7
20	ERL8-32-6	65	ERL8-41-7	68	ERL8-42-2
55	ERL8-39-1	71	ERL8-43-7	30	ERL8-34-10
88	ERL8-46-19	69	ERL8-42-5	76	ERL8-44-1
16	ERL8-32-1	33	ERL8-35-9	71	ERL8-43-7
40	ERL8-36-4			33	ERL8-35-9

Ht : hétérozygote, Ho : homozygotes, Geno : génotype

## Annexe VIII : Moyennes des variables architecturales

Geno	code	LrgF	NFSE	HIE	HP	DT	LongP	LBMP	NRP
46	ERL8-38-3	7,24	6,27	47,11	110,39	1,59	29,05	2,74	10,85
90	ERL8-46-7	9,19	6,40	56,55	119,36	1,66	29,45	0,14	13,27
80	ERL8-44-4	7,98	5,79	46,79	116,79	1,38	31,61	2,53	12,56
91	ERL8-47-5	7,28	6,79	60,43	126,29	1,44	28,64	1,68	14,93
95	ERL8-47-7	8,28	5,60	63,50	125,20	1,87	30,65	1,91	17,90
89	ERL8-46-11	8,52	6,06	59,06	133,63	1,73	31,13	1,22	21,88
83	ERL8-45-5	8,14	6,18	60,94	127,06	1,62	30,75	3,19	13,63
23	ERL8-33-12	6,25	6,47	57,74	118,79	1,54	27,63	1,79	15,68
86	ERL8-46-14	7,99	6,13	53,77	120,32	1,75	32,29	2,14	13,38
54	ERL8-39-4	7,70	6,58	55,84	111,76	1,61	25,47	1,42	11,95
45	ERL8-37-11	7,49	6,20	54,71	118,69	1,58	28,36	1,98	19,36
1	ERL8-29-1	8,62	6,33	58,33	127,07	1,73	30,29	1,86	18,86
72	ERL8-43-5	6,99	6,18	50,64	115,00	1,70	25,95	3,45	15,90
85	ERL8-45-4	8,61	5,88	67,88	142,56	1,74	33,00	3,81	15,88
15	ERL8-31-12	8,43	6,55	62,65	127,30	1,51	27,00	1,95	15,21
87	ERL8-46-2	8,25	5,53	44,41	103,59	1,75	27,57	0,61	15,93
4	ERL8-29-15	9,08	6,29	59,00	140,64	1,84	34,57	3,00	12,64
5	ERL8-29-5	8,32	6,71	58,63	134,67	1,44	30,58	1,38	21,33
59	ERL8-40-10	7,54	6,00	64,47	141,12	1,52	32,13	3,81	15,81
56	ERL8-40-9	8,55	5,94	58,19	127,25	1,69	33,75	2,41	13,63
28	ERL8-34-14	7,26	5,19	63,67	125,67	1,87	26,27	1,91	17,38
79	ERL8-44-6	8,57	5,71	43,67	95,93	1,54	27,87	1,13	14,76
9	ERL8-30-12	6,85	6,16	48,82	104,29	1,44	27,24	1,21	17,85
12	ERL8-31-4	6,76	5,46	42,25	98,63	1,31	31,13	3,50	14,92

84	ERL8-45-8	7,23	5,91	48,75	104,05	1,69	27,15	1,33	16,91
36	ERL8-36-2	7,86	6,00	70,25	137,67	1,89	28,50	0,25	23,36
60	ERL8-40-2	8,71	5,71	38,12	94,76	1,51	35,06	2,91	10,69
64	ERL8-41-12	7,41	6,43	61,65	130,35	1,53	30,91	2,11	17,78
41	ERL8-37-4	7,17	6,18	70,65	140,29	1,83	31,00	0,85	19,29
20	ERL8-32-6	7,22	5,76	57,35	137,88	1,59	36,88	3,06	15,94
55	ERL8-39-1	6,76	5,77	48,48	121,19	1,41	37,62	6,47	18,36
88	ERL8-46-19	7,48	6,00	55,38	121,77	1,66	28,54	2,38	14,43
16	ERL8-32-1	8,65	7,84	48,65	113,24	1,72	26,73	1,60	24,29
40	ERL8-36-4	8,24	7,93	53,09	112,73	1,76	21,09	0,68	14,15
61	ERL8-41-6	-	6,13	56,35	100,04	1,46	27,78	1,72	22,75
48	ERL8-38-6	-	6,72	58,76	102,24	1,89	25,96	0,73	16,31
39	ERL8-36-5	7,18	6,71	59,30	125,60	1,70	25,00	0,37	22,30
70	ERL8-42-4	7,41	6,28	56,67	106,04	1,70	28,00	2,65	14,21
8	ERL8-30-8	-	5,89	53,50	100,61	1,86	23,56	1,87	18,50
26	ERL8-34-1	-	6,43	55,87	120,65	1,67	29,55	1,98	17,35
42	ERL8-37-2	8,60	6,15	47,16	111,89	1,52	30,00	1,45	26,80
47	ERL8-38-8	6,34	5,86	43,48	110,62	1,33	28,84	5,53	12,56
22	ERL8-33-2	7,89	6,84	52,06	131,12	1,68	34,41	1,32	13,94
73	ERL8-43-9	7,93	7,00	53,20	127,00	1,59	31,20	0,70	16,56
92	ERL8-47-1	-	6,33	63,25	122,95	1,59	30,05	2,11	17,81
58	ERL8-40-11	8,23	6,64	44,63	108,00	1,55	25,50	1,77	20,24
2	ERL8-29-13	-	6,00	31,13	86,88	1,17	28,69	2,41	13,00
14	ERL8-31-2	-	6,21	47,58	103,63	1,17	26,05	2,24	18,17
24	ERL8-33-5	-	6,22	41,18	102,44	1,34	26,28	1,67	15,61



77	ERL8-44-7	-	5,54	49,13	96,71	1,23	27,17	1,43	11,33
27	ERL8-34-3	-	6,95	45,68	112,05	1,44	30,21	1,58	20,16
66	ERL8-42-6	6,95	5,63	45,65	102,00	1,61	30,12	2,56	12,95
78	ERL8-44-8	-	6,15	41,83	94,67	1,30	30,67	1,38	17,38
34	ERL8-35-2	-	6,44	43,38	96,63	1,52	23,13	0,84	10,75
17	ERL8-32-11	-	6,00	42,19	103,69	1,50	27,67	2,47	16,82
18	ERL8-32-2	6,36	6,65	48,45	90,25	1,36	24,79	0,06	12,40
63	ERL8-41-3	7,85	5,23	50,73	94,09	1,42	24,45	0,42	16,46
50	ERL8-38-5	7,87	5,40	42,62	101,31	1,50	33,23	3,96	16,07
19	ERL8-32-3	7,04	6,28	37,19	94,31	1,51	25,97	1,60	9,39
74	ERL8-43-10	7,08	5,85	57,75	119,51	1,57	34,60	3,50	17,00
57	ERL8-40-4	8,38	5,95	46,08	87,38	1,63	28,62	2,00	12,22
93	ERL8-47-6	8,40	6,40	58,00	122,00	1,77	28,44	2,03	12,60
37	ERL8-36-7	7,90	6,48	51,96	121,91	1,65	32,50	1,83	16,09
68	ERL8-42-2	7,48	6,38	44,00	104,33	1,68	29,38	1,00	14,08
53	ERL8-39-6	8,40	6,00	50,75	100,75	1,70	24,75	1,00	20,75
13	ERL8-31-1	7,25	6,00	47,67	113,75	1,39	30,71	2,76	17,36
21	ERL8-33-9	5,75	6,38	34,50	78,13	1,33	24,50	1,63	10,88
30	ERL8-34-10	7,48	6,63	37,60	95,00	1,47	23,13	1,63	13,37
51	ERL8-39-2	7,10	5,76	40,00	82,64	1,44	26,71	1,79	12,95
3	ERL8-29-7	7,75	6,23	50,14	114,57	1,81	31,67	2,50	17,92
32	ERL8-35-10	6,40	6,59	23,25	59,25	1,08	21,75	-	10,06
6	ERL8-30-1	5,60	5,75	33,00	73,00	1,01	23,25	1,00	13,63
49	ERL8-38-9	5,97	6,00	32,92	83,23	1,17	25,38	2,85	13,18
7	ERL8-30-10	6,92	7,07	43,75	91,83	1,31	21,83	0,63	11,29

82	ERL8-45-9	6,80	6,33	32,08	82,83	1,47	25,75	-	11,39
11	ERL8-31-5	7,13	6,68	37,95	95,53	1,36	21,24	0,47	13,00
43	ERL8-37-6	8,02	6,00	38,25	84,50	1,50	25,25	1,13	12,00
29	ERL8-34-12	6,36	6,25	45,50	105,00	1,52	26,90	1,40	18,06
76	ERL8-44-1	6,33	6,38	32,40	87,00	1,42	28,20	1,60	9,70
25	ERL8-33-14	4,73	5,80	18,00	56,00	1,60	17,00	2,00	9,38
62	ERL8-41-5	5,50	6,45	39,50	86,71	1,30	18,57	-	10,00
94	ERL8-47-2	-	6,58	42,83	90,50	1,28	26,00	-	12,83
75	ERL8-43-4	6,50	5,70	25,80	65,00	1,00	24,40	1,00	12,00
44	ERL8-37-5	5,77	5,60	26,80	87,40	1,34	30,80	1,00	10,10
67	ERL8-42-7	6,40	5,30	26,67	69,33	1,27	24,33	-	12,33
31	ERL8-35-1	6,58	5,67	31,17	71,17	1,15	21,17	1,08	11,22
38	ERL8-36-3	6,35	6,10	25,33	74,67	1,23	24,83	1,17	13,60
65	ERL8-41-7	6,50	5,10	28,75	89,75	1,03	29,50	4,00	8,10
52	ERL8-39-3	6,18	5,44	33,00	70,83	1,32	23,00	0,20	12,89
81	ERL8-45-10	7,00	6,14	35,67	80,67	1,40	25,67	1,67	13,83
71	ERL8-43-7	5,15	6,25	37,60	106,80	1,32	32,00	2,00	11,63
35	ERL8-35-7	8,00	6,00	-	-	-	-	-	10,80
10	ERL8-30-11	6,88	6,50	33,75	76,00	1,48	22,33	-	14,00
69	ERL8-42-5	6,17	-	-	-	-	-	-	-
33	ERL8-35-9	7,50	5,86	34,71	90,24	1,39	26,38	1,06	13,00

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de grain normal (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), la floraison mâle à 50 % (FM), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).

## Annexe IX : Ecart types des variables architecturales

Geno	code	EgLrgF	EgNFSE	EgHP	EgLongP	EgLBMP	EgNRP
46	ERL8-38-3	0,09	0,11	18,31	0,86	1,14	- 1,96
90	ERL8-46-7	0,17	0,06	8,46	- 0,04	- 0,68	- 1,52
80	ERL8-44-4	0,28	0,22	9,18	2,04	1,02	- 0,77
91	ERL8-47-5	0,30	0,45	11,28	1,14	0,63	- 1,58
95	ERL8-47-7	0,34	0,22	0,47	3,35	0,38	1,08
89	ERL8-46-11	0,48	- 0,04	- 0,55	0,45	0,30	2,74
83	ERL8-45-5	0,11	0,53	5,35	3,30	1,13	1,10
23	ERL8-33-12	0,17	0,19	2,29	- 0,11	1,08	0,17
86	ERL8-46-14	0,62	0,03	- 1,99	3,67	1,06	- 0,70
54	ERL8-39-4	0,54	0,15	- 1,54	2,62	1,12	2,01
45	ERL8-37-11	0,21	0,29	- 2,45	2,78	1,01	1,41
1	ERL8-29-1	0,49	- 0,11	- 10,54	0,85	0,41	- 0,63
72	ERL8-43-5	0,71	- 0,06	4,72	3,20	0,65	1,38
85	ERL8-45-4	0,25	- 0,14	- 6,15	1,52	1,66	- 0,50
15	ERL8-31-12	0,31	0,34	10,54	1,56	1,60	2,21
87	ERL8-46-2	0,17	0,30	- 0,44	0,94	- 0,12	0,45
4	ERL8-29-15	0,00	0,05	- 4,88	- 0,30	0,28	- 1,11
5	ERL8-29-5	0,50	- 0,14	2,99	1,46	0,39	1,13
59	ERL8-40-10	- 0,01	- 0,10	6,96	0,06	1,04	0,12
56	ERL8-40-9	0,31	- 0,11	7,81	1,87	0,60	- 0,19
28	ERL8-34-14	- 0,11	0,05	4,89	0,82	1,16	0,18
79	ERL8-44-6	0,85	0,33	6,25	0,05	0,58	1,89
9	ERL8-30-12	0,55	0,09	7,25	2,34	0,08	- 0,03
12	ERL8-31-4	0,53	0,27	1,45	- 0,36	0,99	0,63
84	ERL8-45-8	0,02	0,15	- 0,52	1,41	0,17	0,72
36	ERL8-36-2	1,13	0,56	- 4,06	0,49	- 0,77	0,20
60	ERL8-40-2	0,43	0,11	- 4,23	- 0,04	1,44	- 1,56
64	ERL8-41-12	0,45	0,62	1,19	- 0,18	0,43	0,31
41	ERL8-37-4	0,03	0,10	- 1,20	0,13	0,28	1,60
20	ERL8-32-6	0,68	0,06	- 1,77	1,00	1,14	1,34
55	ERL8-39-1	0,42	0,04	- 1,74	- 0,40	1,42	0,44
88	ERL8-46-19	0,74	0,21	2,28	0,51	1,13	2,69
16	ERL8-32-1	0,54	0,81	- 5,72	- 1,71	0,91	0,78
40	ERL8-36-4	0,41	0,35	0,29	- 0,74	- 0,13	- 1,71
61	ERL8-41-6	- 0,75	0,44	6,51	- 2,24	1,19	0,83
48	ERL8-38-6	- 0,79	0,88	3,86	- 2,51	0,14	0,99
39	ERL8-36-5	0,30	0,31	3,03	- 2,30	- 0,03	1,28
70	ERL8-42-4	0,12	0,26	2,29	0,21	0,61	- 0,60
8	ERL8-30-8	- 0,92	0,23	0,08	- 1,92	0,65	1,92
26	ERL8-34-1	- 0,96	0,21	4,62	- 1,66	0,94	- 0,07
42	ERL8-37-2	0,11	0,23	15,42	- 2,29	0,80	2,35

47	<b>ERL8-38-8</b>	0,05	0,69	4,60	- 0,91	1,75	- 0,63
22	<b>ERL8-33-2</b>	0,61	0,55	11,90	- 0,13	0,75	- 0,91
73	<b>ERL8-43-9</b>	1,13	0,69	11,49	- 1,05	0,64	0,52
92	<b>ERL8-47-1</b> -	0,84	1,11	4,10	- 1,02	1,31	0,65
58	<b>ERL8-40-11</b>	0,22	0,30	7,02	0,47	0,66	2,15
2	<b>ERL8-29-13</b> -	0,78	0,61	10,08	0,90	2,11	0,97
14	<b>ERL8-31-2</b> -	0,75	0,20	1,40	- 0,53	0,87	- 0,68
24	<b>ERL8-33-5</b> -	0,72	0,64	4,85	0,43	0,96	1,90
77	<b>ERL8-44-7</b> -	0,69	0,00	1,13	- 0,84	0,53	0,25
27	<b>ERL8-34-3</b> -	0,62	0,49	7,14	- 0,84	1,01	2,85
66	<b>ERL8-42-6</b>	0,30	0,15	5,68	- 0,58	1,78	0,97
78	<b>ERL8-44-8</b> -	0,54	0,24	5,65	- 2,23	0,60	1,11
34	<b>ERL8-35-2</b> -	0,51	0,17	10,61	1,89	0,46	0,02
17	<b>ERL8-32-11</b> -	0,47	0,12	5,14	0,33	1,29	1,41
18	<b>ERL8-32-2</b>	0,41	0,40	8,34	2,17	- 0,48	- 0,35
63	<b>ERL8-41-3</b>	0,45	0,23	10,46	- 0,10	0,15	2,62
50	<b>ERL8-38-5</b>	1,08	0,13	14,27	4,79	1,68	0,43
19	<b>ERL8-32-3</b>	0,26	0,45	11,34	3,55	1,38	0,18
74	<b>ERL8-43-10</b>	0,53	0,46	10,44	2,87	1,66	1,19
57	<b>ERL8-40-4</b>	0,34	- 0,01	4,19	2,63	1,57	- 0,38
93	<b>ERL8-47-6</b>	0,81	0,05	- 1,88	0,58	1,31	- 0,70
37	<b>ERL8-36-7</b>	1,24	0,57	9,48	0,50	1,27	1,35
68	<b>ERL8-42-2</b>	1,09	0,40	4,66	0,39	1,00	- 0,68
53	<b>ERL8-39-6</b> -	0,36	0,11	- 2,04	5,30	0,38	- 0,26
13	<b>ERL8-31-1</b>	0,35	0,14	8,27	2,44	1,26	2,39
21	<b>ERL8-33-9</b>	0,35	1,06	0,96	1,75	1,87	0,12
30	<b>ERL8-34-10</b>	0,77	0,22	- 0,91	3,15	1,29	0,14
51	<b>ERL8-39-2</b>	0,20	0,23	1,00	3,37	1,07	0,05
3	<b>ERL8-29-7</b>	1,13	0,12	- 10,66	- 0,67	0,60	0,66
32	<b>ERL8-35-10</b>	0,26	0,39	5,55	- 2,81	- 0,54	- 0,67
6	<b>ERL8-30-1</b>	0,46	0,30	5,72	2,52	0,74	3,00
49	<b>ERL8-38-9</b>	0,00	0,17	0,64	0,41	1,99	- 0,05
7	<b>ERL8-30-10</b> -	0,21	0,10	2,58	0,59	0,18	- 0,41
82	<b>ERL8-45-9</b> -	0,43	0,28	1,91	1,33	- 0,71	- 0,05
11	<b>ERL8-31-5</b>	0,21	0,25	4,67	1,58	0,39	0,97
43	<b>ERL8-37-6</b> -	0,23	- 0,04	0,26	- 0,69	0,45	0,41
29	<b>ERL8-34-12</b>	0,53	0,77	1,20	- 0,32	0,66	2,49
76	<b>ERL8-44-1</b>	0,91	0,21	18,22	2,58	0,75	2,48
25	<b>ERL8-33-14</b>	0,12	0,77	- 7,48	- 2,67	- 0,92	1,05
62	<b>ERL8-41-5</b> -	0,95	0,61	10,95	0,47	- 0,91	3,87
94	<b>ERL8-47-2</b> -	0,91	0,34	7,83	0,68	- 0,86	2,09
75	<b>ERL8-43-4</b>	0,63	0,30	- 2,63	0,17	0,28	1,09
44	<b>ERL8-37-5</b> -	0,50	0,21	6,63	0,86	0,50	1,69
67	<b>ERL8-42-7</b> -	0,79	0,52	2,40	- 0,66	- 0,72	1,30

31	<b>ERL8-35-1</b>	-	0,11	-	0,09	-	0,52	-	1,34	0,34	-	0,32
38	<b>ERL8-36-3</b>		0,43		0,49	-	1,87	-	1,20	0,44		2,38
65	<b>ERL8-41-7</b>		0,68		0,16	-	2,65	-	1,25	-	0,58	0,61
52	<b>ERL8-39-3</b>	-	0,23		0,43		0,69	-	2,83	-	0,13	3,52
81	<b>ERL8-45-10</b>	-	0,60		0,61	-	1,75	-	3,34	1,88		0,74
71	<b>ERL8-43-7</b>	-	0,16		0,31		3,47	-	0,59	1,31		1,06
35	<b>ERL8-35-7</b>	-	0,46		0,28	-	12,04	-	4,53	-	0,52	1,10
10	<b>ERL8-30-11</b>		0,34	-	0,06	-	6,24	-	1,90	-	0,57	1,84
69	<b>ERL8-42-5</b>		0,37	-	0,58	-	11,39	-	3,38	-	0,61	-

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de grain normal (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), la floraison mâle à 50 % (FM), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).

#### Annexe X : Moyennes des variables de rendement

Geno	LE	PE	NGT	P10G	SME	NR	NGR	larG	HG	LG
<b>FBML10</b>	<b>LE</b>	<b>PE</b>	<b>NGT</b>	<b>P10G</b>	<b>SME</b>	<b>NR</b>	<b>NGR</b>	<b>larG</b>	<b>HG</b>	<b>LG</b>
<b>Moy</b>	<b>9,43</b>	<b>40,3</b>	<b>119,64</b>	<b>2,26</b>	<b>3,17</b>	<b>12,41</b>	<b>11,56</b>	<b>0,46</b>	<b>1,11</b>	<b>0,77</b>
<b>E T</b>	<b>1,98</b>	<b>35,27</b>	<b>77,84</b>	<b>0,46</b>	<b>0,5</b>	<b>1,5</b>	<b>6,67</b>	<b>0,09</b>	<b>0,29</b>	<b>0,23</b>
46	9,8	29,3	115,9	1,7	3,2	13,2	10,3	0,4	0,8	0,8
90	11,5	44,4	216,7	1,9	3,3	15,3	17,4	0,4	1,4	0,7
80	11,0	48,3	168,9	2,2	3,3	13,3	13,4	0,4	0,9	0,8
91	11,7	53,1	141,7	2,3	3,4	14,3	12,0	0,4	1,1	0,8
95	10,9	57,5	282,2	1,9	3,5	14,2	20,5	0,4	1,1	0,8
89	12,0	50,2	170,4	2,0	3,4	14,9	14,4	0,4	1,0	0,7
83	10,4	46,8	187,0	1,9	3,5	14,6	15,9	0,4	1,1	0,7
23	9,9	28,3	111,7	2,0	3,4	14,0	8,6	0,4	1,1	0,8
86	10,3	24,4	77,1	2,2	3,3	12,3	9,4	0,5	-	0,9
54	12,4	53,0	238,2	1,8	3,4	14,4	18,9	0,4	1,0	0,7
45	10,7	36,4	115,5	1,9	3,4	14,0	9,6	0,4	0,8	0,7
1	13,6	58,5	304,9	1,7	3,2	14,8	18,5	0,4	0,6	0,7
72	11,0	32,2	119,6	2,1	3,3	11,7	9,3	0,5	1,1	0,9
85	11,2	37,4	143,2	2,0	3,0	12,1	12,2	0,4	1,0	0,8
15	12,7	56,8	189,7	2,0	3,4	14,8	14,4	0,4	3,4	0,7
87	13,3	48,5	174,5	1,8	3,4	14,6	12,5	0,4	1,1	-
4	13,2	35,6	73,9	2,0	3,2	11,6	5,7	0,5	0,9	-
5	13,3	49,2	163,9	2,3	3,1	13,4	12,6	0,5	1,3	0,8
59	11,9	39,5	136,4	2,0	3,1	12,9	10,3	0,5	1,0	0,8
56	12,6	56,0	208,1	1,9	3,7	14,4	15,4	0,4	1,1	0,8
28	12,2	38,2	115,5	1,9	3,3	11,3	10,6	0,4	1,0	0,9
79	14,8	39,5	144,2	2,0	3,5	13,6	10,9	0,4	1,1	0,8
9	11,1	38,7	83,3	2,3	3,1	12,9	8,4	0,5	0,9	0,7
12	10,5	44,9	192,6	2,0	3,4	12,3	15,9	0,4	1,2	0,9
84	10,6	18,7	64,2	1,9	3,0	13,6	5,9	0,4	1,1	0,7

36	12,9	41,5	156,9	2,4	3,2	13,5	9,0	0,5	1,3	0,7
60	11,0	46,5	159,8	2,2	3,7	12,7	14,4	0,4	1,3	0,9
64	14,1	45,7	192,7	1,9	3,5	13,3	16,6	0,4	1,2	0,8
41	11,9	48,2	185,2	1,9	4,0	15,7	12,5	0,4	1,4	0,7
20	11,5	48,9	152,6	2,1	3,8	14,6	11,4	0,5	1,6	0,8
55	13,2	70,8	289,4	1,8	4,1	14,6	21,6	0,4	1,4	0,9
88	9,4	33,3	132,3	2,0	3,5	14,2	11,9	0,4	1,2	0,8
16	13,5	29,4	74,6	2,3	3,6	14,0	7,1	0,5	1,9	0,8
40	14,2	54,8	200,0	2,3	3,6	15,5	19,3	0,4	1,3	-
61	11,7	57,4	312,8	1,6	3,6	15,2	25,2	0,3	1,3	0,7
48	11,5	34,5	116,6	2,1	3,4	12,3	10,8	0,4	1,2	0,9
39	12,2	40,2	128,3	1,5	3,7	14,1	10,1	0,5	1,0	0,8
70	11,2	43,2	193,2	1,9	3,3	13,4	16,6	0,4	1,1	0,8
8	12,2	58,5	249,3	1,7	3,7	14,9	19,6	0,4	1,3	0,8
26	11,8	44,2	144,4	2,0	3,5	14,6	10,6	0,5	1,5	0,8
42	11,9	60,7	180,2	1,9	3,7	15,0	18,6	0,4	1,6	-
47	10,2	22,6	53,4	1,9	3,1	12,9	4,9	0,5	1,2	0,8
22	13,5	44,8	122,9	1,9	3,7	12,8	8,4	0,5	1,2	0,8
73	12,3	46,6	164,3	1,9	3,6	14,7	12,5	0,4	1,1	0,8
92	14,0	51,1	193,9	2,0	3,8	15,1	13,1	0,4	1,3	0,7
58	9,8	30,1	130,2	1,9	2,9	12,7	10,5	0,5	0,7	0,8
2	10,1	34,0	77,2	2,0	2,9	12,4	6,9	0,4	0,8	0,7
14	9,8	26,9	113,3	1,8	3,2	12,6	9,4	0,4	1,2	0,8
24	12,7	59,6	258,9	2,0	3,4	13,1	18,0	0,4	0,9	0,8
77	10,6	49,2	207,6	2,0	3,2	11,7	17,5	0,4	1,2	0,9
27	12,3	60,1	243,9	1,9	3,6	13,9	18,0	0,4	1,5	0,8
66	10,5	38,4	183,6	1,9	3,2	11,6	16,1	0,4	1,0	0,9
78	12,2	44,5	207,2	1,7	3,2	13,6	13,9	0,4	1,1	0,7
34	10,6	24,4	102,4	1,3	2,9	12,2	11,1	0,5	0,7	0,8
17	11,0	40,6	188,8	2,0	3,3	13,0	15,9	0,4	1,1	0,8
18	9,2	14,8	39,2	1,9	2,6	11,0	5,6	0,4	0,6	0,7
63	13,2	35,4	109,6	1,4	3,3	11,6	11,4	0,4	1,0	0,9
50	12,5	38,6	158,5	1,7	2,9	13,4	12,1	0,4	0,8	0,7
19	12,3	22,2	60,4	2,2	2,9	12,0	6,0	0,6	1,1	0,8
74	11,1	-	-	-	3,2	12,7	9,6	0,5	3,2	0,8
57	12,7	50,2	191,5	2,0	3,3	12,8	15,2	0,4	1,2	0,8
93	12,9	67,5	337,7	1,7	3,6	15,1	23,9	0,4	1,3	0,8
37	11,2	26,8	72,1	2,3	3,2	11,8	7,5	0,4	1,2	0,8
68	14,0	29,9	83,5	1,7	3,3	13,6	7,1	0,3	0,9	0,8
53	14,4	36,0	183,5	1,9	3,5	16,5	10,3	0,3	1,0	0,7
13	12,6	47,1	124,4	2,1	3,6	13,8	9,5	0,3	0,9	0,8
21	11,2	28,9	115,6	2,1	3,1	12,6	13,2	0,3	1,1	0,8
30	10,7	52,5	148,6	2,2	3,8	15,4	12,4	0,3	1,4	0,8
51	10,0	23,0	77,9	1,8	3,0	12,5	8,5	0,3	0,9	0,8

3	15,1	32,9	131,6	1,5	3,1	13,1	10,3	0,3	0,8	0,8
32	9,9	12,3	14,0	1,6	2,8	13,5	3,0	0,3	0,7	0,7
6	10,3	43,8	170,2	1,7	3,4	12,7	13,7	0,3	1,3	0,9
49	13,2	27,6	79,0	1,8	2,9	13,5	6,8	-	1,0	0,7
7	9,6	25,1	90,7	1,6	3,1	12,9	8,9	-	1,0	0,8
82	11,2	21,1	50,8	1,9	3,0	13,0	6,4	-	0,9	0,7
11	10,5	41,7	129,2	2,0	3,2	12,0	11,9	-	1,2	0,8
43	14,3	13,0	7,5	0,8	3,5	14,7	3,7	0,3	3,5	0,9
29	11,2	37,0	165,0	1,4	3,0	13,4	14,2	0,4	1,2	0,7
76	10,5	15,1	34,8	1,5	2,9	11,7	4,3	0,5	0,8	0,8
25	11,0	11,2	26,0	1,8	2,6	12,0	2,0	-	1,0	0,7
62	10,2	32,4	115,5	1,8	3,3	12,3	11,2	0,4	1,1	0,8
94	10,1	34,6	126,8	1,5	3,1	13,0	14,4	0,5	0,9	0,8
75	9,3	18,2	48,6	2,2	3,1	12,4	7,0	0,4	1,7	0,8
44	11,6	43,5	128,2	2,1	3,5	13,6	13,2	0,5	1,0	0,8
67	14,5	27,5	64,3	1,9	3,1	12,7	6,0	0,5	0,9	0,8
31	8,5	15,1	60,0	1,3	2,7	11,5	7,0	0,5	0,8	0,8
38	12,5	30,4	119,2	1,9	3,3	13,0	9,2	0,4	2,4	0,8
65	11,3	26,1	90,3	1,8	3,1	12,5	5,5	0,4	0,9	0,8
52	11,9	34,7	141,4	1,6	3,0	12,4	13,8	0,4	0,7	0,7
81	11,2	36,6	121,3	2,1	3,2	12,7	8,7	0,4	0,9	0,8
71	12,2	18,4	41,0	1,7	3,3	13,3	4,0	0,5	1,0	0,8
35	10,7	8,2	2,0	-	-	12,7	1,0	0,6	-	-
10	13,5	31,8	52,3	2,1	3,4	14,0	5,0	0,6	0,9	0,8
69	10,2	17,5	51,8	1,5	2,6	11,9	6,6	0,5	0,6	-
33	11,8	30,1	115,0	2,1	3,2	12,2	9,2	0,5	1,1	0,8

La longueur de la feuille (LngF), le nombre de graines totales (NGT), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).

#### Annexe XI : Ecart types des variables de rendement

Geno	EgLE	EgNGT	EgP10G	EgSME	EgNR	EgNGR	EglarG	EgLG	EgPro
46	0,49	- 5,40	- 0,00	0,00	1,00	- 1,49	- 0,06	0,10	- 0,23
90	- 0,79	114,26	- 0,02	0,35	1,97	3,08	- 0,00	0,10	- 0,23
80	0,17	47,32	- 0,02	0,09	0,25	1,54	- 0,04	0,01	- 0,00
91	- 0,25	72,95	0,05	0,41	1,19	1,90	- 0,02	0,01	- 0,23
95	1,59	109,10	- 0,10	- 0,01	0,13	3,87	- 0,03	- 0,00	0,07
89	- 0,50	61,03	- 0,05	0,11	0,33	2,03	- 0,03	0,03	0,16
83	0,57	41,40	- 0,05	0,00	0,74	1,83	- 0,04	- 0,02	0,10
23	- 0,08	6,99	0,03	- 0,12	- 0,41	0,07	- 0,02	- 0,02	0,08
86	- 0,08	- 1,21	- 0,06	- 0,10	- 0,25	- 0,01	0,00	0,01	0,12
54	1,63	67,48	- 0,05	- 0,13	0,25	2,79	- 0,01	0,01	0,14
45	0,25	53,15	0,03	0,06	0,20	1,74	- 0,01	- 0,03	0,08

1	- 0,26	41,07	- 0,07	- 0,18	- 0,10	0,22	- 0,02	- 0,01	0,17
72	0,87	50,29	0,16	0,01	0,58	2,84	- 0,00	0,10	0,05
85	- 0,18	9,72	0,03	0,48	- 0,73	- 0,09	- 0,02	0,08	0,34
15	1,30	54,40	- 0,01	- 0,02	0,33	1,36	- 0,02	0,04	0,10
87	1,57	30,00	- 0,11	0,10	0,23	1,04	- 0,03	- 0,08	0,22
4	1,92	22,37	0,05	- 0,21	- 0,34	- 0,85	0,02	- 0,08	0,41
5	1,40	64,02	- 0,07	0,61	- 0,48	3,44	- 0,01	0,06	0,22
59	0,73	48,14	0,02	0,11	0,28	2,79	0,03	0,13	0,28
56	1,23	59,29	0,01	- 0,04	0,17	2,90	0,01	0,01	0,31
28	0,95	0,52	- 0,04	- 0,22	- 0,11	- 0,03	- 0,00	0,05	0,43
79	1,88	31,99	- 0,18	- 0,09	- 0,19	1,62	- 0,01	0,01	0,40
9	- 0,04	22,33	0,19	- 0,00	0,32	2,01	0,07	0,04	- 0,06
12	1,14	8,97	- 0,08	- 0,13	0,03	0,39	- 0,03	- 0,00	- 0,08
84	- 0,08	- 2,58	- 0,06	- 0,13	- 0,01	- 1,30	- 0,01	- 0,03	- 0,10
36	0,87	14,06	0,13	0,40	0,19	- 0,08	0,08	0,01	0,36
60	0,28	21,49	- 0,11	- 0,11	- 0,22	- 1,00	0,01	0,10	0,11
64	- 0,02	23,30	- 0,07	- 0,11	0,07	- 0,64	0,07	- 0,04	0,05
41	0,04	20,45	- 0,09	0,01	1,32	- 0,07	0,02	0,09	0,28
20	0,47	44,49	0,04	0,02	0,48	0,67	0,05	- 0,06	0,13
55	- 0,27	36,68	- 0,09	- 0,16	- 0,04	0,14	- 0,01	- 0,06	- 0,21
88	- 0,67	- 27,72	- 0,01	- 0,20	- 0,18	- 2,65	- 0,00	- 0,10	0,19
16	- 0,02	- 6,87	- 0,15	- 0,17	- 0,29	- 1,37	0,02	- 0,06	0,02
40	0,36	8,67	0,03	- 0,07	0,87	- 2,29	- 0,05	- 0,15	- 0,22
61	- 0,23	55,57	- 0,07	- 0,08	0,10	0,81	- 0,06	- 0,07	- 0,02
48	- 0,51	- 7,94	- 0,02	- 0,20	0,49	- 1,09	- 0,01	- 0,00	0,17
39	- 0,82	31,91	- 0,17	- 0,24	0,31	0,10	- 0,00	- 0,09	- 0,23
70	- 0,13	36,10	- 0,17	- 0,06	0,73	1,40	- 0,05	- 0,04	- 0,03
8	0,19	80,98	- 0,20	0,12	0,70	2,53	- 0,06	- 0,02	0,09
26	0,24	43,51	- 0,17	- 0,02	0,31	0,93	- 0,01	- 0,02	0,10
42	- 0,58	33,79	- 0,17	0,02	0,67	- 0,65	- 0,03	- 0,13	- 0,21
47	- 0,16	- 22,35	- 0,12	- 0,26	0,61	- 2,98	0,00	- 0,05	- 0,19
22	1,53	49,12	- 0,19	0,01	1,08	1,03	0,01	0,16	- 0,17
73	0,46	70,31	- 0,14	- 0,16	0,35	3,24	0,02	- 0,08	0,31
92	1,07	82,80	- 0,19	- 0,04	0,91	3,59	0,03	0,10	0,08
58	1,15	58,01	- 0,25	- 0,06	0,86	2,47	0,00	- 0,03	- 0,11
2	2,05	36,56	- 0,06	0,04	0,93	1,68	- 0,00	- 0,01	- 0,09
14	0,91	34,53	- 0,15	- 0,22	0,45	0,55	0,02	- 0,02	- 0,06
24	1,08	54,33	- 0,20	- 0,01	0,61	0,86	- 0,03	0,01	0,27
77	1,29	35,19	- 0,24	- 0,02	0,66	2,13	0,01	0,01	- 0,02
27	0,75	83,61	- 0,14	- 0,05	1,60	3,67	0,03	0,08	-
66	0,61	35,96	- 0,25	- 0,03	0,53	4,25	0,04	0,01	0,24
78	1,15	100,62	- 0,04	0,23	0,71	5,98	- 0,01	0,06	-
34	1,28	61,37	- 0,23	0,01	0,74	5,35	0,03	0,00	-
17	0,82	77,08	- 0,04	0,15	1,18	6,53	0,01	0,09	-



18	0,63	1,41	- 0,05	0,11	0,85	4,61	- 0,02	0,07	-
63	0,27	22,90	- 0,09	0,04	0,33	8,28	- 0,04	0,09	-
50	0,45	86,41	- 0,04	0,31	0,77	7,01	- 0,03	0,05	-
19	0,54	29,90	- 0,26	0,36	- 0,00	5,92	0,01	0,11	-
74	- 0,06	- 53,26	- 0,33	0,26	0,71	5,48	0,01	0,15	0,36
57	0,75	68,83	- 0,10	0,58	0,66	7,26	0,01	0,11	-
93	0,74	81,45	0,13	0,54	1,21	5,38	- 0,05	0,09	-
37	- 0,22	10,07	0,05	0,43	0,59	5,02	0,03	0,13	0,44
68	- 0,80	49,66	- 0,12	0,07	0,56	6,56	- 0,05	0,07	0,43
53	- 0,14	138,65	- 0,38	0,62	0,12	10,92	- 0,05	0,10	-
13	1,69	66,21	- 0,20	0,42	0,74	7,88	- 0,05	0,07	0,21
21	- 0,26	- 3,16	- 0,13	0,30	0,90	3,43	- 0,05	0,05	-
30	1,05	45,88	- 0,14	0,45	1,03	7,21	- 0,05	0,09	-
51	- 0,12	20,86	- 0,27	0,25	1,19	4,86	- 0,06	0,12	-
3	0,66	103,02	0,12	0,25	1,33	7,55	- 0,06	0,11	-
32	1,23	- 18,90	- 0,37	0,15	0,79	1,38	- 0,05	0,02	-
6	2,99	131,77	- 0,20	0,57	2,34	9,85	- 0,04	0,06	-
49	1,01	45,56	0,00	0,32	1,42	4,26	- 0,08	0,09	-
7	1,44	33,86	- 0,09	0,28	1,49	3,43	- 0,07	0,07	-
82	0,62	25,47	0,13	0,26	1,69	2,94	- 0,06	0,08	0,28
11	2,04	80,77	0,24	0,24	1,32	6,48	- 0,05	0,01	-
43	0,55	- 6,98	- 0,21	- 0,17	1,94	1,11	0,01	- 0,07	-
29	1,65	129,16	0,21	0,32	1,91	6,54	0,09	0,03	-
76	1,61	27,27	0,56	- 0,09	1,09	0,99	0,10	0,01	-
25	- 0,12	- 2,86	- 0,05	- 0,24	- 0,79	- 1,98	- 0,01	- 0,10	-
62	2,00	75,09	0,31	0,10	0,51	2,93	0,09	0,03	-
94	2,26	73,79	0,28	0,10	0,13	6,88	0,05	- 0,04	0,37
75	0,56	41,75	0,33	- 0,03	0,63	1,79	0,07	- 0,02	-
44	0,47	48,81	0,18	- 0,06	0,63	2,94	0,06	- 0,00	-
67	- 0,46	44,21	0,26	0,29	0,08	- 0,10	0,06	0,07	-
31	1,14	17,07	- 0,04	0,03	0,79	- 2,95	0,05	0,05	-
38	0,48	63,34	- 0,07	0,15	0,66	- 1,61	- 0,01	0,02	-
65	1,39	52,24	0,10	0,27	1,31	- 1,59	0,03	0,08	-
52	0,39	83,37	0,15	0,57	0,63	4,67	0,02	0,08	-
81	- 0,70	92,54	- 0,04	0,13	0,08	1,66	- 0,04	0,02	-
71	- 0,90	8,92	0,12	- 0,02	- 0,01	- 3,95	- 0,05	0,04	-
35	0,78	- 22,74	- 0,27	- 0,10	- 0,09	- 5,29	- 0,06	-	-
10	0,36	18,00	0,06	0,32	- 1,12	- 2,22	- 0,02	0,09	-
69	0,67	6,25	0,04	0,40	- 0,09	- 0,07	- 0,01	-	-

La longueur de la feuille (L<sub>ngF</sub>), le nombre de graines totales (NGT), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).

Annexe XII : Ecart type génétique des 95 lignées

Geno	code	LrgF	NFSE	HP	LongP	LBMP	NRP	LE	NGT	P10G	SME	NR	NGR	larG	LG	Pro
46	ERL8-38-3	0,09	0,11	18,31	0,86	1,14	0,00	0,49	0,00	0,00	0,00	1,00	0,00	0,00	0,10	0,00
90	ERL8-46-7	0,17	0,06	8,46	0,00	0,00	0,00	0,00	114,26	0,00	0,35	1,97	3,08	0,00	0,10	0,00
80	ERL8-44-4	0,28	0,22	9,18	2,04	1,02	0,00	0,17	47,32	0,00	0,09	0,25	1,54	0,00	0,01	0,00
91	ERL8-47-5	0,30	0,45	11,28	1,14	0,63	0,00	0,00	72,95	0,05	0,41	1,19	1,90	0,00	0,01	0,00
95	ERL8-47-7	0,34	0,22	0,47	3,35	0,38	1,08	1,59	109,10	0,00	0,00	0,13	3,87	0,00	0,00	0,07
89	ERL8-46-11	0,48	0,00	0,00	0,45	0,30	2,74	0,00	61,03	0,00	0,11	0,33	2,03	0,00	0,03	0,16
83	ERL8-45-5	0,11	0,53	5,35	3,30	1,13	1,10	0,57	41,40	0,00	0,00	0,74	1,83	0,00	0,00	0,10
23	ERL8-33-12	0,17	0,19	2,29	0,00	1,08	0,17	0,00	6,99	0,03	0,00	0,00	0,07	0,00	0,00	0,08
86	ERL8-46-14	0,62	0,03	0,00	3,67	1,06	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,12
54	ERL8-39-4	0,54	0,15	0,00	2,62	1,12	2,01	1,63	67,48	0,00	0,00	0,25	2,79	0,00	0,01	0,14
45	ERL8-37-11	0,21	0,29	0,00	2,78	1,01	1,41	0,25	53,15	0,03	0,06	0,20	1,74	0,00	0,00	0,08
1	ERL8-29-1	0,49	0,00	0,00	0,85	0,41	0,00	0,00	41,07	0,00	0,00	0,00	0,22	0,00	0,00	0,17
72	ERL8-43-5	0,71	0,00	4,72	3,20	0,65	1,38	0,87	50,29	0,16	0,01	0,58	2,84	0,00	0,10	0,05
85	ERL8-45-4	0,25	0,00	0,00	1,52	1,66	0,00	0,00	9,72	0,03	0,48	0,00	0,00	0,00	0,08	0,34
15	ERL8-31-12	0,31	0,34	10,54	1,56	1,60	2,21	1,30	54,40	0,00	0,00	0,33	1,36	0,00	0,04	0,10
87	ERL8-46-2	0,17	0,30	0,00	0,94	0,00	0,45	1,57	30,00	0,00	0,10	0,23	1,04	0,00	0,00	0,22
4	ERL8-29-15	0,00	0,05	0,00	0,00	0,28	0,00	1,92	22,37	0,05	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00	0,41
5	ERL8-29-5	0,50	0,00	2,99	1,46	0,39	1,13	1,40	64,02	0,00	0,61	0,00	3,44	0,00	0,06	0,22
59	ERL8-40-10	0,00	0,00	6,96	0,06	1,04	0,12	0,73	48,14	0,02	0,11	0,28	2,79	0,03	0,13	0,28
56	ERL8-40-9	0,31	0,00	7,81	1,87	0,60	0,00	1,23	59,29	0,01	0,00	0,17	2,90	0,01	0,01	0,31
28	ERL8-34-14	0,00	0,05	4,89	0,82	1,16	0,18	0,95	0,52	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05	0,43
79	ERL8-44-6	0,85	0,33	6,25	0,05	0,58	1,89	1,88	31,99	0,00	0,00	0,00	1,62	0,00	0,01	0,40
9	ERL8-30-12	0,55	0,09	7,25	2,34	0,08	0,00	0,00	22,33	0,19	0,00	0,32	2,01	0,07	0,04	0,00
12	ERL8-31-4	0,53	0,27	1,45	0,00	0,99	0,63	1,14	8,97	0,00	0,00	0,03	0,39	0,00	0,00	0,00

## Suite

84	ERL8-45-8	0,02	0,15	0,00	1,41	0,17	0,72	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
36	ERL8-36-2	1,13	0,56	0,00	0,49	0,00	0,20	0,87	14,06	0,13	0,40	0,19	0,00	0,08	0,01	0,36
60	ERL8-40-2	0,43	0,11	0,00	0,00	1,44	0,00	0,28	21,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,10	0,11
64	ERL8-41-12	0,45	0,62	1,19	0,00	0,43	0,31	0,00	23,30	0,00	0,00	0,07	0,00	0,07	0,00	0,05
41	ERL8-37-4	0,03	0,10	0,00	0,13	0,28	1,60	0,04	20,45	0,00	0,01	1,32	0,00	0,02	0,09	0,28
20	ERL8-32-6	0,68	0,06	0,00	1,00	1,14	1,34	0,47	44,49	0,04	0,02	0,48	0,67	0,05	0,00	0,13
55	ERL8-39-1	0,42	0,04	0,00	0,00	1,42	0,44	0,00	36,68	0,00	0,00	0,00	0,14	0,00	0,00	0,00
88	ERL8-46-19	0,74	0,21	2,28	0,51	1,13	2,69	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,19
16	ERL8-32-1	0,54	0,81	0,00	0,00	0,91	0,78	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00	0,02
40	ERL8-36-4	0,41	0,35	0,29	0,00	0,00	0,00	0,36	8,67	0,03	0,00	0,87	0,00	0,00	0,00	0,00
61	ERL8-41-6	0,00	0,44	6,51	0,00	1,19	0,83	0,00	55,57	0,00	0,00	0,10	0,81	0,00	0,00	0,00
48	ERL8-38-6	0,00	0,88	3,86	0,00	0,14	0,99	0,00	0,00	0,00	0,00	0,49	0,00	0,00	0,00	0,17
39	ERL8-36-5	0,30	0,31	3,03	0,00	0,00	1,28	0,00	31,91	0,00	0,00	0,31	0,10	0,00	0,00	0,00
70	ERL8-42-4	0,12	0,26	2,29	0,21	0,61	0,00	0,00	36,10	0,00	0,00	0,73	1,40	0,00	0,00	0,00
8	ERL8-30-8	0,00	0,23	0,08	0,00	0,65	1,92	0,19	80,98	0,00	0,12	0,70	2,53	0,00	0,00	0,09
26	ERL8-34-1	0,00	0,21	4,62	0,00	0,94	0,00	0,24	43,51	0,00	0,00	0,31	0,93	0,00	0,00	0,10
42	ERL8-37-2	0,11	0,23	15,42	0,00	0,80	2,35	0,00	33,79	0,00	0,02	0,67	0,00	0,00	0,00	0,00
47	ERL8-38-8	0,05	0,69	4,60	0,00	1,75	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,61	0,00	0,00	0,00	0,00
22	ERL8-33-2	0,61	0,55	11,90	0,00	0,75	0,00	1,53	49,12	0,00	0,01	1,08	1,03	0,01	0,16	0,00
73	ERL8-43-9	1,13	0,69	11,49	0,00	0,64	0,52	0,46	70,31	0,00	0,00	0,35	3,24	0,02	0,00	0,31
92	ERL8-47-1	0,00	1,11	4,10	0,00	1,31	0,65	1,07	82,80	0,00	0,00	0,91	3,59	0,03	0,10	0,08
58	ERL8-40-11	0,22	0,30	7,02	0,47	0,66	2,15	1,15	58,01	0,00	0,00	0,86	2,47	0,00	0,00	0,00
2	ERL8-29-13	0,00	0,61	10,08	0,90	2,11	0,97	2,05	36,56	0,00	0,04	0,93	1,68	0,00	0,00	0,00
14	ERL8-31-2	0,00	0,20	1,40	0,00	0,87	0,00	0,91	34,53	0,00	0,00	0,45	0,55	0,02	0,00	0,00
24	ERL8-33-5	0,00	0,64	4,85	0,43	0,96	1,90	1,08	54,33	0,00	0,00	0,61	0,86	0,00	0,01	0,27
77	ERL8-44-7	0,00	0,00	1,13	0,00	0,53	0,25	1,29	35,19	0,00	0,00	0,66	2,13	0,01	0,01	0,00
27	ERL8-34-3	0,00	0,49	7,14	0,00	1,01	2,85	0,75	83,61	0,00	0,00	1,60	3,67	0,03	0,08	0,00
66	ERL8-42-6	0,30	0,15	5,68	0,00	1,78	0,97	0,61	35,96	0,00	0,00	0,53	4,25	0,04	0,01	0,24

## Suite

78	ERL8-44-8	0,00	0,24	5,65	0,00	0,60	1,11	1,15	100,62	0,00	0,23	0,71	5,98	0,00	0,06	0,00
34	ERL8-35-2	0,00	0,17	10,61	1,89	0,46	0,02	1,28	61,37	0,00	0,01	0,74	5,35	0,03	0,00	0,00
17	ERL8-32-11	0,00	0,12	5,14	0,33	1,29	1,41	0,82	77,08	0,00	0,15	1,18	6,53	0,01	0,09	0,00
18	ERL8-32-2	0,41	0,40	8,34	2,17	0,00	0,00	0,63	1,41	0,00	0,11	0,85	4,61	0,00	0,07	0,00
63	ERL8-41-3	0,45	0,23	10,46	0,00	0,15	2,62	0,27	22,90	0,00	0,04	0,33	8,28	0,00	0,09	0,00
50	ERL8-38-5	1,08	0,13	14,27	4,79	1,68	0,43	0,45	86,41	0,00	0,31	0,77	7,01	0,00	0,05	0,00
19	ERL8-32-3	0,26	0,45	11,34	3,55	1,38	0,18	0,54	29,90	0,00	0,36	0,00	5,92	0,01	0,11	0,00
74	ERL8-43-10	0,53	0,46	10,44	2,87	1,66	1,19	0,00	0,00	0,00	0,26	0,71	5,48	0,01	0,15	0,36
57	ERL8-40-4	0,34	0,00	4,19	2,63	1,57	0,00	0,75	68,83	0,00	0,58	0,66	7,26	0,01	0,11	0,00
93	ERL8-47-6	0,81	0,05	0,00	0,58	1,31	0,00	0,74	81,45	0,13	0,54	1,21	5,38	0,00	0,09	0,00
37	ERL8-36-7	1,24	0,57	9,48	0,50	1,27	1,35	0,00	10,07	0,05	0,43	0,59	5,02	0,03	0,13	0,44
68	ERL8-42-2	1,09	0,40	4,66	0,39	1,00	0,00	0,00	49,66	0,00	0,07	0,56	6,56	0,00	0,07	0,43
53	ERL8-39-6	0,00	0,11	0,00	5,30	0,38	0,00	0,00	138,65	0,00	0,62	0,12	10,92	0,00	0,10	0,00
13	ERL8-31-1	0,35	0,14	8,27	2,44	1,26	2,39	1,69	66,21	0,00	0,42	0,74	7,88	0,00	0,07	0,21
21	ERL8-33-9	0,35	1,06	0,96	1,75	1,87	0,12	0,00	0,00	0,00	0,30	0,90	3,43	0,00	0,05	0,00
30	ERL8-34-10	0,77	0,22	0,00	3,15	1,29	0,14	1,05	45,88	0,00	0,45	1,03	7,21	0,00	0,09	0,00
51	ERL8-39-2	0,20	0,23	1,00	3,37	1,07	0,05	0,00	20,86	0,00	0,25	1,19	4,86	0,00	0,12	0,00
3	ERL8-29-7	1,13	0,12	0,00	0,00	0,60	0,66	0,66	103,02	0,12	0,25	1,33	7,55	0,00	0,11	0,00
32	ERL8-35-10	0,26	0,39	5,55	0,00	0,00	0,00	1,23	0,00	0,00	0,15	0,79	1,38	0,00	0,02	0,00
6	ERL8-30-1	0,46	0,30	5,72	2,52	0,74	3,00	2,99	131,77	0,00	0,57	2,34	9,85	0,00	0,06	0,00
49	ERL8-38-9	0,00	0,17	0,64	0,41	1,99	0,00	1,01	45,56	0,00	0,32	1,42	4,26	0,00	0,09	0,00
7	ERL8-30-10	0,00	0,10	2,58	0,59	0,18	0,00	1,44	33,86	0,00	0,28	1,49	3,43	0,00	0,07	0,00
82	ERL8-45-9	0,00	0,28	1,91	1,33	0,00	0,00	0,62	25,47	0,13	0,26	1,69	2,94	0,00	0,08	0,28
11	ERL8-31-5	0,21	0,25	4,67	1,58	0,39	0,97	2,04	80,77	0,24	0,24	1,32	6,48	0,00	0,01	0,00
43	ERL8-37-6	0,00	0,00	0,26	0,00	0,45	0,41	0,55	0,00	0,00	0,00	1,94	1,11	0,01	0,00	0,00
29	ERL8-34-12	0,53	0,77	1,20	0,00	0,66	2,49	1,65	129,16	0,21	0,32	1,91	6,54	0,09	0,03	0,00
76	ERL8-44-1	0,91	0,21	18,22	2,58	0,75	2,48	1,61	27,27	0,56	0,00	1,09	0,99	0,10	0,01	0,00
25	ERL8-33-14	0,12	0,77	0,00	0,00	0,00	1,05	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
62	ERL8-41-5	0,00	0,61	10,95	0,47	0,00	3,87	2,00	75,09	0,31	0,10	0,51	2,93	0,09	0,03	0,00

Suite et fin

94	ERL8-47-2	0,00	0,34	7,83	0,68	0,00	2,09	2,26	73,79	0,28	0,10	0,13	6,88	0,05	0,00	0,37
75	ERL8-43-4	0,63	0,30	0,00	0,17	0,28	1,09	0,56	41,75	0,33	0,00	0,63	1,79	0,07	0,00	0,00
44	ERL8-37-5	0,00	0,21	6,63	0,86	0,50	1,69	0,47	48,81	0,18	0,00	0,63	2,94	0,06	0,00	0,00
67	ERL8-42-7	0,00	0,52	2,40	0,00	0,00	1,30	0,00	44,21	0,26	0,29	0,08	0,00	0,06	0,07	0,00
31	ERL8-35-1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,34	0,00	1,14	17,07	0,00	0,03	0,79	0,00	0,05	0,05	0,00
38	ERL8-36-3	0,43	0,49	0,00	0,00	0,44	2,38	0,48	63,34	0,00	0,15	0,66	0,00	0,00	0,02	0,00
65	ERL8-41-7	0,68	0,16	0,00	0,00	0,00	0,61	1,39	52,24	0,10	0,27	1,31	0,00	0,03	0,08	0,00
52	ERL8-39-3	0,00	0,43	0,69	0,00	0,00	3,52	0,39	83,37	0,15	0,57	0,63	4,67	0,02	0,08	0,00
81	ERL8-45-10	0,00	0,61	0,00	0,00	1,88	0,74	0,00	92,54	0,00	0,13	0,08	1,66	0,00	0,02	0,00
71	ERL8-43-7	0,00	0,31	3,47	0,00	1,31	1,06	0,00	8,92	0,12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,04	0,00
35	ERL8-35-7	0,00	0,28	0,00	0,00	0,00	1,10	0,78	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
10	ERL8-30-11	0,34	0,00	0,00	0,00	0,00	1,84	0,36	18,00	0,06	0,32	0,00	0,00	0,00	0,09	0,00
69	ERL8-42-5	0,37	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,67	6,25	0,04	0,40	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
33	ERL8-35-9	0,44	0,44	5,58	0,70	0,49	0,00	0,29	38,88	0,00	0,35	0,33	1,61	0,02	0,13	0,00

Annexe XIV : Proportions des axes

	F1	F2	F3	F4
Valeur propre	5,74	2,02	1,43	1,27
% variance	35,88	12,61	8,91	7,91
% cumulé	35,88	48,49	57,40	65,31

Annexe XV : Contribution des variables

Axes	F1	F2	F3	F4
LrgF	0,01	3,01	8,09	23,59
NFSE	3,26	4,79	15,18	3,66
HP	12,65	5,33	0,31	2,82
DT	10,23	6,16	2,43	0,15
LongP	10,16	10,06	2,32	0,71
LBMP	2,26	4,02	16,43	2,11
NRP	7,43	0,03	9,64	0,36
PE	11,15	12,39	1,12	0,84
NGT	9,85	16,39	2,33	0,00
P10G	3,72	0,97	6,04	3,81
SME	11,57	0,18	0,66	1,82
NR	5,82	7,21	16,10	0,09
NGR	8,72	16,32	2,30	0,34
larG	0,01	0,29	0,08	26,42
HG	1,49	1,19	6,18	15,70
LG	1,66	11,67	10,79	17,58

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramification de la panicule (NRP), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).

## Annexe XVI : Coefficient de variation génétique (CVg) global des 34 lignées

Géno	Code	LrgF	NTF	NFSE	HP	LongP	LBMP	NRP	LE	NGT	P10G	SME	NR	NGR	PR	laG	LG	Pro
28	ERL8-34-14	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,27	0,00	0,00	0,00
16	ERL8-32-1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,03	0,16	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,02	0,00	0,00
9	ERL8-30-12	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00	0,01	0,00	0,00	0,05	0,13	0,00	0,03	0,00
5	ERL8-29-5	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00
55	ERL8-39-1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,15	0,00	0,00	0,00
80	ERL8-44-4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
91	ERL8-47-5	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
86	ERL8-46-14	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,21
45	ERL8-37-11	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
72	ERL8-43-5	0,04	0,01	0,00	0,00	0,00	0,17	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
85	ERL8-45-4	0,03	0,03	0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
15	ERL8-31-12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
87	ERL8-46-2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
4	ERL8-29-15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
36	ERL8-36-2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00	0,14	0,00	0,00
60	ERL8-40-2	0,02	0,01	0,00	0,00	0,00	0,77	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
64	ERL8-41-12	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,24	0,00	0,00
41	ERL8-37-4	0,10	0,01	0,04	0,00	0,07	0,06	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,05	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00
20	ERL8-32-6	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
88	ERL8-46-19	0,00	0,07	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,28
40	ERL8-36-4	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
61	ERL8-41-6	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
8	ERL8-30-8	0,00	0,04	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,24	0,00	0,01	0,00	0,15	0,00	0,00	0,00	0,00
26	ERL8-34-1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
42	ERL8-37-2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,33	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
77	ERL8-44-7	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
34	ERL8-35-2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
50	ERL8-38-5	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
37	ERL8-36-7	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
68	ERL8-42-2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
30	ERL8-34-10	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
76	ERL8-44-1	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
71	ERL8-43-7	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
33	ERL8-35-9	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,01	0,15	0,00	0,00

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramifications de la panicule (NRP), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).

Annexe XVII : coefficient de fixation génétique des 34 lignées

Géno	Code	LrgF	NTF	NFSE	HP	LongP	LBMP	NRP	LE	NGT	P10G	SME	NR	NGR	PR	laG	LG	Pro
28	ERL8-34-14	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,95	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00	0,73	1,00	1,00	1,00
16	ERL8-32-1	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,97	0,84	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	0,98	1,00	1,00
9	ERL8-30-12	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,98	1,00	0,99	1,00	1,00	0,95	0,87	1,00	0,97	1,00
5	ERL8-29-5	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00
55	ERL8-39-1	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,85	1,00	1,00	1,00
80	ERL8-44-4	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
91	ERL8-47-5	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
86	ERL8-46-14	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,79
45	ERL8-37-11	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
72	ERL8-43-5	0,96	0,99	1,00	1,00	1,00	0,83	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
85	ERL8-45-4	0,97	0,97	0,96	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
15	ERL8-31-12	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
87	ERL8-46-2	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
4	ERL8-29-15	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
36	ERL8-36-2	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,98	1,00	1,00	0,86	1,00	1,00
60	ERL8-40-2	0,98	0,99	1,00	1,00	1,00	0,23	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
64	ERL8-41-12	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,76	1,00	1,00
41	ERL8-37-4	0,90	0,99	0,96	1,00	0,93	0,94	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,95	1,00	1,00	0,98	1,00	1,00
20	ERL8-32-6	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
88	ERL8-46-19	1,00	0,93	0,98	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,72
40	ERL8-36-4	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
61	ERL8-41-6	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
8	ERL8-30-8	1,00	0,96	0,92	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,76	1,00	0,99	1,00	0,85	1,00	1,00	1,00	1,00
26	ERL8-34-1	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
42	ERL8-37-2	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,67	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
77	ERL8-44-7	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
34	ERL8-35-2	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
50	ERL8-38-5	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
37	ERL8-36-7	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
68	ERL8-42-2	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
30	ERL8-34-10	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
76	ERL8-44-1	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
71	ERL8-43-7	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
33	ERL8-35-9	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,99	0,85	1,00	1,00

La largeur de la feuille (LrgF), le nombre de feuilles supérieures à l'épi (NFSE), la hauteur de la plante (HP), le nombre de graines totales (NGT), le nombre de graines normales (NGN), le poids de 10G (P10G), la prolificité (Pro), la section moyenne de l'épi (SME), la longueur de la graine (LG), la longueur du brin mètre de la panicule (LBMP), la longueur de la panicule (Long P), le nombre de ramification de la panicule (NRP), le nombre de rangées (NR), le nombre de graines par rangée (NGR).