

Soumis le : 21 Octobre 2010
 Forme révisée acceptée le : 13 Février 2011
 Email de l'auteur correspondant :
 bouzerzourh@yahoo.fr

Analyse de l'interaction génotype x milieux du rendement de l'orge (*Hordeum vulgare* L.): application des modèles AMMI et la régression conjointe

Abdelkader Menad¹, Nassila Meziani², Hamenna Bouzerzour³, Amar Benmahammed³

¹ Département de biologie, Université de Saïda

² Département de biologie, Université de Boumerdes

³ Laboratoire de Valorisation des Ressources Biologiques Naturelles (LVRBN), Fac. SNV, UFA Sétif, 19000

Résumé. Confrontée à des contraintes d'ordre climatiques et techniques, la production algérienne d'orge est faible et surtout variable dans l'espace et le temps. La sélection de variétés plus performantes est confrontée à la présence d'interaction génotype x milieux significative qui en réduit l'efficacité. La présente étude, conduite sur 4 sites Khroub, Sétif, Sidi Bel Abbes et Saïda, analyse l'interaction génotype x environnements du rendement grain de 12 lignées et cultivars d'orge (*Hordeum vulgare* L.), d'origines diverses. L'interaction est analysée avec les modèles de la régression conjointe et l'AMMI. Les résultats de l'analyse combinée confirment la présence de l'interaction dont 62.9 et 79.8% sont, respectivement, expliqués par la régression et l'AMMI. La régression identifie deux zones différentes permettant d'exploiter positivement l'interaction ; la première représente le domaine de recommandation de Fouara et la seconde celui de la variété Acsad₁₇₆. L'analyse AMMI indique que la variété Acsad₁₇₆ présente une adaptation générale à l'ensemble des environnements alors que les autres génotypes présentent des adaptations spécifiques permettant de valoriser chaque environnement. L'adoption d'une stratégie, qui exploite positivement l'interaction sur les sites à haut potentiel de production et l'adaptation générale pour les sites au potentiel relativement plus faible, permet d'améliorer le rendement grain de 6%.

Mots clés. *Hordeum vulgare* L. ; rendement ; interaction ; sélection ; régression ; AMMI ; stress.

1. Introduction

En Algérie, 35 % de la superficie céréalière est consacrée à la culture de l'orge qui est concentrée entre les isohyètes 250 et 450 mm. Le rendement de cette espèce est faible et irrégulier, suite aux effets des contraintes climatiques et aux techniques culturales appliquées qui restent peu performantes [1]. La recherche vise à sélectionner des lignées à haut potentiel de rendement et à production plus régulière, peu sensibles aux variations climatiques d'un lieu de production à l'autre et d'une année à l'autre [2, 3]. Cette recherche passe par l'identification d'une architecture génotypique qui s'harmonise au mieux avec le milieu de production, grâce à un rythme de développement approprié et d'une meilleure efficacité d'utilisation de l'eau [4]. En dehors des espoirs fondés sur la sélection assistée par des marqueurs moléculaires, de tels génotypes restent difficiles à identifier suite à la présence de l'interaction génotype x environnements (GxE) [1, 3, 5].

En milieux favorables, la sélection faite sur la base du rendement a engendré un progrès génétique qui avoisinait 1% par an pour un potentiel de 70 q/ha [6]. Le même

schéma de sélection, appliqué dans les environnements contraignants, aboutit à des résultats peu significatifs et surtout variables dans l'espace et le temps [1, 3, 7]. Les nouvelles sélections d'orge montrent en général une faible stabilité spatio-temporelle des rendements et les variétés les moins variables ne sont pas les plus productives [8]. Ceccarelli *et al.*, [9] mentionnent que la recherche d'une large adaptation conduit à l'identification de peu de génotypes adaptés sur de vastes superficies, où la variation climatique est très importante. Cette pratique réduit la diversité génétique et augmente les risques d'obtention de faibles rendements. De plus, elle sous valorise la spécificité des terroirs vu que les agriculteurs ne sont pas intéressés par des cultivars largement adaptés dans l'espace, mais plutôt par des cultivars spécifiquement adaptés à leurs conditions et utilisations.

De nouveaux outils et méthodes d'analyse des données, plus performants, sont développés pour mieux interpréter l'interaction GxE et ainsi mieux exploiter les données recueillies. L'étude de l'interaction GxE offre, en effet, l'opportunité de sélectionner des génotypes qui montrent une interaction positive dans certaines localités et sous certaines conditions environnementales spécifiques. Comme elle offre aussi l'opportunité de sélectionner des génotypes à large adaptation, caractérisés

par un rendement au dessus de la moyenne et une faible variation inter sites [9, 10]. Dans ce contexte l'utilisation de la régression conjointe et de l'analyse AMMI sont des outils statistiques souvent efficaces pour interpréter l'interaction [3, 11, 12]. La présente contribution a pour objectif d'analyser l'interaction GxE du rendement grain de douze génotypes d'orge (*Hordeum vulgare* L.) évalués sur 4 sites, en utilisant les modèles de la régression et l'AMMI.

2. Matériel et méthodes

2.1. Dispositif expérimental et variables mesurées

L'expérimentation a été menée sur quatre sites, représentant l'aire où prédomine la culture de l'orge avec 20 % de la production nationale. Les sites expérimentaux, caractérisés par un climat variant du subhumide à l'aride, sont ceux des stations expérimentales de l'Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) du Khroub, Sétif, Sidi Bel Abbés et Saïda. L'essai multi sites a été réalisé avec douze variétés d'orge d'origines locale, syrienne et européenne. Le dispositif expérimental, adopté par site, est le modèle des blocs aléatoires complets avec trois répétitions. L'unité expérimentale est une parcelle de 10 m de long sur 1.20 m de large (6 rangs espacés de 0.20 m). 100 kg ha⁻¹ d'azote, sous forme d'urée, ont été appliqués en début de la période de croissance active de la végétation, au mois de mars. Le contrôle des mauvaises herbes est effectué chimiquement par application de l'herbicide Gand Star, à raison de 12.0 g ha⁻¹, après l'application de la fertilisation azotée. La fertilisation phosphatée est appliquée avant le semis à raison de 100 kg ha⁻¹ de super phosphate à 46%. Parmi les variables mesurées seul le rendement grain fait l'objet d'analyse dans le présent article.

2.2. Analyses des données

Les données du rendement grain ont fait l'objet d'une analyse de la variance par site pour déduire l'effet génotype et identifier les meilleurs génotypes par site, dont la moyenne de rendement est incluse dans l'intervalle du rendement maximal moins la plus petite différence significative au seuil de 5%. Une analyse de la variance combinée des données des qui montrent un effet génotype significatif a été faite selon le modèle :

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + L_j + (G \times L)_{ij} + e_{ijk}$$

où Y_{ijk} est le rendement du génotype i sur le site j et la répétition k , μ est la grande moyenne, G_i est l'effet moyen du génotype i , L_j est l'effet moyen du site j , $(G \times L)_{ij}$ est l'interaction du génotype i sur le site j , et e_{ijk} est l'erreur pondérale [11].

Pour décomposer l'interaction $(G \times L)_{ij}$ en vue d'identifier les génotypes à large adaptabilité et

éventuellement les génotypes à haut rendement ayant une adaptation spécifique, les modèles de la régression conjointe et de l'analyse des effets additifs et de l'interaction multiplicative (AMMI) ont été utilisés. La régression a été appliquée selon la méthode décrite par Finlay et Wilkinson [13], dans laquelle l'effet $(G \times L)_{ij}$ a été subdivisé en deux composantes $b_i L_j$ et d_{ij} , qui représentent, respectivement, la régression linéaire du rendement du génotype i sur l'indice du milieu du site j et la déviation de la régression. La pente b a été déterminée pour chaque génotype ainsi que la contribution de ce dernier à l'interaction $(G \times L)_{ij}$ et sa déviation de la régression. Cette dernière représente la variance σ_{di}^2 d'Eberhart et Russel [14], qui est une mesure de la stabilité du génotype considéré. L'interaction $(G \times L)_{ij}$ a été aussi subdivisé selon le modèle AMMI décrit entre autres par Zobel *et al.*, [11] : $(G \times L)_{ij} = \sum t_n u_{ni} v_{nj} + r_{ij}$, où \sum est la somme des $n = 1, 2, \dots, n$ axes de l'analyse en composantes principales (PCA) intégrant le modèle, t_n est la valeur propre de l'axe n , u_{ni} est le vecteur propre du génotype i sur l'axe n , v_{nj} est le vecteur propre du site j sur l'axe n , et r_{ij} est la résiduelle de l'interaction. Les analyses ont été faites avec le logiciel Irristat, en utilisant la procédure « cross site analysis » qui donne simultanément les résultats de l'analyse AMMI et celle de la régression conjointe [15]. Pour comparer les paramètres statistiques mesurant la stabilité, le coefficient de corrélation de rang de Spearman (r_s) a été calculé avec le logiciel Past [16].

3. Résultats et discussion

3.1. Performances de rendement par site et inter sites

L'analyse de la variance du rendement grain, par site, indique un effet génotype significatif à 5%, pour l'ensemble des localités (Tableau 1). Ceci est une indication de la variabilité génétique suffisante, exploitable en sélection sur chaque site. La moyenne de rendement des douze génotypes varie de 1.0 t ha⁻¹, valeur mesurée chez le cultivar Jaïdor, sur le site de Saïda, à 6.0 t ha⁻¹, rendement du génotype Fouara, sur le site du Khroub. Les meilleurs génotypes par site, dont le rendement est égal ou supérieur au rendement maximal déduit de la plus petite différence significative au seuil de 5%, sont donnés au tableau 1. Acsad₁₇₆ et Rahma sont classés parmi les meilleurs génotypes dans trois sites sur quatre, alors que Fouara, Saïda, Tichedrett et Rihane figurent parmi les meilleurs génotypes dans deux sites sur quatre (Tableau 1). Le fait, que chaque site identifie un jeu spécifique de génotypes performants, est une indication de la présence de l'interaction génotype x localités (GxL) significative. L'analyse combinée du rendement de l'ensemble des localités confirme la présence d'une interaction GxL hautement significative (Tableau 2).

Le modèle additif de l'analyse de la variance montre un effet site hautement significatif, expliquant 80.4% de la variation totale des traitements, avec 6.4% seulement des degrés de liberté (Tableau 2). L'effet moyen génotype, qui est le centre d'intérêt de l'analyse, n'est pas significatif. L'interaction explique 13.2% de la somme des carrés des écarts de l'effet traitement avec 70% des degrés de liberté (Tableau 2). Ces résultats indiquent que la variation inter sites est très élevée. Cette variation

génère des changements de classement des performances génotypiques ce qui fait, qu'en moyenne, on n'observe pas d'effet génotype. Ce type d'analyse de la variance conduit le plus souvent à tirer la conclusion que chaque site doit être analysé séparément suite à sa spécificité. La généralisation des résultats à plus d'un site, voire à une région entière, n'est pas possible alors qu'elle est généralement d'un grand intérêt pour le sélectionneur [3, 7, 17].

Tableau 1. Carrés moyens des écarts de l'analyse de la variance du rendement grain obtenu par site, effet moyen site et génotypes se classant en première position pour le rendement grain par localité

Source de Variation	ddl	Localités			
		Khroub	Setif	Sidi Bel Abbès	Saïda
Génotype	11	0.275	0.118	0.011	0.025
Bloc	2	2.991**	0.218**	0.296**	0.321**
Erreur	22	0.512	0.060	0.037	0.0300
CV (%)		16.8	11.7	6.5	13.2
RDT/localité (t ha ⁻¹)		4.253	2.091	2.99	1.31
Meilleurs♣		Fouara	Acsad ₁₇₆	Acsad ₁₇₆	Acsad ₁₇₆
Génotypes		Saïda	Plaisant	Barberousse	Rahma
Par site		Tichedrett	Rahma	Fouara	Rihane
			Tina	Rahma	
			Rihane	Saïda	
				Tichedrett	

** effet significatif au seuil de 1%. ♣= génotype dont le rendement par site ≥ [rendement max -1ppds_{5%}]

Tableau 2. Analyse de la variance combinée du rendement grain (g m⁻²) des différentes localités

Source de variation	ddl	CME ^a	R ² (%)
Localité (L)	3	574.08**	80.4
Bloc /L	8	1.07 ^{ns}	--
Génotype (G)	11	12.47 ^{ns}	--
G X L	33	8.60**	13.2
Résiduelle	88	1.6	--

a= x 10³, ddl= degrés de liberté, CME= carrés moyens des écarts, R²(%)= pourcentage de la SCE expliqué par rapport au total traitement et SCE G x L

3.2. La régression conjointe

Dans de telles situations, Annichiarico *et al.*, [7] suggèrent d'utiliser la régression conjointe pour modéliser le comportement génotypique sur les sites tests et par là même sur l'ensemble des environnements possibles. L'application de ce modèle à l'interaction GxL explique 62.9% de la somme des carrés des écarts de l'interaction (Tableau 3). La déviation de la régression est non significativement différente de la résiduelle de l'analyse de la variance combinée. Ceci indique que l'essentiel de la SCE de l'interaction est expliquée par la régression. Le modèle linéaire est donc bien adapté dans ce cas (Tableau 3). L'hétérogénéité des régressions est significative suggérant des coefficients de régression différents les uns des autres. Le comportement des génotypes varie donc

selon les environnements. L'analyse des pentes individuelles des génotypes confirme ces différents comportements (Tableau 4, Figure 1). En effet Bahia se caractérise par une pente significativement inférieure à l'unité, alors que Fouara, Saïda et Tichedrett présentent des pentes significativement supérieures à l'unité. Le reste des génotypes évalués ont des pentes qui ne dévient pas significativement de l'unité (Tableau 4).

Tableau 3. Analyse de la régression conjointe du rendement grain (g m⁻²)

Source de variation	ddl	CME ^a	R ² (%)
Hétérogénéité de la régression	11	16.18**	62.9
Déviations de la régression	22	4.79	---

a= x 10³, ddl= degrés de liberté, CME= carrés moyens des écarts, R²(%)= pourcentage de la SCE expliqué par rapport au total traitement et SCE G x L

Bahia est spécifiquement adaptée aux zones caractérisées par de fortes contraintes abiotiques, suite aux valeurs de la pente et de l'ordonnée à l'origine. Fouara présente une moyenne de rendement inter sites élevée, associée à une pente significativement supérieure à l'unité et une ordonnée à l'origine négative. Cette variété est adaptée spécifiquement aux zones dont le potentiel de production est relativement plus élevé (Tableau 4).

Tableau 4. Moyennes génotypiques (Y_i), coordonnées sur l'IPC₁ (score), coefficients de régression (b), et ordonnées à l'origine (a) du rendement grain (g m^{-2}) des 12 génotypes évalués dans 4 localités

Génotypes/Sites	Y_i	score	b	a
Plasant	246.8	-3.07	0.77*	43.01
Tina	267.4	2.85	1.07*	-18.78
Bégonia	263.6	-0.42	0.97*	6.89
Jaïdor	217.0	-5.27	0.68*	37.04
Bahia	210.9	-7.77	0.49 ⁺	81.22
Fouara	306.0	9.40	1.65**	-130.67
Rahma	295.1	-0.40	0.94*	46.33
Acsad ₁₇₆	301.1	-0.89	0.88*	68.21
Barberousse	235.0	-5.42	0.73*	41.71
Saïda	288.2	6.06	1.47**	-100.84
Rihane ₀₃	279.3	1.71	1.06*	-1.23
Tichedrett	280.0	3.21	1.27**	-56.11
Khroub	425.3	14.5	--	--
Sidi Bel Abbés	292.9	-4.6	--	--
Sétif	209.1	-4.9	--	--
Saida	131.3	-6.1	--	--

+ , * , ** = coefficient de régression significativement inférieure à 1, non significativement différent de 1 et significativement supérieur à 1 respectivement.

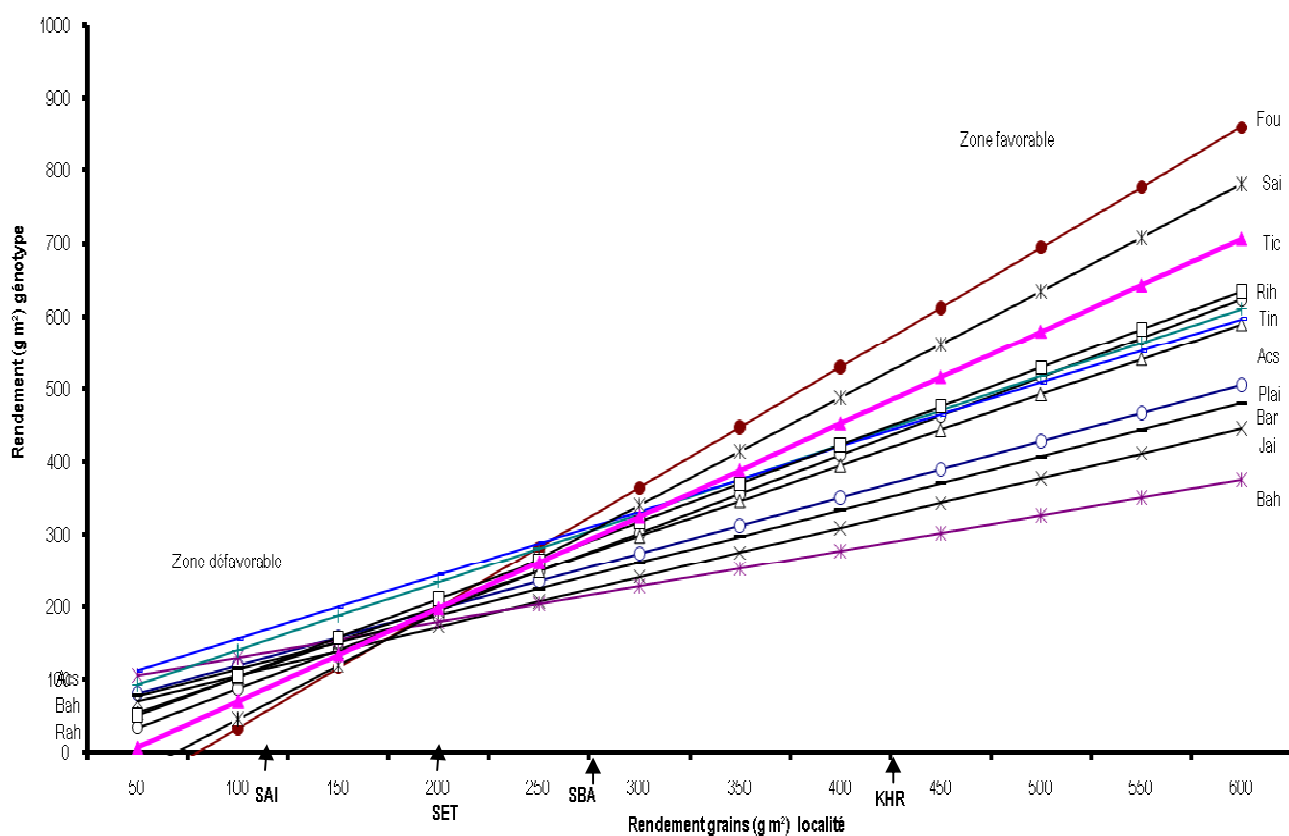


Figure 1. Comportement prédictif des génotypes évalués pour le rendement selon le modèle de la régression conjointe.

Les droites prédictives des rendements mettent en relief deux zones différentes. L'une favorable, comportant les sites de Sidi Bel Abbés et du Khroub, représente le domaine de recommandation de Fouara. La seconde zone, moins favorable à l'expression du rendement, intègre les sites de Saida et Sétif, elle représente le domaine de recommandation de la variété Acsad₁₇₆, qui a une moyenne de rendement plus élevée que celles de Rahma et Tina (Tableau 4, Figure 1). Le choix de ces deux variétés pour les deux zones contrastées est une manière d'exploiter positivement l'interaction GxL. Les quatre sites d'évaluation ont été regroupés, sur la base des prévisions de ce modèle, en deux zones différentes, chacune avec son génotype spécifique.

3.3. L'analyse AMMI

La première composante principale (IPCA₁) du modèle AMMI explique 79.80% de la somme des carrés des écarts de l'interaction. La résiduelle du modèle est non significativement différente de l'erreur pondérée (Tableau 5). Ces résultats indiquent que les scores des génotypes et des sites sur la première composante principale de l'interaction (IPCA₁) expliquent la presque totalité de l'interaction présente dans la matrice des données du rendement soumises à l'analyse. Le biplot AMMI₁ de l'IPCA₁ et des effets moyens génotype et localité montre clairement comment chaque génotype forme son rendement (effet additif seulement ou additif + multiplicatif) et à quelle localité il est plus adapté (Figure 2).

Tableau 5. Analyse de variance du rendement grain (g m⁻²) selon le modèle AMMI₁

Source de variation	ddl	CME ^a	R ² (%)
IPC1	13	17.42**	79.8
Résiduelle	20	2.84	---

a= x 10³, ddl= degrés de liberté, CME= carrés moyens des écarts, R²(%)= pourcentage de la SCE expliqué par rapport au total traitement et SCE G x L ; IPC₁= première composante principale de l'interaction

Selon Zobel *et al.*, [11] les génotypes, qui ont de faibles scores sur l'IPCA₁, contribuent faiblement à l'interaction, et ce fait se caractérisent par une adaptation générale. Par contre ceux qui ont des scores élevés, positifs ou négatifs, présentent de fortes interactions. Ils sont spécifiquement adaptés à l'environnement qui a le score de même signe. Le graphe AMMI₁ indique que les localités Khroub (KHR) et Saida (SAI), suite à leurs scores élevés, discriminent mieux entre les performances des différents génotypes évalués et sont une source significative de contribution à l'interaction. Par contre les sites de Sétif (SET) et Sidi Bel Abbes (SBA) contribuent nettement moins à l'interaction. De part leur position le long de l'axe des effets moyens, Fouara a le meilleur rendement et Bahia le plus faible rendement, en moyenne

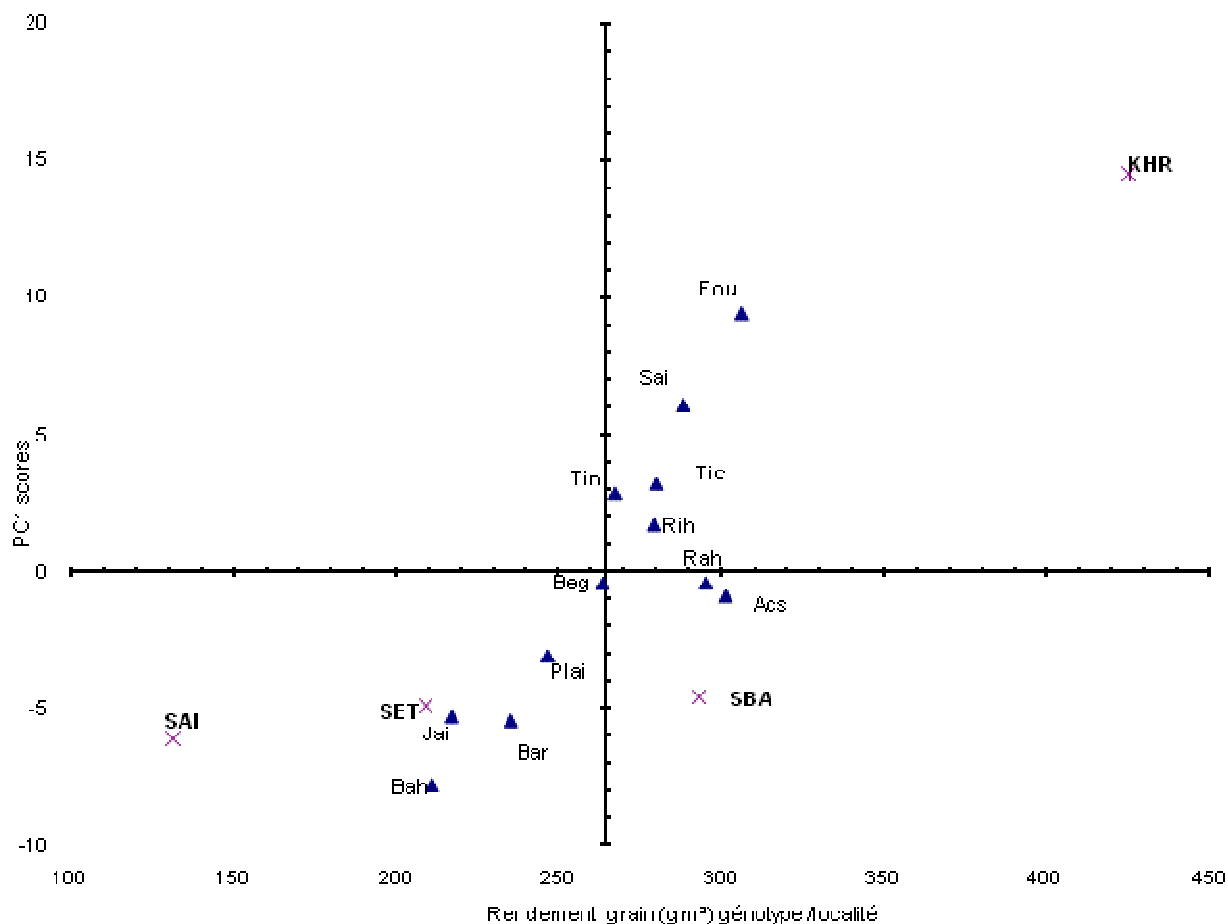
des 4 localités (Figure 2). Acsad₁₇₆, Rahma et Saïda diffèrent peu du point de vue effet moyen, mais contribuent différemment à l'interaction, vu leurs positions le long des axes IPCA₁ et effet moyen. Suite à leurs positions toutes proches de l'origine, Acsad₁₇₆, Tichedrett, Rahma, Rihane₀₃, Tina, Bégonia et Plaisant présentent une adaptation générale à l'ensemble des localités (Figure 2). Dans ce groupe à adaptation générale, Acsad₁₇₆ a l'effet moyen le plus élevé. Il est donc le plus recommandé pour l'ensemble des sites, comme nouvelle variété pour la grande culture et aussi comme témoin, pour l'adaptation générale, au niveau des essais comparatifs de rendement. Suite à sa grande sensibilité au gel tardif [18], Acsad₁₇₆ pourrait être remplacé par Rahma (Figure 2). Fouara et Saïda réagissent à la variation des lieux, elles présentent une adaptation spécifique au site du Khroub, alors que Bahia et Jaïdor présentent une adaptation spécifique aux localités Saïda et Sétif (Figure 2).

Le biplot AMMI₁ suggère trois alternatives possibles pour le sélectionneur. La première alternative est d'adopter le choix d'un génotype performant et à adaptation générale comme Acsad₁₇₆. La deuxième alternative est d'utiliser positivement l'interaction, par le choix du génotype spécifiquement adapté aux sites à haut potentiel de production associé au choix de génotype à large adaptation pour les localités à faible potentiel de production. En effet les différences entre génotypes sont plus marquées sur les sites à haut potentiel que sur les sites à faible potentiel de rendement (Figure 2). Dans ce cas de figure, on retient Fouara pour le site du khroub, Acsad₁₇₆ pour les autres localités qui formeront ainsi une région aux potentialités plus ou moins similaires (Figure 2). La troisième alternative est d'affecter à chaque site son génotype spécifique. Sous ce scénario on retient Fouara pour Khroub, Acsad₁₇₆ pour Sidi Bel Abbés, Jaïdor pour Sétif et Bahia pour Saïda (Figure 2).

Selon Zobel *et al.*, [11] le modèle AMMI₁ décompose la variable analysée en deux termes : l'effet additif + l'interaction. L'effet additif est estimé par : $Y_i + Y_j - Y_{..}$. L'interaction est estimée par le produit des scores $GIPCA_1 \times LIPCA_1$. Y_i , Y_j , $Y_{..}$, $GIPCA_1$ et $LIPCA_1$ représentent respectivement l'effet moyen génotype, l'effet moyen localité, la grande moyenne, le score du génotype et le score de la localité sur l'IPCA₁. L'estimation des rendements attendus pour les différentes stratégies de sélection indique que l'adoption d'une stratégie, qui exploite positivement l'interaction sur les sites à haut potentiel de production et l'adaptation générale pour les sites au potentiel relativement plus faible, permet d'améliorer le rendement de 6%. La stratégie d'adoption de génotypes à adaptation spécifique par site ne permet qu'un gain de rendement grain de 3.6% (Tableau 6). Il est intéressant de remarquer que la sélection des génotypes adaptés aux sites à haut potentiel de rendement associé à la sélection des génotypes à large

Tableau 6. Rendements et gains de rendements attendus (g m^{-2}) selon trois stratégies de sélection possibles: adaptation générale, adaptation spécifique et combinaison des deux.

Stratégie	Site	Génotype	Rendement	Moyenne	indice
Adaptation Générale	KHR	Acsad ₁₇₆	448.8	301.3	100.0%
	SBA	Acsad ₁₇₆	288.1		
	SET	Acsad ₁₇₆	202.9		
	SAI	Acsad ₁₇₆	135.5		
Adaptation Générale + Spécifique	KHR	Fouara	602.9	317.8	105.8%
	SBA	Acsad ₁₇₆	333.4		
	SET	Acsad ₁₇₆	202.9		
	SAI	Acsad ₁₇₆	135.5		
Adaptation Spécifique	KHR	Fouara	602.9	312.1	103.6%
	SBA	Acsad ₁₇₆	333.4		
	SET	Jaidor	187.2		
	SAI	Bahia	124.9		

Figure 2. Biplot AMMI₁ représentant la relation entre les scores de l'IPCA₁ et les effets moyens génotype et localité du rendement grain des 12 génotypes évalués

adaptation pour les environnements à faible potentiel de rendement aboutit aux mêmes conclusions que l'analyse faite sur la base des résultats du modèle de la régression linéaire.

3.4. Stabilité du rendement

La stabilité du rendement est perçue en termes de réduction de la fréquence des faibles rendements. C'est un objectif de sélection très important dans les environnements contraignants [18]. Le coefficient de régression (b) et la variance inter-sites sont généralement utilisés pour mesurer la stabilité agronomique [19]. Les scores de l'IPCA₁ sont aussi utilisés pour approcher la stabilité du rendement d'un génotype donné [11, 20]. Le coefficient de corrélation de rang de Pearson (r_s) indique des liaisons significatives entre ces trois paramètres et

avec la moyenne du rendement grain (Tableau 7). La nature de ces corrélations indique que les génotypes performances se distinguent globalement par des valeurs élevées de la pente, du score IPCA₁ et de la variance inter sites. Ces résultats suggèrent que la stabilité n'est pas liée aux performances de rendement et que les génotypes au rendement élevé sont relativement peu stables. Lorsqu'on privilégie la stabilité de la production, pour réduire des risques de rendements nuls, sous stress, il faut sélectionner des génotypes moins performants. Dans ce contexte, Ceccarelli *et al.*, [9] font remarquer que le rendement potentiel est souvent négativement corrélé avec la tolérance. Les génotypes très productifs souffrent une plus grande réduction du rendement sous stress hydrique comparativement aux génotypes au rendement modéré.

Tableau 7. Coefficients de corrélation de Spearman (r_s) entre les différents paramètres mesurant la stabilité et les moyennes du rendement grain (Y_i) des 12 génotypes d'orge évalués dans 4 localités.

Paramètres	Y _i	b	IPCA ₁	S ²
Y _i	1.00			
b	0.74**	1.00		
IPCA ₁	0.77**	0.99**	1.00	
S ²	0.73**	0.99**	0.97**	1.00

*, ** = r_s significatif au seuil de 5 et 1% respectivement

Fellah *et al.*, [21] trouvent une relation négative entre l'adaptation, mesurée par la tolérance au stress thermique et le rendement grain. Les variétés tolérantes produisent moins en absence de stress comparativement aux variétés sensibles. L'inverse est vrai en présence de stress, avec un écart de rendement entre environnement, plus élevé chez les génotypes sensibles que chez les génotypes tolérants. L'amplitude de l'écart est du surtout aux bonnes performances des génotypes sensibles sous conditions optimales et non à leurs performances sous stress hydrique qui restent très proches de celles des variétés tolérantes.

4. Conclusion

Les modèles de la régression et l'AMMI, utilisés pour l'étude de l'interaction génotype x localités du rendement grain ont permis d'identifier les variétés Acsad₁₇₆ et Rahma comme étant des variétés à large adaptation et la variété Fouara à adaptation spécifique aux environnements favorables représentés dans cette étude par le site du Khroub. L'adoption d'une stratégie, qui exploite positivement l'interaction sur les sites à haut potentiel de production et l'adaptation générale sur les sites au potentiel relativement plus faible, permet d'améliorer le rendement grain de 6%.

Références

- [1] Benmahammed A., A. Djekoun, H. Bouzerzour, KL Hassous. Dirassat Journal of Agricultural Sciences 32 (2005) 239-247
- [2] Bahlouli F., H. Bouzerzour, A. Benmahammed. Pakistan Journal of Agronomy 4 (2005) 360-365.
- [3] Kadi Z., F. Ajel, H. Bouzerzour. Advance in Environmental Biology 4 (2010) 34-40.
- [4] Richards, R.A., G.J. Rebetzke, A.G. Condon, A.F. Van Herwaarden. Crop Sci. 42 (2002) 111-121.
- [5] Campbell, B.T., Baenzinger, P.S., Eskridge, K.M., Budak, H., Streck, N.A., Weiss, A., Gill, K.S., Erayman, M. Crop Sci. 44 (2004) 620-627.
- [6] Condon, A.G., Richards, R.A., Rebetzke, G.J., Journal of Experimental Botany, 55 (2004) 2447-2460.
- [7] Annicchiarico P., Z. Abdellaoui, M. Kelkouli, H. Zerargui. Journal of Agricultural Science, 143 (2005) 57-67
- [8] Bouzerzour H., A. Djekoun, A. Benmahammed, K.L Hassous. Cahiers d'Agriculture 8 (1998) 133-137.
- [9] Ceccarelli, S., Grando, S., Impiglia, A. Euphytica 103 (1998) 307-318.
- [10] Sinebo, W. Field Crops Research 92 (2005) 35-52.
- [11] Zobel, R.W., M.J. Wright, H.G. Gauch.. Agron. J. 80(1988) 388-393
- [12] Fan, X.M., M. S. Kang, H. Chen, Y. Zhang, J. Tan, C. Xu. Agron. J. 99 (2007) 220-228.
- [13] Finlay, K.W., G.N. Wilkinson. Aust. J. Agric. Res. 14 (1963) 742-754.
- [14] Eberhart, S.A., W. A. Russell. Crop Sci. 6 (1966) 36-40
- [15] Annicchiarico, P. FAO Plant Production and Protection Paper N° 174 (2002) FAO, Rome.
- [16] Hammer, O., D.A.T. arper, P.D. Ryan. Palaeontologia electronica, 4 (2001) 1-9.

[17] Annicchiarico, P., F. Bellah, T. Chiari. *Eur. J. Agronomy* 24 (2006)

70- 81.

[18] Bouzerzour H., A. Benmahammed, N. Benkharbache, K.L.

Hassous. *Revue Recherche Agronomique (INRAA)* 10 (2002) 45-58.

[19] Lin, C.S., M.R. Binns, L.P. Lefkovich. *Crop Sci.*, 26 (1986) 894 - 900.

[20] Mohammadi, R., M. Armion, A. Shaban, A. Daryaei. *Asian Journal of Plant Sciences* 6 (2007) 1261-1268.

[21] Fella, A., H. Bouzerzour, A. Benmahammed, A. Djekoun. *Actes de l'IAV HII*, 64 (2002) 35-42.